

INSTYTUT BIOCHEMII I BIOFIZYKI

Polskiej Akademii Nauk

ul. Pawińskiego 5A
02-106 Warszawa

SPRAWOZDANIE Z DZIAŁALNOŚCI
za 2009 rok

SPIS TREŚCI

Informacja o Instytucie	A
Sprawozdanie merytoryczne	I
Temat nr 1: Synteza, badanie właściwości fizykochemicznych i biologicznych analogów nukleozydów pirymidynowych, potencjalnych substratów/inhibitorów biosyntezy kwasów nukleinowych	
prof. dr hab. T. Kulikowski	I.1
Temat nr 1.1: Nowe związki o działaniu przeciwwirusowym i przeciwnowotworowym	
dr hab. M. Bretner	I.2
Temat nr 5: Regulacja ekspresji genowej, synteza i struktura białek	
Temat nr 5.1: Terminalne białko wirusa ziemniaka Y	
prof. dr hab. W. Zagórski-Ostojka	I.3
Temat nr 5.2: Badania nad strukturą i funkcją białek owadzych	
dr hab. K. Grzelak	I.4
Temat nr 5.3: Dodekahedron adenowirusowy – wektor transferu wewnątrzkomórkowego	
dr E. Szolajska	I.5
Temat nr 6: Sekwencjonowanie genomów wybranych szczepów wiroidów i wirusów roślinnych oraz ich detekcja	
Temat nr 6.1: Molekularne podstawy infekcji wiroidowej	
prof. dr hab. W. Zagórski-Ostojka	I.6
Temat nr 12: Występowanie i rola lipidów prenylowych i prenylowanych białek w tkankach roślinnych. Badania struktury i biosyntezy	
prof. dr hab. E. Kula-Świeżewska	I.7
Temat nr 14: Izolacja i charakterystyka białek roślinnych uczestniczących w procesach fosforylacji	
prof. dr hab. G. Muszyńska	I.8
Temat nr 17: Kultury tkankowe i komórkowe ziemniaka – patogeny oraz transformacja roślin	
prof. dr hab. B. Wielgat	I.9
Temat nr 18: Molekularne regulacje syntezy glikokoniugatów w komórkach drożdży	
prof. dr hab. G. Palamarczyk	I.10
Temat nr 18.1: Genetyczna modyfikacja grzybów i ich znaczenie w procesach biotechnologii i biokontroli	
doc. dr hab. J. Kruszewska	I.11
Temat nr 20: Genetyka i biologia molekularna grzybów	
Temat nr 20.1: Regulacja transkrypcji tRNA u drożdży <i>S. cerevisiae</i>	
prof. dr hab. M. Rakowska-Boguta	I.12
Temat nr 20.2: Genetyczna regulacja metabolizmu w drożdżach <i>S. cerevisiae</i>	
prof. dr hab. J. Rytko	I.13
Temat nr 20.3: Genetyczna kontrola szlaków metabolizmu siarkowego u grzybów	
prof. dr hab. A. Paszewski	I.14
Temat nr 20.5: Mechanizmy transportu białek u drożdży <i>Saccharomyces cerevisiae</i>	
prof. dr hab. T. Żołądek	I.15
Temat nr 21: Regulacja metabolizmu siarkowego u bakterii	
prof. dr hab. M. Hryniewicz	I.16
Temat nr 25: Odpowiedzi komórek bakteryjnych i komórek drożdży na uszkodzenia DNA	
Temat nr 25.1: Regulacja wierności replikacji DNA w komórkach bakteryjnych i drożdżowych	
prof. dr hab. I. Fijałkowska	I.17
Temat nr 25.2: Mechanizmy odpowiedzi komórek <i>Saccharomyces cerevisiae</i> na uszkodzenia DNA	
prof. dr hab. Z. Cieśla	I.18
Temat nr 25.3: Koordynacja procesów naprawy DNA w komórkach eukariotycznych	
prof. dr hab. E. Śledziwska-Gójska	I.19

Temat nr 27: Analiza funkcjonalna genów wybranych plazmidów pochodzących z bakterii o znaczeniu klinicznym	
dr I. Kern	I.20
Temat nr 28: Chemiczne podstawy mutagenazy i reperacja adduktów cyklicznych	
prof. dr hab. J. Kuśmierek	I.21
Temat nr 29: Analiza molekularna genów kodujących enzymy katabolizmu argininy u <i>Aspergillus</i>	
prof. dr hab. P. Węgleński	I.22
Temat nr 30: Analiza mutantów typu SUV3 u <i>Saccharomyces cerevisiae</i>	
prof. dr hab. P. Stępień	I.23
Temat nr 31: Szkoła Biologii Molekularnej, Studium Doktoranckiego przy IBB PAN	
prof. dr hab. G. Palamarczyk	I.24
Temat nr 32.1: Działalność Pracowni Biologii Molekularnej (afiliowanej przy UG). Regulacja ekspresji genów i innych procesów związanych z funkcjami DNA w komórkach bakteryjnych	
prof. dr hab. G. Węgrzyn	I.25
Temat nr 32.2: Działalność Zespołu Biomedycyny Molekularnej (IBD PAN, IBB PAN, MIBMiK) Białka opiekuńcze w transformacji nowotworowej	
prof. dr hab. M. Żylicz	I.26
Temat nr 33: Mechanizmy aktywnej segregacji niskopiętowego plazmidu P1 do komórek potomnych w czasie podziału komórkowego	
dr hab. M. Łobocka	I.27
Temat nr 34: Udział struktur chromatynowych w regulacji transkrypcji genów	
prof. dr hab. A. Jerzmanowski	I.28
Temat nr 35: Ekspresja genów kodujących białka o znaczeniu terapeutycznym w roślinach	
prof. dr hab. A. Sirko	I.29
Temat nr 36: Metody informatyczne w biologii molekularnej	
prof. dr hab. P. Zielenkiewicz	I.30
Temat nr 37: Mechanizmy kontrolujące proces patogenezy komórek roślinnych	
prof. dr hab. J. Hennig	I.31
Temat nr 38: Funkcjonalna analiza otwartych ramek odczytu z <i>Saccharomyces cerevisiae</i>	
dr B. Rempola	I.32
Temat nr 39: Badanie polimorfizmu mitochondrialnego DNA w populacji polskiej	
prof. dr hab. E. Bartnik	I.33
Temat nr 41: Oksydacyjne uszkodzenia DNA	
prof. dr hab. B. Tudek	I.34
Temat nr 42: Mutacje indukowane i adaptacyjne	
prof. dr hab. E. Grzesiuk	I.35
Temat nr 43: Biologia plazmidu RK2 z grupy IncP <i>Escherichia coli</i>	
prof. dr hab. Grażyna Jagura-Burdzy	I.36
Temat nr 44: Środowiskowe Laboratorium Magnetycznego Rezonansu Jądrowego	
prof. dr hab. A. Ejchart	I.37
Temat nr 45: Regulacje biosyntezy pochodnych kwasu mewalonowego w drożdżach <i>Saccharomyces cerevisiae</i>	
dr hab. A. Szkopińska	I.38
Temat nr 46: Badania konformacji peptydów i białek wiążących wapń	
prof. dr hab. A. Bierzyński	I.39
Temat nr 47: Modelowanie struktury i funkcji białek	
prof. dr hab. P. Zielenkiewicz	I.40
Temat nr 48: Badania wczesnych etapów zwijania i agregacji białek	
prof. dr hab. M. Dadlez	I.41
Temat nr 49: Metabolizm cukrów u bakterii mlekowych	
prof. dr hab. J. Bardowski	I.42

Temat nr 50: Przewodzenie sygnału stresu osmotycznego w roślinach	
doc. dr hab. G. Dobrowolska.....	I.43
Temat nr 51: Strukturalne i funkcjonalne konsekwencje modyfikacji potranslacyjnych białek	
dr A. Wysłouch-Cieszyńska.....	I.44
Temat nr 52: Analiza wybranych genów metabolizmu komórkowego <i>Arabidopsis thaliana</i>	
dr E. Kraszevska.....	I.45
Temat nr 54: Mechanizmy molekularne działania jonów metali czynnych biologicznie	
prof. dr hab. W. Bal.....	I.46
Temat nr 55: Analiza genetyczna podstaw wybranych chorób dziedzicznych	
dr B. Burzyńska.....	I.47
Temat nr 56: Genomika <i>Paramecium tetraurelia</i>	
prof. dr hab. J. Rytko.....	I.48
Temat nr 57: Mechanizmy wierności replikacji DNA	
dr hab. A. Bębenek.....	I.49
Temat nr 58: Identyfikacja i charakterystyka mikroorganizmów potencjalnie użytecznych w bioremediacji	
dr U. Zielenkiewicz.....	I.50
Temat nr 60: Mechanizmy podziałów komórkowych	
dr hab. A. Kurlandzka.....	I.51
Temat nr 61: Analiza profilu transkrypcyjnego genów w odpowiedzi na stres mutantów <i>Arabidopsis thaliana</i> w genach białek modulujących strukturę chromatyny	
dr M. Prymakowska-Bosak.....	I.52
Temat nr 62: Synteza białek biologicznie czynnych w heterologicznych systemach ekspresyjnych	
doc. dr hab. K. Grzelak.....	I.53
Temat nr 63: Dodekahedron adenowirusa jako platforma szczepionkowa	
prof. dr hab. W. Zagórski-Ostoja.....	I.54
Temat nr 64: Posttranslacyjne modyfikacje białek jako mechanizm regulacji szlaków przekazywania sygnału	
dr M. Krzymowska.....	I.55
Temat nr 65: Modelowanie mechanizmów aktywności biologicznej na podstawie danych strukturalnych	
dr hab. J. Poznański.....	I.56
Temat nr 66: Metodyka sekwencjonowań genomowych	
prof. dr hab. W. Zagórski-Ostoja.....	I.57
Temat nr 67: Metabolizm siarki w roślinach	
prof. dr hab. A. Sirko.....	I.58
Temat nr 68: Metabolizm mitochondrialnych RNA u <i>S. cerevisiae</i>	
dr hab. P. Golik.....	I.59
Temat nr 69: Metabolizm RNA u Eucaryota	
dr hab. A. Dziembowski.....	I.60
Laboratorium Analiz Modyfikacji Genetycznych	
prof. dr hab. B. Tudek.....	I.61
Pracownia Mikroskopii Konfokalnej i Fluorescencyjnej	
mgr A. Anielska-Mazur.....	I.62-I.63
Pracownia Analiz Mikromacierzy	
dr M. Prymakowska-Bosak.....	I.64
Serwis Bakoluwirusa	
dr E. Szolajska.....	I.65
Pracownia Hodowli Komórkowych	
dr E. Szolajska.....	I.66

Pracownia Sekwencjonowania DNA i Syntezy Oligonukleotydów	
prof. dr hab. J. Rytka	I.67-I.70
Środowiskowe Laboratorium Magnetycznego Rezonansu Jądrowego	
prof. dr hab. A Ejchart.....	I.71
Środowiskowe Laboratorium Spektrometrii Mas	
prof. dr hab. M. Dadlez	I.72
Lista seminariów instytutowych	I.73-I.75
Lista publikacji.....	II
Artykuły.....	II.77-II.90
Abstrakty	II.91-II.112
Rozprawy habilitacyjne	II.113
Prace doktorskie	II.114-II.117
Prace magisterskie	II.118-II.120
Miscellanea.....	II.121-II.122
Publikacje za rok 2009, które nie znalazły się w ubiegłorocznym sprawozdaniu	II.123
Inne ważne informacje o działalności IBB PAN	III
Podstawowe dane	III.125
Publikacje placówki.....	III.126-III.137
Realizowane projekty badawcze.....	III.138-III.151
Wybrane wyniki badań	III.151
Działalność placówki o charakterze innowacyjnym, aplikacyjnym	III.152
Kształcenie (rozwój) kadr naukowych	III.153-III.154
Aktywność wydawnicza	III.155
Upowszechnianie i promocja osiągnięć naukowych	III.156-III.158
Współpraca naukowa z zagranicą.....	III.159
Międzynarodowe centra naukowe	III.160
Działalność dydaktyczna	III.161
Udział placówki w organizacji krajowego życia naukowego	III.162
Działalność zaplecza naukowego o charakterze ogólno-środowiskowym	III.163
Nagrody, wyróżnienia naukowe uzyskane przez pracowników PAN w roku sprawozdawczym	III.164
Zatrudnienie.....	III.165
Centra doskonałości, sieci i konsorcja naukowe	III.166-III.169

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

DYREKTOR: prof. dr hab. Piotr ZIELENKIEWICZ

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

PUBLIKACJE IBB PAN w 2009 r.:

• podręczniki/monografie lub ich rozdziały	6
• publikacje ukazujące się w czasopismach recenzowanych o zasięgu międzynarodowym	94
• publikacje ukazujące się w naukowych czasopismach krajowych	12
• prace popularno-naukowe	0
• doniesienie zjazdowe i konferencyjne	155
• <u>inne publikacje</u>	<u>0</u>
OGÓŁEM:	267

Sprawozdanie merytoryczne
z działalności statutowej
za 2009 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 Agnieszka Miazga, dr Maria A. Siwecka, dr Patrycja Wińska, mgr inż. Przemysław Ziemkowski, prof. dr hab. David Shugar

Kontynuowano i zakończono badania nad szeregiem modyfikowanych w reszcie heterocyklicznej analogów 5',5'-P₁,P₂-dinukleotydów, potencjalnych leków przeciwko HIV/AIDS. Upřednio wykazaliśmy, że analogi 3'-fluorotymidyny (FLT) tionowane w reszcie heterocyklicznej są silnymi selektywnymi inhibitorami HIV-1. W celu zwiększenia ich rozpuszczalności w wodzie oraz penetracji do limfocytów T postanowiliśmy zsyntetyzować szereg nowych, tionowanych w reszcie heterocyklicznej, homo- i hetero- 5',5'-P₁,P₂-dinukleotydów oraz zbadać, bez inkapsulowania w erytrocytach, ich aktywność inhibitorową w stosunku do HIV-1. Nowe P₁,P₂-dinukleotydy otrzymano drogą wielostopniowych procedur wychodzących z 5'-monofosforanów 3'-fluoro-2-tiotymidyny, AZT i 1-[(2-hydroksyetoksy)metylo-5-propylo-6 fenyloselenenylo]]uracylu. Aktywność inhibitorową wyżej wymienionych analogów zbadano w stosunku do tworzącego syncytia laboratoryjnego szczepu HIV-1 cat#3 w komórkach CEM-T4 wykazując bardzo silne aktywności przeciwwirusowe (IC₅₀ 5-45 nM) oraz bardzo wysokie indeksy terapeutyczne (TI 4666 – 14000). Zbadano również oddziaływanie tych związków z rekombinacyjną odwrotną transkryptazą HIV-1, wykazując inhibicję tego enzymu, jednak nieco niższą niż w przypadku macierzystych, tionowanych nukleozydo-5'-trifosforanów. Najaktywniejszy związek – P₁-3'-fluoro-2-tiotymidino-P₂ -azydotymidynopirofosforan jest potencjalnym lekiem przeciwko zakażeniom HIV-1.

Zbadano właściwości fluorescencyjne 8-azaanalogów kafeiny, teofiliny i N-alkiloksantyn. Pokazano, że N-metylowane 8-azaksantyny i 8-azateofilina w formie obojętnej wykazują w środowisku wodnym silne właściwości fluorescencyjne. W szczególności N-alkilowane 8-azaksantyny są bardzo dobrą sondą fluorescencyjną dla fosforylaz nukleozydów purynowych jako fluorogenny substrat w reakcji odwrotnej syntezy nukleozydów.

Najważniejszy wynik badawczy:

Wykrycie szeregu nowych wysoko-aktywnych i selektywnych inhibitorów HIV-1 z grupy P₁,P₂-dinukleozydodifosforanów, potencjalnych leków przeciwko zakażeniom HIV-1.

PUBLIKACJE: 4297, 2674/A, 2801/A, 2817/A

Temat nr 1.1: Nowe związki o działaniu przeciwwirusowym i przeciwnowotworowym

Zespół: doc. dr hab. Maria Bretner, mgr Andżelika Najda-Bernatowicz, mgr Małgorzata Makowska, mgr Justyna Maszkowska, mgr Romualda Wąsik

Inhibitory kinazy kazeinowej CK2, której podwyższona aktywność jest obserwowana w wielu nowotworach oraz która wpływa na namnażanie się wirusów są obiektem zainteresowania wielu firm farmaceutycznych oraz instytucji naukowych. Kontynuując badania inhibitorów CK2 prowadzone w naszej pracowni opracowano metodę syntezy analogów benzotriazolu z podstawnikami w pierścieniu benzenowym: 6-bromo-7-metylo-1H-benzotriazol (MMB03), 5-bromo-7-metylo-1H-benzotriazol (MMB04) i 4,5,6-tribromo-7-etylo-benzotriazol (MMB05) oraz analogów benzimidazolu: 6-bromo-7-metylo-1H-benzimidazol (MMBi02), 5-bromo-7-metylo-1H-benzimidazol (MMBi03) i 4,5,6-tribromo-7-metylo-1H-benzimidazol (MMBi04). Przeprowadzono syntezy analogów pentabromofenolu (RK0001) oraz tetrabromokatecholu RK(0002), w tym, 2-(pentabromofenoksy)propanol (RK0010), 1,2-(tetrabromodifenoksy)-propanol (RK0020). Testowano wpływ syntetyzowanych związków na aktywność kinazy CK2. Do badań stosowano podjednostkę katalityczną α kinazy CK2 (CK2a1 zakupiona w firmie Kinase Detect). Wyznaczono wartości IC_{50} dla zsyntetyzowanych związków i najlepszymi inhibitorami okazały się 4,5,6-tribromo-7-etylo-1H-benzotriazol IC_{50} 0,18 oraz tetrabromokatechol IC_{50} 0,41. Zbadano wpływ zsyntetyzowanych inhibitorów kinazy CK2 (TBBt, 4,5,6-tribromo-7-metylo-1H-benzotriazolu, MMB05, oraz MMBi04) na przeżywalność komórek przewlekłej białaczki szpikowej K562 (współpraca z dr M. Koronkiewicz z Narodowego Instytutu Zdrowia Publicznego). Oceniane związki wykazują różną skuteczność. Największy efekt ma MMBi04, który w stężeniu 50 μ M hamuje wzrost 85% komórek.

Kontynuowano badania związków mogących hamować namnażanie wirusa zapalenia wątroby typu C (HCV). Jeden z nowych analogów tropolonu silnie hamuje namnażanie subgenomowego replikonu HCV przy stosunkowo niskiej toksyczności w stosunku do badanych komórek Huh-7 (współpraca z dr. M. Lahmar, Vivalis, Francja).

Najważniejszy wynik badawczy:

Synteza nowych inhibitorów CK2, wpływających na przeżywalność komórek nowotworowych. Synteza nowych pochodnych tropolonu i wykazanie, że pochodne tropolonu hamują namnażanie subgenomowego replikonu HCV w komórkach Huh -7.

PUBLIKACJE: 4291, 4365, 2793/A, 2794/A, 2795/A, 2796/A, 2801/A

Temat nr 5.1: Terminalne białko wirusa Y ziemniaka

Zespół: prof. dr hab. Włodzimierz Zagórski-Ostoja, dr hab. Jadwiga Chroboczek, dr Ewa Szolajska, mgr Izabela Wojtal (doktorantka)

W roku 2009 rozpoczęliśmy badania dotyczące wpływu białka VPg wirusa Y ziemniaka na lokalizację wewnątrzkomórkowego natywnego czynnika eIF4E. W celu zbadania wpływu białka VPg na lokalizację eIF4E w komórce roślinnej, wykonano izolację protoplastów tytoniu, następnie za pomocą PEGu transfekowano je plazmidem pFP101, który posiadał wklonowany gen białka VPg oraz przeprowadzono immunolokalizację tych dwóch partnerów białkowych za pomocą mikroskopii fluorescencyjnej.

Wyniki tego doświadczenia pokazały, że 24 godziny po transfekcji białko VPg lokalizuje się w przestrzeni wokółjądrowej, natomiast natywny czynnik inicjacji translacji eIF4E, podobnie jak w warunkach kontrolnych, obserwowany jest głównie w jądrze. O czynniku eIF4E z danych literaturowych wiadomo, że znajduje się zarówno w cytoplazmie jak i w jądrze komórkowym (Lejbkiewicz et al, 1992). Doświadczenia na komórkach owadzych przeprowadzone w naszym zespole sugerują, że VPg oddziałując z czynnikiem eIF4E może mieć wpływ na lokalizację, a tym samym jego rolę w komórce. Funkcje pełnione przez eIF4E w jądrze komórkowym nie są jeszcze do końca poznane i jasne. Inicjacja translacji zachodzi wyłącznie na terenie cytoplazmy, niemniej jednak wiadomo, że jądrowy eIF4E jest zaangażowany w transport mRNA z jądra do cytoplazmy, a szczególnie dotyczy to mRNA białek zaangażowanych w proliferację komórek. Wyniki, jakie uzyskaliśmy w doświadczeniach z protoplastami tytoniu są wstępne i nowatorskie. W chwili obecnej w celu dokładniejszego zobrazowania wpływu VPg na lokalizację natywnego eIF4E w komórce roślinnej planowane są doświadczenia z wykorzystaniem mikroskopii konfokalnej.

Najważniejszy wynik badawczy:

Na obecnym etapie pracy nie udało nam się jeszcze stwierdzić czy obecność białka VPg w protoplastach tytoniu ma wpływ na kompartmentalizację natywnego czynnika inicjacji translacji eIF4E. Przeprowadzone doświadczenia mają charakter nowatorski i wstępnie zobrazowały ko-lokalizację tych dwóch partnerów komórkowych w komórce roślinnej.

Temat nr 5.2: Badania nad strukturą i funkcją białek owadzych

Zespół: dr hab. Krystyna Grzelak, dr Anżela Dwornyk, dr Małgorzata Milner

W ramach wspólnego projektu badawczego z dr hab. Hanną Radecką (Instytut Rozrodu Zwierząt i Badań Żywności PAN w Olsztynie) kontynuowano badania nad opracowaniem immunoczuJNIKA wykrywającego białka zawierające znacznik histydynowy (białko rSPI2-His₆) w podłożu hodowlanym *Pichia pastoris*. Na elektrodzie złotej unieruchomione zostały fragmenty Fab (otrzymane w wyniku trawienia pepsyną przeciwciała anty-His) zawierające nie naruszone wiązania S-S. Opracowany bioczuJNIK wykazuje wysoką czułość (wykrywa SPI2-His₆ w stężeniu 10 pg/ml) oraz co jest bardzo ważne zdolność do regeneracji znacznie przewyższającą - ponad trzykrotnie - obserwowaną dla bioczuJNIKA opartego o przeciwciała anty-His.

We współpracy z prof. dr hab. Marianem Kochmanem (Instytut Chemii Organicznej, Biochemii i Biotechnologii Politechniki Wrocławskiej) kontynuowano badania nad rekombinowanym białkiem wiążącym hormon juwenilny (rJHBP). Otrzymano dwa mutanty białka rJHBP. Dotyczą one mutacji punktowych w miejscach N-glikozylacji: Asn⁴ i Asn⁹⁴. Okazało się, że mutanty pozbawione łańcuchów cukrowych mają obniżoną sekrecję i są bardziej podatne na denaturację.

Najważniejszy wynik badawczy:

Opracowanie bioczuJNIKA opartego o fragmenty przeciwciała Fab wykrywającego z dużą czułością rekombinowane białko zawierające znacznik histydynowy w podłożu hodowlanym i jednocześnie zdolnego do wielokrotnej regeneracji.

PUBLIKACJE: 561/N

Temat nr 5.3: Dodekahedron adenowirusowy – wektor transferu wewnątrzkomórkowego

Zespół: dr Ewa Szolajska, dr hab. Jadwiga Chroboczek, mgr Monika Żochowska (doktorantka), mgr Małgorzata Białoskórska

Dodekahedron (Dd) jest mniejszą od wirusa cząstką wirusopodobną (VLP od ang. Virus-like particle), zbudowaną z białka adenowirusa odpowiedzialnego za penetrację wirusa w momencie infekcji. Dzięki niezwyklej zdolności wnikania do komórek Dd jest bardzo atrakcyjnym narzędziem do wprowadzania czynników terapeutycznych. Pochodzi on z serotypu 3 adenowirusa ludzkiego. Okazał się on wydajnym wektorem dostarczania leków kowalencyjnie przyłączonych do jego powierzchni. Jako leku wzorcowego użyliśmy bleomycyny (BLM), antybiotyku o działaniu cytostatycznym, lecz o ograniczonym przenikaniu przez błony komórkowe. W związku z niską przenikalnością BLM jest używana w wysokich dawkach, wywołujących groźne skutki uboczne stosowanej chemioterapii. Użycie Dd dla dostarczenia antybiotyku umożliwiło 100-krotne zwiększenie biodostępności BLM *in vitro*.

W 2009 roku rozpoczęliśmy doświadczenia w układzie zwierzęcym guza złośliwego. Ich celem jest zbadanie efektu działania koniugatu Dd/BLM na wzrost guzów po wszczepieniu myszom komórek linii C-26 (murine colon adenocarcinoma) wywołującej raka jelita grubego. Eksperymenty są prowadzone we współpracy z Zakładem Histologii i Embriologii Warszawskiego Uniwersytetu Medycznego, kierowanym przez prof. dr. hab. Jacka Malejczyka. Stwierdziliśmy znaczne zahamowanie wzrostu guzów po podaniu Dd/BLM. Tego typu doświadczenia zostaną powtórzone, co pozwoli na przeprowadzenie odpowiedniej analizy statystycznej, uwzględniającej wszystkie niezbędne kontrole. Prowadziliśmy również badania nad strukturą wektora dodekahedrycznego. Wykonaliśmy analizę mutacyjną rejonów Dd odpowiedzialnych za dodekameryzację, opierając się na opublikowanej strukturze atomowej Dd serotypu 2. Praca ta nie tylko pozwoliła na zdefiniowanie obszarów i pojedynczych aminokwasów kluczowych dla utrzymania integralności Dd, ale również pozwoliła na wyłonienie mutantu stabilniejszego od Dd wyjściowego. Wyniki tych badań ułatwią nam wybór rejonów wektora, do których będziemy wprowadzać: sekwencje peptydowe umożliwiające ukierunkowanie Dd do tkanek/miejsc docelowych jak również epitopy antygenowe (w ramach tematu 63).

Najważniejsze wyniki badawcze:

1. Konstrukcja koniugatu dodekahedronu (wektora) z antybiotykiem bleomycyną, pozwalającego, na co najmniej 100-krotne zwiększenie biodostępności antybiotyku.
2. Identyfikacja obszarów niezbędnych dla utrzymania struktury dodekahedronu adenowirusa.

PUBLIKACJE: 4363, 2753/A, 2785/A

Temat nr 6.1: Molekularne podstawy infekcji wiroidowej

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

Kontynuowano badania dotyczące wyjaśnienia mechanizmu patogenezы wiroida wrzecionowatości bulw ziemniaka (PSTVd). Badania te obejmują kompleksową charakterystykę porównawczą profilu białek jądrowych wyrażanych w zdrowych i zainfekowanych wiroidem roślinach z wykorzystaniem spektrometrii mas ze znakowaniem izotopowym iTRAQ. Do badań wybrano dwa izolaty PSTVd: łagodny M oraz ostry S23. Ze względu na różnice w ostrości symptomów porażenia tymi izolatami można się spodziewać istotnych różnic w profilu białek indukowanych bądź reprimowanych infekcją. Ze względu na namnażanie się i występowanie PSTVd głównie w jądrze komórkowym badania skupione są tylko na białkach frakcji jądrowej. Po potwierdzeniu infekcji wiroidowej, z roślin zdrowych i zakażonych izolowano jądra komórkowe i opracowano ich optymalną metodę izolacji. Otrzymane preparaty jądrowe z roślin zdrowych i zakażonych PSTVd-S23 po wystandaryzowaniu przebiegów na HPLC zostały poddane pierwszej analizie porównawczej na spektrometrze mas. Początkowe badania pozwoliły na zidentyfikowanie 7 białek jądrowych, których poziom produkcji w komórkach roślinnych uległ zmianie w wyniku infekcji PSTVd.

Najważniejszy wynik badawczy:

Zidentyfikowano 7 białek jądrowych, których poziom produkcji w komórkach roślinnych ulega zmianie w wyniku infekcji ostrym szczepem PSTVd-S23.

PUBLIKACJE: 545/N

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

Zespół: prof. dr hab. Ewa Kula-Świeżewska, prof. dr hab. Tadeusz Chojnacki, mgr Ewa Ciepichał, mgr Katarzyna Gawarecka (magistrantka, zatrudniona od 01.10.2009), techn. Józefina Hertel, dr Wiesław Jankowski, mgr Adam Józwiak, dr Karolina Skorupińska-Tudek (urlop macierzyński), dr Liliana Surmacz (urlop macierzyński), dr Agnieszka Witek (od 15.10.2009), mgr Magdalena Wojtas, Łukasz Woźniak (magistrant od 01.10.2009)

Stwierdzono udział poliprenoli i plastochinonu w reakcji obronnej rośliny na stres biotyczny (obserwowano wzrost zawartość tych poliizoprenoidów w liściach roślin tytoniu poddanych infekcji wirusowej, jednak wzrost ten stwierdzono wyłącznie u roślin odpornych; wsp. prof. dr hab. J. Hennig, dr M. Krzymowska, dr D. Konopka-Postupolska IBB, prof. dr hab. E. Skórzyńska-Polit, UMCS). Zaproponowano prawdopodobny mechanizm tego procesu. Wykazano wzrost zawartości dolicholi w warunkach stresu abiotycznego oraz wpływ stężenia glukozy na zmiany profilu dolicholowego w korzeniach *A. thaliana* (wsp. prof. dr hab. I. Małuszyńska, UŚ). Kontynuowano badania nad mutantem insercyjnym *A. thaliana* z unieczynnionym genem kodującym REP, zaobserwowano zmiany cytomorfologiczne (zwiększona liczba ciał lipidowych, plastoglobul i ziaren skrobi) u mutantu (wsp. dr H. Rudzińska, SGGW).

Kontynuowano badania nad epoksydami poliizoprenoidów – stereoselektywną epoksydację poliprenoli przeprowadzono w/g metody Sharpless'a. Kontynuowano badania nad mechanizmem regulacji metabolizmu ubiquinonu u ssaków (wsp. prof. G. Dallner, Uniwersytet Sztokholmski). Kontynuowano badania nad modulującym wpływem poliizoprenoidów na właściwości modelowych błon lipidowych (wsp. prof. dr hab. K. Strzałka, UJ). Dokonano pełnego przypisania sygnałów w widmach ^1H - i ^{13}C -NMR Prenolu-10 (wsp. doc. dr hab. J. Wójcik, IBB i prof. dr hab. W. Koźmiński, UW). Zaobserwowano wzrost zawartości dolicholi w soczewkach oka ludzkiego w niektórych typach katarakty (wsp. dr D. Gajjar, Iladevi Cataract Research Centre). Opracowano metodę chemicznej syntezy arabino- i rybofuranozo-pochodnych poliizoprenoidów (wsp. dr A. Liav, Colorado University). Kontynuowano przesiewowe badania zawartości lipidów prenylowych w tkankach roślin (wsp. prof. dr hab. K. Strzałka, UJ). W ramach Kolekcji Poliprenoli udostępniono preparaty kilkunastu grupom badawczym.

Najważniejszy wynik badawczy:

Wykazanie udziału poliizoprenoidów w odpowiedzi rośliny na stres biotyczny i abiotyczny.

PUBLIKACJE: 4298, 4299, 4327, 4329, 4332, 4351, 2676/A, 2697/A, 2716/A, 2782/A, 560/N

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

Zespół: prof. dr hab. Grażyna Muszyńska, dr Jadwiga Szczegielniak, dr Blanka Szurmak, mgr Elżbieta Lewandowska-Gnatowska, mgr Lidia Szymona, mgr Inga Szurgot (od 01.10.2009)

Zranienie tkanki roślinnej powoduje aktywację kaskady zdarzeń, prowadzącej w efekcie do aktywacji genów obrony. Wykazaliśmy (we współpracy z prof. dr. hab. J. Barciszewskim, IChB PAN w Poznaniu), że zranienie powoduje spadek poziomu metylacji cytozyny w genomowym DNA wyizolowanym z liści kukurydzy, osiągając najniższy poziom po 1h od zranienia. Wpływa to na regulację transkrypcji genów odpowiedzi. W odpowiedzi na zranienie wzrasta poziom transkryptu badanej przez nas kinazy białkowej u kukurydzy (ZmCPK11). W sekwencji promotorowej *ZmCPK11* zlokalizowano dwa obszary szczególnie podatne na metylację tzw. wysp CpG. Jedna z tych wysp znajduje się przed kodonem startu translacji, a druga obejmuje pierwszy intron genu *ZmCPK11*. Otrzymanie transgenicznych roślin *A. thaliana* nadprodukujących ZmCPK11, zawierających znacznik c-Myc umożliwiło nam identyfikację badanej kinazy za pomocą techniki immunoprecypitacji z wykorzystaniem przeciwciał anty-c-Myc i badania udziału tej kinazy w szlakach sygnałowych zranienia. Nadprodukowana w *A. thaliana* ZmCPK11 jest aktywowana przez kwas jasmonowy (JA), metylową pochodną JA i prekursor JA (kwas linolenowy). Wynik ten świadczy, że zranienie liści kukurydzy powoduje regulację ZmCPK11 w szlaku zależnym od JA zarówno na poziomie transkrypcji, jak i aktywności istniejącego enzymu.

W badaniach kinazy białkowej CK2 wyizolowano i scharakteryzowano nowy wariant podjednostki katalitycznej u kukurydzy (ZmCK2 α). Wykazano różnice w mechanizmie katalizy enzymatycznej pomiędzy badanym wariantem a dotychczas znanymi ZmCK2 α (publikacja 4313). Ponadto, uzupełniono do publikacji wyniki dotyczące fosforylacji czynnika translacyjnego przez ZmCK2 α (The Journal of Biological Chemistry, w druku).

Najważniejszy wynik badawczy:

Uzyskanie roślin transgenicznych *A. thaliana* nadprodukujących ZmCPK11.

PUBLIKACJE: 4291, 4313, 4314, 2808/A, 2809/A

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

Zespół: prof. dr hab. Bernard Wielgat, dr Lidia Polkowska-Kowalczyk, dr Krzysztof Olszak, dr Urszula Maciejewska, dr Anna Szczerbakow, mgr Justyna Tarwacka

Kontynuowano cytogenetyczną i molekularną analizę międzygatunkowych mieszańców somatycznych ziemniaka o zwiększonej odporności na zarazę ziemniaka wywołaną przez patogen *Phytophthora infestans*. Oznaczono dwiema metodami (liczba chromosomów) ploidalność mieszańców somatycznych i gatunków rodzicielskich. Przeprowadzono weryfikację mieszańców *S. michoacanum* (+) *S. tuberosum*, *S. nigrum* (+) *S. tuberosum* i *S. villosum* (+) *S. tuberosum* z wykorzystaniem polimorfizmu markerów RAPD oraz identyfikację ilościowej zawartości genomów rodzicielskich w mieszańcach somatycznych *S. nigrum* (+) *S. tuberosum* metodą genomowej hybrydyzacji *in situ* (GISH). Stwierdzono bardzo wysoką odporność na *P. infestans* mieszańców 4 x *S. villosum* (+) 2 x *S. tuberosum* DG 8168, zbliżoną do dzikiego gatunku *S. villosum* oraz zróżnicowaną odporność mieszańców 6 x *S. nigrum* (+) 2 x *S. tuberosum* DG 8168.

Prowadzono również badania dotyczące dróg przekazywania sygnału indukowanego elicytorem z *P. infestans* w trzech genotypach *Solanum*, różniących się typem i poziomem odporności na ten patogen: *S. nigrum* var. *gigantea*, *S. tuberosum* cv Bzura i klon H-8105. Wykazano znaczne różnice w aktywności fosfolipazy A₂ (PLA₂) w badanych genotypach. Podjęto badania z użyciem jej inhibitorów podawanych *in vivo* i *in vitro*. Do badań wybrano: HELSS oraz BPB, działające na różne izoformy enzymów PLA₂. Zbadano wpływ obu inhibitorów na aktywność PLA₂ w liściach kontrolnych (traktowanych wodą) jak również po podaniu elicytora. Wykazano zróżnicowany wpływ inhibitorów na aktywność PLA₂ co sugeruje obecność różnych izoform (iPLA₂, sPLA₂) tego enzymu, jak również ich różną aktywację po podaniu elicytora. Równocześnie, na tym samym materiale prowadzono wstępne badania oznaczania aktywności kinaz białkowych, mogących uczestniczyć w kaskadzie przekazywania sygnałów w komórce indukowanej atakiem patogena.

Najważniejszy wynik badawczy:

Wykazano aktywację różnych izoform fosfolipazy A₂ w komórce ziemniaka w odpowiedzi na infekcję *P. infestans*. Otrzymano mieszańce somatyczne *S. villosum* (+) *S. tuberosum* o wysokiej odporności na *P. infestans*.

PUBLIKACJE: 2703/A, 2705/A, 162/M

Temat nr 18: Molekularne regulacje syntezy glikokoniugatów w komórkach drożdży

Zespół: prof. dr hab. Grażyna Palamarczyk, dr Anna Janik (od 01.09.2009), mgr Monika Pasikowska (doktorantka), mgr Mateusz Juchimiuk (doktorant)

Badano związki funkcjonalne pomiędzy dolicholo-zależnymi etapami glikozylacji białek a integralnością ściany komórkowej grzybów. Stwierdzono, że mutacje niektórych genów *S. cerevisiae*, zaangażowanych w dolicholo-zależne etapy glikozylacji, prowadzą do uszkodzenia ściany komórkowej i podwyższonej wrażliwości na leki takie jak kaspofungina (hamuje biosyntezę polimerów cukrowych ściany komórkowej) oraz amfoterycyna B (kompleksuje ergosterole błony plazmatycznej zaburzając jej strukturę).

Równolegle prowadzono eksperymenty mające na celu identyfikację genów i białek zaangażowanych we wczesne etapy glikozylacji białek w drożdżach *Candida albicans*, oportunistycznym patogenie ludzkim. Zidentyfikowano otwarte ramki odczytów (ORF) ortologów genów *S. cerevisiae* **SEC59** (koduje kinazę dolicholu) i **RER2** (koduje cis-prenylo transferazę, zaangażowaną w syntezę szkieletu węglowodorowego dolicholu) tj. **CaSEC59** (orf 19.261), oraz **CaRER2** (orf 19.4028). Skonstruowano mutanty z delecją jednego allelu, **CaSEC59**, a drugą kopią genu pod regulowalnym promotorem Met3. Badania mikroskopowe wykazały, że szczep ten, podobnie jak szczep z regulowaną ekspresją genu **CaRER2**, w warunkach represji traci zdolność tworzenia form strzępkowych (wirulentnych). Testy fenotypowe obu mutantów wykazały ich termowrażliwość oraz zaburzenia glikozylacji. Wynik ten potwierdzono również testami biochemicznymi. Analiza składników ściany komórkowej wykazała podwyższony, w porównaniu ze szczepem kontrolnym, poziom chityny w ścianie mutantów z obniżoną ekspresją genów **RER2** lub **SEC59**, świadczący o jej uszkodzeniu. Obserwowano też podwyższoną wrażliwość mutantów na niektóre czynniki zewnętrzne.

Najważniejszy wynik badawczy:

Wykazanie, że zahamowanie wczesnych etapów glikozylacji białek ogranicza różnicowanie komórek prowadzące do powstawania form wirulentnych drożdży *C. albicans*.

PUBLIKACJE: 4301, 2681/A, 2683/A, 2721/A, 2724/A, 563/N

Temat nr 18.1: Genetyczna modyfikacja grzybów i ich znaczenie w procesach biotechnologii i biokontroli

Zespół: doc. dr hab. Joanna Kruszewska, dr Urszula Perlińska-Lenart, dr Wioletta Górka-Nieć, mgr inż. Patrycja Zembek (doktorantka)

Grzyby nitkowate z rodzaju *Trichoderma* mają niezwykle wydajny aparat produkcji i sekrecji białek. Ta właściwość jest wykorzystywana w biotechnologii do przemysłowej produkcji białek naturalnie wydzielanych przez *Trichoderma* jak i białek obcych. Enzymy hydrolityczne wydzielane przez *Trichoderma* są również istotne podczas biokontroli grzybowych patogenów roślinnych.

Wydajność produkcji i sekrecji białek jest ściśle powiązana z aktywnością procesu O-glikozylacji białek. Modyfikacje procesu O-glikozylacji często prowadzą do upośledzenia syntezy ściany komórkowej i szczepy wymagają stabilizacji osmotycznej. Stwierdziliśmy, że hodowla *Trichoderma* z dodatkiem 1M sorbitolu jako stabilizatora osmotycznego powodując szok osmotyczny zmienia badane przez nas procesy produkcji, glikozylacji i sekrecji białek. Dokonaaliśmy pełnej charakterystyki wzrostu, morfologii, wydzielania białek i ich glikozylacji, aktywności enzymów procesu O- i N- glikozylacji oraz ekspresji genu *cbh1* kodującego cellobiohydrolazę I, enzym wydzielany w największych ilościach przez *Trichoderma* podczas wzrostu z dodatkiem 1M sorbitolu. Porównując uzyskane wyniki z wynikami uzyskanymi podczas hodowli z 1% sorbitolem wykluczaliśmy wpływ metabolitów sorbitolu jako czynników zmieniających badane procesy.

Scharakteryzowaliśmy również otrzymane w poprzednim okresie sprawozdawczym szczepy *Trichoderma atroviride* P1. Stwierdziliśmy, że jednocześnie ze zwiększoną aktywnością syntazy DPM wydzielają one więcej enzymów hydrolitycznych i charakteryzują się zwiększoną aktywnością antygrzybową w stosunku do patogenów roślin jak również zwiększonymi właściwościami biokontrolnymi.

Rozpoczęliśmy także proces klonowania i analizy funkcjonalnej genu *rer2* z *T. reesei*.

Najważniejszy wynik badawczy:

Hodowla *Trichoderma* w obecności stabilizatora osmotycznego (1M sorbitol) powoduje spektakularne zmiany w aktywności procesów produkcji, glikozylacji i sekrecji białek. Szczepy *T. atroviride* z nadekspresją drożdżowego genu *DPM1* charakteryzują się zwiększonymi właściwościami biokontrolnymi.

PUBLIKACJE: 2687/A, 2723/A

Temat nr 20.1: Regulacja biosyntezy tRNA u drożdży *S. cerevisiae*

Zespół: prof. dr hab. Magdalena Boguta, dr Joanna Towpik, dr Iwona Karkusiewicz, dr Małgorzata Cieśla, mgr Anna Gajda, mgr Damian Graczyk

W naszej pracowni zidentyfikowano przed laty gen drożdży kodujący białko Maf1, które pełni rolę generalnego represora transkrypcji tRNA, pośrednicząc w przekazywaniu na różnego typu negatywnych sygnałów pochodzących ze środowiska zewnętrznego. Ortologi Maf1 występują we wszystkich organizmach eukariotycznych, od drożdży do człowieka, a rejony o najwyższej homologii wyznaczają domeny N-końcową i C-końcową. W celu poznania roli domen w funkcjonowaniu Maf1, przygotowano kolekcję kilkudziesięciu mutantów punktowych zlokalizowanych w najsilniej konserwowanych sekwencjach. Nasze poprzednie badania wykazały, że aktywność Maf1 jest kontrolowana na dwóch poziomach (1) fosforylacji i defosforylacji oraz (2) transportu do- i z jądra. W odróżnieniu od szczepu kontrolnego, w mutantach stwierdzono brak ścisłej korelacji między stanem ufosforylowania a lokalizacją Maf1. Stwierdzono natomiast, że mutanty o konstytutywnym poziomie fosforylacji Maf1 nie były zdolne do represji transkrypcji tRNA. Okazało się również, że elementem regulacji aktywności Maf1 jest wzajemne oddziaływanie domen N- i C-końcowych. Oddziaływanie domen Maf1 wykazano metodą supresji genetycznej: negatywny efekt mutacji zmiany sensu w rejonie kodującym N-końcową domenę był znoszony przez wtórne mutacje supresorowe w rejonie kodującym domenę C-końcową. Ponadto efekt pierwotnej mutacji w domenie N wiązał się z częściową niezdolnością Maf1 do defosforylacji i represji transkrypcji, a mutanty supresorowe w domenie C te zdolności przywracały. Oddziaływanie domen Maf1 potwierdzono przy użyciu systemu dwuhybrydowego. Wyznaczono również rejony krytyczne dla tego oddziaływania wykorzystując system dwuhybrydowy i plazmidy kodujące fuzje Gal4 z krótkimi fragmentami domen Maf1.

W przeszłości nasze laboratorium zajmowało się analizą wpływu prionu [PSI⁺] na funkcjonowanie mitochondriów w komórce drożdży. Temat ten został zamknięty, a główne wnioski udokumentowane w opublikowanej ostatnio pracy zespołowej są następujące: (1) obecność prionu [PSI⁺], będącego formą cytoplazmatycznego czynnika terminacji translacji, wpływa na poziom ok. 40 białek mitochondrialnych (wniosek z różnicowej analizy proteomicznej) (2) [PSI⁺] powoduje obniżenie ilości mitochondrialnych inhibitry, a w konsekwencji spadek poziomu niektórych białek syntetyzowanych na mitorybosomach oraz zaburzenia integralności mitochondriów.

Najważniejszy wynik badawczy:

Represja transkrypcji tRNA jest uwarunkowana poprzez wzajemne oddziaływanie domen represora Maf1.

PUBLIKACJE: 4350, 2692/A, 2693/A, 2786/A, 2787/A, 2788/A

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

Zespół: prof. dr hab. Joanna Rytka, dr Anna Chelstowska, dr Monika Góra, dr Marta Hoffman-Sommer, dr Róża Kucharczyk, dr Marek Skoneczny, dr Monika Wysocka-Kapcińska (staż podoktorski Irlandia), mgr Rasa Monkaityte, mgr Ilona Więk, mgr Iga Zając

Kontynuowano badanie interakcji białka Swc4, składnika kompleksów remodelujących chromatynę, z białkiem Vps36, zidentyfikowanym jako białko oddziałujące z Swc4p w systemie dwuhybrydowym Vps36p jest składnikiem cytoplazmatycznego kompleksu ESCORT. Wykazano syntetyczny fenotyp podwójnego mutantu *swc4-24 vps36Δ*. Testowano hipotezę, że w jądrze komórkowym występuje pula Vps36p. Wykorzystanie systemu aktywacji genu reporterowego wskazuje na istnienie takiej puli.

Badania udziału białka Ccz1 w procesie sporulacji prowadzone są wspólnie z dr B. Rempolą (Temat nr 38).

Technologię mikromacierzy wykorzystano do identyfikacji genów warunkujących niezmiennosć materiału genetycznego diploidalnych komórek *S. cerevisiae*. Opracowano metodę umożliwiającą badanie procesów mutagenazy na skalę globalną. Uzyskano szereg nowych informacji o genach, których produkty zaangażowane są w utrzymywanie stabilnego genomu. Wysoka korelacja danych mikromacierzowych z indywidualnymi testami na mutagenezę dla kilkudziesięciu wybranych genów potwierdza trafność zastosowanego podejścia eksperymentalnego.

Nowym tematem zespołu jest badanie wpływu mutacji w syntazie ATP w procesie nowotworzenia. W podjednostce szóstej ludzkiej syntazy ATP opisano 29 mutacji punktowych, pięć z nich to zmiany silnie konserwowanych aminokwasów. Mutacje te metodą mutagenazy kierowanej wprowadzamy do genu *ATP6* drożdży, kodującego podjednostkę szóstą syntazy ATP. W dalszej pracy zbadamy efekty tych mutacji na składanie syntazy ATP, funkcjonowanie łańcucha oddechowego, potencjał wewnętrznej błony mitochondrialnej i poziom ROS.

Badano ewolucyjne konserwowanie funkcji białek z domeną SH3. W mutantach *S. cerevisiae*, w których delekcja genu kodującego białko z domeną SH3 prowadzi do wyraźnego efektu fenotypowego, wyrażano ortologa z *A. gossipii* i sprawdzano komplementacje fenotypu mutantu *S. cerevisiae*. W przypadku braku komplementacji konstruowane są geny hybrydowe oraz sprawdzane zachowanie oddziaływań białko-białko pomiędzy białkiem *A. gossipii* a znanymi interaktorami białka *S. cerevisiae*.

Najważniejszy wynik badawczy:

Wykorzystanie metody badania procesów mutagenazy na skalę globalną do identyfikacji genów zaangażowanych w utrzymywanie stabilnego genomu.

PUBLIKACJE: 4293, 4309, 4316, 4346, 4364, 2679/A, 2682/A, 2684/A, 2685/A, 2694/A, 2712/A, 2718/A, 2730/A, 2749/A, 2755/A, 2756/A, 2757/A, 2758/A, 2759/A, 2791/A, 531/1/N

Temat nr 20.3: Genetyczna kontrola szlaków metabolizmu siarkowego u grzybów

Zespół: prof. dr hab. Andrzej Paszewski, dr Jerzy Brzywczy, dr Marcin Grynberg, dr Irmina Lewandowska, dr Renata Natorff, dr Marzena Sieńko, mgr Anna Muszewska (doktorantka)

Analiza genomu *A. nidulans* wykazała istnienie genu kodującego drugi, potencjalny czynnik transkrypcyjny, obok wcześniej przez nas opisanego METR, specyficzny dla genów metabolizmu siarkowego. Dysrupcja tego genu (tymczasowa nazwa *metZ*) nie prowadzi do aukсотrofii ale transformacja tym genem szczepu *metR* umożliwia jego wzrost na cysteinie, co implikuje jakąś jego rolę fizjologiczną. Obecnie badamy szczegółowo fizjologiczne i molekularne aspekty funkcji tego genu.

Stwierdziliśmy, że homocysteina indukuje ekspresję szeregu genów kodujących enzymy metabolizujące ten aminokwas (geny te nazywamy „regulonem homocysteinowym”), jednocześnie indukuje system UPR (*Unfolded Protein Response*) powodujący zwiększoną ekspresję jednych genów i zmniejszoną innych. Dokonując dysrupcji genu *HacA*, kluczowego dla systemu UPR, chcemy sprawdzić, czy „regulon homocysteinowy” stanowi część reakcji na homocysteinę w ramach UPR, czy też specyficzny system regulacyjny.

Scharakteryzowaliśmy na poziomie molekularnym dominujące mutacje w genie *metR* powodujące niewrażliwość czynnika METR na inaktywację przez ligazę ubikwitynową SCF, co powoduje stałą derepresję szeregu genów metabolizmu siarkowego.

W ramach badań bioinformatycznych przeprowadzono analizę elementów mobilnych pierwszego zsekencjonowanego genomu z rodzaju *Chytridiomycota*. W genomie *Batrachochytrium* znaleziono nietypowy transpozon przypominający element Maverick.

Najważniejszy wynik badawczy:

Wykrycie domeny w czynniku transkrypcyjnym METR odpowiedzialnym za jego inaktywację przez ligazę ubikwitynową SCF w warunkach represji siarkowej.

PUBLIKACJE: 4308, 4311, 4315, 4340, 4343, 4345, 4349, 2760/A, 2773/A

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

Zespół: prof. dr hab. Teresa Żołądek, dr Joanna Kamińska, dr Marta Stawiecka-Mirota, mgr Piotr Chołbiński, mgr Daria Romanyuk, mgr Katarzyna Jarmoszewicz, mgr Żaneta Ludwiczak, mgr Anna Polak, Michał Płachta, Mateusz Wierzbicki (magistranci)

Ligaza ubikwitynowa Rsp5 bierze udział w szeregu procesów komórkowych, w tym w transporcie białek i regulacji transkrypcji przez polimerazę RNA II. Wykazano, że ligaza ubikwitynowa Rsp5 jest białkiem krążącym pomiędzy jądrem a cytoplazmą. Posiada sygnał eksportu jądrowego (NES) 687-LIGGIAEIDI-696 zależny od eksportyny Crm1, zlokalizowany w domenie katalitycznej Hect. Sygnał ten jest ważny dla utrzymania prawidłowej puli jądrowej Rsp5, co udokumentowano używając plazmidowego systemu reporterowego bazującego na genie *lacZ*. Mutant *rsp5-nes* miał zaburzoną degradację wakuolarną białka Sna3-GFP oraz był wrażliwy na fluorouracyl, analog uracylu transportowany do komórki przez permeazę Fur4, co może świadczyć o zmniejszonej puli cytoplazmatycznej Rsp5. Analiza lokalizacji komórkowej fragmentów Rsp5 pozwoliła na zidentyfikowanie dwóch sygnałów lokalizacji jądrowej (NLS) usytuowanych w domenie Hect. Ponadto wykazano, że N-terminalny fragment Rsp5 zawierający domenę C2 jest niezbędny do lokalizacji Rsp5 przy błonie plazmatycznej a fragment zawierający domeny WW jest niezbędny do lokalizacji w spolaryzowanych cytoplazmatycznych punktach odpowiadających strukturom cytoszkieletu aktynowego (łatkom aktynowym i pierścieniowi cytokinetycznemu) oraz w punktach przy wakuoli i jądrze. Tak więc, lokalizacja Rsp5 jest wypadkową działania wielu sekwencji kierujących do różnych struktur i kompartmentów komórkowych.

Badania nad regulacją transportu białek szlakiem sekrecji przez ubikwitynację wykazały zaangażowanie ligazy ubikwitynowej Rsp5 w powrotny transport białek z aparatu Golgiego do ER. Stwierdzono negatywne oddziaływania genetyczne mutacji *rsp5* i mutacji w niektórych genach kodujących białka płaszcza pęcherzyków COPI (*ret1-1*, *sec28-Δ*). Ponadto wykazano, że działanie ligazy Rsp5 jest konieczne do wydajnego transportu wybranych białek markerowych z aparatu Golgiego do ER w warunkach uszkodzenia płaszcza COPI.

Najważniejszy wynik badawczy:

Zidentyfikowano sygnały importu i eksportu jądrowego ligazy ubikwitynowej Rsp5.

PUBLIKACJE: 4381, 2680/A, 2686/A, 2688/A, 2690/A, 2722/A, 2749/A, 2754/A, 2757/A, 2792/A, 553/N

Temat nr 21: Regulacja metabolizmu siarkowego u bakterii

Zespół: prof. dr hab. Monika Hryniewicz, dr Anna Łochowska, mgr Anna Modelewska

Kontynuowano badania nad regulacją procesów asymilacji siarki z różnych źródeł przez bakterie gatunku *Burkholderia cenocepacia* (szczepu 715j, izolowanego od pacjenta z mukowiscydozą). Zbadano eksperymentalnie regulację ekspresji: (a) genów związanych z utylizacją tauryny, w tym operonu kodującego transporter tauryny oraz 4 genów kodujących enzymy typu dioksygenaz tauryny (geny desygnowane jako *tauABC*, *tauD1*, *tauD2A*, *tauD2B*, *tauD3*) oraz (b) genu kodującego enzym typu arylosulfatazy (*atsA*). Droga konstrukcji i badania aktywności odpowiednich fuzji promotor-reporter wykazano, że ekspresja *in vivo* wymienionych genów podlega kontroli transkrypcyjnej przez białko regulacyjne SsuR_{Bc} a nie przez białko regulacyjne CysB_{Bc}. Wynik ten potwierdzono przez badanie *in vitro* wiązania białek SsuR i CysB w regionach promotorowych badanych genów. Wykazano ponadto, że funkcja regulatora SsuR jest niezbędna dla metabolizmu estrów siarczanowych cukrów prostych i złożonych wykorzystywanych przez *B. cenocepacia* jako źródła siarki. Prace nad identyfikacją i charakterystyką produktów genów kodujących potencjalne sulfatazy są w toku. Otrzymano dotychczas mutantą w genie desygnowanym jako *atsA* i stwierdzono wstępnie, że fenotyp mutanty jest zgodny z funkcją AtsA jako sulfatazy aromatycznych estrów siarczanowych. W celu identyfikacji ewentualnych specyficznych motywów DNA wiążących białko SsuR wykonano analizy protekcji DNA przez SsuR przed trawieniem DNazą w regionach regulatorowych wybranych genów. Stwierdzono, że regulator SsuR proteguje długie odcinki (do 80-pz) bez wyraźnej preferencji do krótkich motywów wiążących.

Najważniejszy wynik badawczy:

Wykazanie, że u *B. cenocepacia* istnieje „regulon SsuR” obejmujący geny związane z utylizacją szeregu organicznych związków siarki jako źródeł S alternatywnych do nieorganicznego siarczanu.

PUBLIKACJE: 541/N

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

Zespół: prof. dr hab. Iwona Fijałkowska, prof. dr hab. Piotr Jonczyk, dr Małgorzata Jaszczur, dr Krzysztof Flis, mgr Karolina Makiela-Dzbeńska, mgr Joanna Kraszewska, mgr Urszula Wrońska, mgr Marta Garbacz, mgr Ewa Grabowska

W roku 2009 kontynuowano prace nad wyjaśnieniem roli polimerazy I DNA (Pol I DNA) w procesie elongacji, podczas replikacji DNA. Podstawowym celem prac było ustalenie, w jakim stopniu aktywność Pol I DNA wpływa na wierność replikacji DNA, a co za tym idzie na poziom mutacji spontanicznych w komórkach *Escherichia coli*. Uzyskaliśmy dowody sugerujące, że Pol I DNA nie współdziała/współzawodniczy z pozostałymi polimerazami DNA o dostęp do widełek replikacyjnych w trakcie syntezy chromosomalnego DNA [Makiela-Dzbeńska i wsp. (2009) Molec. Microbiol. 74:1114-1127]. Otrzymane wyniki sugerują, że Pol I DNA kontroluje wierność replikacji fragmentów Okazaki powstających na nici opóźnionej.

Prowadzono również badania dotyczące udziału Dpb2 – niekatalitycznej podjednostki holoenzymu polimerazy epsilon w kontroli powstawania mutacji spontanicznych w komórkach *Saccharomyces cerevisiae*. Otrzymane dane wskazują, że zaburzona interakcja pomiędzy katalityczną podjednostką Pol2, a podjednostką Dpb2 jest powodem mutatorowego fenotypu w komórkach drożdży niosących różne zmutowane allele genu *DPB2*. Zaobserwowaliśmy, istotną korelację pomiędzy siłą oddziaływań podjednostek budujących rdzeń polimerazy, a poziomem efektu mutatorowego w szczepach ze zmutowanymi allelami *dpb2*. Dane te wskazują na istotny wpływ oddziaływań pomiędzy podjednostkami polimerazy epsilon na stabilność materiału genetycznego w komórkach drożdżowych (Jaszczur i wsp. (2009) Mutation Research 669:27-35).

Najważniejszy wynik badawczy:

Pol I DNA nie współdziała z pozostałymi polimerazami DNA o dostęp do widełek replikacyjnych w trakcie syntezy chromosomalnego DNA. Otrzymane wyniki sugerują, że Pol I DNA kontroluje wierność replikacji fragmentów Okazaki powstających na nici opóźnionej.

PUBLIKACJE: 4333, 4352, 2691/A

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

Zespół: prof. dr hab. Zygmunt Cieśla, dr Aneta Kaniak, dr Ewa Malc

Kontynuowano prace nad mechanizmami odpowiedzialnymi za utrzymanie stabilności mitochondrialnego DNA (mtDNA) drożdży *S. cerevisiae*. Przy użyciu stworzonego w naszym laboratorium systemu do badania rekombinacji mtDNA, który pozwala na oznaczanie homologicznej rekombinacji w obrębie reporterowego genu *ARG8^m*, prowadzone są badania mające na celu udowodnienie hipotezy, że białko Msh1, homolog bakteryjnego białka MutS, jest pozytywnym elementem regulującym rekombinację mitochondrialną. W tym celu badana jest rekombinacja mitochondrialna po skrzyżowaniu szczepów rodzicielskich, z których każdy niesie allel *msh1-R813W*, powodujący częściową dysfunkcję białka Msh1. Innym aspektem badań nad rekombinacją mtDNA jest udział białka Rad50, składowej kompleksu MRX, w tym procesie. Stwierdzono, że delecja w obu szczepach rodzicielskich genu *RAD50* prowadzi do obniżenia częstości spontanicznej rekombinacji mitochondrialnej w obrębie genu *ARG8^m*. Przy użyciu szczepów z delecją genu *RAD50*, prowadzone są badania nad udziałem rekombinacji w naprawie uszkodzeń mtDNA wywołanych uszkodzeniami oksydacyjnymi, np. po traktowaniu komórek H_2O_2 lub antymycyną A. Kontynuowane są także badania nad rolą mechanizmów naprawczych mtDNA w długowieczności nie dzielących się komórek drożdży, używanych jako model dla procesu starzenia komórek postmitotycznych. Stwierdzono, że skrócona przeżywalność nie dzielących się komórek mutanta z delecją genu *OGG1*, kodującego glikozydazę wycinającą z DNA uszkodzenia oksydacyjne, i wykazującego zarówno fenotyp mutatora jądrowego jak i mitochondrialnego, jest wydłużana, gdy mitochondrialny fenotyp mutatora jest suprymowany bądź przez nadmiar białka Msh1p, bądź przez dodatkową delecję w mutancie *ogg1* genu *NTG1*, kodującego inną glikozydazę odpowiedzialną za usuwanie uszkodzeń oksydacyjnych. Chociaż mechanizm tej ostatniej supresji nie jest znany, oba wyniki wskazują na wyraźną korelację między potencjałem naprawczym uszkodzeń oksydacyjnych mtDNA a zdolnością do przeżywania nie dzielących się komórek drożdżowych.

Najważniejszy wynik badawczy:

Wykazanie korelacji między potencjałem naprawczym mtDNA a długowiecznością nie dzielących się komórek drożdży.

PUBLIKACJE: 4288, 4336, 2748/A, 2824/A, 532/N

Temat nr 25.3: Koordynacja procesów naprawy DNA w komórkach eukariotycznych

Zespół: prof. dr hab. Ewa Śledziewska-Gójska, dr Adrianna Skoneczna, dr Agnieszka Hałas, dr Justyna McIntyre (obecnie staż podoktorski USA), dr Agnieszka Podlaska, mgr Joanna Derkacz, mgr Małgorzata Alabrudzińska, prof. dr hab. Witold Jachymczyk

Pomimo funkcjonowania w komórkach licznych systemów reperacji DNA zablokowanie progresji kompleksu replikacyjnego, wynikające z obecności w replikowanej matrycy nieusuniętych uszkodzeń DNA, zdarza się przynajmniej raz w każdej rundzie replikacyjnej wszystkich badanych organizmów. Sprawne usunięcie bloku replikacyjnego i ukończenie rundy replikacyjnej jest witalnym problemem każdej komórki. Jedną z uniwersalnie występujących dróg tolerancji uszkodzeń DNA, pozwalających na usunięcie bloku replikacyjnego powstałego na uszkodzeniu matrycy, jest tzw. synteza poprzez uszkodzenia (translesion synthesis, **TLS**). Podstawą TLS jest wprowadzenie do kompleksu replikacyjnego wyspecjalizowanych polimeraz DNA, które w odróżnieniu od regularnych replikaz tolerują w centrum aktywnym nieprawidłowe pary zasad. Znany mechanizm rekrutacji polimeraz TLS do kompleksu replikacyjnego wiąże się z monoubikwitynacją pierścienia procesywności replikacji PCNA. Rekrutacja polimeraz TLS i tolerancja nieprawidłowych par zasad mogą prowadzić do podwyższenia poziomu mutagenezy. Dla mutacji spontanicznych zależnych od TLS pokazano ostatnio, że w komórkach pozbawionych ubikwitynacji PCNA, za mutagenezę jest odpowiedzialna sumoylacja PCNA. Badając mechanizm mutagenezy zależnej od sumoylacji stwierdziliśmy, że dotyczy ona zarówno mutagenezy spontanicznej jak i indukowanej. Stwierdziliśmy także, że mutageneza ta zachodzi także w komórkach posiadających sprawnie działający system monoubikwitynacji PCNA, pod warunkiem, że znajdują się w nich aktywne białka Mms2 i Rad5. Wiadomo, że oba te białka są zaangażowane w poliubikwitynację monoubikwitynowanego PCNA co prowadzi do pseudorekombinacyjnej drogi usuwania bloku replikacyjnego. Nasze wyniki *in vivo* potwierdzają najnowsze sugestie doświadczeń *in vitro* sugerujące udział Rad5 w TLS. Jako pierwsi wskazujemy też na rolę Mms2 w tym ważnym dla stabilności genomu procesie. Kontynuując projekt genomiczny, którego celem było wskazanie nieznanych dotychczas elementów komórkowych warunkujących niezmienną materiał genetyczny diploidalnych komórek eukariotycznych, przeprowadziliśmy weryfikację danych mikromacierzowych, otrzymanych w doświadczeniach genomicznych z wykorzystaniem mikromacierzy „molekularnych kodów kreskowych” i biblioteki diploidalnych szczepów delecyjnych drożdży *Saccharomyces cerevisiae*, w testach indywidualnych. Dalsza analiza danych pozwoliła nam wskazać szereg procesów komórkowych decydujących o stabilności genomu. Przeprowadzone przez nas wstępne badania szczepów niosących delecje prowadzące do destabilizacji genomu komórki diploidalnej pozwalają nam stwierdzić istnienie nieznanej dotychczas ścieżki ucieczki przed katastrofą rearanżacyjną genomu poprzez systematyczną utratę materiału genetycznego prowadzącą w rezultacie do haploidyizacji drożdży.

Najważniejszy wynik:

Wyniki sugerują rolę Mms2 w syntezie DNA poprzez uszkodzenia (TLS).

PUBLIKACJE: 4312, 4336, 2748/A, 2758/A, 2759/A

Temat nr 27: Analiza funkcjonalna genów wybranych plazmidów pochodzących z bakterii o znaczeniu klinicznym

Zespół: dr Izabela Kern-Zdanowicz, dr Urszula Zielenkiewicz, dr Michał Dmowski

Stabilne dziedziczenie plazmidu pSM19035 ze *Streptococcus pyogenes* w populacji komórek *Bacillus subtilis* zapewnione jest przez system aktywnej partycji (geny δ i ω) oraz trucizna-odtrutka (geny ζ i ε).

Kluczowym etapem w procesie partycji jest powstanie w regionie centromerowym kompleksu nukleoproteinowego zwanego segregosomem: ze specyficzną sekwencją DNA wiąże się białko typu B (tutaj Omega - produkt genu ω), a z nim białko typu A (tutaj Delta - produkt genu δ) będące ATPazą. Nasze najnowsze badania obejmowały charakterystykę *in vitro* oddziaływań białek partycyjnych Delta i Omega. Ustaliliśmy, iż do ich wiązania niezbędny jest ATP a podstawienie aminokwasowe w regionie białka Delta odpowiedzialnym za jego wiązanie znosiło oddziaływania z białkiem Omega. Co ciekawe, podobne podstawienie w regionie odpowiedzialnym za hydrolizę ATP nie miało wpływu na interakcje Delta-Omega. Analiza wariantów białka Omega (białko o strukturze Ribbon-Helix-Helix) wykazała, że jego N-końcowy fragment jest odpowiedzialny za oddziaływania z białkiem Delta. Ponadto, podstawienia aminokwasowe w strukturze Helix, znoszące dimeryzację białka Omega nie miało znaczącego wpływu na jego interakcje z drugim białkiem partycyjnym.

Do badań nad działaniem systemu trucizna-odtrutka pSM19035 w drożdżach, skonstruowano plazmidy umożliwiające regulowaną ekspresję genów ζ i ε w komórkach tego gospodarza. W okresie sprawozdawczym analizowane były replikony plazmidów pochodzących ze szczepów klinicznych *Enterobacteriaceae*, głównie ze szczepów *Klebsiella pneumoniae*, które nie zostały przyporządkowane do żadnej z 18 rodzin replikonów. Dotąd sklonowano cztery replikony. Tylko replikon plazmidu 2851/06 pochodzącego ze szczepu *K. pneumoniae* 2851/06, produkującego metalo- β -laktamazę VIM-2, jest niezależny od *polA1*. Jego sekwencja została ustalona – jest identyczna z rejonem genu *repB* z plazmidu pK245 z *K. pneumoniae*, niosącego gen ESBL SHV-2 oraz oporność na chinolony, z tym, że brakuje w nim 5 z 17 iteronów obecnych za genem *repB*. Zgodność tych plazmidów będzie badana. Pozostałe trzy replikony są w trakcie sekwencjonowania, jednak wyniki wstępnej analizy pokazują, że jeden, niosący gen ESBL TEM-93 jest wariantem replikonu CloDF.

Najważniejszy wynik badawczy:

Wiązanie ATP, lecz nie jego hydroliza, przez białko Delta jest niezbędne do oddziaływań z białkiem Omega w systemie partycyjnym plazmidu pSM19035.

PUBLIKACJE: 4318, 4334, 4366, 172/M, 173/M, 562/N

Temat nr 28: Chemiczne podstawy mutagenезy i reperacja adduktów cyklicznych

Zespół: prof. dr hab. Jarosław Kuśmerek, dr Agnieszka Maciejewska, mgr Marek Komisarski (do 03. 2009), mgr Karol Ruszel

Nowe substraty białka AlkB. Ustalono warunki naprawy 5. substratów przez AlkB z *E. coli*: 3mC, HPC, HEC, ϵ A i ϵ C. Optimum pH waha się w zakresie 4,6-8,0 i zależy od pKa substratu. Wskazuje to, że AlkB rozpoznaje substraty uprotonowane a ładunek dodatni wzmacnia oddziaływanie substratu z Asp135 w centrum aktywnym enzymu. Kontynuowano poszukiwanie nowych substratów AlkB uzyskując je opracowaną metodą (sprawozdanie 2008). Stwierdzono, że addukt aldehyd krotonowy-cytosyna nie jest substratem AlkB w przeciwieństwie do adduktu akroleiny (HPC). Wyniki badań nad 7-mG i adduktami CAA-guanina są niejednoznaczne ze względu na brak selektywności w ich syntezie oraz ich labilność.

Bakteryjne homologu białka AlkB E. coli. Badano aktywność bakteryjnych homologów białka AlkB *E. coli* otrzymanych od partnera norweskiego: *Streptomyces avermitilis* SA-1A i *Streptomyces coelicolor* SC-1A. Oba białka wydajnie naprawiają HEC i HPC, słabo ϵ C, a SC-1A naprawia ϵ A. Wydajność naprawy, podobnie jak w przypadku AlkB *E. coli* jest zależna od pH reakcji.

Rola białka AlkB w naprawie 3,N⁴- α -hydroksyetanocytozyny (HEC) i ϵ C w komórkach E. coli. Prowadzono badania z użyciem plazmidu IF103 pozwalającego na detekcję indukowanej przez CAA mutacji CG→GC, w szczepach: wt oraz *alkA*, *alkB* i *mug* i w podwójnych mutantach. Wyniki są zgodne z uzyskanymi dawniej i wskazującymi, że białko AlkB naprawia HEC i ϵ C.

Fizyczne oddziaływania białka AlkB z innymi białkami. Badania mają na celu ustalenie potencjalnych partnerów oddziałujących z białkiem AlkB. Badania pilotażowe obejmują doświadczenia z crosslinkiem przy pomocy DSP *in vivo* protoplastów komórek *E. coli* nadprodukujących białko AlkB. W określeniu położenia lizyn potencjalnie reagujących z DSP użyto programu DeepView/SwissPdbViewer.

Najważniejszy wynik badawczy:

AlkB rozpoznaje i naprawia addukty uprotonowane.

PUBLIKACJE: 4285/1, 4307, 4314, 4337, 2715/A, 2737/A, 2815/A, 555/N

Temat nr 29: 1. Analiza molekularna genów kodujących enzymy katabolizmu argininy u *Aspergillus*

Zespół: prof. dr hab. Piotr Węgleński, dr Piotr Borsuk, dr Agnieszka Dzikowska, mgr Małgorzata Pękala, mgr Kinga Król, mgr Maria Macios

Wykazano, że wiążące RNA białko RRMA uczestniczy w regulacji stabilności transkryptów genów *agaA* i *otaA* w warunkach głodu azotowego i stresu oksydacyjnego. Uzyskano ekspresję białka RRMA w bakteriach i oczyszczono je w celu zbadania *in vitro* wiązania tego białka ze specyficznymi transkryptami. Wykazano, że dwa czynniki GATA (AREA i AREB) oraz korepresor NMRA uczestniczą w procesie metabolicznej represji azotowej genów katabolizmu argininy w sposób zależny od źródła azotu i węgla.

Wykonano konstrukty zawierające zmutowane warianty genu *agaA* w celu sprawdzenia funkcji poszczególnych sekwencji w obrębie 5'UTR.

Temat nr 29: 2. Molekularna archeologia, genetyka zachowawcza i filogenetyka wybranych grup organizmów

Zespół: dr Anna Stankovic, dr Danijela Popović, prof. dr hab. Piotr Węgleński, dr Piotr Borsuk, mgr Mateusz Baca, mgr Hanna Panagiotopoulou

W związku z programem restytucji łososia przeprowadzono analizę genetyczną populacji występujących w Polsce przed wyginięciem gatunku i sprowadzanego do Polski materiału zarybieniowego, pochodzącego z rzeki Dżwiny. Przesłano do druku pracę na temat restytucji w Polsce jesiotra ostronosego (*Acipenser oxyrinchus*).

Rozpoczęto prace nad ewolucją kilku gatunków ssaków (jeleń szlachetny, leming, niedźwiedź jaskiniowy), które wyginęły w Europie w okresie pleistocenu. Przesłano do druku prace na temat prekolumbijskiej ludności z terenu Andów Środkowych.

Temat nr 30: Analiza mutantów typu SUV3 u *Saccharomyces cerevisiae*

Zespół: prof. dr hab. Piotr P. Stepień, prof. dr hab. Ewa Bartnik, dr Aleksandra Dmochowska, dr Paweł Golik, mgr Michał Małecki, mgr Roman Szczęsny (doktorant prof. dr hab. Ewy Bartnik), mgr Aleksander Chlebowski, mgr Łukasz Borowski, mgr Lien Dybczyńska, mgr Magdalena Wójcik

Badania koncentrowały się na analizie funkcji ludzkiej helikazy hSUV3p kodowanej przez jądrowy gen SUPV3L1 (SUV3).

Udowodniono, że nadekspresja zmutowanej formy hSUV3p, w której glicyna w pozycji 207 została zamieniona na walinę, ma efekt typu „dominant negative” i jest ekwiwalentna wyciszaniu genu SUV3 za pomocą siRNA. Zakłócenie w ten sposób funkcji genu SUV3 powoduje zmiany w obrazie mitochondrialnego RNA: okres półtrwania stabilnych mt mRNA wydłużył się, akumulacji ulegały intermediaty powstające w wyniku obróbki pierwotnych transkryptów zarówno kodowanych na nici L i na nici H, zaobserwowano także akumulację nieprawidłowych transkryptów i cząsteczek nie w pełni zdegradowanych.

Na podstawie powyższych wyników przedstawiono model, w którym helikaza SUV3 jest niezbędnym składnikiem ludzkiego mitochondrialnego degradosomu, odpowiedzialnego za degradację i kontrolę jakości RNA w mitochondriach. Analiza kompleksów białkowych w spektrometrze mas wykazała, że białko hSUV3p oczyszcza się razem z fosforylazą polinukleotydową (PNPazą). Dane te sugerują, że oba białka mogą tworzyć kompleks degradosomu mitochondrialnego.

Temat nr 31: Szkoła Biologii Molekularnej/Studium Doktoranckiego przy IBB PAN

Kierownictwo Studium: prof. dr hab. Grażyna Palamarczyk (Kierownik Studium),
prof. dr hab. Piotr Jonczyk (Dyrektor do spraw naukowych IBB PAN), prof. dr hab. Magdalena Boguta

Recenzenci przebiegu studiów doktoranckich: prof. prof. dr hab. Wojciech Bał, Andrzej Bierzyński, Magdalena Boguta, Michał Dadlez, Iwona Fijałkowska, Jacek Hennig, Monika Hryniewicz, Grażyna Jagura-Burdzy, Agnieszka Sirko, Ewa Śledziwska-Gójska, Barbara Tudek, Lech Wierzychowski, Piotr Zielenkiewicz, Teresa Żołądek, doc. doc. dr hab. Anna Bębenek, Anna Chelstowska, Grażyna Dobrowolska, Andrzej Dziembowski Małgorzata Łobocka, Elżbieta Kraszewska, Jarosław Poznański, dr dr Iwona Karkusiewicz, Izabela Kern, Róża Kucharczyk, Szymon Świeżewski, Aleksandra Wysłouch, Monika Wysoka, Joanna Towpik

Na studiach doktoranckich (SD) w IBB PAN zarejestrowano 122 osób, w tym 96 w IBB PAN, 22 w Międzynarodowym Instytucie Biologii Molekularnej i Komórkowej (MIBMiK) oraz 4 osoby w programie Wellcome FNP na SGGW.

Pierwszoroczni uczestnicy SD, w ilości 15-tu osób w IBB PAN i 5-ciu w MIBMiK, zostali przyjęci w wyniku trójstopniowego egzaminu wstępnego, do którego przystąpiły 22 osoby. Egzamin obejmował znajomość języka angielskiego, pisemny test oraz ustną prezentację wyników prac magisterskich, połączoną z rozmową z kandydatami. Egzamin ustny przeprowadziła 10-cio osobowa komisja składająca się z samodzielnych pracowników naukowych, reprezentujących poszczególne kierunki badawcze Instytutu.

Stopień doktora w roku 2009 otrzymało: 14-tu doktorantów.

Działalność dydaktyczna: W okresie sprawozdawczym doktoranci wysłuchali cykli wykładów dr hab. Andrzeja Dziembowskiego (Katedra Genetyki UW/IBB PAN) „Oczyszczanie i analiza biochemiczna białek i ich kompleksów”. Mieli również możliwość uczestniczenia w kursie: „Modelowanie białek” obejmującym 2 godz. wykład prof. dr. hab. Piotra Zielenkiewicza (IBB PAN) oraz 9 godz. ćwiczeń prowadzonych przez pracowników Zakładu Bioinformatyki IBB PAN. Część doktorantów uczestniczyła również w wykładach zorganizowanych przez Zakład Biofizyki UW: „Spektroskopia emisyjna cząsteczek biologicznych i jej zastosowania biomedyczne” 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.

Osiągnięcia naukowe doktorantów:

Doktoranci są współautorami 41 pełnych prac naukowych oraz 138 komunikatów lub plakatów przedstawionych na zjazdach krajowych i zagranicznych.

Dwudziestu doktorantów przedstawiło projekty badawcze pisane wg wzorów projektów finansowanych przez Ministerstwo Nauki i uzyskało ich dodatkowe finansowanie z funduszy SD. (5 000 zł). Fundusze te mogą być przeznaczone na zakup odczynników i drobnego sprzętu lub sfinansowanie uczestnictwa w dowolnie wybranej konferencji naukowej. Odbiorców grantów obowiązuje przedstawienie sprawozdania merytorycznego i finansowego. Sprawozdanie to będzie podstawą do ewentualnego przedłużenia grantu na rok następny.

Szczególnym osiągnięciem było otrzymanie przez 45 stypendystów z IBB PAN, „*Mazowieckiego Stypendium Doktoranckiego*” (14 000 PLN) w ramach Zintegrowanego Programu Operacyjnego Rozwoju Regionalnego, Działania 2.6 „Regionalne Strategie Innowacyjne i transfer wiedzy”, finansowanego z środków Europejskiego Funduszu Społecznego oraz z środków Budżetu Państwa.

Finanse:

W roku sprawozdawczym SBM/Studium Doktoranckie otrzymało, w ramach finansowania działalności budżetowej IBB PAN przez Ministerstwo Nauki, 200 000 zł. Z tych funduszy pokrywano częściowo udział doktorantów w konferencjach międzynarodowych odbywających się za granicą i w Polsce, a także w konferencjach krajowych.

Temat 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. Magdalena Gabig-Cimińska, doc. dr hab. Alicja Węgrzyn, dr Agata Czyż, dr Anna Szambowska

Bakteriofagi należące do grupy fagów lambdoidanych są grupą wirusów, których organizacja genomu przypomina budowę genomu bakteriofaga lambda. Wiele z tych fagów koduje silne toksyny, wydzielane podczas infekcji bakteryjnych organizmów ludzkich. Przykładami takich toksyn są toksyny Shiga. Ekspresja genów kodujących te toksyny następuje tylko po indukcji profaga. Zatem poznanie mechanizmów tej indukcji, jak również rozwoju litycznego tych fagów jest kluczowe dla opracowania metod zapobiegających skutkom infekcji bakteriami lizogennymi fagami niosącymi geny toksyn Shiga (*stx*).

Przeprowadziliśmy badania, w których badaliśmy regulację replikacji DNA replikonów pochodzących od bakteriofagów niosących geny *stx*. Badania te wykazały, że pomimo podobieństwa do replikonu lambda, istnieją istotne różnice w mechanizmach regulujących częstość inicjacji replikacji. Różnice dotyczą m.in. zależności od bakteryjnego białka DnaA oraz wrażliwości na alarmony odpowiedzi ścisłej metabolizmu.

Bardzo istotne wydają się badania nad mechanizmami indukcji profagów niosących geny *stx*. Klasyczne czynniki indukujące profagi lambdoidalne w warunkach laboratoryjnych, takie jak naświetlanie promieniami UV, nie występują w jelitach człowieka, zatem co innego musi wywoływać ten proces u zakażonych bakteriami ludzi. Wyniki naszych doświadczeń sugerują, że czynnikiem powodującym indukcję profagów lambdoidalnych w szczepach *Escherichia coli* przebywających w jelitach człowieka może być nadtlenek wodoru.

Najważniejsze wyniki badawcze:

1. Konstrukcja i charakterystyka funkcjonalna replikonów pochodzących od bakteriofagów lambdoidalnych niosących geny toksyn Shiga.
2. Wykazanie, że nadtlenek wodoru może być czynnikiem wywołującym indukcję profagów lambdoidalnych niosących geny *stx*.

PUBLIKACJE: 4302, 4353, 4354, 4355, 4356, 2669/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 Marta Frankowska (Marta Małuszek) oraz Zuzanna Tracz, poprzedni doktoranci dr Aleksandra Helwak, dr Leszek Lipiński, dr Frank King

Ludzki gen *TP53* koduje białko hamujące powstawanie wielu nowotworów. p53 jest czynnikiem transkrypcyjnym wiążącym się z wieloma sekwencjami promotorowymi. Gen *TP53* jest zmutowany w wielu komórkach nowotworowych (jedną z najczęściej występujących zmian jest mutacja R249S). Upřednio wykazaliśmy, że białko opiekuńcze Hsp90 przywraca aktywność transkrypcyjną wt p53 w temperaturze fizjologicznej 37°C (King i wsp. 2001; Walerych i wsp. 2004). Obecnie wykazaliśmy (D. Walerych i wsp. 2009), że w warunkach podwyższonej temperatury, poza Hsp90 także inne białka opiekuńcze: Hsp70 i Hsp40 (oraz białka wiążące oba systemy białek opiekuńczych - białko Hop), są niezbędne do aktywności transkrypcyjnej wt p53. *In vivo* w komórkach H1299 niedrobnokomórkowego raka płuca w warunkach podwyższonej temperatury białka opiekuńcze Hsp70 i Hsp90 nie tylko stabilizują konformację natywnego p53 ale także wspomagają związanie się p53 do aktywnej formy. Doświadczenia z immunoprecypitacją chromatyny wykazały, że w podwyższonej temperaturze białka opiekuńcze Hsp70 i Hsp90 są niezbędne do wiązania wt p53 do sekwencji promotora *WAF1*. Ta ostatnia reakcja została zrekonstruowana *in vitro*: w reakcji zależnej od ATP, Hsp70 w obecności białka pomocniczego Hsp40 wraz z Hsp90 i białkiem Hop, stymulowały wiązanie p53 do sekwencji promotora *WAF1* w temperaturze 42°C. Co więcej, w warunkach *in vitro* obecność białek opiekuńczych spowodowała, że onkogenny p53 R249S normalnie nie wiążący się do DNA, był w stanie rozpoznać sekwencję promotora *WAF1*.

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

Zespół: doc. dr hab. Małgorzata Łobocka

Kontynuowano prace nad badaniem wewnątrzkomórkowej lokalizacji oraz wzajemnych interakcji białek partycyjnych plazmidu P1, ParA i ParB. W badaniach wykorzystywano fuzje ParA i ParB z białkami fluorescencyjnymi: Egfp i Gfp. W celu stworzenia systemu badania partycji P1 niezależnego od replikonu P1 i innych replikonów iteronowych oraz od bakteryjnego białka IHF, skonstruowano serię pochodnych pBR322, niosących rejon *parS* P1. Badano stabilność otrzymanych plazmidów w mutancie *pcnB*- *Escherichia coli* (dla obniżenia liczby kopii replikonu pBR322) w obecności białek ParA i ParB P1 dostarczanych z oddzielnych plazmidów. Empirycznie dobrano poziomy indukcji transkrypcji genów *parA* i *parB*, tak, by ich aktywność prowadziła do stabilizacji skonstruowanych plazmidów *parS*⁺. Obserwowano ruchy pochodnych pBR322 niosących rejon *parS* P1 w obecności ParB-Gfp – nie różniły się istotnie od opisanych w publikacjach innych autorów ruchów samych plazmidów pBR322. Wskazuje to, że samo ParB może nie mieć istotnego wpływu na pozycjonowanie plazmidów podczas partycji.

W ramach badań finansowanych z dotacji na działania sieci „Biologia i Biotechnologia Bakteriofagów” opracowano metodę wykrywania DNA gronkowcowych fagów terapeutycznych we krwi i narządach oraz procedurę wybiórczej izolacji poliwalentnych fagów bakterii Gram⁺. We współpracy z Narodowym Instytutem Leków (NIL) oraz Instytutem Immunologii i Terapii Doświadczalnej PAN (IiTD) przeanalizowano szczepy gronkowca pobrane od pacjentów przed, w trakcie i po fagoterapii. U niecałych 10% pacjentów zastosowanie fagoterapii było skorelowane ze zmianą szczepów lub z ich eradykacją. Zbadano również profile profagowe szczepów wykorzystywanych do badania specyficzności poliwalentnych fagów gronkowcowych. Nie stwierdzono korelacji pomiędzy wrażliwością na fagi poliwalentne i typem profaga wintegrowanego w chromosom badanego szczepu. We współpracy z Wydziałem Biologii Uniwersytetu Gdańskiego przetestowano nową metodę długotrwałego przechowywania fagów.

Najważniejszy wynik badawczy:

Konstrukcja systemu do badania partycji P1 niezależnego od replikonów iteronowych i bakteryjnego białka IHF.

PUBLIKACJE: 4368, 534/N, 558/N, 564/N

Temat nr 34: Udział struktur chromatynowych w regulacji transkrypcji genów

Zespół: prof. dr hab. Andrzej Jerzmanowski, dr Marta Prymakowska-Bosak, dr Tomasz Sarnowski, dr Szymon Świeżewski, mgr Joanna Puzio, mgr Daniel Buszewicz, mgr Krzysztof Kokoszka

Na podstawie analizy interakcji genetycznych i ko-immunoprecypitacji wykazano, że w *Arabidopsis* funkcjonuje kompleks przebudowujący chromatynę typu SWI/SNF, zawierający podjednostki BRM (centralna ATPaza), ATSWI3B, ATSWI3C i BSH. W trakcie rozwoju *Arabidopsis* wymieniony kompleks współuczestniczy w kontroli morfogenezy liści i regulacji czasu kwitnienia. Wykazano, że działa on także jako mediator ścieżek sygnalizacyjnych hormonów, w szczególności ABA, etylenu i giberelin.

Analiza oddziaływań wariantów histonu H1 *Arabidopsis* z chromatyną *in vivo* za pomocą techniki FRAP wykazała zasadnicze różnice w czasie związania z chromatyną między wariantem H1-3 (streso-indukowalnym) a pozostałymi dwoma wariantami somatycznymi (H1-1 i H1-2). Wykazano, że w warunkach zmniejszonego oświetlenia wariant H1-3 indukuje się silnie w merystemach korzeni bocznych i prawdopodobnie w pluripotentnych komórkach merystemu pędowego (SAM).

Najważniejszy wynik badawczy:

Wykazanie znaczących różnic w sposobie oddziaływania z chromatyną *in vivo* wariantów histonu H1 w *Arabidopsis*.

PUBLIKACJE: 4304

Temat nr 35: Ekspresja genów kodujących białka o znaczeniu terapeutycznym w roślinach

Zespół: prof. dr hab. Agnieszka Sirko, dr Anna Góra-Sochacka (Zakład Biosyntezy Białka), mgr Patrycja Redkiewicz (ZBB), mgr Anna Stachyra (ZBB), mgr Róża Sawicka (ZBB)

W okresie sprawozdawczym prace zespołu koncentrowały się wokół produkcji ssaczych cytokin w tytoniu, z zastosowaniem zarówno metod transformacji stabilnej jak i za pomocą wektorów wirusowych (transformacja przejściowa). Dość niska wydajność produkcji rekombinowanych białek hIL-2 (ludzka interleukina 2) i mGM-CSF (mysi GM-CSF) w stabilnie transformowanych roślinach tytoniu skłoniła nas do przygotowania nowych kaset ekspresyjnych, które mogłyby pozwolić na uzyskanie wyższego poziomu produkcji aktywnych biologicznie rekombinowanych cytokin. Przygotowane kasety ekspresyjne do stabilnej transformacji roślin za pomocą *Agrobacterium* pozwoliły na uzyskanie w tytoniu białek fuzyjnych zawierających cytokiny w fuzji z inhibitorami proteaz (SPI2 i CMTI). Uzyskany poziom ekspresji ciągle jednak nie jest zadowalający. Otrzymany od dr. V. Klimyuka (ICON Genetics GmbH) wektor oparty na bazie wirusa TMV pozwala na uzyskanie wydajnej ekspresji przejściowej transgenów w infiltrowanych liściach roślin *Nicotiana benthamiana* (system Magnicon). Przygotowano plazmidy pozwalające na uzyskanie przejściowej ekspresji transgenów kodujących cytokiny oraz białka fuzyjne za pomocą tego systemu.

Najważniejszy wynik badawczy:

Uzyskano po kilka linii transgeniczných tytoniu wytwarzających mGM-CSF w fuzji z inhibitorami proteaz CMTI lub SPI2.

PUBLIKACJE: 2743/A, 161/M

Temat nr 36: Metody informatyczne w biologii molekularnej

Zespół: prof. dr hab. Piotr Zielenkiewicz, dr Piotr Pawłowski, dr Szymon Kaczanowski, dr Paweł Siedlecki, dr Grzegorz Wieczorek, mgr Norbert Odolczyk, mgr Arkadiusz Gładki, mgr Joanna Zielińska, mgr Paweł Kamiński, mgr Ewa Tkalińska, mgr Marlena Siwiak

Wykonano analizę wpływu mutacji synonimicznych (SNP) na strukturę i właściwości mRNA protoonkogenu RET, powodujących zmiany w przebiegu raka rdzeniastego tarczycy (MTC). Modulujący wpływ tych mutacji może być tłumaczony poprzez zmianę właściwości mRNA i regulację translacji białka RET.

Zaimplementowano aplet wizualizujący wyniki programu MIRON (Modules InteRaction ONtologies). Wyniki prezentowane są w formie dynamicznego i interaktywnego grafu. Udostępnione funkcje (filtrowanie danych, wyróżnianie grup białek itp.) ułatwiają analizę danych, oraz szybki dostęp do informacji źródłowych (linki do szczegółowych wyników i publikacji).

Analizowano plejotropię alleli dominujących i recesywnych w oparciu o publicznie dostępne interakcje genetyczne dla muszki owocowej.

Stworzono model translacji, który na podstawie danych o gęstości rybosomów i aktywności transkrypcyjnej genów pozwala wyznaczyć dla każdego genu zestaw parametrów opisujących proces translacji. Wśród obliczonych parametrów wymienić można: bezwzględną liczbę transkryptów; bezwzględną liczbę cząsteczek białka syntetyzowanych w trakcie obecności danego transkryptu w komórce; całkowity czas (w sekundach) potrzebny na syntezę jednej cząsteczki białka z danego transkryptu, będący sumą czasu potrzebnego na inicjację translacji i elongację; prawdopodobieństwo inicjacji translacji uwzględniające liczbę wolnych rybosomów i cząsteczek danego mRNA w komórce oraz cechy danego mRNA (m. in. kontekst wokół kodonu inicjującego, właściwości 5'UTR, struktury drugorzędowe). Model został użyty do zbadania przebiegu translacji dla całego genomu *Saccharomyces cerevisiae*, niemniej jego uniwersalność pozwala na wykonanie podobnych analiz dla dowolnego organizmu, o ile tylko dostępne są odpowiednie dane wejściowe.

Specyficzne dla plazmidowych ATPaz ze zmienionym motywem Walkera cechy, zdefiniowano dla obszaru poza rejonem wiązania z ATP. Są to położenia dwóch akceptorów oraz charakterystyczne dla postaci monomerycznej położenie donora, gdyż przy takim położeniu, centrum aktywne badanych ATPaz jest dostępne dla potencjalnych ligandów. Skonstruowane na podstawie powyższych cech 3 farmakofory posłużyły do przeszukania bazy NCI2000 (230tys związków), metodą flexible search, z zachowaniem reguły Lipińskiego (masa mniejsza niż 500Da, mniej niż 5 miejsc donorowych dla wiązań wodorowych, mniej niż 10 miejsc akceptorowych dla wiązań wodorowych, wartość logP mniejsza niż 5, najwyżej jedna cecha spośród wymienionych może być niespełniona). Otrzymane związki dokowano przy użyciu zmodyfikowanych parametrów odpowiedzialnych za oddziaływanie van der Waalsa układu ligand-receptor, co pozwala do pewnego stopnia uniknąć problemu sztywności receptora w dokowaniu. Zdokowane związki następnie oceniano funkcjami oceniającymi dostępnymi w programie Sybyl8.0. Ze względu na niewystarczające powinowactwo wyszukanych związków do receptora, w porównaniu do ATP, rozpoczęto łączenie otrzymanych związków, w taki sposób by synteze tę można było odtworzyć w laboratorium za pomocą prostych reakcji chemicznych. Pierwsze wyniki wykazały znaczącą poprawę wartości pochodzących z 4 różnych funkcji oceniających. Otrzymano 4 ligandy ocenione przez 3 z 4 różnych funkcji oceniających, równie dobrze jak ATP.

Temat nr 37: Mechanizmy kontrolujące proces patogenezy komórek roślinnych

Zespół: prof. dr hab. Jacek Hennig, dr Dorota Konopka-Postupolska, dr inż. Małgorzata Lichocka, dr inż. Sabina Zuzga (do 01.10.2009), mgr inż. Kamil Witek, mgr Karolina Woroniecka, mgr Michał Szalonek (doktoranci, od 01.10.2009)

Kontynuowaliśmy analizy molekularne podstawy odpowiedzi roślin ziemniaka (*Solanum tuberosum* L.), odmian posiadających locus *Ny-1*, na infekcję wirusem Y ziemniaka (Potato Virus Y, PVY). Wykazaliśmy, że odpowiedź obronna tej odmiany *S. tuberosum*, na infekcję wszystkich znanych typów izolatów PVY, to jest: 0, N i NTN manifestuje się tworzeniem nekroz lokalnych, i jest wynikiem reakcji nadwrażliwości (ang. Hypersensitive Response, HR). Reakcja ta jest zależna od temperatury i nie zachodzi, gdy uprawa roślin jest prowadzona przy stałej temperaturze $>27^{\circ}\text{C}$. Naszym głównym celem było uzyskanie danych na temat globalnych zmian zachodzących w poziomie ekspresji genów podczas odpowiedzi HR. Do wykonania globalnej analizy transkrypcji, po infekcji PVY, wykorzystaliśmy mikromacierze opracowane w ostatnim czasie na bazie platformy firmy Agilent przez konsorcjum POCI (Potato Oligo Chip Initiative). Największe zmiany obserwowane są w 1 dzień po infekcji (dpi) i 3 dpi (zmieniony poziom ekspresji mają odpowiednio 8153 i 10454 geny). Co ciekawe, w obu punktach czasowych przeważają geny o obniżonym poziomie ekspresji (odpowiednio 4700 i 5836). Genów o podwyższonym poziomie ekspresji jest znacznie mniej (3435 i 4618). Duża liczba wspólnych genów (2026 aktywowanych oraz 4102 ulegających inhibicji) między tymi dniami wskazuje, że odpowiedź zainicjowana pierwszego dnia jest kontynuowana do 3 dpi, kiedy to ulega dalszemu wzmocnieniu. Tak efektywna odpowiedź skutkuje skutecznym powstrzymaniem rozprzestrzeniania się wirusa w 6 dpi, co przejawia się w znaczącym obniżeniu zmian na poziomie transkrypcji (zmieniony poziom ekspresji ma niecałe 1800 genów, przy czym większość z nich ulega aktywacji [1176]). Ponadto dochodzi do wytworzenia sygnału o infekcji, w wyniku, czego w kolejnych dniach indukowana jest odpowiedź systemowa. Z wysokim prawdopodobieństwem można stwierdzić, że funkcję cząsteczki sygnałnej pełni kwas salicylowy.

Najważniejszy wynik badawczy:

Wykonanie wysokiej jakości globalnej analizy ekspresji genów w roślinach ziemniaka zdolnych do reakcji typu HR, w odpowiedzi na infekcję wirusa PVY. Stwierdziliśmy, że dochodzi do znaczących zmian poziomu transkrypcji ponad 10.000 genów.

PUBLIKACJE: 4298, 4324, 4328, 2670/A, 2699/A, 2729/A, 2797/A, 2799/A, 2800/A

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

Zespół: dr Bożenna Rempola

Kontynuowano badania nad rolą białek zaangażowanych w transport wewnątrzkomórkowy (Ccz1p i Ypt7p) w procesie sporulacji u *S. cerevisiae*. Temat realizowany jest wspólnie z zespołem prof. Joanny Rytkei (temat nr 20.2). Wcześniej wykazaliśmy, że w mutancie *ccz1Δ/ccz1Δ* dochodzi do zainicjowania sporulacji, premeiotycznej replikacji DNA i parowania chromosomów homologicznych, jednakże organizacja mikrotubul czy duplikacja/separacja SPB (spindle pole body) są defektywne.

Ekspresja zmutowanej formy genu *YPT7* (*YPT7^{D129A}*) częściowo znosi defekty związane z utratą Ccz1p. Wykazaliśmy, że w szczepie *ccz1Δ/ccz1Δ[YPT7^{D129A}]* w 40% komórek dochodzi do formowania spor. Wykazaliśmy także, poprzez monitorowanie dojrzewania proenzymu aminopeptydazy I (Apl1p) w komórkach *ccz1Δ/ccz1Δ[YPT7^{D129A}]* zaindukowanych do sporulacji, że nastąpiło częściowe przywrócenie dojrzewania Apl1p świadczące o przywróceniu autofagocytozy. Ilość dojrzałej formy Apl1p oszacowana na ok. 50% (w porównaniu do komórek *CCZ1/CCZ1[YPT7^{D129A}]*) była porównywalna z wydajnością sporulacji (40%). Uzyskany wynik wskazuje, iż komplementacja defektu sporulacji w mutancie *ccz1Δ/ccz1Δ* związana jest z przywróceniem procesu autofagocytozy.

Ze względu na funkcjonalne podobieństwo pomiędzy białkami Ccz1 i Ypt7 podjęto badania mające na celu ustalenie etapu, na którym sporulacja w mutancie *ypt7Δ/ypt7Δ* jest zaburzona. Badając kinetykę mejozy dla mutantu *ypt7Δ/ypt7Δ* wykazano, że nie przechodzi on pierwszego podziału meiotycznego. W komórkach mutantu indukcja genu *IME1*, będącego czynnikiem transkrypcyjnym odpowiedzialnym za wejście komórek w mejozę, osiąga poziom porównywalny do szczepu dzikiego co oznacza, iż w mutancie *ypt7Δ/ypt7Δ* proces sporulacji jest prawidłowo inicjowany. Wykazano także (metodą FACS), że w komórkach *ypt7Δ/ypt7Δ* nie dochodzi do premeiotycznej syntezy DNA.

Kontynuowano także badania prowadzone we współpracy z dr hab. Anną Szkopińską (temat nr 45) dotyczące funkcji drożdżowego białka Nus1, któremu przypisuje się cechy prenyltransferazy. Skonstruowano plazmidy kodujące białka fuzyjne GFP-Nus1 oraz GFP-Srt1 i wstępnie określono ich lokalizację komórkową.

Najważniejszy wynik badawczy:

Defekt sporulacji w mutancie *ccz1Δ/ccz1Δ* jest ściśle związany z zaburzeniami w procesie autofagocytozy. Ccz1p i Ypt7p są niezbędne we wczesnym, innym dla każdego z nich, etapie mejozy pierwszej.

PUBLIKACJE: 2684/A, 2694/A

Temat nr 39: Badania polimorfizmu mitochondrialnego w populacji polskiej

Zespół: prof. dr hab. Ewa Bartnik, lek. med. mgr Anna Czarnecka (doktorantka Studium Medycyny Molekularnej), dr Katarzyna Tońska (UW), Ewa Grabowska (magistrantka dr Tońskiej, UW), dr Roman Szczęsny

W roku 2009 kontynuowano badania nad chorobą Lebera; przeprowadzono diagnostykę u 30. osób. Kontynuowano badania dotyczące mutacji w mitochondrialnym DNA nowotworów. Ten wątek prac zaowocował w okresie sprawozdawczym kilkoma publikacjami i jednym doktoratem (Anny Czarneckiej, który będzie bronił w lutym w Instytucie Onkologii). Wyniki uzyskane dla kilku nowotworów (rak sromu, piersi, endometrium i nowotwory głowy i szyi), w których sekwencjonowano tylko część genomu mitochondrialnego i ustalano haplogrupy wyraźnie wskazuje, że populacje chorych różnią się od populacji zdrowych innym rozkładem polimorfizmów mitochondrialnych. Natomiast stwierdzono występowanie niewielkiej tylko liczby mutacji w mtDNA pochodzących z nowotworów. Wydaje się więc, że mutacje w mitochondrialnym DNA w przeciwieństwie do tego co sądzono parę lat temu mają małe szanse być przydatne w diagnostyce. Oprócz prac, które ukazały się w tym roku w druku jest kilka następnych.

We współpracy z Kliniką Neurologii Warszawskiego Uniwersytetu Medycznego przebadano mtDNA z 42. pacjentów i u 7. znaleziono molekularną przyczynę choroby (4 delecje i 3 mutacje punktowe typu MELAS).

PUBLIKACJE: 4286, 4292, 4295, 4348, 2719/A, 2720/A, 166/M, 169/M, 552/N

Temat nr 41: Oksydacyjne uszkodzenia DNA

Zespół: prof. dr hab. Barbara Tudek, dr Elżbieta Speina, mgr Zuzanna Bukowy (do 30.06.2009), mgr Alicja Winczura, mgr Beata Janowska (od 01.07.2009), mgr Paulina Prorok (od 01.10.2009), mgr Hubert Ludwiczak (od 01.10.2009)

Badania zespołu były prowadzone w dwóch głównych kierunkach: oczyszczanie i charakterystyka ludzkich i bakteryjnych oksydacyjnych demetylaz z rodziny AlkB oraz modulacja aktywności systemu BER i NER.

Oczyszczono dwa ludzkie i trzy bakteryjne homologii białka AlkB i zbadano ich zdolność do naprawy egzocyklicznych adduktów C, A i G. Zdolność badanych enzymów do naprawy 1,N⁶-etenoadeniny (εA), 3,N⁴-etenocytozyny (εC) i 1,N²-etenoguaniny (1,N²-εG) była różna dla ssDNA i dsDNA. Dla niektórych enzymów przeprowadzono badania kinetyczne.

Badając czynniki modulujące naprawę oksydacyjnych uszkodzeń DNA wykazano, że jeden z głównych produktów peroksydacji lipidów, 4-hydroksynonenal (HNE), hamuje naprawę εA oraz εC, ale nie 8-oksoG w ekstraktach fibroblastów ludzkich (linia K21) oraz uwrażliwia komórki na działanie czynników utleniających i metylujących. W ten sposób wykazano, że stres oksydacyjny nie tylko powoduje powstawanie uszkodzeń kwasów nukleinowych, ale także może inaktywować system naprawy BER. Podobne hamowanie aktywności przez HNE wykazano dla białka CSB zaangażowanego w naprawę nici podlegającej transkrypcji (TCR), defektywnego w Syndromie Cockayne'a. Wykazano też, że helikaza RECQL4, nieaktywna u pacjentów z syndromem Rothmund-Thompsona, moduluje aktywność kluczowych enzymów systemu BER.

Szukając innych czynników zmieniających aktywność BER, rozpoczęto badania mające na celu identyfikację białek tworzących kompleksy z glikozylazą tyminową, wycinającą z DNA εC, T i U. Metodą spektrometrii mas zidentyfikowano kilkanaście białek, których rolę w aktywności TDG należy w przyszłości określić innymi metodami.

Najważniejszy wynik badawczy:

Scharakteryzowano naprawę εA, εC i 1,N²-εG przez siedem bakteryjnych i dwa ludzkie enzymy rodziny AlkB.

PUBLIKACJE: 4314, 4337, 4341, 2674/A, 2714/A, 2717/A, 2821/A, 2822/A, 2823/A, 536/N

Temat nr 42: Mutacje indukowane i adaptacyjne

Zespół: prof. Elżbieta Grzesiuk, dr Anna Sikora, dr Joanna Krwawicz, dr Jadwiga Nieminuszczy, mgr Michał Wrzesiński, mgr Damian Mielecki, mgr Aleksandra Chojnacka

Zespół kontynuuje badania nad naprawą uszkodzeń alkilacyjnych w DNA *E.coli* prowadzoną przez dioksygenazę AlkB. Wyjaśniono i opisano zjawisko wysokiego poziomu indukowanych MMS rewersji *argE3*→Arg⁺ przy jednoczesnym niskim poziomie rewersji *lacZ*→Lac⁺ w mutantach *alkB*⁻.

Badano udział białka AlkB w naprawie uszkodzeń alkilacyjnych w bakteriach pozbawionych funkcjonalnego systemu naprawy BER (mutant *E. coli nth xth nfo*). Stwierdzono, że mutacje w dwóch różnych systemach naprawy DNA, BER i AlkB, prowadzą do znacznej wrażliwości poczwórnego mutantu *E. coli nth xth nfo alkB* na MMS i ekstremalnie podwyższonej indukcji odpowiedzi SOS. Uzyskane wyniki wskazują na kluczową rolę miejsc purynowych/pirymidynowych (AP) w obserwowanych zjawiskach i na pośrednią rolę białka AlkB w naprawie miejsc AP.

Rozpoczęto analizę metagenomiczną wyselekcjonowanego zespołu bakterii fermentacji wodorowych hodowanych na podłożu zawierającym melasę.

Z hodowli selekcyjnej bakterie zdolne do dysymilacyjnej redukcji żelaza (III) na podłożu zawierającym melasę i tlenek żelaza Fe₂O₃ otrzymano w postaci czystych kultur i wstępnie scharakteryzowano 2 izolaty wykazujące 99% homologię do szczepu *Shewanella* sp. MR7. Potwierdzono ich aktywność elektrochemiczną w mikrobiologicznym ogniwie paliwowym.

Najważniejsze wyniki badawcze:

1. Rola białka AlkB w naprawie miejsc AP indukowanych MMS.
2. Izolacja i częściowa charakterystyka prawdopodobnie nowych szczepów/gatunków bakterii z rodzaju *Shewanella*.

PUBLIKACJE: 4360, 2737/A, 2762/A, 2763/A, 2774/A, 2775/A, 2776/A, 2789/A, 2790/A, 2802/A, 2803/A, 2804/A, 2818/A, 2819/A, 168/M

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

Zespół: prof. dr hab. Grażyna Jagura-Burdzy, dr Aneta Bartosik, dr Anna Kulińska, dr Jolanta Mierzejewska, mgr Krzysztof Głabski, mgr Magdalena Kusiak, mgr Aleksandra Markowska, mgr Jolanta Szarlak, mgr Marta Warsińska

Plazmidy koniugacyjne o szerokim spektrum gospodarzy, typu BHR (*broad host range*), do których należą badane przez nas IncP-1 i IncU, mają zdolność replikacji i stabilnego utrzymywania się w rozmaitych, odległych filogenetycznie gatunkach bakterii. Stworzyliśmy wygodny system niskokopijnych wektorów na bazie minireplikonów RA3 (IncU) i RK2 (IncP-1) do klonowania insertów i badania ich funkcji w rozmaitych gospodarzach. Rozpoczęliśmy szczegółową analizę funkcjonalną i molekularną modułu koniugacyjnego RA3 odpowiedzialnego za transfer plazmidu do alfa-, beta- gammaproteobacteria.

Drugi kierunek naszych badań dotyczy chromosomalnych przedstawicieli rodzin białek partycyjnych ParA i ParB z *Pseudomonas aeruginosa*. Mutanty *par* *P. aeruginosa* wykazują plejotropowy charakter wskazując, że białka Par zaangażowane są w prawidłową segregację chromosomów, wzrost i podział komórek a także w mobilność i zdolności kolonizacyjne *Pseudomonas*. Stosując metodę proteomiki różnicowej iTRAQ (przy współpracy z zespołem prof. dr hab. M. Dadleza) potwierdziliśmy zaangażowanie białek Par w podział komórki, segregację chromosomów i regulację ekspresji genów metabolizmu podstawowego. Równolegle przygotowaliśmy bibliotekę genomu *P. aeruginosa* w jednym z wektorów bakteryjnego systemu dwu-hybrydowego BACTH i stosując ParB jako „przynętę” zidentyfikowaliśmy szereg potencjalnych partnerów tego białka.

Najważniejsze wyniki badawcze:

1. Stworzenie nowego systemu wektorów niskokopijowych (stabilnych/niestabilnych) o szerokim spektrum gospodarzy.
2. System koniugacyjny RA3 (występujący powszechnie wśród nowo odkrytych plazmidów środowiskowych typu BRH) podlega silnej autorepresji przez białko MobC i ko-regulacji z innymi modułami funkcjonalnymi plazmidu.
3. Przygotowanie biblioteki genomowej *P. aeruginosa* i identyfikacja potencjalnych partnerów białka ParB.

PUBLIKACJE: 4306

Temat nr 44: Środowiskowe Laboratorium Magnetycznego Rezonansu Jądrowego

Zespół: prof. dr hab. Andrzej Ejchart, dr hab. Jacek Wójcik, dr Katarzyna Ruszczyńska-Bartnik, dr Beata Toczyłowska, dr Igor Zhukov, mgr Monika Budzińska (doktorantka), mgr Maria Kwasiborska (doktorantka), mgr Mariusz Jaremko (doktorant), mgr Łukasz Jaremko (MISDoMP)

Zastosowanie spektroskopii magnetycznego rezonansu jądrowego do wyznaczania struktury i dynamiki białek.

Prowadzone są prace nad strukturą i dynamiką wiążącego jony wapnia ludzkiego białka S100A1 i jego modyfikacji w formach *apo* i *holo* oraz we współpracy ze Slovenian NMR Centre w Lublanie i Italian Institute of Technology w Trieście badania strukturalne białek prionowych.

Wyznaczanie struktur peptydów opioidowych.

We współpracy z Pracownią Peptydów Uniwersytetu Warszawskiego oraz Wydziałem Chemicznym Politechniki Łódzkiej otrzymano struktury szeregu peptydów wykazujących wysokie aktywności biologiczne.

Zastosowania medyczne badań NMR składu płynów ustrojowych i ekstraktów tkankowych.

Badanie profilów NMR jąder ^1H i ^{31}P płynów ustrojowych w celu identyfikacji biomarkerów stanów chorobowych.

Najważniejszy wynik badawczy:

Wykorzystanie trójwymiarowej, heterojądrowej spektroskopii NMR do pełnego przypisania bardzo słabo rozdzielonych sygnałów ^1H i ^{13}C w preniolach (publ. 4332).

PUBLIKACJE: 4296, 4298, 4303, 4310, 4321, 4322, 4331, 4332, 4342, 4344, 4347, 2671/A, 2673/A, 2676/A, 2677/A, 2678/A, 2699/A, 2700/A, 2701/A, 2702/A, 2704/A, 2706/A, 2707/A, 2708/A, 2709/A, 2710/A, 2711/A, 2744/A, 2777/A, 2778/A, 2779/A, 2780/A, 2781/A, 2782/A, 2783/A, 2784/A

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

Zespół: dr hab. Anna Szkopińska, dr Barbara Kłudkiewicz

Kontynuowane są badania nad wpływem statyn na poziom syntezy określonych klas lipidów w drożdżach *Saccharomyces cerevisiae* jako organizmie modelowym z wprowadzonym dzikim lub zmutowanym genem kodującym ludzką hHMGR. Oznaczenie poziomu mRNA pokazało zróżnicowany wpływ simvastatyny na ekspresję dzikiego i zmutowanego genu kodującego ludzką hHMGR. Stwierdzono, że zmiany poziomu syntezy ergosterolu i jego prekursorów po podaniu simvastatyny zależą od mutacji w genie *hHMGR*. Ponadto analiza HPLC/MS wykazała obniżony poziom fosfolipidów, lipidów nie związanych ze szlakiem kwasu mewalonowego, wskazując na plejotropowe skutki działania statyn w komórce.

Dalsze prace nad optymalizacją sekrecji białek heterologicznych w systemie ekspresyjnym *Pichia pastoris* pozwoliły na ustalenie czasu i optymalnych dawek metanolu dla indukcji ekspresji genów kodujących modelowe białka. Prowadzone są badania nad wyjaśnieniem na poziomie molekularnym wpływu sorbitolu na podniesienie poziomu ekspresji i sekrecji tych białek.

Kontynuowano (z dr Bożenną Rempołą Temat nr 38) prace nad drożdżowymi *cis*-prenyltransferazami Rer2p i Srt1p oraz funkcją domniemaną prenyltransferazy Nus1p (delecja *NUS1* jest letalna). Skonstruowano plazmidy zawierające geny kodujące wymienione białka w fuzji z GFP i wstępnie określono ich lokalizację komórkową.

Najważniejszy wynik badawczy:

Zmiany poziomu syntezy ergosterolu i jego prekursorów po podaniu simvastatyny zależą od mutacji w genie *hHMGR*.

PUBLIKACJE: 4294, 4381, 2791/A

Temat nr 46: Badania konformacji peptydów i białek wiążących wapń

Zespół: prof. dr hab. Andrzej Bierzyński, dr Grażyna Goch

Głównym celem tegorocznej pracy było badanie oddziaływania ludzkiego białka S100A1 z peptydem modelowym TRTK-12. Peptyd TRTK-12 o sekwencji T-R-T-K-I-D-W-N-K-I-L-S jest C-kończowym fragmentem białka CapZ (actin capping protein) powszechnie uważanym za układ modelowy do badań biologicznej aktywności białek S100. Do badań wykorzystywano głównie dwie metody spektroskopowe: fluorescencję i dichroizm kołowy. Obiektem badań było zarówno niezmodyfikowane ludzkie białko S100A1 jak i ze zgłutacyjlonowaną resztą SH cysteiny 85. Badano wpływ koordynacji jonów wapnia przez te formy białkowe na ich powinowactwo do peptydu.

Ponadto wykonano wstępne badania dotyczące oddziaływania ludzkiego białka S100A1 w formie *apo* i *holo* z innym peptydem modelowym - RyRP12. Peptyd ten pochodzi z domeny receptora ryanodynowego (RyR) wiążącego białko S100A1 i kalmodulinę. Receptor RyR jest przede wszystkim kanałem uwalniającym jony wapnia z retikulum sarkoplazmatycznego w mięśniach prążkowanych (izofорма RyR1), lub gładkich mięśnia sercowego (izofорма RyR2). Białko S100A1 wzmacnia działanie receptorów RyR [Wright NT, Prosper BL, Varney KM, Zimmer DB, Schneider MF, Weber DJ., J. Biol. Chem. **283** (2008) 26676-26683]. Dwunastoaminokwasowy peptyd: K-K-A-V-W-H-K-L-L-S-K-Q, jest miejscem silnie wiążącym białko S100A1 na ludzkim receptorze RyR1.

Najważniejszy wynik badawczy:

Stwierdzono, że zarówno w formie *apo* jak i *holo* ludzkie białko S100A1 oraz jego forma glutationyłowana wiążą peptyd TRTK-12 ze stałą wyższą niż 10^6 M^{-1} . W obecności jonów wapnia wiązanie peptydu jest jednak znacznie bardziej specyficzne a struktura kompleksu inna, niż w przypadku S100A1 *apo*.

Temat nr 47: Modelowanie struktury i funkcji białek

Zespół: prof. dr hab. Piotr Zielenkiewicz, dr Danuta Płochocka, dr Paweł Szcześny, mgr Tomasz Sobieściak, mgr Marian Siwiak

Dehydrogenaza-6-glukozy-fosforanowa (G6PD) jest niezbędna dla ochrony krwinki czerwonej przed stresem oksydacyjnym. Aktywny enzym G6PD znajduje się w równowadze dimer – tetramer. Mutacje w genie G6PD powodują niesferocytową niedokrwistość hemolityczną. U chorego z niedokrwistością wykryto mutację C385W enzymu G6PD. Na podstawie analizy bioinformatycznej pokazano, że mutacja ta może prowadzić do destabilizacji białka, ponieważ wprowadza deformacje na powierzchni oddziaływania monomer – monomer i w pobliżu dimer – dimer.

Jedną z najczęściej występujących niedokrwistości hemolitycznej jest sferocytoza wynikająca z defektu oddziaływań białek z błoną erytrocytu. Jednym z białek tworzących cytoskielet jest spektryna β . Znaleziono mutacje spektryny β : H1374R, R1403Q i G1408R. Na podstawie modelowania molekularnego pokazano, że dwie pierwsze mutacje nie wprowadzają zasadniczych modyfikacji strukturalnych, a jedynie G1408R powoduje deformację łańcucha białka.

DNA polimerazy fagów T4 i RB69 są wysoce homologiczne, obie replikują DNA z dużą dokładnością wykorzystując podobne mechanizmy. Obie posiadają β -pętlę, która bierze udział w separacji nici DNA. Modyfikacja w tej pętli G255S u faga T4 powoduje wprowadzanie błędów replikacji, podczas gdy równocenna mutacja G258S u faga RB69 wprowadza niewielkie zmiany. Struktura polimerazy faga RB69 jest znana, natomiast dla faga T4 tylko fragment polimerazy został skrytalizowany. Skonstruowano model polimerazy faga T4 i na podstawie obliczeń minimalizacji energii wykazano, że w przypadku faga T4 mutacja G255S wprowadza znaczną deformację β -pętli, a dla faga RB69 zmiany są niewielkie.

Na podstawie analizy trajektorii dynamiki molekularnej natywnej i zmutowanej ($\Delta F508$) domeny NBD1 białka CFTR wyodrębniono konformację białka zmutowanego, która znacznie różni się od stanów konformacyjnych przyjmowanych przez białko dzikie. Jedną z charakterystycznych cech tej konformacji są dwa znaczne zagłębienia na powierzchni białka zlokalizowane po obu stronach miejsca wiążącego ATP. Strukturę tej konformacji wykorzystano do opracowania substancji wiążących się do powierzchni mutantu $\Delta F508$ i blokujących oddziaływanie z białkami odpowiedzialnymi za jego przedwczesną degradację. Procedura prowadząca do zidentyfikowania molekuł opierała się na zastosowaniu metod wirtualnego przeszukiwania (ang. *Virtual Screening*) baz struktur związków niskocząsteczkowych przy pomocy programów dokujących. W początkowej fazie przeszukiwano przestrzeń konformacyjną małych molekuł wewnątrz dwóch potencjalnych miejsc wiążących na powierzchni białka, a następnie poddawano je stopniowej minimalizacji w polu siłowym pozwalając osiągnąć minimum energetyczne najpierw samym ligandom, a następnie całym kompleksom. Na poszczególnych etapach stosowano szereg funkcji walidujących potencjalne kompleksy i ostatecznie na ich podstawie wyłoniono związki do badań biologicznych.

Badania na komórkach Hela- $\Delta F508$ CFTR przeprowadzone w pracowni profesora Aleksandra Edelmana (INSERM, Paryż) potwierdzają aktywność czterech wybranych związków. Wskazane molekuły powodują pojawienie się funkcjonalnego kanału jonowego CFTR w błonie komórek Hela.

PUBLIKACJE: 4289, 4293, 4317, 4323, 4325, 2682/A, 2746/A, 2791/A, 165/M

Temat nr 48: Badania wczesnych etapów związania i agregacji białek

Zespół: prof. dr hab. Michał Dadlez, mgr Anna Kupniewska-Kozak, mgr Marcin Kłoniecki, mgr Emilia Wienczek-Gospodarska, mgr Ewa Sitkiewicz

Choroba Alzheimera jest najczęściej występującym schorzeniem neurodegeneracyjnym. Obecnie uważa się, że choroba ta powodowana jest przez agregację peptydu amyloidowego (A β) w tkance mózgowej. Mechanizm choroby oraz czynniki inicjujące agregację A β nie zostały do końca wyjaśnione. W świetle ostatnich doniesień, głównym czynnikiem odpowiedzialnym za powstawanie i rozwój choroby Alzheimera, wydają się być oligomery peptydu 1-40/42 (głównie dimery i trimery). Od kilku lat prowadzimy badania nad oligomeryzacją peptydu A β . Prace prowadzone są w dwu projektach, jednym związanym ze strukturą oligomerów stabilizowanych oddziaływaniami niekowalencyjnymi i drugim, w którym struktury oligomeryczne są stabilizowane dodatkowym intermolekularnym wiązaniem kowalencyjnym. Udostępniony przez producenta nowego typu spektrometr mas HDMS – firmy Waters – pozwolił w poprzednich latach na wykonanie serii pomiarów relatywnych wartości przekroju czynnego na zderzenia (CCS) dla różnych form oligomerycznych peptydu A β 1-40. W ostatnim roku analizy uzupełnione zostały o pomiary bezwzględnych wartości CCS dzięki wykonaniu pomiarów kalibrujących serii białek o znanych wartościach CCS. Zaproponowaliśmy również model molekularny struktur oligomerycznych, dla którego obliczone CCS bardzo dobrze koreluje z wartościami zmierzonymi.

Zajmujemy się także badaniami oddziaływania peptydu A β z jego błonowym receptorem RAGE, których celem jest określenie miejsce oddziaływania, jako potencjalnego pola interwencji terapeutycznej w chorobie Alzheimera. W roku obecnym wdrożyliśmy metodę badań strukturalnych białek, która polega na pomiarach szybkości wymiany protonów amidowych i uzyskaliśmy nowe informacje o strukturze części pozakomórkowej receptora. Dotychczasowa wiedza o strukturze receptora RAGE ograniczała się do jego izolowanych domen. Uzyskane przez nas informacje pozwalają zweryfikować zgodność struktur domen ze strukturą całej trydomenowej części pozakomórkowej receptora.

Najważniejsze wyniki badawcze:

1. Uzyskanie bardzo dobrej korelacji obliczonych z modelu i zmierzonych wartości CCS dla struktur oligomerycznych A β 1-40.
2. Opracowanie metody pomiarów kinetyk wymiany protonów amidowych w białkach z zastosowaniem spektrometrii mas.
3. Uzyskanie nowych informacji o strukturze części pozakomórkowej receptora RAGE.

PUBLIKACJE: 4300, 2765/A, 2766/A, 2769/A, 2770/A, 2867/A

Temat nr 49: Metabolizm cukrów u bakterii mlekowych

Zespół: prof. dr hab. Jacek Bardowski, dr Tamara Aleksandrak-Piekarczyk, dr Magdalena Kowalczyk, dr Agnieszka Szczepańska, mgr Roman Krzysztof Górecki, mgr Anna Koryszewska-Bagińska, mgr Monika Hejnowicz, mgr Joanna Życka-Krzysińska, mgr Joanna Żylińska

W badaniach nad represją kataboliczną u *Lactococcus lactis* wykazano, że w szczepie *L. lactis* IL1403 poziom regulacji ekspresji genów przez białko CcpA jest ściśle związany z konserwacją sekwencji cre w stosunku do konsensusu. W przypadku pełnej zgodności tej sekwencji z konsensem, CcpA silnie reprimuje ekspresję genów, nawet w obecności cukrów nie reprimujących (np. beta-glukozydy). W celu zbadania wpływu genów regulatorowych *ccpA* i *yebF* oraz nabycia genów zlokalizowanych na plazmidzie pIL7 na funkcje metaboliczne *Lactococcus lactis* w globalnym podejściu proteomicznym, otrzymano odpowiednie mutanty w genach *ccpA* i *yebF* oraz zoptymalizowano i wystandaryzowano metodę otrzymywania ekstraktów białkowych z komórek *L. lactis*.

W badaniach funkcjonalnych nad plazmidową pulą genów u *L. lactis* IL594 wykazano udział genu *umuC* w nadawaniu komórkom oporności na promieniowanie UV i MMS. Udowodniono także funkcjonalność kasety partycyjnej *parAB* w stabilnym dziedziczeniu plazmidów. Badania nad systemem restrykcji i modyfikacji typu I, kodowanym przez geny zlokalizowane na różnych plazmidach, wspólnie egzystujących w komórkach szczepu *L. lactis* IL594 wykazały, że szczep zawierający konstrukt plazmidowy ze sklonowanymi genami *hsdS*, pochodzącymi z pIL6 i pIL7 wykazywał, w porównaniu do szczepu kontrolnego, wzrost oporności o ponad 4 rzędy wielkości wobec faga bIL67 i wzrost oporności o 3 rzędy wielkości wobec faga bIL170. Ponadto stwierdzono, że poziom oporności tego szczepu na fagi wyizolowane z zaburzonych procesów fermentacyjnych wzrósł o 5 rzędów wielkości w przypadku fagów z grupy 936, a w przypadku fagów grupy c2 nie zaobserwowano infekcji fagowej. Analiza strukturalna i funkcjonalna genomu faga bIBB29, litycznego wobec komórek *L. lactis*, wykazała istotną rolę fagowego białka RBP_{bIBB29} w infekcji fagowej i zakresie gospodarza.

Najważniejsze wyniki badawcze:

1. Badania nad pullulanazą zaowocowały udzieleniem przez Urząd Patentowy RP w dniu 30.01.2009 patentu „Preparat probiotyczny dla zwierząt roślinożernych” – PL 200549 B1.
2. Plazmidowy gen *umuC* jest najprawdopodobniej homologiem bakteryjnej DNA polimerazy V.
3. Geny *hsdS* zlokalizowane na plazmidach współegzystujących w komórkach *L. lactis* 594 tworzą wspólny system biologiczny.

PUBLIKACJE: 4305, 4335, 4339, 2734/A, 2735/A, 2736/A, 2760/A, 2761/A, 164/M, 540/N

Temat nr 50: Przewodzenie sygnału stresu osmotycznego w roślinach

Zespół: doc. dr hab. Grażyna Dobrowolska, dr Maria Bucholc, dr Izabela Wawer (do 04. 2009), mgr Arkadiusz Ciesielski (do 06. 2009), mgr Anna Kulik, mgr Ewa Krzywińska

Prowadzone w roku 2009 badania miały na celu poznanie funkcji oraz mechanizmu regulacji aktywności kinaz z rodziny SnRK2 (SNF1-related kinase 2) niezależnych od kwasu abscysynowego: NtOSAK – kinazy SnRK2 z tytoniu oraz dwóch najbliższych homologów tego enzymu u rzodkiewnika – SnRK2.4 i SnRK2.10. Zbadano wewnątrzkomórkową lokalizację badanych kinaz; NtOSAK oraz SnRK2.4 występują zarówno w jądrze jak i cytoplazmie, natomiast SnRK2.10 wyłącznie na terenie cytoplazmy. Za pomocą techniki BiFC (Bimolecular Fluorescence Complementation) analizowano oddziaływanie *in vivo* kinaz SnRK2 ze zidentyfikowanym wcześniej w naszym zespole białkiem SCaS (SnRK2-interacting Calcium Sensor) będącym negatywnym regulatorem aktywności tej grupy kinaz. Pomimo, że zarówno SCaS jak i większość badanych enzymów lokalizuje się w jądrze i cytoplazmie, oddziaływanie widoczne było jedynie w cytoplazmie.

Badano rolę SnRK2.4 i SnRK2.10 w odpowiedzi roślin na stres metali ciężkich. Analiza porównawcza wzrostu siewek mutantów inercyjnych, w których nie ma ekspresji genów kodujących badane kinazy (*snrk2.4* i *snrk2.10*) oraz roślin typu dzikiego wykazała, że SnRK2.10 i SnRK2.4 negatywnie regulują tolerancję kadmu przez roślinę. Korzenie roślin *snrk2.4* i *snrk2.10* rosnących na pożywce z dodatkiem soli kadmu (30 lub 100 μM CdCl_2) były o ok. 30-50% dłuższe od korzeni roślin typu dzikiego rosnących w tych samych warunkach. W korzeniach roślin monitorowano powstawanie reaktywnych form tlenu (RFT) w pierwszych etapach stresu kadmu. W korzeniach *snrk2.4* i *snrk2.10* obserwowano odpowiednio 3- i 2-krotnie mniejszy poziom RFT niż w korzeniach roślin typu dzikiego. Świadczy to o słabszym wtórnym stresie oksydacyjnym wywołanym obecnością soli kadmu w siewkach mutantów i tym samym tłumaczy mniejszą wrażliwość na stres mutantów *snrk2.4* i *snrk2.10* w porównaniu do roślin typu dzikiego.

Najważniejszy wynik badawczy:

Kinazy SnRK2.4 i SnRK2.10 są negatywnymi regulatorami odpowiedzi rośliny na stres wywołany solami kadmu.

PUBLIKACJE: 4313, 2731/A, 2805/A, 2806/A, 2807/A, 2809/A, 2810/A

Temat nr 51: Strukturalne i funkcjonalne konsekwencje modyfikacji potranslacyjnych białek

Zespół: dr Aleksandra Wyśłouch-Cieszyńska, mgr Monika Zaręba, Liliya Zhukova

Kontynuujemy prace nad analizą proteomiczną zmian endogennej S-nitrozytacji białek w synaptosomach uzyskiwanych z mózgów myszy transgenicznych noszących zmutowane geny preseniliny 1 lub ludzkiego białka APP. Myszy te są uznanymi modelami choroby Alzheimera. Projekt jest realizowany we współpracy z prof. dr. hab. M. Dadlezem (IBB), prof. dr. hab. J. Kuźnickim (IIMCB), dr. hab. C. Żekanowskim (CMDiK) oraz Fredem van Leuven (Leuven University, Belgia). Analizę wykonano dla myszy na różnych etapach rozwoju będących w wieku 3, 6 i 14-miesięcy. Uzyskane wyniki wskazują na to, że liczba endogennie S-nitrozylowanych białek, które można zidentyfikować przy pomocy metod proteomicznych w istotny sposób wzrasta z wiekiem myszy jak również wraz ze zwiększoną ekspresją ludzkiego białka APP.

Drugim naszym celem badawczym jest wpływ S-nitrozytacji białek S100 na ich aktywność biologiczną w tym na ich oddziaływanie z białkami partnerskimi takimi jak receptor RAGE oraz białko p53. We współpracy z Janem van Dieck z MRC w Cambridge University, Wielka Brytania pokazaliśmy, że S-nitrozytacja S100B moduluje jego wiązanie do niektórych domen białka p53, z którymi wiąże się białko niemodyfikowane potranslacyjnie.

Najważniejszy wynik badawczy:

Charakterystyka S-nitrozytacji białek synaptosomalnych na różnych etapach rozwoju myszy dzikich oraz myszy transgenicznych niosących ludzki gen białka APP. Charakterystyka S-nitrozytacji białek synaptosomalnych na różnych etapach rozwoju myszy dzikich oraz myszy transgenicznych niosących ludzki gen białka APP.

PUBLIKACJE: 4372

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

Zespół: dr Elżbieta Kraszewska, prof. dr hab. Jerzy Buchowicz, dr Marta Dobrzańska (do 02.2009), dr Blanka Szurmak (do 03.2009), mgr Agnieszka Augustyn (doktorantka, od 10.2008 do 08.2009)

W zespole kontynuowano badania białka AtNUDT7 oraz jego partnerów. Rozpoczęto także analizę białek Nudix obecnych w patogenach roślinnych *Phytophthora rumorum* oraz *Pseudomonas syringae*. Z naszych wcześniejszych ustaleń wynikało, że hydrolaza Nudix AtNUDT7 wiąże się z białkami regulatorowymi 14.3.3 oraz RACK1A (Receptor for Activated Kinase 1), a z kolei białko RACK1A, strukturalny odpowiednik podjednostki β sygnałowego trimery G, wiąże się z obydwoma podjednostkami γ tego kompleksu, AGG1 i AGG2. Wyniki te sugerowały udział białka AtNUDT7 w szlaku sygnałowym zależnym od białka G.

W związku z tym, we współpracy z dr Marią Bucholc oraz dr Anną Anielską-Mazur, rozpoczęto badania interakcji pomiędzy składnikami tych kompleksów *in planta*. Skonstruowano szereg wektorów niosących geny kodujące białka: AtNUDT7, RACK1A, AGG1, AGG2 oraz kanoniczną podjednostkę G β , AGB1, do wektorów pSAT oraz systemu BIFC (Bimolecular Fluorescence Complementation) i wykonano wstępne analizy lokalizacji białek oraz interakcji zachodzących pomiędzy nimi w komórkach *Arabidopsis thaliana*. Ustalono, że białko AtNUDT7 oraz RACK1A lokalizują się zarówno w jądrze komórkowym jak i w cytoplazmie. Potwierdzono także interakcje pomiędzy AtNUDT7 i RACK1A.

Wstępnie ustalono także, że poziom białka AtNUDT7, podobnie jak innych ważnych białek sygnałowych, jest regulowany przez proteasom. Sklonowano i scharakteryzowano biochemicznie dwa białka Nudix z dwóch różnych patogenów roślinnych *Phytophthora rumorum* oraz *Pseudomonas syringae*.

Najważniejszy wynik badawczy:

Oba białka partnerskie AtNUDT7 i RACK1A lokalizują się zarówno w jądrze jak i w cytoplazmie komórek *A. thaliana*. AtNUDT7 i RACK1A także *in vivo* tworzą kompleksy. Poziom białka AtNUDT7 jest regulowany poprzez degradację w proteasomie.

PUBLIKACJA: 4325

Temat nr 54: Mechanizmy molekularne działania jonów metali czynnych biologicznie

Zespół: prof. dr hab. Wojciech Bal, dr Edyta Kopera (asystent do 20.10.2009), dr Anna Staszewska (chemik do 30.09.2009), mgr Arkadiusz Bonna (chemik do 31.07.2009 i od 1.09.2009), mgr Katarzyna Piątek, mgr Małgorzata Różga, mgr Agnieszka Belczyk, mgr Ewa Kurowska, mgr Anna Maria Protas (doktorantki), mgr Aleksandra Witkiewicz-Kucharczyk (doktorantka, od 01.10.2009 po urlopie wychowawczym)

W roku 2009 kontynuowaliśmy prace nad udoskonaleniem i rozwinięciem opracowanej przez nas w poprzednich latach metody odcinania etykiety powinowactwa w reakcji białka rekombinowanego z jonami Ni(II). Efektem tych prac był wydrukowany artykuł przeglądowy, manuskrypty dwóch publikacji zostały złożone we wrześniu 2009 i są obecnie poprawiane po recenzjach. W ramach badań mechanizmów molekularnych kancerogenezy we współpracy z prof. dr. hab. A. Hartwig (TU Berlin, Niemcy) opublikowaliśmy wyniki, dotyczące efektu glutationu na wiązanie jonu Zn(II) do palca cynkowego XPAzf. Rozdział do książki na temat metodologii pracy z palcami cynkowymi jest w druku w *Methods in Molecular Biology* (Humana/Springer), a rozdział opisujący mechanizmy molekularne karcynogenezy Ni i Cd został złożony do druku w *Advances in Molecular Toxicology*, vol. 4 (Elsevier). We współpracy z doc. dr. hab. J. Poznańskim i dr M. Wszelaką-Rylik (IChF PAN) opublikowaliśmy pracę na temat wiązania jonów Co(II) do albuminy. Wspólnie z prof. dr. hab. M. Dadlezem kontynuowaliśmy badania oddziaływań jonów Cu(II) z peptydem A β 40, publikując artykuł wykazujący tworzenie kompleksów mieszanych w tym układzie; dwa artykuły – eksperymentalny i przeglądowy – dotyczące oddziaływań jonów Cu(II) z oligomerami peptydu A β 40 zostały opublikowane w internetowym wydaniu Chem. Res. Toxicol. (drukiem ukażą się na początku 2010).

Najważniejszy wynik badawczy:

Odkrycie, że obecność glutationu, wbrew intuicji, zwiększa powinowactwo jonu Zn(II) do palca cynkowego XPAzf (4338).

PUBLIKACJE: 4300, 4320, 4338, 159/N

Temat nr 55: Analiza genetyczna podstaw wybranych chorób dziedzicznych

Zespół: dr Beata Burzyńska, mgr Agata Leszczyńska, mgr Katarzyna Rawa (doktorantka WUM)

W ramach projektu prowadzonego we współpracy z Kliniką Pediatrii, Hematologii i Onkologii AM oraz Kliniką Pediatrii Centrum Medycznego Kształcenia Podyplomowego, kontynuowaliśmy badania genetyczne pacjentów, u których stwierdzono niedokrwistości hemolityczne uwarunkowane genetycznie. Do naszych badań wprowadziliśmy analizę poziomów ekspresji genów kodujących białka błonowe i globinowe, dzięki czemu zidentyfikowaliśmy nowe mutacje w genach odpowiedzialnych za występowanie wrodzonych anemii hemolitycznych.

Do naszych badań wprowadziliśmy badania molekularne w kierunku Zespołu Gilberta (GS). Zespół Gilberta stanowi niejednorodną grupę zaburzeń, wynikających z hemolizy wyrównawczej związanej z hiperbilirubinemią niesprzężoną. Ponieważ GS występuje często jako choroba towarzysząca takim schorzeniom jak talasemie, niedobór G6PD, sferocytoza wrodzona czy żółtaczka noworodkowa, rozpoczęliśmy badania chorych z tymi chorobami (około 350 pacjentów) w kierunku GS.

Drugi kierunek badań prowadzony jest we współpracy z Katedrą i Kliniką Kardiologii AM w Warszawie i jego głównym celem jest określenie mechanizmów molekularnych hipercholesterolemii.

Stworzyliśmy drożdżowy system ekspresyjny, który umożliwia zbadanie wpływu zmian genetycznych jak również przetestowanie poszczególnych powszechnie stosowanych statyn. We współpracy z dr hab. A. Szkopińską, wykazaliśmy, że mutacje w genie HMG-CoA reduktazy jak również działanie statyn, mają poważny wpływ na profil lipidowy komórki.

W ramach projektu rozwojowego rozpoczęliśmy badania, których celem jest wykrycie czynników genetycznych odgrywających rolę w pozawałowej niewydolności serca.

Najważniejszy wynik badawczy:

Statyny w istotny sposób wpływają na metabolizm lipidów w komórce. Metoda RT-PCR może być wykorzystana do badań i diagnostyki wrodzonych niedokrwistości hemolitycznych.

PUBLIKACJE: 4293, 4323, 4330, 2682/A, 2791/A, 165/M

Temat nr 56: Genomika *Paramecium tetraurelia*

Zespół: prof. dr hab. Joanna Rytka, dr Robert Gromadka, mgr Kamila Maliszewska, dr Jacek Nowak (staż podoktorski w CGM, Gif-sur-Yvette, Francja), mgr Julita Gruchota (do 09.2009 urlop wychowawczy)

Kontynuowany jest projekt dotyczący charakterystyki genów zaangażowanych w procesy płciowe *Paramecium tetraurelia*, który, podobnie jak inne orzęski, posiada dwa rodzaje jąder: dwa jądra generatywne zwane mikronukleusami oraz jądro wegetatywne – makronukleus. Podczas każdego procesu płciowego (autogamii lub koniugacji) stary makronukleus jest degradowany a nowy makronukleus powstaje w wyniku złożonej rearanżacji genomu mikronuklearnego.

Korzystając z wyników uzyskanych z zastosowaniem techniki mikromacierzy, do badań wytypowano geny wyrażane specyficznie w trakcie autogamii, które ponadto mogą pełnić funkcję w metabolizmie RNA. Sprawdzono lokalizację białek wyznakowanych GFP kodowanych przez geny PTMB.170c (kodującego nieznane białko), PTMB.220 (kodującego potencjalną helikazę RNA) oraz PtTFIIS (kodującego białko podobne do czynnika transkrypcyjnego). Lokalizację sprawdzano podczas wzrostu wegetatywnego oraz w czasie autogamii. Białko Ptmb.170p znajduje się w mikronukleusach we wszystkich fazach cyklu płciowego, Ptmb.220p w starych i nowopowstających makronukleusach, a PtTFIIS jedynie w nowopowstających makronukleusach. Wyniki uzyskane podczas wyciszania tych genów na drodze interferencji RNA sugerują, że białka Ptmb220 i PtTFIIS mogą być zaangażowane w szlak tak zwanych „skanujących RNA” (scnRNA), który pozwala na porównanie genomów mikro- i makronukleusa w procesie rearanżacji DNA nowego makronukleusa.

Najważniejszy wynik badawczy:

Identyfikacja dwóch genów związanych ze szlakiem „skanujących RNA” (scnRNA).

PUBLIKACJE: 2811/A, 2812/A, 2813/A, 2814/A

Temat nr 57: Mechanizmy wierności replikacji DNA

Zespół: dr hab. Anna Bębenek, mgr Anna Trzemecka, mgr Agata Jacewicz (w okresie sprawozdawczym na stypendium Fullbright'a na Uniwersytecie Stony Brook, NY.)

Polimeraza faga RB69 jest główną i jedyną polimerazą replikującą fagowe DNA. Wysoka wierność replikacji jest w sposób istotny zmieniona, kiedy silnie konserwowana Y567, stanowiąca część kieszeni wiążącej nukleotyd, jest zamieniona na alaninę. W mutancie polimerazy RB69Y567A powiększona jest objętość „kieszeni wiążącej nukleotyd” co pozwala polimerazie efektywnie włączać i wydłużać błędnie sparowane nukleotydy. Ser 565 należy do silnie konserwowanych reszt aminokwasowych i podobnie jak Tyr567, stanowi jeden z aminokwasów tworzących kieszeń wiążącą nukleotyd. Wydawało się, że połączenie tych dwóch mutacji będzie prowadziło do powstania enzymu o podwyższonej aktywności mutatorowej ze względu na dodatkowe zwiększenie objętości kieszeni wiążącej nukleotyd. Okazało się, że zamiana Ser565 na glicynę ma niewielki wpływ na wierność replikacji, natomiast połączenie tych dwóch mutacji S565G oraz Y567A prowadzi do powstania enzymu, który ma znacznie obniżoną aktywność mutatorową w porównaniu z pojedynczym mutantem Y567A. Celem naszej pracy była próba wyjaśnienia mechanizmu związanego z supresorowym działaniem mutacji S565G. Analizy poziomu mutagenezy prowadzone *in vivo* i *in vitro* wykazały, że podwójny mutant ma w sposób istotny obniżony poziom mutacji typu podstawienia zasad i w mniejszym stopniu mutacji typu zmiany ramki odczytu. Dodatkowo określiliśmy aktywność egzonukleolityczną podwójnego mutantu w obecności dsDNA, dsDNA ze źle sparowaną zasadą na końcu 3' oraz na ssDNA. Określiliśmy siłę wiązania się mutantu do dsDNA prawidłowego i ze źle sparowanym nukleotydem na końcu 3'. Pokazaliśmy także, że podwójny mutant ma obniżoną zdolność wstawiania nieprawidłowego nukleotydu jak również wydłużania źle sparowanego końca startera-matrycy w porównaniu do mutantu Y567A.

Najważniejszy wynik badawczy:

Nasze wyniki pokazują, że za obniżony poziom mutagenezy w podwójnym mutancie nie odpowiada zwiększona aktywność korektorska tego enzymu. Enzym ma zwiększoną częstość dysocjacji od DNA, zarówno od prawidłowego jak i źle sparowanego końca matrycy-startera. Postulujemy, że częsta dysocjacja zwiększa możliwość wycięcia błędnie sparowanych zasad przez inną lub tą samą cząsteczkę polimerazy, co może odpowiadać za zwiększoną wierność replikacji.

PUBLIKACJE: 4317, 2746/A, 531/N

Temat nr 58: Identyfikacja i charakterystyka mikroorganizmów potencjalnie użytecznych w bioremediacji

Zespół: dr Urszula Zielenkiewicz, mgr Karolina Tomczyk-Żak (doktorantka)

W roku 2009 kontynuowano badania konsorcjum mikroorganizmów biofilmu rozwijającego się na skałach nieczynnej kopalni złota i arsenu w Złotym Stoku.

Opisaną uprzednio ogólną bioróżnorodność biofilmu, uzupełniono szczegółową analizą różnorodności grupy mikroorganizmów *Actinobacteria*. W tym przypadku zastosowano technikę pyrosekwencjonowania amplikonów uzyskanych w specyficznej reakcji PCR z użyciem starterów, opracowanych przez nas, selektywnych dla tej grupy bakterii. Analiza otrzymanych sekwencji (przy pomocy programu MEGAN) wykazała obecność w biofilmie, co najmniej 100 gatunków promieniowców należących do 13 rodzajów.

Porównano zbiory sekwencji 16S rRNA biofilmu uzyskane przy zastosowaniu metody MSSCP (wykrywającej różnice w sekwencjach nukleotydowych) i uzyskane z losowego wyboru. Wykazano, poprzez analizę statystyczną w programie LIBSHUFF, wzbogacanie puli sekwencji w kierunku unikanych przy zastosowaniu metody MSSCP. Przygotowano i złożono w redakcji PlosOne manuskrypt pracy pt.: „Novel Application of the MSSCP Method in Biodiversity Studies”.

W szczepach izolowanych z badanego biofilmu rozpoczęto poszukiwanie nieopisanych transpozonów. Metodą koniugacji trójrodzicielskiej, do dwu szczepów (*Acinetobacter haemolyticus* i *Serratia liquefaciens*) wprowadzono wektor pułapkowy pMAT1 uzyskując po 96 koniugantów dla każdego biorcy.

Zdeponowano sekwencje nukleotydowe genów 16S rRNA uzyskane z całkowitego DNA biofilmu (w bazie EMBL pod numerami: FN594618-FN594697) oraz z wyhodowanych szczepów (w bazie GenBank pod numerami: GU213114-GU213156).

Najważniejszy wynik badawczy:

Wykazanie użyteczności metody MSSCP w badaniu bioróżnorodności środowisk.

PUBLIKACJE: 2747/A

Temat nr 60: Mechanizmy podziałów komórkowych

Zespół: dr hab. Anna Kurlandzka, mgr Agata Cena, mgr Leszek Tarnowski, Piotr Kowalec (magistrant)

Kontynuowano badania kompleksu kohezyjnego chromatyd siostrzanych. Zajmowano się białkiem, które w drożdżach nosi nazwę Irr1/Scs3, zaś jego odpowiedniki w komórkach ludzkich nazywają się SA1 i SA2. W warunkach ekspresji heterologicznej w *Saccharomyces cerevisiae* wyrażono oba homologu ludzkie: SA1 i SA2. Wykazano, że białka te mają różną lokalizację komórkową. Białko SA1 ma lokalizację jądrową zaś SA2 lokuje się w całej komórce. Wykazano, że białko SA2 jest eksportowane z jądra komórkowego w sposób zależny od eksportyny Crm1. Zidentyfikowano dwa prawdopodobne sygnały eksportu z jądra (NES), trwają prace nad eksperymentalnym potwierdzeniem ich roli. W białku SA1 zidentyfikowano sygnał importu do jądra (NLS). Prace nad potwierdzeniem eksperymentalnym tego sygnału są na ukończeniu. Zidentyfikowano fenotypy związane z obecnością ludzkich kohezyn w drożdżach. Obecność ludzkiej kohezyny SA1 prawdopodobnie wpływa na stabilność wrzeciona podziałowego, zaś obecność SA2 zmienia właściwości ściany komórkowej drożdży.

Najważniejszy wynik badawczy:

Wykazanie, że kohezyna SA2 jest aktywnie transportowana z jądra komórkowego za pośrednictwem eksportyny Crm1.

PUBLIKACJE: 2672/A, 2698/A

Temat nr 61: Analiza profilu transkrypcyjnego genów w odpowiedzi na stres mutantów *Arabidopsis thaliana* w genach białek modulujących strukturę chromatyny

Zespół: dr Marta Prymakowska-Bosak, prof. dr hab. Andrzej Jerzmanowski, dr Roksana Iwanicka-Nowicka, dr Katarzyna Brzeska

Wykonywane w tym roku prace były kontynuacją podjętego przez nas tematu związanego z analizą zmian profilu ekspresji genów w komórkach roślinnych w odpowiedzi na działanie wybranych czynników stresowych. Głównym obiektem doświadczalnym naszych badań jest linia komórkowa T87 *Arabidopsis thaliana*. Opracowaliśmy właściwy sposób przygotowania materiału roślinnego po działaniu czynników zewnętrznych oraz izolacji całkowitego RNA, który posłuży do przeprowadzenia analiz transkryptomicznych przy użyciu mikromacierzy. Podstawowym celem będzie identyfikacja możliwie pełnego zestawu roślinnych genów odpowiedzi wczesnej na stresy zasolenia i chłodu. Wykorzystując analizy bioinformatyczne postaramy się scharakteryzować strukturę sieci interakcyjnej oraz wytypować tzw. geny węzłowe ('hub' genes) tej sieci. W tym celu nawiązaliśmy współpracę z grupą prof. Marka Cieplaka z Wydziału Fizyki UW.

Rozpoczęliśmy także badania prowadzące do identyfikacji białek specyficznie oddziałujących z potranslacyjnie modyfikowanymi histonami rdzeniowymi charakterystycznymi dla nukleosomowej odpowiedzi komórek roślinnych na stres. Poznanie tego typu białek pozwoli lepiej zrozumieć mechanizmy przekazywania sygnału w komórce i sposoby regulacji odpowiedniego zestawu genów dla danego sygnału. Technika, która prowadzi do odnalezienia partnerów białkowych modyfikowanych histonów jest chromatografia powinowactwa do peptydu (ang. „peptide pull-down”). Metoda ta została w tym roku zoptymalizowana dla analiz prowadzonych na materiale roślinnym.

Najważniejszy wynik badawczy:

Optymalizacja metody chromatografii powinowactwa do peptydu, która posłuży do identyfikacji białek oddziałujących z modyfikowanymi histonami rdzeniowymi.

Temat nr 62: Synteza białek biologicznie czynnych w heterologicznych systemach ekspresyjnych

Zespół: dr hab. Krystyna Grzelak, dr Anżela Dwornyk, dr Małgorzata Milner, mgr Marcin Mielecki (doktorant)

Kontynuowano badania nad kinazami tyrozynowymi („Janus kinases”), których inhibitory są potencjalnymi lekami przeciwnowotworowymi. Nadprodukowana w systemie Bac-to-Bac (jako białko fuzyjne ze znacznikami: GST, His₆ i epitop S) domena katalityczna kinazy Jak2 (JH1), oczyszczona do homogenności, okazała się aktywna katalitycznie. Uzyskane białko r[GST-His₆-S]-JH1 użyto do badań nad oddziaływaniem enzym –inhibitor.

Aktywność katalityczną enzymu, a także hamowanie tej aktywności przez znane i potencjalne inhibitory kinazy Jak2, oznaczano za pomocą metody autoradiograficznej przy użyciu [$\gamma^{32}\text{P}$]ATP, oraz metodą luminescencyjną opartą o odczynnik Kinase-Glo. Aktywność katalityczna r[GST-His₆-S]-JH1 hamowana jest przez dostępne komercyjnie inhibitory: tyrfostynę -AG 490 jak i pochodną staurosporyny – związek o nazwie Gö6976. Współczynnik IC₅₀ dla AG490 wyznaczony za pomocą testu izotopowego wyniósł 0,1044mM natomiast metodą luminescencyjną 0,1038 mM – co jest zgodne z danymi opublikowanymi wcześniej. Zbadano również wpływ kilku nowych pochodnych tyrfostyny (L-2, L-20, L-21, L-22 i L-23) na aktywność autofosforylacyjną r[GST-His₆-S]-JH1. Wbrew oczekiwaniom żaden z nich nie okazał się inhibitorem silniejszym niż związek wyjściowy- tyrfostyna AG490. Np. współczynnik IC₅₀ dla L-2 wyniósł 0,724mM (test izotopowy) i 0,707mM (metoda luminescencyjna).

Rozpoczęto również badania nad nietypowymi (atypowymi) serynowymi kinazami Rio. Inhibitory tych kinaz, podobnie jak inhibitory kinaz, mogą odegrać istotną rolę w terapii chorób nowotworowych. Nadprodukowana w komórkach *E. coli* kinaza Rio 1 z *Archeoglobus fulgidus* (His₆-Rio 1) została oczyszczona do homogenności (złoża Ni-NTA agaroza i Sephadex G-75). Jednym z ważnych aspektów tych badań będzie sprawdzenie czy znane inhibitory kinaz Jak czy CK2 będą oddziaływały z atypową kinazą Rio.

Najważniejszy wynik badawczy:

Wykazanie, że nadprodukowana domena katalityczna kinazy Jak2 wykazuje aktywność autokatalityczną i może być użyta do badania oddziaływań enzym-inhibitor.

PUBLIKACJE: 2689/A, 2762/A, 565/N

Temat nr 63: Dodekahedron adenowirusa jako platforma szczepionkowa

Zespół: prof. dr hab. Włodzimierz Zagórski-Ostoja, dr hab. Jadwiga Chroboczek, dr Ewa Szolajska, mgr Antonina Naskalska (doktorantka), mgr Małgorzata Białoskórska

W 2009 roku kontynuowaliśmy prace nad przygotowaniem szczepionki przeciw grypowej. Proponowana szczepionka składa się z cząstek wirusopodobnych, dodekahedronów adenowirusa (Dd) niosących dwa antygeny wirusa grypy. Jednym z nich jest hemaglutynina (HA) znana ze swej roli w indukcji przeciwciał anty-grypowych, a drugim wewnątrz kapsydowe białko M1, również wywołujące syntezę specyficznych przeciwciał, ale przede wszystkim indukujące odporność komórkową. Białko M1 ma sekwencję stabilniejszą niż HA, co powinno pozwolić na uzyskanie ochrony krzyżowej w stosunku do różnych szczepów grypy. W proponowanym przez nas podejściu metodycznym antygeny wirusowe są wyrażane w fuzji z adaptorem – domenami WW posiadającymi powinowactwo do N-końca białka podstawy pentonu.

Wykazaliśmy, że Dd pełni rolę adjuwantu indukując zwiększoną reakcję systemu odpornościowego, a równocześnie jest nośnikiem wydajnie dostarczającym antygeny grypy.

Fuzyjne białko antygenowe M1-WW (wyrażone w bakteriach i izolowane z ciałek inkluzyjnych) przyłącza się wydajnie *in vitro* do nośnika i bardzo efektywnie penetruje do ludzkich mieloidalnych komórek dendrytycznych w hodowli. W wyniku tej penetracji następuje prezentacja białka limfocytom T CD8+ specyficznym dla immunodominującego epitopu białka M1. Wydzielanie przez limfocyty interferonu gamma świadczy o stymulacji ich funkcji cytotoksycznej.

Rozpoczęliśmy produkcję Dd udekorowanego obydwooma antygenami grypy, tak aby kompleks formował się bezpośrednio w układzie bakulowirusa, w komórkach owadzych. Spodziewamy się, że pozwoli to na skrócenie procedury oczyszczania i rozwiąże problem słabej rozpuszczalności antygenów otrzymywanych niezależnie.

Najważniejszy wynik badawczy:

Kompleks Dd z antygenem M1 wywołuje komórkową odpowiedź immunologiczną *in vitro*.

PUBLIKACJE: 4359, 2644/A

Temat nr 64: Posttranslacyjne modyfikacje białek jako mechanizm regulacji szlaków przekazywania sygnału

Zespół: dr Magdalena Krzymowska, mgr Fabian Giska (doktorant), mgr Rafał Hoser (doktorant), mgr Marcin Piechocki (doktorant)

Białko SGT1 jest krytycznym elementem wieloskładnikowych kompleksów białkowych, które pełnią istotną rolę w odpowiedzi roślin na infekcję mikroorganizmów. Nasze wcześniejsze badania wykazały, że SGT1 z tytoniu ulega specyficznej fosforylacji w warunkach *in vitro* oraz *in planta*, przez kinazę SIPK aktywowaną w wyniku zakażenia. Modyfikacja dotyczy seryny 358, występującej w kanonicznej dla MAP-kinaz sekwencji (dwupeptyd SP/TP). Motyw ten, konserwowany jest w tej pozycji, wśród większości roślinnych białek SGT1, jak również u drożdży *Saccharomyces cerevisiae*. Dla wstępnego zbadania znaczenia fosforylacji SGT1 dla funkcjonalności tego białka, zastosowano mutanty drożdży defektywne pod względem różnych aktywności białka SGT1 w progresji cyklu komórkowego. Konstrukcje z sekwencjami kodującymi warianty białka SGT1 z tytoniu, z podstawieniami w miejscu fosforylacji do alaniny, która nie podlega fosforylacji, albo do asparaginianu, który ze względu na kwaśny charakter, naśladuje obecność ufosforylowanej reszty aminokwasowej, wtransformowano do drożdży, a następnie badano ich zdolność do wzrostu w temperaturze restrykcyjnej. Wszystkie warianty SGT1 komplementowały temperaturo-wrażliwy fenotyp szczepów drożdżowych, wskazując, że fosforylacja SGT1 nie jest krytyczna dla przebiegu cyklu komórkowego. Dodatkowo eksperyment ten pokazał, że wprowadzone mutacje prawdopodobnie nie zaburzają struktury białka.

W kolejnych doświadczeniach analizowano istotność fosforylacji dla uruchomienia reakcji obronnych roślin. W tym celu za pomocą wirusowego systemu generującego interferencyjne RNA, wyciszono ekspresję endogennego SGT1 w *Nicotiana benthamiana*. Następnie do roślin wprowadzono konstrukcje kodujące fosfowarianty SGT1 (tym razem sekwencje pochodzące z *Arabidopsis thaliana*, aby zminimalizować ryzyko wyciszenia) i badano ich odporność na infekcję wirusem mozaiki tytoniowej TMV). Jedynie białko dzikiego typu przywracało zdolność roślin *N. benthamiana* do uruchomienia skutecznej reakcji obronnej, wskazując, że podstawienia w miejscu fosforylacji prowadzą do upośledzenia odporności roślin.

Najważniejszy wynik badawczy:

Odwracalna fosforylacja SGT1 jest krytyczna dla funkcji tego białka w regulacji procesów obronnych.

PUBLIKACJE: 2695/A, 2727/A, 2728/A, 2798/A

Temat nr 65: Modelowanie mechanizmów aktywności biologicznej na podstawie danych strukturalnych

Zespół: dr hab. J. Poznański, dr Tomasz Łoziński, mgr Piotr Kaczka (doktorant), mgr Agnieszka Polkowska-Nowakowska (doktorantka)

Stabilność domeny σ^{70}_4 polimerazy RNA *E. coli* w wodnym roztworze TFE. Na podstawie analizy danych relaksacyjnych azotu ^{15}N stworzono dla 10% roztworu TFE spójny model dynamiki konformacyjnej całej σ^{70}_4 . Przy wzroście stężenia TFE do 30% zaobserwowano heterogenne zmiany procesów relaksacji jądrowej związane najprawdopodobniej z indukowanymi przez TFE motywami strukturalnymi. Równolegle próbujemy określić parametry termodynamiczne opisujące stabilizację σ^{70}_4 przez TFE.

Metabolizm leków w komórce. Opracowano technikę immobilizacji komórek umożliwiającą wielogodzinne pomiary NMR. Przy użyciu spektroskopii ^{19}F wykazano, że szczep W303 *S. cerevisiae* pobiera z otoczenia i metabolizuje 5-FU.

Mechanizm inhibicji helikazy HCV przez pochodne benzotriazolu. Połączenie danych doświadczalnych uzyskanych metodą „chemical shift mapping” z wynikami modelowania pozwoliło na wskazanie miejsc wiązania inhibitorów – publikacja w przygotowaniu.

Inhibitory odwrotnej transkryptazy HIV-1. Zastosowanie metody *ab initio* pozwoliło na stworzenie pola siłowego umożliwiającego analizę oddziaływania inhibitorów z enzymem.

Benzotriazolowe inhibitory kinazy CK2 α . Metodą MD przeanalizowano 18 kompleksów ligandów z enzymem. Prace pozwoliły na powiązanie zmierzonej *in vitro* wartości IC₅₀ z fizykochemicznymi własnościami ligandów – publikacja w przygotowaniu.

Otwarty kompleks transkrypcyjny. Opracowano metodę analizy wpływu mieszaniny soli na termodynamikę powstawania i rozpadu kompleksu RPo określając ekwiwalentne stężenia soli dla badanych procesów w czystych solach. Potwierdzono możliwość wykorzystania tej metody także dla innych kompleksów białek z DNA i topnienia DNA.

Najważniejsze wyniki badawcze:

1. TFE może służyć jako czynnik stabilizujący strukturę białek natywnie rozwiniętych. TBBT i DCBT wiążą się do różnych obszarów helikazy HCV.
2. Aktywność inhibitorów CK2 α jest związana z hydrofobowością ich formy anionowej.
3. Składniki mieszaniny soli wpływają addytywnie na termodynamiczną trwałość kompleksów transkrypcyjnych.

PUBLIKACJE: 4319, 4320, 4350, 4370, 2745/A, 2766/A, 2767/A, 2769/A, 2779/A, 2801/A

Temat nr 66: Metodyka sekwencjonowań genomowych

Zespół: prof. dr hab. Włodzimierz Zagórski-Ostoja, dr Robert Gromadka, mgr Beata Babińska, mgr Małgorzata Filipiak, mgr Jan Gawor, mgr Jakub Gruchota

Kontynuowano prace nad poznaniem sekwencji genomu diploidalnej linii hodowlanej RH 89-039-16 (RH) *Solanum tuberosum* (ziemniak) w ramach międzynarodowego Konsorcjum Sekwencjonowania Ziemniaka (Potato Genome Sequencing Consortium – PGSC). Naszym celem badawczym było określenie konsensusu fragmentów DNA chromosomalnego sklonowanego w sztucznym chromosomie bakteryjnym pIndigoBAC-5. Wybór klonów do sekwencjonowania został dokonany na podstawie mapowania z wykorzystaniem unikalnych markerów przypisanych do chromosomu VII. Informację o lokalizacji BACów dostarczyło holenderskie Laboratorium Hodowli Roślin z Uniwersytetu Wageningen.

Sekwencjonowanie BACów zostało przeprowadzone z wykorzystaniem zakupionego aparatu do sekwencjonowań genomowych GS FLX Titanium firmy Roche Diagnostic. Zastosowanie takiej strategii pozwoliło pominąć proces tworzenia biblioteki fragmentów DNA przenoszonych przez BACi w szczepie bakteryjnym. W trakcie dwóch uruchomień aparatu GS FLX i trzech po rozbudowie do systemu GS FLX Titanium odczytano sekwencję 86 klonów BAC. Analiza komputerowa wyników została wykonana przy użyciu programów Newbler Assembler firmy Roche Diagnostic i Ngen z pakietu LaserGene firmy DNA Star. Otrzymane złożenia sekwencji zostały zdeponowane na serwerze Konsorcjum. Łącznie udało się złożyć konsensus dla 58 BACów. W tym 13 wstawek w formie pojedynczego ciągłego fragmentu DNA o średniej długości 127 tysięcy par zasad; 10 konsensusów w formie dwóch lub więcej fragmentów o uporządkowanej kolejności i orientacji względem siebie, ale nieznannej odległości pomiędzy fragmentami o średniej długości 115,5 tysiąca nukleotydów; 35 konsensusów o niezdefiniowanej orientacji, kolejności i odległości pomiędzy fragmentami, o średniej długości 146 tysięcy nukleotydów. Składanie konsensusu kolejnych BACów zostanie przeprowadzone po dodatkowym uruchomieniu aparatu GS FLX Titanium.

W ramach współpracy z pracownią prof. dr hab. Jacka Heniga został resekwencjonowany genom szczepu bakterii *Pseudomonas syringae* (wielkości około 5,8 miliona par zasad) i przenoszonych przez niego dwóch plazmidów (około 130 i 50 tysięcy par zasad), a ponadto wykonano odczyt fragmentu DNA ziemniaka sklonowanego w BACu z chromosomu IV (przewidywana wielkość 130 tysięcy par zasad). Wyniki sekwencjonowania i wstępne złożenia zostały przekazane do dalszej analizy.

Najważniejszy wynik badawczy:

Ogłoszenie 23 października 2009 r. wspólnie w ramach konsorcjum pierwszej wersji kompletnej struktury genomu ziemniaka.

PUBLIKACJE: 4358

Temat nr 67: Metabolizm siarki w roślinach

Zespół: prof. dr hab. Agnieszka Sirko, dr Anna Wawrzyńska, mgr Jolanta Kamińska, mgr Grzegorz Moniuszko, mgr Katarzyna Zientara, mgr Agata Kurzyk

Główną tematyką naszych badań jest odpowiedź roślin na ograniczenie dostępności siarczanu (źródła siarki) oraz ich reakcja na obecność toksycznych stężeń metali ciężkich (np. kadmu). Nasze doświadczenia koncentrują się na identyfikacji czynników kontrolujących ekspresję genów, rozpoznaniu systemu przekazywania informacji z korzeni do pędu oraz ogólnej koordynacji odpowiedzi rośliny na warunki deficytu siarkowego lub zwiększonego zapotrzebowania na metabolity siarkowe w warunkach stresu środowiskowego. Równocześnie, dalekosiężnym celem naszych badań jest uzyskanie roślin sprawniej wykorzystujących związki odżywcze (mikro- i makroelementy), zawierających zwiększony poziom metabolitów pożądanых oraz zmniejszony poziom substancji toksycznych. Badania prowadzone są wielotorowo. W okresie sprawozdawczym zajmowaliśmy się (a) dalszą charakterystyką białek o nieznanej funkcji, kodowanych przez wcześniej zidentyfikowane geny silnie indukowane przez niedobór siarki (UP9C, UP15, UP20, UP30), (b) poszukiwaniem czynników transkrypcyjnych odpowiadających za indukcję tych genów oraz charakterystyką ich promotorów, (c) dalszą analizą transformantów tytoniu oraz *Arabidopsis* ze zwiększoną lub zmniejszoną ekspresją genu *UP9C* (d) porównaniem transkryptomów tytoniu hodowanego w warunkach optymalnych oraz tytoniu eksponowanego na 50 μ M kadm przez 6 godzin, (e) dalszą analizą transformantów tytoniu zawierających geny z *Thlaspi caerulescens* kodujące transportery metali oraz syntazę nikotianaminy (chelatora metali).

Najważniejszy wynik badawczy:

Wykazanie, że czynnik transkrypcyjny NtEIL2 bierze udział w regulacji ekspresji genu UP9C w zależności od dostępności siarki. Lokalizacja białek UP9C, UP15, UP20, UP30, Joka2 w komórce roślinnej z zastosowaniem mikroskopu konfokalnego.

PUBLIKACJE: 4287, 4326, 4327, 2750/A, 2751/A, 2752/A

Temat nr 68: Metabolizm mitochondrialnych RNA u *S. cerevisiae*

Zespół: dr hab. Paweł Golik, mgr Olga Puchta

Kontynuowano badania nad drożdżowym degradosomem mitochondrialnym (mtEXO) *in vitro* za pomocą białek oczyszczonych po ekspresji heterologicznej. Przygotowano i oczyszczono szereg wariantów obu składników kompleksu mtEXO – rybonukleazy Dss1p i helikazy RNA Suv3p z wprowadzonymi metodą mutagenazy ukierunkowanej mutacjami w kluczowych dla funkcjonowania obu białek motywach. Oznaczenia aktywności enzymatycznej kompleksu ze zmutowanymi podjednostkami pozwoliły na wykazanie kluczowej roli aktywności ATPazy białka Suv3p w funkcjonowaniu kompleksu.

Badano funkcję drożdżowego białka kodowanego przez gen *DMR1*, które jest niezbędne dla utrzymania funkcjonowania mitochondrialnego aparatu genetycznego *S. cerevisiae*. Stwierdzono, że białko Dmr1p specyficznie wiąże transkrypt rRNA małej podjednostki mitochondrialnego rybosomu (15S), chroniąc go przed degradacją. Analizując fenotypy termowrażliwych alleli genu *DMR1*, stwierdzono, że odgrywa on ważną rolę w translacji mitochondrialnych mRNA. Wykazano także potencjalną interakcję genetyczną (supresja wysokokopiowa) między genami *RMD9* a *DMR1*. Przeprowadzono analizę bioinformatyczną genów kodujących białka z rodziny PPR (*pentatricopeptide repeat*) w zsekwencjonowanych genomach drożdży. Analiza pozwoliła na opracowanie nowego algorytmu wyszukiwania potencjalnych genów kodujących białka PPR w genomach nieroślinnych i wskazanie 9. nowych przedstawicieli tej rodziny u *S. cerevisiae*.

Prowadzono badania nad białkiem Pet127p – hipotetyczną egzorybonukleazą działającą w mitochondriach drożdży. Dotychczas opublikowane wyniki sugerują, że od tego białka zależy aktywność obróbki końców 5' transkryptów mitochondrialnych, nie było dotychczas dowodów na aktywność nukleazową samego białka Pet127. Wyniki badania fenotypów wzrostowych i molekularnych skonstruowanych w naszym zespole mutantów punktowych Pet127p wyraźnie sugerują, że białko to jest nukleazą z rodziny PD/XK.

Najważniejsze wyniki badawcze:

1. Poznanie funkcji drożdżowego białka Dmr1p w utrzymywaniu stabilnego rybosomalnego RNA.
2. Wykazanie, że białko Pet127p jest rybonukleazą z rodziny PD/XK.

PUBLIKACJE: 4295, 4348, 2719/A, 2720/A

Temat nr 69: Metabolizm RNA u Eucaryota

Zespół: dr hab. Andrzej Dziembowski, dr Rafał Tomecki, dr Seweryn Mroczek (od 07.09.2009), dr Kamil Gewartowski, dr Roman Szczęsny (od 12.09.2009 – UW), mgr Aleksander Chlebowski (doktorant UW), mgr Kinga Orłowska (doktorant UW), mgr Karolina Drązkowska (doktorant UW), mgr Aleksandra Siwaszek (doktorant od 07.09.2009), mgr Jacek Miłek

W ramach tematu „Metabolizm RNA u Eucaryota” prowadzone są interdyscyplinarne badania dotyczące mechanizmu działania kompleksów białkowych zaangażowanych w metabolizm RNA.

Podstawowym celem badawczym była główna rybonukleaza organizmów eukariotycznych – kompleks egzozomu. W minionym roku zakończyliśmy badania dotyczące analizy oddziaływania pomiędzy podjednostkami egzozomu pochodzącego z drożdży i uzyskane wyniki zostały umieszczone w publikacji wysłanej do recenzji. Zidentyfikowaliśmy również podjednostki katalityczne kompleksu egzozomu pochodzącego z komórek ludzkich, zbadaliśmy ich lokalizację i właściwości biochemiczne, co wraz z wynikami naszych współpracowników pozwoliło na napisanie publikacji wysłanej do recenzji.

Prowadziliśmy również badania nad kompleksem THO/TREX, który bierze udział w koordynacji transkrypcji z eksportem dojrzałego mRNA z jądra komórkowego. Opracowaliśmy metodę oczyszczania tego kompleksu do homogenności i we współpracy z laboratorium Prof. Jose M. Valpuesty określiliśmy jego strukturę w rozdzielczości 20 Å za pomocą mikroskopii elektronowej i rekonstrukcji kształtu na podstawie pojedynczych projekcji. Równolegle były prowadzone analizy biochemiczne oczyszczonego kompleksu THO. Zidentyfikowaliśmy domenę odpowiedzialną za oddziaływanie z kwasami nukleinowymi i aktualnie jej rola fizjologiczna oraz struktura są obiektem naszych zainteresowań badawczych.

PUBLIKACJE: 4288

Laboratorium Analiz Modyfikacji Genetycznych

Zespół: prof. dr hab. Barbara Tudek, dr Jarosław Cieśla

Laboratorium zajmuje się: (i) analizą obecności materiału transgenicznego w produktach rynkowych; (ii) ilościową analizą mRNA oraz innymi analizami z użyciem PCR w czasie rzeczywistym.

Wykonano usługi pomiaru ilościowego mRNA w różnych próbkach dostarczonych przez klientów IBB oraz zewnętrznych. Oznaczano również liczbę kopii genów w materiale dostarczonym przez klientów. Wykonano na zewnątrz 609 reakcji, dla pracowników IBB 8144 reakcji, łącznie z opracowaniem metodyki analiz. W ramach współpracy z klientami zewnętrznymi powstała publikacja i komunikat zjazdowy.

PUBLIKACJE: 4362, 2674/A

Pracownia Mikroskopii Konfokalnej i Fluorescencyjnej

Zespół: dr Anna Anielska-Mazur

W okresie sprawozdawczym 01.01.09 – 31.12.09, pełniąc funkcję kierownika Pracowni Mikroskopii Konfokalnej i Fluorescencyjnej (PMKiF) realizowałam założenia zgodnie z planem funkcjonowania i rozwoju PMKiF, opracowanym i przedstawionym Dyrekcji IBB PAN w 2007 roku.

1. Prowadziłam szkolenia dla osób zainteresowanych, zgodnie z zatwierdzonymi zasadami realizacji szkoleń w PMKiF w roku 2007 (sprawozdanie z dn. 21.01.08). Szkolenia były odpłatne, w załączeniu rozliczenie szkoleń. W roku 2009 przeprowadziłam szkolenia z obsługi mikroskopu E800 w zakresie mikroskopii optycznej i fluorescencyjnej wraz z możliwościami akwizycji obrazu dla 13 osób. Szkolenia prowadzone były w trybie indywidualnym, z naciskiem na poprawność stosowanej techniki i właściwą eksploatację sprzętu PMKiF.
2. W roku 2009 mikroskop fluorescencyjny E800 był użytkowany przez **479** h, natomiast mikroskop konfokalny EZ-C1 TE 2000E przez **1040** h. Bilans opracowano na podstawie zeszytów ewidencji pracy w PMKiF. W zeszytach zamieszczone są dane użytkowników, czas pracy, zakres wykorzystania optyki oraz systemów oświetlenia i wzbudzenia fluorescencji. W załączeniu plik z podsumowaniem godzin pracy poszczególnych użytkowników.
3. W 2009 roku PMKiF była dostępna dla użytkowników przez cały rok. Okresami z ograniczonym dostępem były poniższe terminy:
 - 10.08.09 do 28.08.09 – urlop, w czasie którego z pracowni korzystały upoważnione osoby;
 - 03.06.09 – przeprowadzka mikroskopu konfokalnego do nowej pracowni;
 - 03.06.09 – 22.06.09 – oczekiwanie na decyzję przeniesienia mikroskopu fluorescencyjnego do nowej pracowni.
4. Prowadziłam bieżącą pomoc przeszkolonym użytkownikom w korzystaniu z mikroskopu E800 i systemów akwizycji obrazu.
5. Przeprowadzałam obserwacje i rejestrację obrazu dla osób bez szkoleń, które sporadycznie potrzebowały skorzystać z pracowni.
6. Osobiście przeprowadzałam obsługę mikroskopu konfokalnego, akwizycję danych i opis oglądanych preparatów. A także archiwizację danych użytkowników mikroskopu konfokalnego.
7. W roku 2009 kolejna jedna osoba została dopuszczona do samodzielnej pracy na mikroskopie konfokalnym.
8. Prowadziłam nadzór nad stanem technicznym mikroskopów i innego wyposażenia w PMKiF w celu nieprzerwanej funkcjonalności powierzonej pracowni. Część bieżącej konserwacji sprzętu mikroskopowego i komputerowego wykonywałam samodzielnie. Część

napraw usterek eksploatacyjnych zlecałam serwisowi PRECOPTIC, na podstawie zawartej umowy serwisowej.

9. Uruchomiono moduł LIMO do pomiaru czasu życia fluorescencji, z przeznaczeniem do pomiarów FRET dla pary CFP/YFP.
10. Zakończono dostosowanie nowych pomieszczeń dla potrzeb PMKiF. Przeprowadzka spowodowała wyłączenie z pracy jednego dnia dla użytkowników mikroskopu konfokalnego (p. pkt. 3)
11. Do pracowni został przekazany mikrotom (Leica) z Pracowni Patogenezy Roślin.
12. Wprowadzono rozliczenia zgodnie z cennikiem i ustaleniami z Dyrekcją IBB, o których poinformowałam w czasie swojego seminarium instytutowego „Analiza obrazu mikroskopowego w programie Imaris” w dniu 06.10.2009. Realizacja opłat przesunięta została na rok 2010.
13. Nie zrealizowano planowanego w roku 2009 uzupełnienia brakujących lusterek dichroicznych, kostek filtrów oraz wymiany stacji roboczej przy mikroskopie konfokalnym. Cel ten będzie realizowany w 2010 roku.
14. W roku 2009 brałam udział w konferencjach, spotkaniach dotyczących mikroskopii, obrazowania i analizy obrazu.

Pracownia Analiz Mikromacierzy

Zespół: dr Marta Prymakowska-Bosak, dr Roksana Iwanicka-Nowicka, dr Beata Burzyńska, mgr Paweł Kamiński, mgr Maciek Kotliński

W roku 2009 pracownicy Pracowni Analiz Mikromacierzy odbyli szkolenia pozwalające na wykonywanie analiz cytogenetycznych – metody diagnostycznej wprowadzonej przez firmę Affymetrix w ostatnim roku.

Zespół osób zajmujący się w pracowni analizą bioinformatyczną rozpoczął szkolenia, które umożliwią wykorzystanie posiadanego od tego roku oprogramowania INGENUITY służącego do analizy danych otrzymywanych w doświadczeniach z zastosowaniem mikromacierzy.

Nawiązaliśmy współpracę naukową z Uniwersytetem Medycznym w Białymstoku, która zaowocowała uzyskaniem finansowania na badania w ramach projektu Innowacyjna Gospodarka; Oś priorytetowa: Badania i rozwój nowoczesnych technologii.

Pracownia Analiz Mikromacierzy współpracuje naukowo także z zespołem prof. dr. hab. Bogdana Lesynga z Wydziału Fizyki UW. Kontynuowana jest również współpraca naukowa z zespołami dr. Grzegorza Plachy oraz dr. hab. Rafała Płoskiego z Warszawskiego Uniwersytetu Medycznego, w ramach której wykonujemy analizy typu SNP.

Zespół pracowni zaangażowany jest w realizację podanych niżej tematów statutowych:

1. Udział struktur chromatynowych w regulacji transkrypcji genów,
2. Analiza genetyczna podstaw wybranych chorób dziedzicznych,
3. Dynamika transkryptomu w normie i stresie.

W pracowni wykonano analizy mikromacierzowe dla następujących zakładów IBB:

1. Zakład Genetyki,
2. Zakład Biochemii Roślin.

Poza działalnością naukową Pracownia w roku 2009 wykonała zlecenia zewnętrzne

1. 16 mikromacierzy transkrypcyjnych typu GeneChip Mouse Genome 230 2.0 dla Instytutu Medycyny Doświadczalnej i Klinicznej im. M. Mossakowskiego PAN,
2. 6 mikromacierzy transkrypcyjnych GeneChip Human Genome U133 plus 2.0 dla Zakładu Chemii Bioorganicznej CBMM PAN,
3. 6 mikromacierzy typu Human Promoter tiling array dla Zakładu Biologii Molekularnej Centrum Onkologii w Warszawie.

Serwis Bakulowirusa

Zespół: dr Ewa Szolajska, mgr Monika Żochowska

W 2009 roku w pracowni nadprodukowano w komórkach owadzych (system Bac-To-Bac) następujące białka:

1. Białka wirusowe:

- białko podstawy pentonu adenowirusa serotypu 3 (białko typu dzikiego oraz jego mutanty w części N-końcowej),
- hemaglutyninę wirusa ptasiej grypy w fuzji z domenami WW (białko pełnej długości oraz warianty pozbawione domeny transmembranowej).

2. Domeny katalityczne kinaz tyrozynowych:

- domenę katalityczną kinazy Jak 2 w fuzji z 6xHis,
- domenę katalityczną kinaz Jak 2 w fuzji z GST.

3. Ludzką oksydacyjną dealkilazę **ABH8**

Białka te były wykorzystywane do realizacji tematów statutowych IBB PAN.

W ramach działalności usługowej, dla zlecniodawców spoza IBB PAN:

- wykonano nadekspresję ludzkiej kolagenazy MMP9 typu dzikiego oraz mutantu G100L (zamówienie Instytutu Nenckiego).

Przeprowadzono również tygodniowy kurs dotyczący ekspresji genów w systemie bakulowirusowym dla pracowników firmy ADAMED Sp. z o.o.

Pracownia Hodowli Komórkowych

Zespół: dr Ewa Szolajska, mgr Małgorzata Białoskórska (technik), dr Piotr Dzierzbicki (opiekun cytometru przepływowego)

W 2009 w Pracowni kontynuowane były doświadczenia, prowadzone przez Zespoły Badawcze IBB, dotyczące następujących zagadnień:

- Rola naprawy DNA i peroksydacja lipidów w stabilności genetycznej oraz w procesach starzenia komórkowego (grupa prof. dr hab. Barbary Tudek, Zakład Biologii Molekularnej),
- Analiza proteomiczna wewnątrzkomórkowej S-nitrozylacji w warunkach fizjologicznych i patologicznych (grupa dr Aleksandry Wysłouch-Cieszyńskiej, Zakład Biofizyki),
- Ekspresja białka toksyny Zeta plazmidu pSM19035 w komórkach ssaczych (grupa dr Urszuli Zielenkiewicz, Zakład Drobnoustrojów),
- Zastosowanie dodekahedronu adenowirusa do wprowadzania do wnętrza komórek białek i peptydów o potencjalnym działaniu terapeutycznym (bleomycyna, antygeny wirusa grypy) (grupa dr Ewy Szolajskiej, Zakład Biosyntezy Białka).

Grupa prof. dr hab. Elżbiety Grzesiuk (Zakład Biologii Molekularnej) zakupiła sprzęt - komorę laminarną oraz inkubator CO₂ i rozpoczęła badania nad:

- Rolą ludzkich homologów białka AlkB w naprawie DNA, modyfikowaniu RNA i stabilności genomu w ludzkich liniach komórkowych.

Wyposażenie Pracowni w cytometr przepływowy - FACSCalibur (Beckton-Dickinson), umożliwiło rozpoczęcie prac nad realizowanym we współpracy z Warszawskim Uniwersytetem Medycznym projektem:

- Badanie skutków ubocznych wybranych leków (dr Elżbieta Spejna, Zakład Biologii Molekularnej).

Cytometr przepływowy wykorzystywano również do:

- analizy cyklu komórkowego mutantów drożdżowych *ccz1* w mejozie (dr Róża Kucharczyk, Zakład Genetyki),
- badań zawartości DNA w mutancie drożdżowym *hof1* (dr Anna Chelstowska, mgr Rasa Monkaityte, Zakład Genetyki),
- analizy zawartości DNA genomowego w komórkach drożdży *Saccharomyces cerevisiae* (dr Adrianna Skoneczna, mgr Małgorzata Alabrudzińska, Pracownia Mutagenazy i Reperacji DNA),
- analizy cyklu komórkowego w drożdżowych mutantach replikacyjnych i roli białka Dpb2p (dr Krzysztof Flis, mgr Marta Garbacz, Pracownia Mutagenazy i Reperacji DNA),
- oznaczeń poziomu reaktywnych form tlenu w komórkach drożdży (dr Ewa Malc, Pracownia Mutagenazy i Reperacji DNA),
- oceny wydajności przejściowej transfekcji (dr Roman Szczęsny Zakład Biofizyki),
- oznaczania liczby komórek apoptotycznych (dr Roman Szczęsny IGiB UW).

Pracownia Sekwencjonowania DNA i Syntezy Oligonukleotydów

Zespół: dr Robert Gromadka, mgr Beata Babińska, mgr Ewa Kalińska, mgr Małgorzata Filipiak, mgr Jan Gawor, mgr Jakub Gruchota, dr Piotr Dzierzbicki

W ramach działalności usługowej dla IBB zsyntetyzowano 5 610 oligonukleotydów oraz zsekwencjonowano na aparatach ABI 3730 i ABI 3730 xl 14 720 matryc DNA, co przy średniej długości odczytu 850bp daje 12 512 000 zasad.

W ramach projektu PGSC na aparacie Roche GS 20 FLX zsekwencjonowano 65 baków o łącznej długości 730 mln par zasad.

W ramach współpracy na aparacie Roche GS 20 FLX sekwencjonowano 135 576 500 par zasad.

Syntezy oligonukleotydów i sekwencjonowanie matryc wykonano dla następujących zakładów IBB:

1. Zakład Genetyki	329 matryc	378 oligonukleotydów
2. Zakład Biochemii Drobnoustrojów	2050 matryc	427 oligonukleotydów
3. Zakład Biosyntezy Białka	117 matryc	197 oligonukleotydów
4. Zakład Biochemii Roślin	310 matryc	495 oligonukleotydów
5. Zakład Biofizyki	85 matryc	212 oligonukleotydów
6. Zakład Biologii Molekularnej	2075 matryc	385 oligonukleotydów
7. Zakład Genetyki UW	6545 matryc	2655 oligonukleotydów
8. Pracownia Mutagenyzy i Reperacji DNA	3025 matryc	375 oligonukleotydów
9. Pracownia Glikobiologii Grzybów	59 matryc	157 oligonukleotydów
10. Pracownia Sekwencjonowania DNA	125 matryc	329 oligonukleotydów i Syntezy Oligonukleotydów

Dla 143 zleceniodawców spoza IBB zostały zrealizowane zamówienia na zsekwencjonowanie 35 660 matryc i zsyntetyzowano 22 000 oligonukleotydów. Dodatkowo w ramach przyznanych minigrantów wykonano 370 sekwencjonowań matryc DNA i 3 020 reakcji analizy polimorfizmu.

Lista zleceniodawców zewnętrznych:

1. Uniwersytet w Białymstoku
2. Akademia Medyczna w Bydgoszczy
3. Akademia Techniczno Rolnicza, Wydział Rolniczy
4. Uniwersytet Kazimierza Wielkiego
5. Akademia Medyczna w Gdańsku, Samodzielna Pracownia Endokrynologii i Diagnostyki Laboratoryjnej
6. Akademia Wychowania Fizycznego i Sportu im. Jędrzeja Śniadeckiego
7. Bio-Diagnostyka sp. z o.o.
8. DNA Gdańsk s.c.
9. EURx sp. z o.o.
10. Międzyuczelniany Wydział Biotechnologii UG-AMG
11. Politechnika Gdańska
12. Samodzielny Publiczny Szpital Kliniczny AM NR2
13. Uniwersytet Gdański, Katedra Biochemii
14. Zakład Ornitologii Polskiej Akademii Nauk
15. Katedra Zoologii Bezkręgowców Uniwersytet Gdański

16. Morski Instytut Rybacki w Gdyni
17. Centrum Onkologii-Instytut im. Marii Skłodowskiej-Curie Oddział Gliwice
18. Politechnika Śląska w Gliwicach
19. Zakład Ichtiobiologii i Gospodarki Rybackiej PAN - Gołysz
20. Instytut Genetyki i Hodowli Zwierząt PAN - Jastrzębiec
21. Śląska Akademia Medyczna w Katowicach
22. Akademia Świętokrzyska im. Jana Kochanowskiego - Kielce
23. Świętokrzyskie Centrum Onkologii w Kielcach
24. Instytut Dendrologii PAN w Kórniku
25. Collegium Medium Uniwersytet Jagielloński w Krakowie
26. Instytut Biologii Molekularnej UJ
27. Instytut Farmakologii - Kraków
28. Instytut Ochrony Przyrody
29. Instytut Systematyki i Ewolucji Zwierząt PAN w Krakowie
30. Instytut Zootechniki - Kraków
31. Katedra Genetyki, Hodowli i Nasiennictwa, Akademia Rolnicza w Krakowie
32. Akademia Medyczna w Lublinie
33. Akademia Rolnicza w Lublinie, Wydział Biologii i Hodowli Zwierząt
34. Akademia Rolnicza w Lublinie, Wydział Medycyny Weterynaryjnej
35. Instytut Medycyny Wsi im. Witolda Chodźki w Lublinie
36. Katolicki Uniwersytet Lubelski
37. Uniwersytet Marii Curie-Skłodowskiej
38. Centrum Badań Molekularnych i Makromolekularnych PAN w Łodzi
39. Centrum Biologii Medycznej i Mikrobiologii PAN
40. Centrum Mikrobiologii i Wirusologii PAN
41. GENOS s.c.
42. Instytut "Centrum Zdrowia Matki Polki"
43. Instytut Medycyny Pracy w Łodzi
44. Międzynarodowe Centrum Ekologii PAN
45. Politechnika Łódzka, Wydział Chemii Spożywczej i Biotechnologii
46. Szpital Kliniczny NR3, Samodzielny Akademicki Publiczny ZOZ
47. Uniwersytet Medyczny w Łodzi
48. Zakład Genetyki Drobnoustrojów Uniwersytet Łódzki
49. Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin w Młochowie
50. Instytut Rozrodu Zwierząt i Badań Żywności PAN w Olsztynie
51. Instytut Rybactwa Śródlądowego im. Stanisława Sakowicza w Olsztynie
52. Uniwersytet Warmińsko-Mazurski
53. Wojewódzka Stacja Sanitarно-Epidemiologiczna w Olsztynie
54. Uniwersytet Opolski
55. Akademia Ekonomiczna w Poznaniu
56. Akademia Medyczna im. Karola Marcinkowskiego, Poznań
57. Akademia Rolnicza w Poznaniu
58. Akademia Wychowania Fizycznego im. Eugeniusza Piaseckiego
59. Centrum Alergologii dr med. Teresa Hoffman Centrum Badań DNA sp. z o.o.
60. Instytut Chemii Bioorganicznej - Poznań
61. Instytut Genetyki Człowieka PAN - Poznań
62. Instytut Genetyki Roślin w Poznaniu
63. Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin Oddział Poznań
64. Instytut Ochrony Roślin w Poznaniu
65. Prywatny Gabinet Lekarski lek. Ewa Matuszewska, Poznań
66. PIRANUS PPHU
67. Samodzielny Publiczny Szpital Kliniczny NR 2 im. Heliodora Święcickiego w Poznaniu

68. Wielkopolskie Towarzystwo Rozwoju Metod Badawczych i Leczenia Niepłodności
69. Wielkopolska Hodowla Buraka Cukrowego sp. z o.o. - Poznań
70. Wojewódzka Stacja Sanitarno-Epidemiologiczna w Poznaniu
71. Wydział Biologii Uniwersytet im. Adama Mickiewicza
72. BIEWET Puławy sp. z o.o.
73. Instytut Uprawy, Nawożenia i Gleboznawstwa, Puławy
74. Państwowy Instytut Weterynaryjny
75. Wojskowy Instytut Higieny i Epidemiologii
76. Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin w Radzikowie
77. Uniwersytet Rzeszowski Katedra Biochemii i Biologii Komórki
78. Wojewódzka Stacja Sanitarno-Epidemiologiczna w Rzeszowie
79. Akademia Podlaska Instytut Bioinżynierii i Hodowli Zwierząt w Siedlcach
80. Instytut Sadownictwa i Kwiaciarnictwa w Skierniewicach
81. Instytut Warzywnictwa
82. Pomorska Akademia Pedagogiczna w Słupsku
83. Instytut Oceanologii PAN, Sopot
84. Akademia Rolnicza w Szczecinie
85. Pomorska Akademia Medyczna
86. Uniwersytet Szczeciński
87. Główny Inspektorat Inspekcji Ochrony Roślin i Nasiennictwa w Toruniu
88. Instytut Biologii Ogólnej i Molekularnej Uniwersytet im. M. Kopernika
89. Adamed sp. z o.o. (Pieńków)
90. Avicenna Biosystem KKK Sp. z o.o.
91. Akademia Medyczna ul. Żwirki i Wigury 61
92. Centralne Laboratorium Surowic i Szczepionek
93. Centrum Medyczne Kształcenia Podyplomowego w Warszawie
94. Centrum Onkologii-Instytut im. Marii Skłodowskiej-Curie
95. Fundacja na Rzecz Chorych z Chorobami Krwi
96. Instytut Badań DNA Sp. z o.o.
97. Instytut Badawczy Leśnictwa
98. Instytut Biologii Doświadczalnej im. M. Nenckiego
99. Instytut Biotechnologii i Antybiotyków
100. Instytut Centrum Medycyny Doświadczalnej i Klinicznej PAN
101. Instytut Chemii i Techniki Jądrowej
101. Instytut Gruźlicy i Chorób Płuc
102. Instytut Hematologii i Transfuzjologii
103. Instytut Kardiologii
104. Instytut Leków
105. Instytut Matki i Dziecka
106. Instytut Parazytologii PAN
107. Instytut Reumatologiczny
108. Instytut Żywności i Żywnienia
109. Jednostka Wojskowa NR 4111
110. Krzysztof Kucharczyk – Techniki Elektroforetyczne
111. Labgen
112. Międzynarodowy Instytut Biologii Molekularnej i Komórkowej
113. Medigen
114. Muzeum i Instytut Zoologii PAN
115. Ogród Botaniczny – Centrum Zachowania Różnorodności Biologicznej PAN
116. Państwowy Zakład Higieny, Instytut Naukowo-Badawczy
117. Polskie Towarzystwo Kardiologiczne
118. Politechnika Warszawska, Międzywydziałowe Centrum Biotechnologii
119. SGGW AR Wydziały o adresie ul. Nowoursynowska 159 i 166
120. SGGW AR, Katedra Botaniki ul. Rakowiecka 26/30

121. SGGW AR Katedra Parazytologii i Chorób Inwazyjnych
122. Uniwersytet Warszawski
123. Wojskowy Instytut Higieny i Epidemiologii w Warszawie
124. Wojewódzki Szpital Zakaźny SPZOZ Wolska 37
125. Wojskowy Instytut Medycyny
126. Zakład Biologii Antarktyki PAN
127. Akademia Medyczna we Wrocławiu
128. Akademia Rolnicza
129. Genet Reserch Sp. z o.o.
130. Laboratorium Diagnostyki Molekularne Sp. z o.o.
131. Instytut Immunologii i Terapii i Doświadczalnej PAN
132. Uniwersytet Wrocławski
133. Państwowy Instytut Weterynaryjny – Zakład Pruszczycy w Zduńskiej Woli
134. Instytut Biotechnologii i Ochrony Środowiska Uniwersytet Zielonogórski
135. Liga Ochrony Przyrody Zarząd Okręgu w Zielonej Górze
136. Centrum Badań DNA Sp. z o.o.
137. BioTe21, Warszawa
138. Laboratorium Badań Genetycznych Sp. z o.o. Lublin
139. Akademia Wychowania Fizycznego w Katowicach
140. Instytut Sportu, Zakład Badań Antydopingowych, Warszawa
141. Instytut Biocybernetyki i Inżynierii Biomedycznej PAN
142. Politechnika Lubelska
143. Indywidualna Specjalistyczna Praktyka Lekarska – Wojciech Józwicki.

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 78% a spektrometru 400 MHz – 69%. Pełne zestawienie w załączeniu.

Wykorzystanie spektrometrów NMR w roku 2009

Kierownik projektu	Instytucja	Czas przyrządu (godz.)	
		400 MHz	500 MHz
Prof. R. Stolarski	Wydział Fizyki, UW	74	---
Prof. K. Kamińska-Trela	ICHO PAN, Warszawa	168	---
Prof. P. Nyckowski	Warszawski Uniwersytet Medyczny	900	---
Prof. J. Strosznajder	IMDiK PAN, Warszawa	300	---
Prof. A. Lipkowski	IMDiK PAN, Warszawa	168	528
Prof. J. Izdebski	Wydział Chemii, UW	432	336
Prof. O. Kornelyuk	Inst. Biologii Molekularnej, Kijów, Ukraina	96	120
Prof. T. Kulikowski	IBB PAN	144	---
Prof. E. Świeżewska	IBB PAN	408	---
Doc. J. Poznański	IBB PAN	96	360
Prof. J. Kuśmierek	IBB PAN	24	48
Prof. W. Bal	IBB PAN	---	168
Mgr T. Sobieściak	IBB PAN	120	---
Dr G. Dubin	Biocentrum Kraków	---	48
Dr Stefanowicz	Wydział Chemii, U Wrocław.	---	288
Licencjat M. Rażew	SGGW	144	---
Prof. J. Wicha	ICHO PAN	72	---
badania własne	IBB	2184	3864
nowe techniki, szkolenia		84	60
konserwacje, nalewanie ciekłego helu i azotu		150	328
awarie		512	720
Udokumentowane wykorzystanie czasu w godzinach		6076	6868
Udokumentowane wykorzystanie czasu w procentach		69%	78%

Środowiskowe Laboratorium Spektrometrii Mas

Zespół: prof. dr hab. Michał Dadlez, mgr Jacek Olędzki, dr Jacek Sikora, mgr Magdalena Bakun, mgr Agnieszka Fabijańska, mgr Piotr Zarębski, mgr Marta Tkaczyk, mgr Agata Malinowska, mgr Janusz Dębski, Michał Kistowski

Środowiskowe Laboratorium Spektrometrii Mas prowadzi pomiary mas cząsteczek biologicznych wykorzystując posiadane cztery spektrometry: typu Q-ToF, Premier Q-Tof, Orbitrap Velos 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 ostatnim roku wykonaliśmy ponad 2000 analiz. 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 współuczestniczy w wielu projektach badawczych o różnorodnej tematyce odzwierciedlającej uniwersalne możliwości proteomiki.

Najważniejszym obszarem działań Laboratorium w ostatnim roku było dopracowanie metod bezżelowej proteomiki różnicowej tak by analizy były wykonywane w sposób rutynowy. Zakończono prace nad własnymi programami analizy danych i oceny statystycznej wyników proteomiki różnicowej. Obecnie możemy porównywać poziomy kilku tysięcy białek w jednym eksperymencie. Opracowaliśmy również metodę wzbogacania próbki w fosfopeptydy dla celów analiz fosfoproteomu. Dla potrzeb analizy struktur białkowych opracowaliśmy metodę pomiarów kinetyk wymiany proton-deuter analizowanej przez spektrometrię mas.

Najważniejsze wyniki badawcze:

1. Metodyka proteomicznych analiz różnicowych, również dla fosfo- i nitrozo-proteomu,
2. Metodyka pomiarów kinetyki wymiany proton-deuter z zastosowaniem spektrometrii mas jako metody analitycznej.

PUBLIKACJE: 4324, 4350, 4374, 4375, 4376, 4377, 4378, 4379, 4380, 2661/A, 2764/A, 2768/A, 171/M, 543/N

Seminaria instytutowe

2009

06.01.2009

mgr Adam Wawrzyński /Wydział Rolnictwa i Biologii SGGW/

„Nowe rodziny transpozonów w soi (*Glycine max*) i jej dzikim krewniaku *Glycine tomentella* oraz ich potencjalny wpływ na ewolucję genomu strączkowych”

13.01.2009

mgr Zuzanna Bukowy /Zakład Biologii Molekularnej/

„Wpływ stresu oksydacyjnego na funkcjonowanie helikazy WRN”

03.02.2009

prof. dr hab. Joanna Kufel /Instytut Genetyki i Biotechnologii UW/

„Różnorodne mechanizmy terminacji transkrypcji polimerazy I RNA w komórkach drożdży”

10.02.2009

prof. dr hab. Tomasz Biliński /Uniwersytet Rzeszowski/

„Wybrańcy Bogów umierają młodo. (Czy drożdże się starzeją)”

17.02.2009

dr Magdalena Krzymowska /Pracownia Patogenezy Roślin/

„SGT1 – wielofunkcyjne białko regulatorowe u drożdży, roślin i człowieka”

24.02.2009

mgr Agata Cena /Zakład Genetyki/

„Różnorodność skutków mutacji w kohezynie Irr1 u drożdży”

03.03.2009

prof. dr hab. Leszek Pączek /Warszawski Uniwersytet Medyczny/

„Rola enzymów proteolitycznych w chorobach nerek”

10.03.2009

dr Rafał Tomecki /Zakład Biofizyki/

„Badanie aktywności biochemicznej podjednostki katalitycznej drożdżowego egzozomu – białka Dis3p oraz jego ludzkich ortologów”

17.03.2009

mgr Monika Zaręba-Kozioł /Zakład Biofizyki, Środowiskowe Laboratorium Spektrometrii Mas/

„Proteomiczna analiza S-nitrozylacji białek”

24.03.2009

dr Agnieszka Sujak /Katedra Fizyki, Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie/

„Kantaksantyna – silny modyfikator właściwości strukturalnych i dynamicznych błon lipidowych”

14.04.2009

dr hab. Małgorzata Łobocka /Zakład Biochemii Drobnoustrojów/

„System partycji profaga P1 jako model w badaniach nad aktywną segregacją plazmidowego DNA z udziałem ATPaz typu Walkera”

05.05.2009

mgr Iga Piekarska /Zakład Genetyki/

„Rola białka Ccz1 w procesie sporulacji drożdży *Saccharomyces cerevisiae*”

13.05.2009

dr Patricia Opresko /University of Pittsburgh, USA/

„Mechanisms for Preserving Chromosomal Ends in Protection Against Premature Aging and Cancer”

19.05.2009

mgr Michał Wrześciński /Zakład Biologii Molekularnej/

„Antybakteryjna aktywność soku trzustkowego”

21.05.2009

prof. Piotr Marszałek /Duke University, North Karolina, USA/

„Diagnostyka uszkodzeń w DNA za pomocą AFM (mikroskopii sił atomowych)”

26.05.2009

mgr Magdalena Kusiak /Zakład Biochemii Drobnoustrojów/

„Analiza funkcjonalna białka ParB z *Pseudomonas aeruginosa*”

02.06.2009

prof. Miral Dizdaroglu /National Institute of Standards and Technology, Gaithersburg, USA/

„Oxidative DNA damage: Mechanisms, Measurement, Repair and Disease”

16.06.2009

dr Marcin Nowotny /Laboratorium Struktury Białka, Międzynarodowy Instytut Biologii Molekularnej i Komórkowej/

„Badania strukturalne RNazy H – członka nadrodziny integras retrowirusowych”

23.06.2009

mgr Patrycja Zembek /Pracownia Glikobiologii Grzybów/

„Syntaza dolichylo-fosfo-mannozy z *Trichoderma reesei*, klonowanie i analiza funkcjonalna podjednostek”

30.06.2009

mgr Aneta Więsyk /Zakład Biosyntezy Białka/

„Mechanizm patogenności wiroida”

17.09.2009

prof. Kazimierz S. Kasprzak /National Kancer Institute at Frederick, USA/

„Wpływ askorbinianu na toksyczność i rakotwórczość niklu”

30.09.2009

prof. Youri Pavlov /University of Nebraska Medical Center, Omaha, USA/

„Layers of control of genome stability”

06.10.2009

dr Anna Anielska-Mazur /Pracownia Mikroskopii Konfokalnej i Fluorescencyjnej/

„Analiza obrazu mikroskopowego w programie IMARIS”

13.10.2009

prof. dr hab. Beata Zagórska-Marek /Uniwersytet Wrocławski/

„Uniwersalność zasad tworzenia formy w przyrodzie”

13.10.2009

prof. Erik Johansson /Dept. of Medical Biochemistry and Biophysics, Umea University/

„Properties of yeast DNA polymerase epsilon – implications for leading strand synthesis”

20.10.2009

prof. Wolfram Saenger /Freie Universitaet Berlin, Institute for Chemistry and Biochemistry, Berlin, Germany/

„Crystal Structure of Cyanobacterial Photosystem II at 2.9 Å resolution – Many Revelations and Many Mysteries”

27.10.2009

prof. dr hab. Krzysztof Szyfter / Instytut Genetyki Człowieka PAN, Poznań/

„Onkogeny i geny supresorowe czynne w przebiegu nowotworów krtani”

03.11.2009

prof. dr hab. Eva Czarnecka-Verner /University of Florida, Microbiology & Cell Science Dept., Gainesville, FL USA/

„A strategy for elimination of human pathogen–contaminated raw produce from the food supply”

10.11.2009

dr Catherine Suski Grabowski /University of Oxford, John Radcliffe Hospital/

„Site and orientation specific blockade of replication in yeast”

17.11.2009

mgr Anna Stankiewicz-Drogoń /Zakład Biosyntezy Białka/

„Helikaza wirusa zapalenia wątroby typu C (HCV) jako cel terapii antywirusowej”

24.11.2009

dr Paweł Szczęsny /Zakład Bioinformatyki/

„Nauka 2.0”

01.12.2009

dr Szymon Świeżewski /Zakład Biosyntezy Białka/

„Rola niekodujących RNA w regulacji transkrypcji”

08.12.2009

mgr Anna Kupniewska-Kozak /Zakład Biofizyki/

„Badania kompleksu peptydu Aβ z receptorem RAGE”

15.12.2009

prof. dr hab. Grażyna Palamarczyk /Pracownia Glikobiologii Grzybów/

„Glikozylacja białek a integralność ściany komórkowej grzybów”

29.12.2009

dr Kamil Gewartowski /Zakład Biofizyki/

„Analiza kompleksu THO/TREX pełniącego ważną rolę w koordynacji transkrypcji z eksportem mRNA z jądra komórkowego”

Lista publikacji za 2009 rok

ARTYKUŁY

4286

CZARNECKA A., BARTNIK E.

Mitochondrial DNA mutations tumors.

Chapter in: **Cellular respiration and carcinogenesis**. Ed. S.P. Apte, R. Sarangarajan.

Springer, Humana Press (2009), p.119-129

4287

ZIENTARA K., WAWRZYŃSKA A.K., ŁUKOMSKA J., LOPEZ-MOYA J.R., LISZEWSKA F., ASSUNCAO A.G.L., AARTS M.G.M., SIRKO A.

Activity of the *AtMRP3* promoter in transgenic *Arabidopsis thaliana* and *Nicotiana tabacum* plants in increased by cadmium, nickel, arsenic, cobalt and lead but not by zinc and iron.

Journal of Biotechnology (2009) 139: 258-263

IF 2,748

4288

KANIAK A., DZIERZBICKI P., ROGOWSKA A.T., MALC E.P., FIKUS M., CIEŚLA Z.

Msh1p counteracts oxidative lesion-induced instability of mtDNA and stimulates mitochondrial recombination in *Saccharomyces cerevisiae*.

DNA Repair (2009) 8: 318-329

IF 5,095

4289

NGUYEN K.A., ŻYLICZ J., SZCZĘSNY P., SROKA A., HUNTER N., POTEMPA J.

Verification of a topology model of PorT as an integral outer-membrane protein in *Porphyromonas gingivalis*.

Microbiology (2009) 155: 328-337

IF 2,841

4290

CIESIELSKI A., KRYGOWSKI T.M., CYRAŃSKI M.K., DOBROWOLSKI M.A., BALABAN A.T.

Are thermodynamic and kinetic stabilities correlated? A topological index of reactivity toward electrophiles used as a criterion of aromaticity of polycyclic benzenoid hydrocarbons.

Journal of Chemical Information and Modeling (2009) 49: 369-376

IF 3,643

4291

NAJDA-BERNATOWICZ A., ŁEBSKA M., ORZESZKO A., KOPAŃSKA K., KRZYWIŃSKA E., MUSZYŃSKA G., BRETNER M.

Synthesis of new analogs of benzotriazole, benzimidazole and phthalimide-potential inhibitors of human protein kinase CK2.

Bioorganic & Medicinal Chemistry (2009) 17: 1573-1578

IF 3,075

4292

TOŃSKA K., SOŁYGA A., BARTNIK E.

Mitochondria and aging: innocent bystanders or guilty parties?

Journal of Applied Genetics (2009) 50(1): 55-62

IF 1,351

4293

WYSOCKA-KAPCIŃSKA M., LUTYK-NADOLSKA J., KILISZEK M., PŁOCHOCKA D., MACIĄG M., LESZCZYŃSKA A., RYTKA J., BURZYŃSKA B.

Functional expression of human HMG-CoA reductase in *Saccharomyces cerevisiae*: a system to analyse normal and mutated version of the enzyme in the context of statin treatment.

Journal of Applied Microbiology (2009) 106: 895-902

IF 2,028

4294

KRISHNAN N., KODRIK D., KŁUDKIEWICZ B., SEHNAL F.

Glutathione-ascorbic acid redox cycle and thioredoxin reductase activity in the digestive tract of *Leptinotarsa decemlineata* (Say).

Insect Biochemistry and Molecular Biology (2009) 39: 180-188

IF 2,626

4295

PLAK K., CZARNECKA A.M., KRAWCZYK T., GOLIK P., BARTNIK E.

Breast cancer as a mitochondrial disorder (Review).

Oncology Reports (2009) 21: 845-851

IF 1,524

4296

CISZEWSKA M., KWASIBORSKA M., NOWAKOWSKI M., OLESZCZUK M., WÓJCIK J., CHUNG N.N., SCHILLER P.W., IZDEBSKI J.

N-(ureidoethyl)amides of cyclic enkephalin analogs.

Journal of Peptide Science (2009) 15: 312-318

IF 1,654

4297

MĘDZA G., WIERZCHOWSKI J., KIERDASZUK B., SHUGAR D.

Fluorescence emission properties of 8-aza analogues of caffeine, theophylline, and related *N*-alkyl xanthines.

Bioorganic & Medicinal Chemistry (2009) 17: 2585-2591

IF 3,075

4298

BAJDA A., KONOPKA-POSTUPOLSKA D., KRZYMOWSKA M., HENNIG J., SKORUPIŃSKA-TUDEK K., SURMACZ L., WÓJCIK J., MATYSIAK Z., CHOJNACKI T., SKORZYŃSKA-POLIT E., DRAŹKIEWICZ M., PATRZYŁAS P., TOMASZEWSKA M., KANIA M., ŚWIST M., DANIKIEWICZ W., PIOTROWSKA W., ŚWIEŻEWSKA E.

Role of polyisoprenoids in tobacco resistance against biotic stresses.

Physiologia Plantarum (2009) 135: 351-364

IF 2,334

4299

LIAN A., CIEPICHAŁ E., ŚWIEŻEWSKA E., BOBOVSKA A., DIANISKOVA P., BLASKO J., MIKUSOVA K., BRENNAN P.J.

Stereoselective syntheses of heptaprenylphosphoryl β -D-arabino- and β -D-ribo-furanoses.

Tetrahedron Letters (2009) 50: 2242-2244

IF 2,538

4300

RÓZGA M., PROTAS A.M., JABŁONOWSKA A.M., DADLEZ M., BAL W.

The Cu(II) complex of A β 40 peptide in ammonium acetate solutions. Evidence for ternary species formation.

Chemical Communications (2009): 1374-1376

IF 5,340

4301

KURANDA K.K., GRABIŃSKA K., BERGES T., KARST F., LEBERRE V., SOKOL S., FRANCOIS J., PALAMARCZYK G.

The *YTA7* gene is involved in the regulation of the isoprenoid pathway in the yeast *Saccharomyces cerevisiae*.

FEMS Yeast Research (2009) 9: 381-390

IF 2,579

4302

PIOTROWSKA E., JAKÓBKIEWICZ-BANECKA J., TYLKI-SZYMAŃSKA A., CZARTORYSKA B., WĘGRZYN A., WĘGRZYN G.

Correlation between severity of mucopolysaccharidoses and combination of the residual enzyme activity and efficiency of glycosaminoglycan synthesis.

Acta Paediatrica (2009) 98: 743-749

IF 1,517

4303

JAREMKO Ł., JAREMKO M., PASIKOWSKI P., CEBRAT M., STEFANOWICZ P., LISOWSKI M., ARTYM J., ZIMECKI M., ZHUKOV I., SZEWCZUK Z.

Rapid communication the immunosuppressive activity and solution structures of ubiquitin fragments.

Biopolymers (2009) 91(6): 423-431

IF 2,823

4304

ARCHACKI R., SARNOWSKI T.J., HALIBART-PUZIO J., BRZESKA K., BUSZEWICZ D., PRYMAKOWSKA-BOSAK M., KONCZ C., JERZMANOWSKI A.J.

Genetic analysis of functional redundancy of BRM ATPase and ATSWI3C subunits of *Arabidopsis* SWI/SNF chromatin remodelling complexes.

Planta (2009) 229: 1281-1292

IF 3,088

4305

HEJNOWICZ M.S., GOŁĘBIEWSKI M., BARDOWSKI J.K.

Analysis of the complete genome sequence of the lactococcal bacteriophage b1BB29.

International Journal of Food Microbiology (2009) 131: 52-61

IF 2,753

4306

BARTOSIK A.A., MIERZEJEWSKA J., THOMAS C.M., JAGURA-BURDZY G.

ParB deficiency in *Pseudomonas aeruginosa* destabilizes the partner protein ParA and affects a variety of physiological parameters.

Microbiology (2009) 155: 1080-1092

IF 2,841

4307

KOMISARSKI M., KACZMARSKA Z., KUŚMIEREK J.T.

Practical highly enantioselective synthesis of (*R*)- and (*S*)-(*E*)-4-hydroxynon-2-enal.

Acta Biochimica Polonica (2009) 56(1): 189-193

IF 1,448

4308

PASZEWSKI A., NATORFF R., SIENKO M., BRZYWCZY J., LEWANDOWSKA I.

Sulfur metabolism in *Aspergillus nidulans*: pathways and regulation.

Chapter in: **Sulfur Metabolism in Plants. Regulatory Aspects, Significance of Sulfur in the Food Chain, Agriculture and the Environment.** Ed. A. Sirko, L.J. De Kok, S. Haneklaus, M.J. Hawkesford, H. Rennenberg, K. Saito, E. Schung and I. Stulen. Backhuys Publishers, Leiden, (2009) ISBN 978-3-8236-1547-7, p.279-283

4309

KUCHARCZYK R., HOFFMAN-SOMMER M., PIEKARSKA I., FISCHER von MOLLARD von G., RYTKA J.

The *Saccharomyces cerevisiae* protein Ccz1p interacts with components of the endosomal fusion machinery.

FEMS Yeast Research (2009) 9: 565-573

IF 2,579

4310

KAMIENSKA-TRELA K., WÓJCIK J.

Applications of spin-spin couplings.

Nuclear Magnetic Resonance (2009) 38: 194-242 Book series

4311

WORTMAN J.R., GILSENAN J.M., JOARDAR V., DEEGAN J., CLUTTERBUCK J., ANDERSEN M.R., ARCHER D., BENCINA M., BRAUS G., COUTINHO P., DOHREN von H., DOONAN J., DRIESSEN A.J.M., DUREK P., ESPESO E., FEKETE E., FLIPPHI M., ESTRADA C.G., GEYSSENS S., GOLDMAN G., GROOT de P.W.J., HANSEN K., HARRIS S.D., HEINEKAMP T., HELMSTAEDT K., HENRISSAT B., HOFMANN G., HOMAN T., HORIO T., HORIUCHI H., JAMES S., JONES M., KARAFFA L., KARANYI Z., KATO M., KELLER N., KELLY D.E., KIEL J.A.K.W., KIM J.-M., KLEI van der I.J., KLIS F.M., KOVALCHUK A., KRASEVEC N., KUBICEK CH.P., LIU BO MacCABE A., MEYER E., MIRABITO P., MISKEI M., MOS M., MULLINS J., NELSON D.R., NIELSEN J., OAKLEY B.R., OSMANI S.A., PAKULA T., PASZEWSKI A., PAULSEN I., PIŁSYK S., POCSI I., PUNT P.J., RAM A.F.J., REN Q., ROBELLET X., ROBSON G., SEIBOTH B., SOLINGEN van P., SPECHT T., SUN J., TAHERI-TALES N., TAKESHITA N., USSERY D., van KUYK P., VISSER H., VONDERVOORT van de P.J.I., VRIES de R.P., WALTON J., XIANG X., XIONG Y., ZENG A.P., BRANDT B.W., CORNELL M.J., HONDEL van den C.A.M.J.J., VISSER J., OLIVER S.G., TURNER G.

The 2008 update of the *Aspergillus nidulans* genome annotation: a community effort.

Fungal Genetics and Biology (2009) 46 (1) suppl.: S2-S13

IF 3,005

4312

HAŁAS A., BARANOWSKA H., PODLASKA A., ŚLEDZIEWSKA-GÓJSKA E.

Evaluation of the roles of Pol zeta NHEJ in starvation-associated spontaneous mutagenesis in the yeast *Saccharomyces cerevisiae*.

Current Genetics (2009) 55: 245-251

IF 2,323

4313

ŁEBSKA M., SZCZEGIELNIAK J., DOBROWOLSKA G., COZZA G., MORO S., MUSZYŃSKA G.

A novel splicing variant encoding putative catalytic α subunit of maize protein kinase CK2.

Physiologia Plantarum (2009) 136: 251-263

IF 2,334

4314

MADDUKURI L., SPEINA E., CHRISTIANSEN M., DUDZIŃSKA D., ZAIM J., OBTUŁOWICZ T., KABACZYK S., KOMISARSKI M., BUKOWY Z., SZCZEGIELNIAK J., WÓJCIK A., KUŚMIEREK J.T., STEVNSNER T., BOHR V.A., TUDEK B.

Cockayne syndrome group B protein is engaged in processing of DNA adducts of lipid peroxidation product *trans*-4-hydroxy-nonenal.

Mutation Research-Fundamental and Molecular Mechanisms of Mutagenesis (2009) 666: 23-31

IF 3,198

4315

PIŁSYK S., PASZEWSKI A.

The *Aspergillus nidulans pigP* gene encodes a subunit of GPI-N-acetylglucosaminyltransferase which influences filamentation and protein secretion.

Current Genetics (2009) 55: 301-309

IF 2,323

4316

KUCHARCZYK R., RAK M., DI RAGO J.-P.

Biochemical consequences in yeast of the human mitochondrial DNA 8992T>C mutation in the ATPase6 gene found in NARP/MILS patients.

Biochimica et Biophysica Acta - Molecular Cell Research (2009) 1793: 817-824

IF 4,893

4317

TRZEMECKA A., PŁOCHOCKA D., BĘBENEK A.

Different behaviors in vivo of mutations in the β hairpin loop of the DNA polymerases of the closely related phages T4 and RB69.

Journal of Molecular Biology (2009) 389: 797-807

IF 4,146

4318

ZIELENKIEWICZ U., KOWALEWSKA M., KACZOR C., CEGŁOWSKI P.

In vivo interactions between toxin-antitoxin proteins epsilon and zeta of streptococcal plasmid pSM19035 in *Saccharomyces cerevisiae*.

Journal of Bacteriology (2009) 191(11): 3677-3684

IF 3,636

4319

ŁOZIŃSKI T., BOLEWSKA K., WIERZCHOWSKI K.L.

Equivalence of Mg^{2+} and Na^{+} ions in salt dependance of the equilibrium binding and dissociation rate constants of *Escherichia coli* RNA polymerase open complex.

Biophysical Chemistry (2009) 142: 65-75

IF 2,362

4320

SOKOŁOWSKA M., WSZELAKA-RYLIK M., POZNAŃSKI J., BAL J.

Spectroscopic and thermodynamic determination of three distinct binding sites for Co(II) ions in human serum albumin.

Journal of Inorganic Biochemistry (2009) 103: 1005-1013

IF 3,133

4321

BRASUŃ J., CEBRAT M., JAREMKO Ł., JAREMKO M., ILC G., GŁADYSZ O., ZHUKOV I.

The structural effects of the Cys-S-S-Cys bridge exchange by the His-Cu(II)-His motif studied on natural peptides - a promising tool for natural compounds-based design.

Dalton Transactions (2009): 4853-4857

IF 3,580

4322

BRASUŃ J., CEBRAT M., JAREMKO M., JAREMKO Ł., GŁADYSZ O., ZHUKOV I.

Histidine analogues of oxytocin and vasopressin as efficient ligands for Zn²⁺ ions - Potentiometric and NMR studies.

Journal of Inorganic Biochemistry (2009) 103: 1033-1038

IF 3,133

4323

MACIĄG M., PŁOCHOCKA D., ADAMOWICZ-SALACH A., BURZYŃSKA B.

Novel beta-spectrin mutations in hereditary spherocytosis associated with decreased levels of mRNA.

British Journal of Haematology (2009) 146: 326-332

IF 4,478

4324

KONOPKA-POSTUPOLSKA D., CLARK G., GOCH G., DĘBSKI J., FLORAS K., CANTERO A., FIJOŁEK B., ROUX S., HENNIG J.

The role of annexin 1 in drought stress in *Arabidopsis*^[w].

Plant Physiology (2009) 150: 1394-1410

IF 6,110

4325

OLEJNIK K., PŁOCHOCKA D., GRYNBERG M., GOCH G., GRUSZECKI W.I., BASIŃSKA T., KRASZEWSKA E.

Mutational analysis of the AtNUDT7 Nudix hydrolase from *Arabidopsis thaliana* reveals residues required from protein quaternary structure formation and activity.

Acta Biochimica Polonica (2009) 56(2): 291-300

IF 1,448

4326

LEWANDOWSKA M., SIRKO A.

Identification of additional genes regulated by sulfur shortage in tobacco.

Chapter in: **Sulfur Metabolism in Plants. Regulatory Aspects, Significance of Sulfur in the Food Chain, Agriculture and the Environment**. Ed. A. Sirko, L.J. De Kok, S. Haneklaus, M.J. Hawkesford, H. Rennenberg, K. Saito, E. Chung and I. Stulen. Backhuys Publishers, Leiden, (2009) ISBN 978-3-8236-1547-7, p.73-77

4327

LEWANDOWSKA M., BAJDA A., KULA-ŚWIEŻEWSKA E., SIRKO A.

Influence of short term sulfur starvation on photosynthesis-related compounds and process in tobacco.

Chapter in: **Sulfur Metabolism in Plants. Regulatory Aspects, Significance of Sulfur in the Food Chain, Agriculture and the Environment.** Ed. A. Sirko, L.J. De Kok, S. Haneklaus, M.J. Hawkesford, H. Rennenberg, K. Saito, E. Schung and I. Stulen. Backhuys Publishers, Leiden, (2009) ISBN 978-3-8236-1547-7, p.79-83

4328

WOJAS S., HENNIG J., PLAZA S., GEISLER M., SIEMIANOWSKI O., SKŁODOWSKA A., RUSZCZYŃSKA A., BULSKA E., ANTOSIEWICZ D.M.

Ectopic expression of *Arabidopsis* ABC transporter MRP7 modifies cadmium root-to-shoot transport and accumulation.

Environmental Pollution (2009) 157: 2781-2789

IF 3,135

4329

GAJJAR D., JÓŹWIAK A., KULA-ŚWIEŻEWSKA E., ALAPURE B., PARMAR T., JOHAR K., VASAVADA A.R.

Quantification of dolichol in the human lens with different types of cataracts.

Molecular Vision (2009) 15: 1573-1579

IF 2,464

4330

MACIĄG M., ADAMOWICZ-SALACH A., SIWICKA A., SPYCHALSKA J., BURZYŃSKA B.

The use of real-time PCR technique in the detection of novel protein 4.2 gene mutations that coexist with thalassaemia alpha in a single patient.

European Journal of Haematology (2009) 83: 373-377

IF 2,237

4331

NOWAKOWSKI M., DŁUGOSZ M., TARASZEWSKA J., WÓJCIK J.

Complexation of aminogluthetimide with native and modified cyclodextrins.

Journal of Physical Organic Chemistry (2009) 22: 948-953

IF 1,415

4332

MISIAK M., KOŹMIŃSKI W., KWASIBORSKA M., WÓJCIK J., CIEPICHAŁ E., KULA-ŚWIEŻEWSKA E.

Complete ¹H and ¹³C signal assignment of prenol-10 with 3D NMR spectroscopy.

Magnetic Resonance in Chemistry (2009) 47: 825-829

IF 1,443

4333

JASZCZUR M., RUDZKA J., KRASZEWSKA J., FLIS K., POLACZEK P., CAMPBELL J.L., FIJAŁKOWSKA I.J., JONCZYK P.

Defective interaction between Pol2p and Dpb2p, subunits of DNA polymerase epsilon, contributes to a mutator phenotype in *Saccharomyces cerevisiae*.

Mutation Research / Fundamental and Molecular Mechanisms of Mutagenesis (2009) 669: 27-35

IF 3,198

4334

BARANIAK A., IZDEBSKI R., HERDA M., FIETT J., HRYNIEWICZ W., GNIADKOWSKI M., KERN-ZDANOWICZ I., FILCZAK K., ŁOPACIUK U.
Emergence of *Klebsiella pneumoniae* ST258 with KPC-2 in Poland.
Antimicrobial Agents and Chemotherapy (2009) 53(10): 4565-4567
IF 4,716

4335

BOGUSŁAWSKA D.M., ŻYCKA-KRZESIŃSKA J., WILCKS A., BARDOWSKI J.K.
Intra- and interspecies conjugal transfer of Tn916-like elements from *Lactococcus lactis* in vitro and *in vivo*.
Applied and Environmental Microbiology (2009) 75(19): 6352-6360
IF 3,801

4336

MALC E.P., DZIERZBICKI P., KANIAK A., SKONECZNA A., CIEŚLA Z.
Inactivation of the 20S proteasome maturase, Ump1p, leads to the instability of mtDNA in *Saccharomyces cerevisiae*.
Mutation Research - Fundamental and Molecular Mechanisms of Mutagenesis (2009) 669: 95-103
IF 3,198

4337

JANOWSKA B., KOMISARSKI M., PROROK P., SOKOŁOWSKA A., KUŚMIEREK J.T., JANION C., TUDEK B.
Nucleotide excision repair and recombination are engaged in repair of *trans*-4-hydroxy-2-nonenal adducts to DNA bases in *Escherichia coli*.
International Journal of Biological Sciences (2009) 5(6): 611-620
IF unofficial 3,24

4338

PIĄTEK K., HARTWIG A., BAL W.
Physiological levels of glutathione enhance Zn(II) binding by a Cys4 zinc finger.
Biochemical and Biophysical Research Communications (2009) 389: 265-268
IF 2,648

4339

SZCZEPAŃSKA A.K.
Bacteriophage-encoded functions engaged in initiation of homologous recombination events.
Critical Reviews in Microbiology (2009) 35(3): 197-220
IF 2,8

4340

WRÓBEL M., LEWANDOWSKA I., BRONOWICKA-ADAMSKA P., PASZEWSKI A.
The level of sulfane sulfur in the fungus *Aspergillus nidulans* wild type and mutant strains.
Amino Acids (2009) 37: 565-571
IF 4,132

4341

SCHURMAN S.H., HEDAYATI M., WANG Z.M., SINGH D.K., SPEINA E., ZHANG Y., BECKER K., MACRIS M., SUNG P., WILSON D.M.III, CROTEAU D.L., BOHR V.A.
Direct and indirect roles of RECQL4 in modulating base excision repair capacity.
Human Molecular Genetics (2009) 18: 3470-3483
IF 7,249

4342

STEFANOWICZ P., KAPCZYŃSKA K., JAREMKO M., JAREMKO Ł., SZEWCZUK Z.
A mechanistic study on the fragmentation of peptide-derived Amadori products.
Journal of Mass Spectrometry (2009) 44:1500-1508
IF 2,940

4343

SIEŃKO M., NATORFF R., OWCZAREK S., OLEWIECKI I., PASZEWSKI A.
Aspergillus nidulans genes encoding reverse transsulfuration enzymes belong to homocysteine regulon.
Current Genetics (2009) 55: 561-570
IF 2,323

4344

HRYNIEWICKA A., MORZYCKI J.W., SIERGIEJCZYK L., WITKOWSKI S., WÓJCIK J.,
GRYFF-KELLER A.
Hindered rotation in new air-stable ruthenium olefin metathesis catalysts with
chromanylmethylidene ligands.
Australian Journal of Chemistry (2009) 62: 1363-1370
IF 2,405

4345

PIŁSYK S., PASZEWSKI A.
Sulfate permeases - phylogenetic diversity of sulfate transport.
Acta Biochimica Polonica (2009) 56(3): 375-384
IF 1,448

4346

HOFFMAN-SOMMER M., KUCHARCZYK R., PIEKARSKA I., KOZŁOWSKA E., RYTKA J.
Mutations in the *Saccharomyces cerevisiae* vacuolar fusion proteins Ccz1, Mon1 and Ypt7 cause
defects in cell cycle progression in a *num1Δ* background.
European Journal of Cell Biology (2009) 88: 639-652
IF 3,955

4347

WILCZYŃSKA D., KOSSON P., KWASIBORSKA M., EJCHART A., OLMA A.
Synthesis and receptor binding of opioid peptide analogues containing β^3 -homo-amino acids.
Journal of Peptide Science (2009) 15: 777-782
IF 1,654

4348

CZARNECKA A., KLEMBA A., SEMCZUK A., PLAK K., MARZEC B., KRAWCZYK T.,
KOFLEB B., GOLIK P., BARTNIK E.
Common mitochondrial polymorphisms as risk for endometrial cancer.
International Archives of Medicine (2009) 2: 33 (12p./electronic only)

4349

SHARPTON T.J., STAJICH J.E., ROUNSLEY S.D., GARDNER M.J., WORTMAN J.R.,
JORDAR V.S., MAITI R., KODIRA CH.D., NEAFSEY D.E., ZENG Q., HUNG C.Y.,
McMAHAN C., MUSZEWSKA A., GRYNBERG M., MANDEL M.A., KELLNER E.M.,
BARKER B.M., GALGIANI J.N., ORBACH M.J., KIRKLAND T.N., COLE G.T., HENN M.R.,
BIRREN B.W., TAYLOR J.W.
Comparative genomic analyses of the human fungal pathogens *Coccidioides* and their relatives.
Genome Research (2009) 19: 1722-1731
IF 10,176

4350

SIKORA J., TOWPIK J., GRACZYK D., KISTOWSKI M., RUBEL T., POZNAŃSKI J.,
LANGRIDGE J., HUGHES CH., DADLEZ M., BOGUTA M.
Yeast prion [*PSI*⁺] lowers the levels of mitochondrial prohibitins.
Biochimica et Biophysica Acta - Molecular Cell Research (2009) 1793: 1703-1709
IF 4,893

4351

STRZAŁKA K., SZYMAŃSKA R., ŚWIEŻEWSKA E., SKORUPIŃSKA-TUDEK K.,
SUWALSKY M.
Tocochromanols, plastoquinone and polyprenols in selected plant species from *Chilean Patagonia*.
Acta Biologica Cracoviensia. Series Botanica (2009) 51(1): 39-44
IF 0,351

4352

MAKIEŁA-DZBEŃSKA K., JASZCZUR M., BANACH-ORŁOWSKA M., JONCZYK P.,
SCHAAPER R.M., FIJAŁKOWSKA I.J.
Role of *Escherichia coli* DNA polymerase I in chromosomal DNA replication fidelity.
Molecular Microbiology (2009) 74(5): 1114-1127
IF 5,213

4353

NEJMAN B., ŁOŚ J.M., ŁOŚ M., WĘGRZYN G., WĘGRZYN A.
Plasmids derived from lambdoid bacteriophages as models for studying replication of mobile genetic
elements responsible for the production of Shiga toxins by pathogenic *Escherichia coli* strains.
Journal of Molecular Microbiology and Biotechnology (2009) 17: 211-220
IF 2,286

4354

ŁOŚ J.M., ŁOŚ M., WĘGRZYN G., WĘGRZYN A.
Differential efficiency of induction of various lambdoid prophages responsible for production of
Shiga toxins in response to different induction agents.
Microbial Pathogenesis (2009) 47: 289-298
IF 2,289

4355

WANG Z., JIN L., WĘGRZYN G., WĘGRZYN A.
A novel method for screening the glutathione transferase inhibitors.
BMC Biochemistry (2009) 10: 6 (11 p./electronic only)
IF unofficial 3,21

4356

WANG Z., JIN L., YUAN Z., WĘGRZYN G., WĘGRZYN A.
Classification of plasmid vectors using replication origin, selection marker and promoter as criteria.
Plasmid (2009) 61: 47-51
IF 1,255

4357

PIOTROWSKA A., JAKÓBKIEWICZ-BANECKA J., TYLKI-SZYMAŃSKA A.,
CZARTORYSKA B., WĘGRZYN A.
Correlation between severity of mucopolysaccharidoses and combination of the residual enzyme
activity and efficiency of glycosaminoglycan synthesis.
Acta Paediatrica (2009) 98: 743-749
IF 1,517

4358

VISSER R.G.F., BACHEM CH.W.B., BOER DE J.M., BRYAN G.J., CHAKRABATI S.K., FEINGOLD S., GROMADKA R., HAM VAN R.C.H.J., HUANG S., JACOBS J.M.E., KUZNETSOV B., MELO DE P.E., MILBOURNE D., ORJEDA G., SAGREDO B., TANG X.
Sequencing the potato genome: outline and first results to come from the elucidation of the sequence of the world's third most important food crop.

American Journal of Potato Research (2009) 86: 417-429

IF 0,604

4359

NASKALSKA A., SZOŁAJSKA E., CHAPEROT L., ANGEL J., PLUMAS J., CHROBOCZEK J.
Influenza recombinant vaccine: Matrix protein M1 on the platform of the adenovirus dodecahedron.

Vaccine (2009) 27: 7385-7393

IF 3,298

4360

NIEMINUSZCZY J., MIELECKI D., SIKORA A., WRZESIŃSKI M., CHOJNACKA A., KRWAWICZ J., JANION C., GRZESIUK E.

Mutagenic potency of MMS-induced 1meA/3meC lesions in *E.coli*.

Environmental and Molecular Mutagenesis (2009) 50: 791-799

IF 2,181

4361

CIESIELSKI A., KRYGOWSKI T.M., CYRAŃSKI M.K., DOBROWOLSKI M.A., AIHARA J.
Graph-topological approach to magnetic properties of benzenoid hydrocarbons.

Physical Chemistry Chemical Physics (2009) 11: 11447-11455

IF 4,064

4362

DZIK J.M., ZIELIŃSKI Z., CIEŚLA J.M., WAŁAJTYS-RODE E.

Trichinella spiralis infection enhances protein kinase C phosphorylation in guinea pig alveolar macrophages.

Parasite Immunology (2009) 32: 1-12

IF 2,523

4363

ŻOCHOWSKA M., PACA A., SCHOEHN G., ANDRIEU J.P., CHROBOCZEK J., DUBLET B., SZOŁAJSKA E.

Adenovirus dodecahedron, as a drug delivery vector.

PLoS ONE (2009) 4(5): e5569 (12 p./electronic only)

4364

TRZCIŃSKA-DANIELEWICZ J., BILSKA A., FRONK J., ZIELENKIEWICZ P., JAROCHOWSKA E., ROSZCZYK M., JOŃCZYK M., AXENTOWICZ E., SKONECZNY M., SOWIŃSKI P.

Global analysis of gene expression in maize leaves treated with low temperature I. Moderate chilling (14 °C).

Plant Science (2009) 177: 648-658

IF 1,974

4365

KAMIŃSKA B., ELLERT-MIKLASZEWSKA A., OBERBEK A., WIŚNIEWSKI P., KAZA B., MAKOWSKA M., BRETNER M., KAZIMIERCZUK Z.

Efficacy and mechanism of anti-tumor action of new potential CK2 inhibitors toward glioblastoma cells.

International Journal of Oncology (2009) 35(5): 1091-1100

IF 2,234

4366

HRABAK J., EMPEL J., BERGEROVA T., FAJFRLIK K., URBASKOVA P., KERN-ZDANOWICZ I., HRYNIEWICZ W., GNIADKOWSKI M.

International clones of *Klebsiella pneumoniae* and *Escherichia coli* with extended-spectrum β -lactamases in a Czech hospital.

Journal of Clinical Microbiology (2009) 47(10): 3353-3357

IF 3,945

4367

KACZANOWSKI S., SIEDLECKI P., ZIELENKIEWICZ P.

The High Throughput Sequence Annotation Service (HT-SAS) - the shortcut from sequence to true Medline words.

BMC Bioinformatics (2009) 10: 148 (7 p./electronic only)

IF 3,781

4368

GÓRSKI A., MIĘDZYBRODZKI R., BORYSOWSKI J., WEBER-DĄBROWSKA B., ŁOBOCKA M.B., FORTUNA W., LETKIEWICZ S., ZIMECKI M., FILBY G.

Bacteriophage therapy for the treatment of infections.

Current Opinion in Investigational Drugs (2009) 10(8): 766-774

IF 3,324

4369

GRYNBERG M., GODZIK A.

The signal for signaling, found.

PLoS Pathogens (2009) 5(4): e1000398 (2 p./electronic only)

IF 9,125

4370

ŁOZIŃSKI T., WIERZCHOWSKI K.L.

Evaluation of mixed-salt effects on thermodynamic and kinetic parameters of RNA polymerase-promoter DNA complexes in terms of equivalent salt concentrations. General applicability to DNA complexes.

Acta Biochimica Polonica (2009) 56(4): 697-704

IF 1,448

4371

ŁONIEWSKA-LWOWSKA A., CHEŁSTOWSKA S., ZAGÓRSKI-OSTOJA W., PAŁUCHA A.

Elements regulating *Potato leafroll virus* sgRNA1 translation are located within the coding sequences of the coat protein and read-through domain.

Acta Biochimica Polonica (2009) 56(4): 619-625

IF 1,448

4372

DIECK VAN J., TEUFEL D.P., JAULENT A.M., FERNANDEZ-FERNANDEZ M.R.,
RUTHERFORD T.J., WYSŁOUCH-CIESZYŃSKA A., FERSHT A.R.

Posttranslational modifications affect the interaction of S100 proteins with tumor suppressor p53.

Journal of Molecular Biology (2009) 394: 922-930

IF 4,146

4373

PAWŁOWSKI P.H.

Mechanosensitivity of cell membrane may govern creep-strain recovery, osmotic expansion and lysis.

Acta Biochimica Polonica (2009) 56(3): 471-480

IF 1,448

4374

HAVRYLOV S., RZHEPETSKYY Y., MALINOWSKA A., DROBOT L., REDOWICZ M.J.

Proteins recruited by SH3 domains of Ruk/CIN85 adaptor identified by LC-MS/MS.

Proteome Science (2009) 7:21 (19p./electronic only)

IF 2,537

4375

ARNAIZ O., MALINOWSKA A., KLOTZ C., SPERLING L., DADLEZ M., KOLL F., COHEN J.
Cildb: a knowledgebase for centrosomes and cilia.

Database (2009) 2009: bap022 (14 p./electronic only)

4376

PETRAKIS S., MALINOWSKA A., DADLEZ M., SKLAVIADIS T.

Identification of proteins co-purifying with scrapie infectivity.

Journal of Proteomics (2009) 72(4): 690-694

IF 1,994

4377

BAKUN M., KARCZMARSKI J., POZNAŃSKI J., RUBEL T., RÓZGA M., MALINOWSKA A.,
SANDS D., HENNIG E., OŁĘDZKI J., OSTROWSKI J., DADLEZ M.

An integrated LC-ESI-MS platform for quantitation of serum peptide ladders. Application for colon carcinoma study.

Proteomics Clinical Applications (2009) 3(8): 932-946

IF 1,514

4378

TRUDEL S., KELLY M., FRITSCH J., NGUYEN-KHOA T., THEROND P., COUTURIER M.,
DADLEZ M., DĘBSKI J., TOUQUI L., VALLEE B., OLLERO M., EDELMAN A.,
BROUILLARD F.

Peroxiredoxin 6 fails to limit phospholipid peroxidation in lung from *Cftr*-knockout mice subjected to oxidative challenge.

PLoS ONE (2009) 4(6): e6075 (13 p./electronic only)

4379

GAMBIN A., SZCZUREK E., DUTKOWSKI J., BAKUN M., DADLEZ M.

Classification of peptide mass fingerprint data by novel no-regret boosting method.

Computers in Biology and Medicine (2009) 39(5): 460-473

IF 1,272

4380

JAGUSZTYN-KRYNICKA E.K., DADLEZ M., GRABOWSKA A., ROSZCZENKO P.
Proteomic technology in the design of new effective antibacterial vaccines.
Expert Review of Proteomics (2009) 6(3): 315-330
IF 3,848

4381

LESZCZYŃSKA A., BURZYŃSKA B., PŁOCHOCKA D., KAMIŃSKA J., ZIMNICKA M.,
KANIA M., KILISZEK M., WYSOCKA-KAPCIŃSKA M., DANIKIEWICZ W.,
SZKOPIŃSKA A.
Investigating the effects of statins on cellular lipid metabolism using a yeast expression system.
PLoS ONE (2009) 4(12): e8499 (6 p./electronic only)

4382

KŁUDKIEWICZ B., TAKASU Y., FEDIC R., TAMURA T., SEHNAL F., ZUROVEC M.
Structure and expression of the silk adhesive protein Ser2 in *Bombyx mori*.
Insect Biochemistry and Molecular Biology (2009) 39: 938-946
IF 2,626

4382/1

CUKROWSKA B., MOTYL I., KOZÁKOVÁ H., SCHWARZER M., GÓRECKI R.K.,
KLEWICKA E., ŚLIŻEWSKA K., LIBUDZISZ Z.
Probiotic *Lactobacillus* strains: *in vitro* and *in vivo* studies.
Folia Microbiologica (2009) 54(6): 533-537
IF 1,172

4382/2

BOGUTA M.
Control of RNA polymerases I and III by the TOR signaling pathway.
Cell Cycle (2009) 8(24): 1023-4024
IF 4,12

ABSTRAKTY

2670/A

HENNIG J.

Wykorzystanie technik genomiki funkcjonalnej w hodowli i naukach podstawowych - na przykładzie badań odpowiedzi roślin ziemniaka na infekcje wirusowe.

Konferencja Naukowa: Nauka dla Hodowli Roślin Uprawnych, Zakopane, Polska, 2-6.02.2009

Streszczenia BS

2671/A

NOWAKOWSKI M., ZHUKOV I., BELCZYK A., BIERZYŃSKI A., EJCHART A.

Comparison of NMR derived backbone dynamics in S100 calcium-binding-protein family.

Keystone Symposia on Molecular and Cellular Biology, Frontiers of NMR in Biology, Santa Fe, New Mexico, 15-20 February 2009

Book of Abstract. Poster Session 2 / BS

2672/A

TARNOWSKI L.J., KOWALEC P., KURLANDZKA A.

Nucleo-cytoplasmic shuttling of human cohesin SA1 and SA2 expressed in yeast *Saccharomyces cerevisiae*.

The Proceedings of the Conference on the Challenges of Contemporary Cell Biology. Molecular Genetics, System Biology, Bioinformatics. The Conference to Honor Professor Maria J. Olszewska on Her Jubilee, Łódź, Polska, 20-21 April 2009

Abstracts 98 p. 106

2673/A

JAREMKO M., JAREMKO Ł., ILC G., ZHUKOV I., CEBRAT M., BRASUŃ J.

The structural effects of the Cys-S-S-Cys bridge exchange by the His-Cu(II)-His motif studied on natural peptides-a promising tool for natural compounds-based design.

Magnetic Moments in Central Europe, Slovenian NMR Centre, Otocec, Slovenia, 11-15 February 2009

Program and Book of Abstracts p. 79

2674/A

FRĄCZYK T., RUMAN T., KRAMARZ D., DĄBROWSKA E., CIEŚLA J., ZIELIŃSKI Z., RYŚ K., SIKORA J., GOŁOS B., WIŃSKA P., WAŁAJTYS-RODE E., SHUGAR D., RODE W.

Histidine phosphorylation, or tyrosine nitration, affects thymidylate synthase properties.

14th International Symposium on Pteridines and Folates, Jeju, Korea, 7-12 June 2009

Abstract Book BS

2675/A

CIEPICHAŁ E., JEMIOŁA-RZEMIŃSKA M., STRZAŁKA K., KULA-ŚWIEŻEWSKA E.

The influence of polyprenols and alloprenols on the structure and properties of phospholipid model membranes.

Cellular and Molecular Biology of Membranes, FEBS/EMBO Advanced Lecture Course, Cargese (Corsica), France, 8 -19 June 2009

Abstract Book BS

2676/A

ZHUKOV I., JAREMKO M., JAREMKO Ł., EJCHART A., MUELLER J., BAYER P.
Three-dimensional structure of Pin protein from *C. symbiosum*: toward to cold-adaptation cis/trans isometrization and other cellular processes in psychrophilic archaea.
34th FEBS Congress Life's Molecular Interactions, Prague, Czech Republic, 4-9 July 2009
FEBS Journal (2009) 276 suppl 1: 173-174

2677/A

JAREMKO Ł., JAREMKO M., ZHUKOV I., BOCHTLER M., SZCZEPANOWSKI R.H.,
FILIPEK R., WOJCIECHOWSKI M.
Insight into the ubiquitin-activation process. The high resolution 3D structure of catalytic cysteine domain of mouse ubiquitin-activating E1 enzyme studied by NMR spectroscopy.
EUROMAR 2009, Göteborg, Sweden, 5-9 July 2009
Programme and Abstract Book p. 45

2678/A

JAREMKO M., JAREMKO Ł., ILC G., BRASUŃ J., CEBRAT M., ZHUKOV I.
Switching from redox chemistry of Cys-S-S-Cys bridges to acid-base chemistry of His-M(II)-His motif in biological systems studied by NMR techniques a promising tool for natural compounds-based design.
EUROMAR 2009, Göteborg, Sweden, 5-9 July 2009
Programme and Abstract Book p. 45-46

2679/A

MONKAITYTE R., VOEGELI S., CHEŁSTOWSKA A., PHILIPPSEN P., RYTKA J.
Evolution anlysis of *Saccharomyces cerevisiae* and *Ashbya gossypii* by functional complementation.
37th Annual Conference on Yeasts, Smolenice, Slovakia, 13-15 May 2009
Abstracts p. 41

2680/A

CHOŁBIŃSKI P., GAJOWNICZEK A., HOPPER A.K., ŻOŁĄDEK T.
Localization of Rsp5 ubiquitin ligase to multiple sites in yeast cells depends on C2, WW domains and nuclear localization and export signals in the hect domain.
37th Annual Conference on Yeasts, Smolenice, Slovakia, 13-15 May 2009
Abstracts p. 42

2681/A

JUCHIMIUK M., PASIKOWSKA M., KUNDZEWICZ J., ORŁOWSKI J., PALAMARCZYK G.
Dolichol associated defect of *S. cerevisiae* cell wall increases sensitivity towards specified anti-fungals.
37th Annual Conference on Yeasts, Smolenice, Slovakia, 13-15 May 2009
Abstracts p. 48

2682/A

WYSOCKA-KAPCIŃSKA M., LUTYK-NADOLSKA J., KILISZEK M., PŁOCHOCKA D.,
MACIĄG M., LESZCZYŃSKA A., RYTKA J., BURZYŃSKA B.
Functional expression of human HMG-CoA reductase in *Saccharomyces cerevisiae*: a system to analyse normal and mutated versions of the enyzme in the context of statin streatment.
37th Annual Conference on Yeasts, Smolenice, Slovakia, 13-15 May 2009
Abstracts p. 51

2683/A

JUCHIMIUK M., ORŁOWSKI J., LITWICKA P., ERNST J., PALAMARCZYK G.

Impaired synthesis of dolichol prevents hyphae formation and alters the cell wall of *Candida albicans*.

37th Annual Conference on Yeasts, Smolenice, Slovakia, 13-15 May 2009

Abstracts p. 55

2684/A

PIEKARSKA I., REMPOŁA B., KUCHARCZYK R., RYTKA J.

Vacuolar sorting protein CCZ1 is essential for sporulation of the yeast *Saccharomyces cerevisiae*.

37th Annual Conference on Yeasts, Smolenice, Slovakia, 13-15 May 2009

Abstracts p. 74

2685/A

MICIAŁKIEWICZ A., WIEK I., CHEŁSTOWSKA A.

Interactions of the Swc4 protein of chromatin remodeling complexes in *Saccharomyces cerevisiae*.

37th Annual Conference on Yeasts, Smolenice, Slovakia, 13-15 May 2009

Abstracts p. 79

2686/A

LUDWICZAK Ż., CHOŁBIŃSKI P., ŻOŁĄDEK T.

Studies on phosphorylation of Rsp5 ubiquitin ligase by protein kinase A.

37th Annual Conference on Yeasts, Smolenice, Slovakia, 13-15 May 2009

Abstracts p. 83

2687/A

ZEMBEK P., PERLIŃSKA-LENART U., RAWA K., GÓRKA-NIEĆ W., SMOLEŃSKA-SYM G., PALAMARCZYK G., KRUSZEWSKA J.S.

Cloning and functional analysis of DPM2 and DPM3 genes from *Trichoderma reesei* expressed in *Saccharomyces cerevisiae* DPM1Δ mutant.

37th Annual Conference on Yeasts, Smolenice, Slovakia, 13-15 May 2009

Abstracts p. 82

2688/A

KAMIŃSKA J., ROMANYUK D., JĘDRZEJAK P., GRYNBERG M., ŻOŁĄDEK T.

Effects of expression of *KIAA0404* encoding human Atg2A protein on autophagy in yeast.

37th Annual Conference on Yeasts, Smolenice, Slovakia, 13-15 May 2009

Abstracts p. 84

2689/A

MIELECKI M., SZURGOT I., MILNER-KRAWCZYK M., DVORNYK A., GRZELAK K.

From classical to biosensor based analysis of kinase-inhibitor interactions.

Bioelectrochemistry and its application for the study of the interaction between biomolecules, III Summer School, Marie Curie Actions MTKD-CT-2006-042708, Łańsk - Olsztyn, Poland, 6-18 September 2009

Abstracts BS

2690/A

CHOŁBIŃSKI P., GAJOWNICZEK A., HOPPER A.K., ŻOŁĄDEK T.

Localization of Rsp5 ubiquitin ligase to multiple sites in yeast cells depends on C2, WW domains and nuclear localization and export signals in Hect domain.

24th International Conference on Yeast Genetics and Molecular Biology, Manchester, UK, 19-24 July 2009

Book of Abstracts p. 59

2691/A

FLIS K.

Identification of tRNA genes encoding isoacceptors for low-usage codons in *Saccharomyces cerevisiae*.

24th International Conference on Yeast Genetics and Molecular Biology, Manchester, UK, 19-24 July 2009

Book of Abstracts p. 155

2692/A

GAJDA A.E., LEFEBVRE O., BOGUTA M.

The role of evolutionary conserved domains of the Maf1 protein, RNA polymerase III repressor.

24th International Conference on Yeast Genetics and Molecular Biology, Manchester, UK, 19-24 July 2009

Book of Abstracts p. 156

2693/A

KARKUSIEWICZ I.A., GRACZYK D., CIEŚLA M., BOGUTA M.

Loss of Maf1-directed control of RNA polymerase III transcription results in defects in tRNA processing and dynamics.

24th International Conference on Yeast Genetics and Molecular Biology, Manchester, UK, 19-24 July 2009

Book of Abstracts p. 164

2694/A

PIEKARSKA I., REMPOŁA B., KUCHARCZYK R., RYTKA J.

Vacuolar sorting protein Ccz1 is essential for sporulation of the yeast *Saccharomyces cerevisiae*.

24th International Conference on Yeast Genetics and Molecular Biology, Manchester, UK, 19-24 July 2009

Book of Abstracts p. 89

2695/A

ZUZGA S., HOSER R., HENNIG J., KRZYMOWSKA M.

Posttranslational modifications of SGT1 and their consequences for plant disease resistance.

20th International Conference on Arabidopsis Research, Edinburgh, United Kingdom, 30 June - 4 July 2009

Conference Abstracts p. 110-111

2696/A

LICHOCKA M., KONOPKA-POSTUPOLSKA D.

Alterations in the cellular distribution pattern of AnnAt1 NaCl and ABA treatment.

20th International Conference on Arabidopsis Research, Edinburgh, United Kingdom, 30 June - 4 July 2009

Conference Abstracts p. 130-131

2697/A

JÓŹWIAK A., SKORUPIŃSKA-TUDEK K., MAŁUSZYŃSKA J., KANIA M., DANIKIEWICZ W., KULA-ŚWIEŻEWSKA E.

Polyisoprenoid alcohols are accumulated in Arabidopsis roots.

50th International Conference on the Bioscience of Lipids, Regensburg, Germany, 1-5 September 2009

Chemistry and Physics of Lipids, Abstracts (2009) 160S: S47

2698/A

TARNOWSKI L.J., KOWALEC P., KURLANDZKA A.

Nucleo-cytoplasmic shuttling of human cohesins SA1 and SA2 expressed in yeast *Saccharomyces cerevisiae*.

The Wilhelm Bernhard Workshop, 21st International Workshop on the Cell Nucleus, Ustroń, Poland, 31 August - 4 September 2009

Program and Abstracts p. 82

2699/A

CISZEWSKA M., RUSZCZYŃSKA K., OLESZCZUK M., CHUNG N.N., WITKOWSKA E., SCHILLER P.W., WÓJCIK J., IZDEBSKI J.

Cyclic enkephalin-deltorphin hybrids containing a carbonyl bridge.

XX Polish Peptide Symposium, Władysławowo, Poland, 6-10 September 2009

Programme and Abstracts p. 50

2700/A

KWASIBORSKA M., ZIELENIAK A., NOWAKOWSKI M., OLESZCZUK M., WÓJCIK J., CHUNG N.N., SCHILLER P.W., IZDEBSKI J.

NMR studies of cyclic dynorphin analogues.

XX Polish Peptide Symposium, Władysławowo, Poland, 6-10 September 2009

Programme and Abstracts p. 55

2701/A

ŁUCZAK S., CIARKOWSKI J., CISZEWSKA M., IZDEBSKI J., KWASIBORSKA M., NOWAKOWSKI M., WÓJCIK J., OLESZCZUK M.

Conformation-activity relationships of 8 delto-/dermorphin *N*-terminal tetrapeptides cyclized(1-4) by a urea unit.

XX Polish Peptide Symposium, Władysławowo, Poland, 6-10 September 2009

Programme and Abstracts p. 124

2702/A

KWASIBORSKA M., CISZEWSKA M., NOWAKOWSKI M., OLESZCZUK M., WÓJCIK J., CHUNG N.N., SCHILLER P.W., IZDEBSKI J.

N-(ureidoethyl)amides of cyclic enkephalin analogs.

XX Polish Peptide Symposium, Władysławowo, Poland, 6-10 September 2009

Programme and Abstracts p. 113

2703/A

TARWACKA J., SZCZERBAKOWA A., WIELGAT B.

Cytogenetic characteristics of the interspecific somatic hybrids of *Solanum villosum* (+) *S. tuberosum*.

12th National Conference "In vitro Cultures, Poznań 2009", Poznań, Poland, 9-11 September 2009

Acta Biologica Cracoviensia. Series Botanica (2009) 51(suppl. 1): 67

2704/A

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

Wgląd w proces ubikwitynacji, szczegółowa analiza trójwymiarowej struktury cysteinowej domeny katalitycznej mysiego enzymu E1 przy pomocy spektroskopii NMR.

52. Zjazd Polskiego Towarzystwa Chemicznego oraz Stowarzyszenia Inżynierów i Techników Przemysłu Chemicznego, Łódź, Polska, 12-16 września 2009

Abstract Book p. 130

2705/A

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

Activity of PLA₂ in *Solanum* species treated with elicitor from *Phytophthora infestans*.

4th Conference of Polish Society of Experimental Plant Biology. Experimental Plant Biology. Why not?!, Cracow, Poland, 21-25 September 2009

Acta Biologica Cracoviensia. Series Botanica (2009) 51(suppl.2 Abstracts): 20

2706/A

EJCHART A., NOWAKOWSKI M., ZHUKOV I., BIERZYŃSKI A.

Comparison of NMR derived backbone dynamics in S100 protein family.

Vth Symposium on Nuclear Magnetic Resonance in Chemistry, Physics and Biological Sciences, Warsaw, Poland, 23-25 September 2009

Programme and Book of Abstracts FL-10

2707/A

BERNATOWICZ P., RUSZCZYŃSKA-BARTNIK K., EJCHART A., DODZIUK H., KACZOROWSKA E., UEDA H.

Carbon-13 NMR relaxation study of the internal dynamics in cyclodextrins in isotropic solution.

Vth Symposium on Nuclear Magnetic Resonance in Chemistry, Physics and Biological Sciences, Warsaw, Poland, 23-25 September 2009

Programme and Book of Abstracts L-11

2708/A

BUDZIŃSKA M., NOWAKOWSKI M., ZHUKOV I., BELCZYK A., BIERZYŃSKI A., EJCHART A.

Structural changes in *holo*-S100A1 protein. Chemical shift based results.

Vth Symposium on Nuclear Magnetic Resonance in Chemistry, Physics and Biological Sciences, Warsaw, Poland, 23-25 September 2009

Programme and Book of Abstracts P-2

2709/A

KWASIBORSKA M., ZIELENIAK A., NOWAKOWSKI M., OLESZCZUK M., WÓJCIK J., CHUNG N.N., SCHILLER P.W., IZDEBSKI J.

NMR studies of cyclic dynorphin analogues.

Vth Symposium on Nuclear Magnetic Resonance in Chemistry, Physics and Biological Sciences, Warsaw, Poland, 23-25 September 2009

Programme and Book of Abstracts P-14

2710/A

KWASIBORSKA M., CISZEWSKA M., NOWAKOWSKI M., OLESZCZUK M., WÓJCIK J., CHUNG N.N., SCHILLER P.W., IZDEBSKI J.

N-(ureidoethyl)amides of cyclic enkephalin analogues.

Vth Symposium on Nuclear Magnetic Resonance in Chemistry, Physics and Biological Sciences, Warsaw, Poland, 23-25 September 2009

Programme and Book of Abstracts P-15

2711/A

NOWAKOWSKI M., BELCZYK A., BIERZYŃSKI A., EJCHART A., ZHUKOV I.

Low resolution structure of *apo*-S100A1 human protein.

Vth Symposium on Nuclear Magnetic Resonance in Chemistry, Physics and Biological Sciences, Warsaw, Poland, 23-25 September 2009

Programme and Book of Abstracts P-19

2712/A

GÓRA M., GODLEWSKA M., KRASUSKA W., BANGA J.P., GARDAS A.

Expression and purification of homogeneous human thyroid peroxidase in CHO cells.

XLIV Annual Meeting of the Polish Biochemical Society, Łódź, Poland, 16-19 September 2009

Acta Biochimica Polonica (2009) 56(Supplement 3): 165

2713/A

JERZMANOWSKI A.J.

Chromatin remodelling in control of plant development.

XLIV Annual Meeting of the Polish Biochemical Society, Łódź, Poland, 16-19 September 2009

Acta Biochimica Polonica (2009) 56(Supplement 3): BS

2714/A

TUDEK B., ZDŻALIK D.P., PROROK P., DOMAŃSKA K., WINCZURA A., FALNES P., KLUNGLAND A., SAPARBAEV M.K.

New enzymes of alkylation DNA damage repair.

XLIV Annual Meeting of the Polish Biochemical Society, Łódź, Poland, 16-19 September 2009

Acta Biochimica Polonica (2009) 56(Supplement 3): 25

2715/A

RUSZEL K.P., MACIEJEWSKA A.M., KUŚMIEREK J.T.

Repair of cytosine ethenoadducts by AlkB dioxygenase, and AlkA and Mug glycosylases in *Escherichia coli* cells.

XLIV Annual Meeting of the Polish Biochemical Society, Łódź, Poland, 16-19 September 2009

Acta Biochimica Polonica (2009) 56(Supplement 3): 27

2716/A

JÓŹWIAK A., SKORUPIŃSKA-TUDEK K., MAŁUSZYŃSKA J., KANIA A., DANIKIEWICZ W., KULA-ŚWIEŻEWSKA E.

Polyisoprenoid alcohols are accumulated in *Arabidopsis* roots upon abiotic stress.

XLIV Annual Meeting of the Polish Biochemical Society, Łódź, Poland, 16-19 September 2009

Acta Biochimica Polonica (2009) 56(Supplement 3): 87

2717/A

LANGIE S., KOWALCZYK P., TUDEK B., ZABIELSKI R., MATHERS J.C.

The effect of early life nutritional exposures on repair and DNA methylation in brain tissue from young piglets.

XLIV Annual Meeting of the Polish Biochemical Society, Łódź, Poland, 16-19 September 2009

Acta Biochimica Polonica (2009) 56(Supplement 3): 129

2718/A

KUCHARCZYK R., SALIN B., DI RAGO J.-P.

Leigh syndrome leads to severe defects in the incorporation of Atp6p within the ATP synthase and mitochondrial morphology in *Saccharomyces cerevisiae*.

XLIV Annual Meeting of the Polish Biochemical Society, Łódź, Poland, 16-19 September 2009

Acta Biochimica Polonica (2009) 56(Supplement 3): 179

2719/A

CZARNECKA A., KLEMB A., PLAK K., KRAWCZYK T., SEMCZUK A., ZDROŻNY M., LUBIŃSKI J., ARNOLD R.S., GOLIK P., PETROS J.A., BARTNIK E.

Mitochondrial genome polymorphism as risk factors for gynaecological cancer development.

XLIV Annual Meeting of the Polish Biochemical Society, Łódź, Poland, 16-19 September 2009

Acta Biochimica Polonica (2009) 56(Supplement 3): 183

2720/A

KLEMB A., CZARNECKA A., KOWALEWSKA M., GOLIK P., TOŃSKA K., KOPER K., RADZISZEWSKI J., BARTNIK E.

Mitochondrial genome polymorphisms influence development of vulvar cancer.

XLIV Annual Meeting of the Polish Biochemical Society, Łódź, Poland, 16-19 September 2009

Acta Biochimica Polonica (2009) 56(Supplement 3): 184

2721/A

JUCHIMIUK M., ORŁOWSKI J., LITWICKA P., ERNST J., PALAMARCZYK G.

Impaired synthesis of dolichol prevents hyphae formation and alters the cell wall of *Candida albicans*.

IV International Conference on Molecular Mechanisms in Fungal Cell Wall Biogenesis, Warsaw, Poland, 30 August - 3 September 2009

Abstracts p. 27

2722/A

JARMOSZEWICZ K., ŁUKASIAK K., KAMIŃSKA J.

The Rsp5 ubiquitin ligase regulators COPI dependent retrograde Golgi to ER trafficking in the yeast *Saccharomyces cerevisiae*.

IV International Conference on Molecular Mechanisms in Fungal Cell Wall Biogenesis, Warsaw, Poland, 30 August - 3 September 2009

Abstracts p. 31

2723/A

GÓRKA-NIEĆ W., PERLIŃSKA-LENART U., ZEMBEK P., PALAMARCZYK G., KRUSZEWSKA J.S.

Influence of sorbitol on protein glycosylation and cell wall formation in *Trichoderma*.

IV International Conference on Molecular Mechanisms in Fungal Cell Wall Biogenesis, Warsaw, Poland, 30 August - 3 September 2009

Abstracts p. 48

2724/A

JUCHIMIUK M., PASIKOWSKA M., KUNDZEWICZ J., ORŁOWSKI J., PALAMARCZYK G.
Dolichol associated defects of *S. cerevisiae* cell wall increases sensitivity towards specified anti-fungals.

IV International Conference on Molecular Mechanisms in Fungal Cell Wall Biogenesis, Warsaw, Poland, 30 August - 3 September 2009

Abstracts p. 52

2725/A

ZHUKOV I., JAREMKO Ł., JAREMKO M., LOZHKO D., KOŹMIŃSKI W., KORNELYUK O.

New ideas in structural determination by NMR spectroscopy: example of emap II protein.

VII Parnas Conference, Yalta, Ukraine, 3-7 October 2009

The Ukrainian Biochemical Journal (2009) 81 (4): 279

2726/A

JAREMKO Ł., JAREMKO M., LOZHKO D., ZHUKOV I., KORNELYUK O.

3D structure of emap II cytokine derived from heteronuclear multidimensional NMR spectroscopy.

VII Parnas Conference, Yalta, Ukraine, 3-7 October 2009

The Ukrainian Biochemical Journal (2009) 81 (4): 206

2727/A

ZUZGA S., HOSER R., HENNIG J., KRZYMOWSKA M.

Specific phosphorylation of conserved eucaryotic protein SGT1 is an essential element of plant pathogen defense.

4th Conference of Polish Society of Experimental Plant Biology. Experimental Plant Biology. Why not?!, Cracow, Poland, 21-25 September 2009

Acta Biologica Cracoviensia. Series Botanica (2009) 51(suppl.2 Abstracts): 30

2728/A

GISKA F., KRZYMOWSKA M., HENNIG J.

Draft genome sequence analysis to identify regulatory mechanism of type III secretion system in *Pseudomonas syringae* pv. *tabaci* strain IBB1.

4th Conference of Polish Society of Experimental Plant Biology. Experimental Plant Biology. Why not?!, Cracow, Poland, 21-25 September 2009

Acta Biologica Cracoviensia. Series Botanica (2009) 51(suppl. 2 Abstracts): 30

2729/A

WORONIECKA K., WITEK K., SZAJKO K., STRZELCZYK-ŻYTA D., MARCZEWSKI W., HENNIG J.

Characterisation of hypersensitive response of potato to PVY infection.

4th Conference of Polish Society of Experimental Plant Biology. Experimental Plant Biology. Why not?!, Cracow, Poland, 21-25 September 2009

Acta Biologica Cracoviensia. Series Botanica (2009) 51(suppl.2 Abstracts): 36

2730/A

SOBKOWIAK A., JOŃCZYK M., BILSKA A., TRZCIŃSKA-DANIELEWICZ J., FRONK J., SKONECZNY M., ADAMCZYK J., SOWIŃSKI P.

Gene expression profiling in leaves of three maize inbred lines treated with moderate chilling (14°C).

4th Conference of Polish Society of Experimental Plant Biology. Experimental Plant Biology. Why not?!, Cracow, Poland, 21-25 September 2009

Acta Biologica Cracoviensia. Series Botanica (2009) 51(suppl.2 Abstracts): 67

2731/A

KRZYWIŃSKA E., BUCHOLC M., JAWORSKA A., ANIELSKA-MAZUR A., CIESIELSKI A., DĘBSKI J., DADLEZ M., DOBROWOLSKA G.

SnRK2's cellular partners: identification and characterization.

4th Conference of Polish Society of Experimental Plant Biology. Experimental Plant Biology. Why not?!, Cracow, Poland, 21-25 September 2009

Acta Biologica Cracoviensia. Series Botanica (2009) 51(suppl.2 Abstracts): 114

2732/A

ANIELSKA-MAZUR A., GABRYŚ H.

Real-time observation of light-induced movement of nuclei in mature leaves of transgenic tobacco.

4th Conference of Polish Society of Experimental Plant Biology. Experimental Plant Biology. Why not?!, Cracow, Poland, 21-25 September 2009

Acta Biologica Cracoviensia. Series Botanica (2009) 51(suppl.2 Abstracts): 115

2733/A

GŁOS J., KRAWCZYK M., BIELAWSKI W.

Recombinant expression and purification of novel cystatin from *Triticale*.

4th Conference of Polish Society of Experimental Plant Biology. Experimental Plant Biology. Why not?!, Cracow, Poland, 21-25 September 2009

Acta Biologica Cracoviensia. Series Botanica (2009) 51(suppl.2 Abstracts): 116

2734/A

ALEKSANDRZAK-PIEKARCZYK T., KORYSZEWSKA-BAGIŃSKA A., KOWALCZYK M., BARDOWSKI J.K.

Identification of genes involved in sugar metabolism and impact of plasmid encoded proteins on chromosomal genes in *Lactococcus lactis* IL1403 in global proteomic approach.

5th International Conference on Gram-Positive Microorganisms, 15th International Conference on Bacilli, San Diego, USA, 14-18 June 2009

Abstract Book P53

2735/A

KOWALCZYK M., RADZIWIŁŁ J.M., SZMYTKOWSKA A., BARDOWSKI J.K.

Identification on lactic acid bacteria and yeasts in kefir grains.

5th International Conference on Gram-Positive Microorganisms, 15th International Conference on Bacilli, June 14-18, 2009, San Diego, USA

Abstract Book P69

2736/A

KOWALCZYK M., RADZIWIŁŁ J.M., SZMYTKOWSKA A., BARDOWSKI J.K.

Molecular evaluation of lactic acid bacteria diversity occurring in kefir grains.

16^{ème} Colloque du Club des Bacteries Lactiques, Toulouse, France, 27-29 mai 2009

Abstract Book A16

2737/A

MACIEJEWSKA A.M., NIEMINUSZCZY J., KACZMARSKA Z., KROWISZ B., GRZESIUŁ E., KUŚMIEREK J.T.

Saturated exocyclic hydroxyalkano DNA adducts are new substrates for *Escherichia coli* AlkB protein.

10th International Conference on Environmental Mutagens (ICEM), 39th Annual Meeting of the European Environmental Mutagen Society (EEMS), 18th Annual Meeting of the Italian Environmental Mutagen Society (SIMA), The Renaissance of Environmental Mutagenesis, Firenze, Italy, 20-25 August 2009

Scientific Program and Abstract Book p. 161

2738/A

BAL W.

Nickel(II)-Related Peptide Bond Hydrolysis.

ISABC 10, 10th International Symposium on Applied Bioinorganic Chemistry, Debrecen, Hungary, 25-28 September 2009

Abstracts p. 27

2739/A

KUROWSKA E., BONNA A., BAL W.

Interactions between human salivary histatin-5 and alpha-amylase accompanied by nickel(II) ions under oxidative conditions.

ISABC 10, 10th International Symposium on Applied Bioinorganic Chemistry, Debrecen, Hungary, 25-28 September 2009

Abstracts p. 109

2740/A

PROTAS A.M., BONNA A., KOPERA E., BAL W.

Selective peptide hydrolysis of cysteine peptides in the presence of Ni(II) ions.

ISABC 10, 10th International Symposium on Applied Bioinorganic Chemistry, Debrecen, Hungary, 25-28 September 2009

Abstracts p. 110

2741/A

PIĄTEK K., HARTWIG A., BAL W.

Effect of Glutathione on Zinc Binding to the XPA Zinc Finger.

ISABC 10, 10th International Symposium on Applied Bioinorganic Chemistry, Debrecen, Hungary, 25-28 September 2009

Abstracts p. 111

2742/A

RÓZGA M., PROTAS A.M., DADLEZ M., BAL W.

The Cu(II)-Aβ40 complex in ammonium acetate solutions. Evidence for ternary species formation.

ISABC 10, 10th International Symposium on Applied Bioinorganic Chemistry, Debrecen, Hungary, 25-28 September 2009

Abstracts p. 124

2743/A

REDKIEWICZ P.A., NAPIÓRKOWSKA B., GAGANIDZE D., BRODZIK R., GÓRA-SOCHACKA A., SIRKO A.

Production of biologically active mouse GM-CSF in transgenic tobacco plants and approaches to modify its proteases sensitivity.

The Third International Conference Plant-Based Vaccines et Antibodies, Plant Expression System for Recombinant Pharmacologics, Verona, Italy, 15-17 June 2009

Poster B 110

2744/A

ZIEMIŃSKA E., TOCZYŁOWSKA B., WÓJCIK J., STAFIEJ A., BAL W., ŁAZAREWICZ J.W.

The role of low molecular weight thiols in thimerosal toxicity - an *in vitro* study.

9th International Congress of The Polish Neuroscience Society, First FENS Featured Regional Meeting, Warszawa, Poland, 9-12 September 2009

Programme T III. 32

2745/A

POLKOWSKA-NOWAKOWSKA A., KACZKA P., BOLEWSKA K., ZHUKOV I., POZNAŃSKI J., WIERZCHOWSKI K.L.

Backbone dynamics of TFE - induced native - like fold of *Escherichia coli* RNA polymerase s70 4 domain.

34th FEBS Congress, Life's Molecular Interactions, Prague, Czech Republic, 4-9 July 2009

Late Abstract Book P2-214-L

2746/A

TRZEMECKA A., PŁOCHOCKA D., BĘBENEK A.

Different behaviors in vivo of mutations in the beta hairpin loop of DNA polymerases from bacteriophages T4 and RB69.

34th FEBS Congress, Life's Molecular Interactions, Prague, Czech Republic, 4-9 July 2009

Late Abstract Book P4-179-L

2747/A

TOMCZYK-ŻAK K., GÓRECKA M., KACZANOWSKI S., ZIELENKIEWICZ U.

Rock biofilm from a gold mine with unusually high microbial diversity use of initial MSSCP screening to limit sequencing effort.

34th FEBS Congress, Life's Molecular Interactions, Prague, Czech Republic, 4-9 July 2009

Late Abstract Book P7-118-L

2748/A

MALC E.P., DZIERZBICKI P., KANIAK A., SKONECZNA A., CIEŚLA Z.

Inactivation of the 20S proteasome maturase, Ump1, leads to the instability of mtDNA in *Saccharomyces cerevisiae*.

34th FEBS Congress, Life's Molecular Interactions, Prague, Czech Republic, 4-9 July 2009

Late Abstract Book P6-42-L

2749/A

KUCHARCZYK R., ROMANYUK D., KAMIŃSKA J., ŻOŁĄDEK T.

Rsp5 ubiquitin ligase is required for efficient transport via Cvt pathway and non-specific autophagy in yeast.

Autophagy EMBO Conference Series, Ascona, Switzerland, 18-21 October 2009

Poster Abstracts P-78 p. 182

2750/A

ZIENTARA K., WAWRZYŃSKA A.K., KAMIŃSKA J., LOPEZ-MOYA J.R., LISZEWSKA F., ASSUNCAO A.G.L., AARTS M., SIRKO A.

P34 -activity of *AtMRP3* promoter in transgenic *Arabidopsis thaliana* and *Nicotiana tabacum* plants is increased by cadmium, nickel, arsenic, cobalt and lead but not by zinc and iron.

COST Workshop of WG1 and WG2 on Uptake, Sequestration and Detoxification - an Integrated Approach, Szeged, Hungary, 16-17 April 2009

Abstracts p. 74

2751/A

MONIUSZKO G., ZIENTARA K., WAWRZYŃSKA A.K., SIRKO A.

Impact of sulfur deficiency and hormone treatment on tobacco seedlings roots.

2nd Sulphyton Meeting on Plant Sulfur Research, Norwich, Great Britain, 13-15 September 2009

Abstracts p. 34

2752/A

ZIENTARA K., LEWANDOWSKA M., LISZEWSKA F., SIRKO A.

UP15 protein and its potential role in coordination of S and N metabolism in tobacco.

2nd Sulphyton Meeting on Plant Sulfur Research, Norwich, Great Britain, 13-15 September 2009

Abstracts p. 47

2753/A

SZOŁAJSKA E., ŻOCHOWSKA M., SCHOEHN G., CHROBOCZEK J.

Adenovirus dodecahedron, a drug delivery vector.

EuroNanoMedicine, Bled, Slovenia, 28-30 September 2009

Book of Abstracts incl. Programme BS

2754/A

ŁUKASIAK K., KAMIŃSKA J.

The ubiquitin ligase Rsp5 cooperates with the COPI proteins in retrograde Golgi-ER trafficking of Kar2 and Rer-GFP.

24th International Conference on Yeast Genetics and Molecular Biology, Manchester, UK, 19-24 July 2009

Yeast (2009) 26(Supplement 1): 139

2755/A

CHEŁSTOWSKA A., MICIAŁKIEWICZ A., WIEK I.

Interactions of the Swc4 protein of chromatin remodeling complexes in *Saccharomyces cerevisiae*.

24th International Conference on Yeast Genetics and Molecular Biology, Manchester, UK, 19-24 July 2009

Yeast (2009) 26(Supplement 1): 68

2756/A

MONKAITYTE R., VOEGELI S., CHELSTOWSKA A., PHILIPPSEN P., RYTKA J.

Functional homology between *Saccharomyces cerevisiae* and *Ashbya gossypii* genes encoding SH3-domain proteins.

24th International Conference on Yeast Genetics and Molecular Biology, Manchester, UK, 19-24 July 2009

Yeast (2009) 26(Supplement 1): 227

2757/A

KUCHARCZYK R., ROMANYUK D., KAMIŃSKA J., ŻOŁĄDEK T.

Rsp5 ubiquitin ligase is required for efficient transport via Cvt pathway and non-specific autophagy in yeast.

Ubiquitin and Ubiquitin-like Modifiers in Health and Disease, Riva del Garda, Italy, 22-26 September 2009

Program and Abstracts p. 140

2758/A

SKONECZNA A., ALABRUDZIŃSKA M., SKONECZNY M.

Genome - wide screen for genes involved in maintaining genome stability in diploid cells of *Saccharomyces cerevisiae*.

3rd ASM Conferences, DNA Repair and Mutagenesis: From Molecular Structure to Human Disease, Whistler, Canada, 30 May - 5 June 2009

Abstracts p. 111

2759/A

SKONECZNY M., ALABRUDZIŃSKA M., SKONECZNA A.

New global forward mutation assay adapted for yeast diploid cells.

3rd ASM Conferences, DNA Repair and Mutagenesis: From Molecular Structure to Human Disease, Whistler, Canada, 30 May - 5 June 2009

Abstracts p. 112

2760/A

GRYNBERG M., MUSZEWSKA A., SZCZEPAŃSKA A.K.

Single-strand DNA annealing proteins are more diverse than previously thought.

16ème Colloque du Club des Bactéries Lactiques, Toulouse, France, 27-29 mai 2009

Abstract Book D15

2761/A

SZCZEPAŃSKA A.K., GRYLAK A., FORETEK D., BARDOWSKI J.K.

Physiological and molecular characterization of bacteriophage bIBB5f active against *Lactococcus lactis* species isolated from industrial whey sample.

16ème Colloque du Club des Bactéries Lactiques, Toulouse, France, 27-29 mai 2009

Abstract Book D12

2762/A

MIELECKI D., MIELECKI M., CHOJNACKA A., NIEMINUSZCZY J., GRZESIUŁ E.

The homologues of bacterial AlkB protein in Cyanobacteria and *Arabidopsis thaliana*.

Second Central European Forum for Microbiology, Keszthely, Hungary, 7-9 October 2009

Acta Microbiologica et Immunologica Hungarica (2009) 56(Suppl.): 204

2763/A

MIELECKI D., MIELECKI M., CHOJNACKA A., NIEMINUSZCZY J., GRZESIUK E.

The homologues of bacterial AlkB protein in *Cyanobacteria* and *Arabidopsis thaliana*.

Bioelectrochemistry and Its Application for the Study of the Interaction Between Biomolecules, III

Summer School, Marie Curie Actions MTKD-CT-2006-042708, Łańsk - Olsztyn, Poland, 6-18

September 2009

Abstracts BS

2764/A

MALINOWSKA A., SZYBIŃSKA A., RUBEL T., KISTOWSKI M., VAN LEUVEN F.,

DADLEZ M.

Differential proteomics of synaptosomes in Alzheimer's disease.

Alzheimer's and Parkinson's Diseases: Advances, Concepts and New Challenges, 9th International

Conference AD/PD 2009, Prague, Czech Republic, 11-15 March 2009

Final Program BS

2765/A

SITKIEWICZ E., DADLEZ M.

Impact of the dityrosine cross-links on A β peptide oligomerization.

Alzheimer's and Parkinson's Diseases: Advances, Concepts and New Challenges, 9th International

Conference AD/PD 2009, Prague, Czech Republic, 11-15 March 2009

Final Program BS

2766/A

KŁONIECKI M., JABŁONOWSKA A.M., POZNAŃSKI J., LANGRIDGE J., HUGHES CH.,

DADLEZ M.

Analysis of A β -40 Peptide Oligomers Using Synapt HDMS System.

Alzheimer's and Parkinson's Diseases: Advances, Concepts and New Challenges, 9th International

Conference AD/PD 2009, Prague, Czech Republic, 11-15 March 2009

Final Programme BS

2767/A

KŁONIECKI M., JABŁONOWSKA A.M., POZNAŃSKI J., OLĘDZKI J., LANGRIDGE J.,

HUGHES CH., DADLEZ M.

Analysis of A β -40 Peptide Oligomers Using ToF and IMS Analyzers.

18th International Mass Spectrometry Conference, Bremen, Germany, 30 August - 4 September

2009

Abstracts BS

2768/A

MALINOWSKA A., SZYBIŃSKA A., RUBEL T., KISTOWSKI M., VAN LEUVEN F.,

DADLEZ M.

A proteomic approach to analysis of synaptosomes from mouse models of Alzheimer's disease.

3rd Central and Eastern European Proteomics Conference, Budapest, Hungary, 6-9 October 2009

Book of Abstracts and Program p. 34

2769/A

KŁONIECKI M., JABŁONOWSKA A.M., POZNAŃSKI J., LANGRIDGE J., GILES K.,

TOMCZYK N., HUGHES CH., DADLEZ M.

Analysis of A β 1-40 peptide oligomers using synapt HDMS system.

3rd Central and Eastern European Proteomics Conference, Budapest, Hungary, 6-9 October 2009

Book of Abstracts and Program p. 53

2770/A

SITKIEWICZ E., DADLEZ M.

Impact of the dityrosine cross-links on AB peptide oligomerization.

3rd Central and Eastern European Proteomics Conference, Budapest, Hungary, 6-9 October 2009

Book of Abstracts and Program p. 54

2771/A

IBRAGIMOW I., DADLEZ M.

Stress induced changes in *A.thaliana* T87 cells nuclear phosphoproteome.

3rd Central and Eastern European Proteomics Conference, Budapest, Hungary, 6-9 October 2009

Book of Abstracts and Program p. 103

2772/A

BAL W., KOPERA E., BELCZYK A.

Highly specific Ni(II)-dependent peptide bond hydrolysis and its biotechnological application.

Tenth International Summer School on Biophysics, Supramolecular Structure and Function, Rovinj, Croatia, 19 September - 1 October 2009

Book of Abstracts p. 83

2773/A

MUSZEWSKA A.

LTR retrotransposons in fungi.

Comparative Genomics of Eukaryotic Microorganisms, San Feliu de Guixols, Spain, 17-22 October 2009

EMBO Conference Series p. 74

2774/A

SIKORA A., CHOJNACKA A., ZIELENKIEWICZ U., TOMCZYK K., PIELA P., GRZESIUK E., BŁASZCZYK M.

Hydrogen production by continuous culture of fermentative bacteria on waste substrates.

Second Central European Forum for Microbiology, Keszthely, Hungary, 7-9 October 2009

Acta Microbiologica et Immunologica Hungarica (2009) 56(Suppl.): 238-239

2775/A

SIKORA A., WÓJTOWICZ J., KOWALCZYK P., SZEWCZYK K., PIELA P., CHOJNACKA A., GRZESIUK E., BŁASZCZYK M.

Continuous cultures of ferric (Fe^{+3}) reducing anaerobic microorganisms mixed population.

Second Central European Forum for Microbiology, Keszthely, Hungary, 7-9 October 2009

Acta Microbiologica et Immunologica Hungarica (2009) 56(Suppl.): 239-240

2776/A

PIELA P., MICHAŁOWSKI T., MILTKO R., SZEWCZYK K., SIKORA R., GRZESIUK E., SIKORA A.

Electricity generation in a biohydrogen fuel cell using a fermentation gas produced by rumen ciliates.

Second Central European Forum for Microbiology, Keszthely, Hungary, 7-9 October 2009

Acta Microbiologica et Immunologica Hungarica (2009) Vol. 56 Suppl., p.226-227

2777/A

BERNATOWICZ P., RUSZCZYŃSKA-BARTNIK K., EJCHART A., DODZIUK H., KACZOROWSKA E., UEDA H.

Carbon-13 NMR relaxation study of the internal dynamics in cyclodextrins in isotropic solution.

XLII Polish Seminar on Nuclear Magnetic Resonance and Its Applications, Kraków, Poland, 1-2 December 2009

Abstracts p. 4

2778/A

BUDZIŃSKA M., NOWAKOWSKI M., ZHUKOV I., BELCZYK A., BIERZYŃSKI A., EJCHART A.
Structural changes in *holo*-S100A1 and S100A1(C85M) protein. Chemical shift based results.
XLII Polish Seminar on Nuclear Magnetic Resonance and Its Applications, Kraków, Poland, 1-2 December 2009

Abstracts p. 5

2779/A

KACZKA P., POLKOWSKA-NOWAKOWSKA A., BOLEWSKA K., ZHUKOV I., POZNAŃSKI J., WIERZCHOWSKI K.L.

Backbone dynamics of TFE - induced native - like fold of region 4 of initially unfolded *E. coli* RNA polymerase σ^{70} subunit.

XLII Polish Seminar on Nuclear Magnetic Resonance and Its Applications, Kraków, Poland, 1-2 December 2009

Abstracts p. 21

2780/A

KWASIBORSKA M., ZIELENIAK A., NOWAKOWSKI M., OLESZCZUK M., WÓJCIK J., CHUNG N.N., SCHILLER P.W., IZDEBSKI J.

Conformational analysis of cyclic dynorphin analogues using NMR derived data.

XLII Polish Seminar on Nuclear Magnetic Resonance and Its Applications, Kraków, Poland, 1-2 December 2009

Abstracts p. 39

2781/A

NOWAKOWSKI M., JAREMKO Ł., ZHUKOV I., BELCZYK A., BIERZYŃSKI A., EJCHART A.
3D NMR-based structure of *apo*-S100A1 human protein.

XLII Polish Seminar on Nuclear Magnetic Resonance and Its Applications, Kraków, Poland, 1-2 December 2009

Abstracts p. 51-52

2782/A

RAŻEW M., KACZOROWSKA E., KULA-ŚWIEŻEWSKA E., CIEPICHAŁ E., WÓJCIK J.

The influence of traces of water on the chemical shifts of squalene in benzene solution.

XLII Polish Seminar on Nuclear Magnetic Resonance and Its Applications, Kraków, Poland, 1-2 December 2009

Abstracts p. 66

2783/A

RUSZCZYŃSKA-BARTNIK K., NOWAKOWSKI M., DODZIUK H., EJCHART A.

Interaction of selected bicyclic monoterpenes with α -cyclodextrin. Thermodynamic characteristic of complexation.

XLII Polish Seminar on Nuclear Magnetic Resonance and Its Applications, Kraków, Poland, 1-2 December 2009

Abstracts p. 68-69

2784/A

TOCZYŁOWSKA B.

Metabolic profile of cerebrospinal fluid obtained from Amyotrophic Lateral Sclerosis patients.

XLII Polish Seminar on Nuclear Magnetic Resonance and Its Applications, Kraków, Poland, 1-2 December 2009

Abstracts p. 81-82

2785/A

SZOŁAJSKA E., ŻOCHOWSKA M., SCHOEHN G., CHROBOCZEK J.

Adenovirus dodecahedron, a drug delivery vector.

9th International Adenovirus Meeting, Dobogókő, Hungary, 26-30 April 2009

Programme and Abstracts p. 66

2786/A

GAJDA A.E., LEFEBVRE O., BOGUTA M.

Approaching MafI domains interaction in repression of RNA polymerase III transcription.

The Wilhelm Bernhard Workshop, 21st International Workshop on the Cell Nucleus, Ustroń,

Poland, 31 August - 4 September 2009

Program and Abstracts p. 67-68

2787/A

GRACZYK D., LEFEBVRE O., BOGUTA M.

Casein kinase 2 (CK2) is involved in MafI-dependent RNA polymerase III transcription regulation.

Mechanisms of Eukaryotic Transcription, Cold Spring Harbor, 25-29 August 2009

Abstracts BS

2788/A

KARKUSIEWICZ I.A., GRACZYK D., HOPPER A.K., CHERNYAKOV I., PHIZICKY E.M., BOGUTA M.

MafI, repressor of RNA polymerase III transcription, is involved in control of tRNA processing and stability.

Mechanisms of Eukaryotic Transcription, Cold Spring Harbor, 25-29 August 2009

Abstracts BS

2789/A

KRWAWICZ J., NIEMINUSZCZY J., GRZESIUK E.

The MMS-induced lethal effect in *Escherichia coli* AB1157 *dam-16* AlkB strain is suppressed by lack of MutS protein.

3rd ASM Conferences, DNA Repair and Mutagenesis: From Molecular Structure to Human Disease, Whistler, Canada, 30 May - 5 June 2009

Abstracts p. 118

2790/A

WRZESIŃSKI M., NIEMINUSZCZY J., MIELECKI D., CHOJNACKA A., SIKORA A., GRZESIUK E.

MMS mutagenesis and *alkB*-directed DNA repair in *E.coli* - participation of Pol V and MFD protein.

3rd ASM Conferences, DNA Repair and Mutagenesis: From Molecular Structure to Human Disease, Whistler, Canada, 30 May - 5 June 2009

Abstracts p. 72

2791/A

BURZYŃSKA B., LESZCZYŃSKA A., SZKOPIŃSKA A., WYSOCKA-KAPCIŃSKA M., KILISZEK M., PŁOCHOCKA D., KAMIŃSKA J., MACIĄG M., RYTKA J.

Functional expression of human HMG-CoA reductase in *Saccharomyces cerevisiae*: a system to analyse cellular lipid metabolism.

BIT's 7th Annual Congress of International Drug Discovery Science and Technology, Shanghai, China, 22-25 October 2009

Abstract Book p. 583

2792/A

ŻOŁĄDEK T.

Udział ligazy ubikwitynowej Rsp5 w autofagii u drożdży.

Symposium "Autofagia - narzędzie przeżycia czy śmierci komórki", Warszawa, Polska, 28 listopada 2009

Program BS

2793/A

BISCHOFF N., BRETNER M., NIEFIND K.

Co-crystal structures of human protein kinase CK2 α with tetrabromo-benzimidazole/benzotriazole-derived inhibitors.

6th International Conference: Inhibitors of Protein Kinases including: Insights into Protein Kinases, Warsaw, Poland, 27 June - 1 July 2009

Acta Biochimica Polonica (2009) 56(Supplement 1): 2

2794/A

MAKOWSKA M., MASZKOWSKA J., BILIŃSKA A., WOLINOWSKA R., TYSKI S., KORONKIEWICZ M., BRETNER M.

Examination of CK2 inhibitors as potential anticancer and antibacterial agents.

6th International Conference: Inhibitors of Protein Kinases including: Insights into Protein Kinases, Warsaw, Poland, 27 June - 1 July 2009

Acta Biochimica Polonica (2009) 56(Supplement 3): 54-55

2795/A

BRETNER M., KAZIMIERCZUK Z., MAKOWSKA M., WOLINOWSKA R., STAROŚCIAK B.

Synthesis and antimicrobial activity of tetrabrominated phenolic and benzotriazole derivatives.

VII Parnas Conference on Biochemistry and Molecular Biology, Yalta, Ukraine, 3-7 October 2009

The Ukrainian Biochemical Journal (2009) 81(4): 186

2796/A

BRETNER M., OCHAL Z., WOLINOWSKA R., TYSKI S.

Synthesis and *in vitro* antimicrobial activity of 5-halogenomethylsulfonyl benzimidazole and benzotriazole derivatives.

VII Parnas Conference on Biochemistry and Molecular Biology, Yalta, Ukraine, 3-7 October 2009

The Ukrainian Biochemical Journal (2009) 81(4): 185

2797/A

BAEBLER S., KOGOVSEK P., ROTTER A., WITEK K., DOBNIK D., PETEK M., BARLE K., POMPE-NOVAK M., ZEL J., HENNIG J., RAVNIKAR M., GRUDEN K.

Towards understanding biology of potato-PVY interaction.

Plant Genomics European Meeting, Lisbon, Portugal, 7-10 October 2009

Abstracts p. 75

2798/A

GISKA F., KRZYMOWSKA M., HENNIG J.

Genomic and proteomic analysis to identify regulatory mechanism of Type III Secretion System in *Pseudomonas syringae* pv. *tabaci* strain IBB1.

22nd New Phytologist Symposium Effectors in Plant-Microbe Interactions, Paris, France, 13-16 September 2009

Programme, abstracts and participants p. 44

2799/A

KONOPKA-POSTUPOLSKA D., CLARK G., GOCH G., DĘBSKI J., FLORAS K., CANTERO A., FIOLEK B., ROUX S., HENNIG J.

The structural determinants of annexin 1 function in drought stress in *Arabidopsis thaliana*.

5th International Conference on ANNEXINS, Lacanau-Ocean, France, 20-24 September 2009

Abstracts BS

2800/A

CLARK G., KONOPKA-POSTUPOLSKA D., GOCH G., DĘBSKI J., FLORAS K., CANTERO A., FIOLEK B., HENNIG J., ROUX S.

Annexin 1 functions during drought stress in *Arabidopsis thaliana*.

5th International Conference on ANNEXINS, Lacanau-Ocean, France, 20-24 September 2009

Abstracts BS

2801/A

POLKOWSKA-NOWAKOWSKA A., GOZDEK A., ZHUKOV I., STANKIEWICZ-DROGOŃ A., PAWŁOWICZ J.M., ZAGÓRSKI-OSTOJA W., BOROWSKI P., BOGUSZEWSKA-CHACHULSKA A.M., POZNAŃSKI J., KULIKOWSKI T., MIAZGA A.A., BRETNER M.

Investigation of mechanism of action of HCV helicase inhibitors: TBBT and DCBT by chemical shift mapping.

10th International Summer School on Biophysics: Supramolecular Structure and Function, Rovinj/Red Island, Croatia, 19 September - 1 October 2009

Abstracts BS

2802/A

MIELECKI D., MIELECKI M., CHOJNACKA A., NIEMINUSZCZY J., GRZESIUK E.

The homologues of bacterial AlkB protein in *Cyanobacteria* and *Arabidopsis thaliana*.

10th International Conference on Environmental Mutagens, 39th Annual Meeting of the European Environmental Mutagen Society, 18th Annual Meeting of the Italian Environmental Mutagen Society, The Renaissance of Environmental Mutagenesis, Firenze, Italy, 20-25 August 2009

Program and Abstract Book p. 147

2803/A

NIEMINUSZCZY J., WRZESIŃSKI M., MIELECKI D., SIKORA A., CHOJNACKA A., GRZESIUK E.

Contribution of transcription-coupled DNA repair to MMS-induced mutagenesis in *E. coli* strains deficient in functional AlkB and Mfd protein.

10th International Conference on Environmental Mutagens, 39th Annual Meeting of the European Environmental Mutagen Society, 18th Annual Meeting of the Italian Environmental Mutagen Society, The Renaissance of Environmental Mutagenesis, Firenze, Italy, 20-25 August 2009

Program and Abstract Book p. 147

2804/A

SIKORA A., MIELECKI D., WRZESIŃSKI M., NIEMINUSZCZY J., GRZESIUK E.

Lethal and mutagenic effect of MMS on *E. coli* cells deficient in BER and AlkB-directed repair.

10th International Conference on Environmental Mutagens, 39th Annual Meeting of the European Environmental Mutagen Society, 18th Annual Meeting of the Italian Environmental Mutagen Society, The Renaissance of Environmental Mutagenesis, Firenze, Italy, 20-25 August 2009

Program and Abstract Book p. 147-148

2805/A

BUCHOLC M., CIESIELSKI A., GOCH G., ANIELSKA-MAZUR A., JAWORSKA A., KRZYWIŃSKA E., DOBROWOLSKA G.

Plant specific calcium sensor negatively regulates activity of SNF1-related protein kinases 2.

6th International Conference: Inhibitors of Protein Kinases including: Insights into Protein Kinases, Warsaw, Poland, 27 June - 1 July 2009

Acta Biochimica Polonica (2009) 56(Supplement 1): 39

2806/A

JAWORSKA A., WAWER I., McLOUGHLIN F., TESTERINK C., DOBROWOLSKA G.

SnRK2 kinases participate in plant response to cadmium.

Plant Abiotic Stress Tolerance, Vienna, Austria, 8-11 February 2009

Programme and Abstracts N128/ p. 105

2807/A

BUCHOLC M., CIESIELSKI A., GOCH G., JAWORSKA A., ANIELSKA-MAZUR A., DOBROWOLSKA G.

Calcium sensor interacts with and regulates activity of the SNF1-related protein kinase 2 family members.

Plant Abiotic Stress Tolerance, Vienna, Austria, 8-11 February 2009

Programme and Abstracts N174/ p. 130

2808/A

LEWANDOWSKA-GNATOWSKA E., SZCZEGIELNIAK J., MUSZYŃSKA G.

Wound-responsive calcium dependent protein kinase from barley (HvCDPK12).

Plant Abiotic Stress Tolerance, Vienna, Austria, 8-11 February 2009

Programme and Abstracts N179/ p. 132

2809/A

ŁEBSKA M., SZCZEGIELNIAK J., DOBROWOLSKA G., MUSZYŃSKA G.

Novel splicing variant encoding putative catalytic α subunit of maize protein kinase CK2.

Plant Abiotic Stress Tolerance, Vienna, Austria, 8-11 February 2009

Programme and Abstracts N180/ p. 133

2810/A

WAWER I., KRZYWIŃSKA E., ANIELSKA-MAZUR A., DOBROWOLSKA G.

Cytosolic glutamine synthetase is a potential SnRK2 substrate in plant cells.

Plant Abiotic Stress Tolerance, Vienna, Austria, 8-11 February 2009

Programme and Abstracts N182/ p. 134

2811/A

NOWAK J.K., MEYER E., BETERMIER M.

A putative DEAH-box helicase is involved in developmentally programmed genome rearrangements in *Paramecium tetraurelia*.

FASEB Summer Research Conferences, Ciliate Molecular Biology, Saxton River, Vermont, USA, 19-24 July 2009

Abstracts BS

2812/A

NOWAK J.K., MEYER E., BETERMIER M.

A putative DEAH-box helicase is involved in developmentally programmed genome rearrangements in *Paramecium tetraurelia*.

GDRE Paramecium Genomics, 5th International Meeting, Kraków, Poland, 5-8 December 2009

Abstracts p. 16

2813/A

MALISZEWSKA K., NOWAK J.K., BETERMIER M., GROMADKA R.

The *Paramecium tetraurelia* PtTFIIS gene encodes a homolog of Transcription Factor TFIIS and is essential in sexual processes.

GDRE Paramecium Genomics, 5th International Meeting, Kraków, Poland, 5-8 December 2009

Abstracts p. 32

2814/A

NOWAK J.K., GROMADKA R., JUSZCZUK M., JERKA-DZIADOSZ M., MALISZEWSKA K., MUCCHIELLI M.H., GOUT J.F., ARNAIZ O., AGIER N., TANG T., AGGERBECK L., COHEN J., DELACROIX H., SPERLING L., HERBERT CH., ZAGULSKI M., BETERMIER M.

Towards the identification of meiosis and nuclear reorganization genes in *Paramecium*: a chromosome-wide study.

GDRE Paramecium Genomics, 5th International Meeting, Kraków, Poland, 5-8 December 2009

Abstracts p. 27

2815/A

ARCZEWSKA K., BAUMAIER C., SENGUPTA T., ROGNES T., KUŚMIEREK J.T., NILSEN H.

Identification and characterization of MuT family enzymes in *Caenorhabditis elegans*.

10th International Conference on Environmental Mutagens, 39th Annual Meeting of the European Environmental Mutagen Society, 18th Annual Meeting of the Italian Environmental Mutagen Society, The Renaissance of Environmental Mutagenesis, Firenze, Italy, 20-25 August 2009

Program and Abstract Book p. 156

2816/A

KRWAWICZ J., TOMCZYK S., GRZESIUK E.

Study on DNA methylation profile of ALKBH1-9 genes promoters in ten healthy human tissues.

10th International Conference on Environmental Mutagens, 39th Annual Meeting of the European Environmental Mutagen Society, 18th Annual Meeting of the Italian Environmental Mutagen Society, The Renaissance of Environmental Mutagenesis, Firenze, Italy, 20-25 August 2009

Program and Abstract Book p. 124

2817/A

MIAZGA A.A., ZIEMKOWSKI P., SIWECKA M.A., LIPNIACKI A., KULIKOWSKI T.

Synthesis, biological properties and anti-HIV activity of new pyrimidine P₁,P₂-dinucleotide analogues.

13th International Symposium on Purine and Pyrimidine Metabolism in Man, Stockholm, Sweden, 21-24 June 2009

Final programme and Abstract book p. 52

2818/A

KRWAWICZ J., GRZESIUK E.

Lack of MutS protein suppresses the MMS-induced lethal effect in *Escherichia coli* AB1157 *dam-16 alkB* strain.

Keystone Symposia on Molecular and Cellular Biology, Telomere Biology and DNA Repair, Ashmore, Queensland, Australia, 9-14 October 2009

Meeting Abstract Book BS

2819/A

KRWAWICZ J., KUTNER J., DZIEMBOWSKI A., GINALSKI K.

Identification of potential phosphodiesterase essential for U6 snRNA stability.

Machines on Genes: Enzymes that Make, Break, and Move DNA and RNA, Cambridge, UK, 12-14 August 2009

Programme & Abstracts BS

2820/A

PODLASKA, A. HAŁAS A., DERKACZ J., McINTYRE J., ŚLEDZIEWSKA-GÓJSKA E.
Error-prone translesion synthesis in *MMS2RAD5* double mutant is entirely dependent on PCNA SUMOylation.

10th International Conference on Environmental Mutagens, 39th Annual Meeting of the European Environmental Mutagen Society, 18th Annual Meeting of the Italian Environmental Mutagen Society, The Renaissance of Environmental Mutagenesis, Firenze, Italy, 20-25 August 2009

Program and Abstract Book p. 156

2821/A

TUDEK B., WINCZURA A., SPEINA E., OBTUŁOWICZ T., KOWALCZYK PAWEŁ,
JANOWSKA B., CIEŚLA J. M., KOMISARSKI M., GACKOWSKI D., OLIŃSKI R.
Base excision repair, oxidative stress and cancer.

10th International Conference on Environmental Mutagens (ICEM), 39th Annual Meeting of the European Environmental Mutagen Society (EEMS), 18th Annual Meeting of the Italian Environmental Mutagen Society (SIMA), The Renaissance of Environmental Mutagenesis, Firenze, Italy, 20-25 August 2009

Scientific Program and Abstract Book p. 105

2822/A

KOWALCZYK PAWEŁ, JAWOREK J., KOT M., SOKOŁOWSKA B., JANOWSKA B., CIEŚLA J. M., TUDEK B.

The influence of lipopolysaccharide-induced inflammation on the expression of DNA repair genes in young rats.

10th International Conference on Environmental Mutagens (ICEM), 39th Annual Meeting of the European Environmental Mutagen Society (EEMS), 18th Annual Meeting of the Italian Environmental Mutagen Society (SIMA), The Renaissance of Environmental Mutagenesis, Firenze, Italy, 20-25 August 2009

Scientific Program and Abstract Book p. 163

2823/A

TUDEK B.

Base excision repair modulation as a risk factor for human cancers.

Third International Congress of Molecular Medicine, Istanbul, Turkey, 5-8 May 2009

IUMB Life (2009) 61(3)(Supplement): 286

2824/A

KANIAK A., DZIERZBICKI P., MALC E.P., CIEŚLA Z.

Msh1p counteracts oxidative lesion-induced instability of mitochondrial genome and extends the chronological lifespan of an *ogg1Δ* mutant of *Saccharomyces cerevisiae*.

Keystone Symposia on Molecular and Cellular Biology, Genome Instability and DNA Repair, Taos, New Mexico, 1-6 March 2009

Abstract Book p. 78

ROZPRAWY HABILITACYJNE

531/1/N

SKONECZNY MAREK

Drożdże *Saccharomyces cerevisiae* jako organizm modelowy w badaniach funkcji i biogenezy peroksysomów. (Yeast *Saccharomyces cerevisiae* as a model organism in the studies on function and biogenesis of peroxisomes.)

2009-10-27

Dr. hab. thesis

Presented October 27, 2009

Biochem. J. (2000) 350: 313-319, Biochimie (1996) 78: 95-102, Biochem. J. (1994) 301: 615-620, Nature Genetics (1997) 15: 381-384, Biochimie (2001) 83: 427-532, Cell Biology International (2006) 30: 122-126

531/N

BĘBENEK ANNA

Polimeraza DNA bakteriofaga RB69 jako model do badania mechanizmów wierności replikacji DNA. (Bacteriophage RB69 DNA polymerase as a model for DNA replication fidelity studies.)

2009-05-19

Dr. hab. thesis

Presented May 19, 2009

J. Biol. Chem. (2001) 276: 10387-10397, Biochemistry (2006) 45: 2211-2220, J. Mol. Biol. (2007) 368: 18-29, Genetics (2005) 169: 1815-1824, Genetics (2002) 162: 1003-18

PRACE DOKTORSKIE

532/N

MALC EWA PATRYCJA

Rola białka Msh1 w utrzymaniu stabilności mitochondrialnego DNA i regulacji chronologicznej długości życia *Saccharomyces cerevisiae*.

(The role of the Msh1 protein in the maintenance of the mitochondrial DNA stability and in determination of the chronological lifespan of *Saccharomyces cerevisiae*.)

Presented January 20, 2009

Research done at Laboratory of Mutagenesis and DNA Repair IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Zygmunt Cieśla

533/N

SZCZĘŚNY PAWEŁ

Słownik domen trimerycznych adhezyn autotransporterowych.

(Domain dictionary of trimetric autotransporter adhesins.)

Presented March 24, 2009

Research done at the Department of Bioinformatics IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Piotr Zielenkiewicz, prof. Andrei Lupas

534/N

WAWRZYŃSKI ADAM

Nowe rodziny transpozonów w genomach soi (*Glycine max*) oraz jej dzikiego krewniaka *Glycine tomentella* i ich potencjalny wpływ na dynamikę genomów strączkowych.

(New families of transposable elements in the genomes of soybean (*Glycine max*) and its wild relative *Glycine tomentella* and their potential influence on legume genome dynamics.)

Presented May 5, 2009

Research done at the Department of Microbial Biochemistry IBB PAS and SGGW.

Ph.D. Thesis Supervisor: dr hab. Małgorzata Łobocka, prof. Roger Innes

535/N

OLSZAK KRZYSZTOF

Badanie struktury przestrzennej tRNA mitochondrialnych w stanach patologicznych u ludzi.

(Investigation of human mitochondrial tRNAs associated with mitochondrial diseases.)

Presented May 5, 2009

Research done at the Department of Protein Biosynthesis and Department of Plant Biochemistry IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Bernard Wielgat

536/N

BUKOWY ZUZANNA

Czynniki regulujące aktywności enzymatyczne białka WRN.

(Factors regulating the enzymatic activities of WRN protein.)

Presented May 12, 2009

Research done at Department of Molecular Biology IBB PAS and Aarhus University, Aarhus, Denmark.

Ph.D. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Barbara Tudek, prof. Tinna Venstrup Stevnsner

537/N

GAJDA MICHAŁ J.

Automatyczne przewidywanie struktur białek metodą FRankensteina.

(Automatic prediction of protein structure with FRankenstein protocol.)

Presented May 12, 2009

Research done at the Laboratory of Bioinformatics and Protein Engineering IIMCB and IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Janusz M. Bujnicki

538/N

ZAKRZEWSKA-PŁACZEK MONIKA

Rola enzymów XRN2 i XRN3 w metabolizmie RNA u *Arabidopsis thaliana*.

(Role of XRN2 and XRN3 enzymes in RNA metabolism of *Arabidopsis thaliana*.)

Presented June 9, 2009

Research done at the Institute of Genetics and Biotechnology UW and IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisor: dr hab. Joanna Kufel

539/N

PAWŁOWSKI MARCIN

Rozwój metod udokładniania i oceny poprawności teoretycznych modeli struktur białek i zastosowanie ich w technologii *Molecular Replacement* (MR).

(Novel approaches to predict and refine theoretical models of protein structure, to predict their quality and utilize them in Molecular Replacement.)

Presented June 6, 2009

Research done at the Laboratory of Bioinformatics and Protein Engineering, International Institute of Molecular and Cell Biology and IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Janusz M. Bujnicki

540/N

HEJNOWICZ MONIKA S.

Bakteriofag bIBB29 *Lactococcus lactis*: charakterystyka, kompletna sekwencja genomu oraz poszukiwanie białek oddziałujących z białkiem RBP.

(*Lactococcus lactis* bacteriophage bIBB29: characterization, complete genome sequence and a search for interactors of the RBP protein.)

Presented June 16, 2009

Research done at the Department of Microbial Biochemistry IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Jacek Bardowski

541/N

ZIELAK AGATA

Regulacja genów związanych z procesami asymilacji siarki u *Burkholderia cenocepacia*.

(Regulation of genes involved in sulfur assimilation in *Burkholderia cenocepacia*.)

Presented June 16, 2009

Research done at the Department of Microbial Biochemistry IBB PAS.

Ph. D. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Monika Hryniewicz

542/N

WIECZOREK GRZEGORZ

Wpływ zatłoczenia makromolekularnego na kinetykę asocjacji białko-białko. Badania metodą Dynamiki Brownowskiej.

(Influence of macromolecular crowding on protein-protein association rates a Brownian Dynamic study.)

Presented June 23, 2009

Research done at the Department of Bioinformatics IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Piotr Zielenkiewicz

543/N

SIKORA JACEK

Zastosowanie proteomiki różnicowej do analizy efektu prionu [*PSI*] na mitochondria drożdży *Saccharomyces cerevisiae*.

(Differential proteomics approach for the analysis of the effect of prion [*PSI*] on mitochondria of the yeast *Saccharomyces cerevisiae*.)

Presented June 23, 2009

Research done at the Laboratory of Mass Spectrometry and Department of Genetics IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Michał Dadlez

544/N

KOSIŃSKI JAN

Badanie molekularnych podstaw dysfunkcji kompleksów białek odpowiedzialnych za naprawę błędnie sparowanych zasad w DNA przez charakteryzację ich struktury, wzajemnych oddziaływań i mechanizmu działania.

(Dissecting molecular basis of dysfunction of protein complexes involved in DNA mismatch repair by characterization of their structure and mutual interactions, and their mechanism of action.)

Presented September 22, 2009

Research done at the Laboratory of Bioinformatics and Protein Engineering, International Institute of Molecular and Cell Biology, Institute of Biochemistry at the Justus-Liebig University in Giessen and IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisor: dr hab. Janusz M. Bujnicki

545/N

PODSTOLSKI WOJCIECH

Granice zmienności genetycznej PSTVd.

(Sequence constraints of PSTVd genetic variability.)

Presented September 22, 2009

Research done at the Department of Protein Biosynthesis IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Włodzimierz Zagórski-Ostoj

546/N

KRAWCZYK MARIUSZ

Nowe inhibitory replikacji wirusa zapalenia wątroby typu C.

(New inhibitors of hepatitis C virus replication.)

Presented September 22, 2009

Research done at the Department of Protein Biosynthesis IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisor: dr hab. Anna Boguszewska-Chachulska

547/N

LIPKA MAGDALENA

Liaza streptograminy B, Vgb-struktura oraz mechanizm.

(Streptogramin B lyase Vgb-structure and mechanism.)

Presented September 29, 2009

Research done at the Institute of Biochemistry and Biophysics PAS and Laboratory of Structural Biology Max-Planck, International Institute of Molecular and Cell Biology.

Ph. D. Thesis Supervisor: dr hab. Matthias Bochtler

548/N

SZCZEPANOWSKI ROMAN H.

Deformacja DNA, tzw. "*base flipping*", pod wpływem endonukleaz restrykcyjnych.
(DNA base flipping by restriction endonucleases.)

Presented September 29, 2009

Research done at the Institute of Biochemistry and Biophysics PAS and Laboratory of Structural Biology Max-Planck, International Institute of Molecular and Cell Biology.

Ph. D. Thesis Supervisor: dr hab. Matthias Bochtler

549/N

SUŁUJA ELŻBIETA

Otrzymywanie i charakterystyka cząstek wirusopodobnych wirusa liściozwoju ziemniaka.
(Generation i characterization of virus-like particles of Potato leafroll virus.)

Presented October 6, 2009

Research done at the Department of Protein Biosynthesis IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Włodzimierz Zagórski-Ostoja

550/N

SOKOŁOWSKA MONIKA

Badania strukturalne i biochemiczne enzymów restrykcyjnych BcnI i Hpy99I.
(Structural and biochemical studies of restriction endonucleases BcnI and Hpy99I.)

Presented November 10, 2009

Research done at the Institute of Biochemistry and Biophysics PAS and Laboratory of Structural Biology Max-Planck, International Institute of Molecular and Cell Biology.

Ph. D. Thesis Supervisor: dr hab. Matthias Bochtler

551/N

STANKIEWCZ-DROGOŃ ANNA

Hamowanie replikacji wirusa zapalenia wątroby typu C przez inhibitory helikazy wirusowej.
(Inhibition of Hepatitis C virus (HCV) replication by inhibitors of viral helicase.)

Presented December 1, 2009

Research done at the Department of Protein Biosynthesis IBB PAS.

Ph. D. Thesis Supervisor: dr hab. Anna Boguszewska-Chachulska

552/N

SZCZĘSNY ROMAN J.

Badanie funkcji ludzkiej helikazy hSuv3p.
(The investigation of the function of the human hSuv3p helicase.)

Presented December 1, 2009

Research done at the Institute of Genetics and Biotechnology Warsaw University and IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Ewa Bartnik

553/N

CHOŁBIŃSKI PIOTR

Ligaza ubikwitylowa Rsp5 u drożdży: dynamika subkomórkowa i wpływ na metabolizm tRNA.
(Yeast ubiquitin ligase Rsp5: subcellular dynamics and effects on tRNA metabolism.)

Presented December 8, 2009

Research done at the Department of Genetics IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Teresa Żołądek

PRACE MAGISTERSKIE

554/N

LISMAN SZYMON

Badanie struktury kompleksu A β -RAGE, zbudowanie jego modelu molekularnego jako podstawy stworzenia specyficznego inhibitora.

(Studies of A β peptide: RAGE receptor interaction, creating its molecular model in order to design specific inhibitor.)

Presented January 12, 2009

Research done at the Laboratory of Mass Spectrometry IBB PAS and Centre for Biotechnology at Warsaw University of Technology.

M.Sc. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Michał Dadlez, prof. dr hab. Magdalena Rakowska-Boguta

555/N

NOWICKI ADAM

Naprawa 1,N⁶-etenoadeniny przez dioksygenazę AlkB oraz glikozylazy AlkA i Mug.

(The repair of 1,N⁶-ethenoadenine by AlkB dioxygenase and AlkA and Mug glycosylases.)

Presented January 14, 2009

Research done at the Departament of Molecular Biology IBB PAS and SGGW.

M.Sc. Thesis Supervisor: dr Agnieszka Maciejewska

556/N

JUSZKIEWICZ LEON

Potwierdzenie tkankowej specyficzności białka histonu H1.3 oraz obserwacja zmian jego ekspresji w warunkach stresowych u *Arabidopsis thaliana*.

(Confirmation of tissue-specificity of the histon H1.3 protein and observation of changes in its expression in stress conditions in *Arabidopsis thaliana*.)

Presented February 10, 2009

Research done at the Faculty of Biology University of Warsaw and IBB PAS.

M.Sc. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Andrzej Jerzmanowski

557/N

GRZYWNOWICZ MACIEJ JACEK

Rola białka MafI w kontroli trwałości tRNA.

(The role of MafI in the control of tRNA stability.)

Presented June 9, 2009

Research done at the Department of Genetics IBB PAS and The Faculty of Biology and Earth Sciences Maria Curie-Skłodowska University in Lublin.

M.Sc. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Magdalena Rakowska-Boguta

558/N

BARTOSIK MARTA

Wykorzystanie elementów systemu partycji plazmidu - profaga P1 w badaniach nad stabilizacją i wewnątrzkomórkową lokalizacją pochodnych wielokopiowego wektora plazmidowego pBR322.

(Utilization of P1 plasmid - prophage partition system elements to study the stabilization and intracellular localization of pBR322 vector - derived multicopy plasmids.)

Presented June 9, 2009

Research done at the Department of Microbial Biochemistry IBB PAS and Faculty of Agriculture Warsaw University of Life Sciences.

M.Sc. Thesis Supervisor: dr hab. Małgorzata Łobocka

559/N

SAWICKA RÓŻA

Badania genetyczne enzymopatii krwinki czerwonej.
(Genetic research of red blood cell enzymopathy.)

Presented July 13, 2009

Research done at the Department of Genetics IBB PAS and The Faculty of Biology and Earth Sciences Maria Curie-Skłodowska University in Lublin.

M.Sc. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Joanna Rytka

560/N

GAWARECKA KATARZYNA

Badania udziału lipidów prenylowych w powstawaniu uszkodzeń DNA.
(Studies on the role of prenyl lipids in formation of DNA damage.)

Presented September 21, 2009

Research done at the Department of Lipid Biochemistry IBB PAS and Faculty of Chemistry Warsaw University of Technology.

M.Sc. Thesis Supervisor: dr hab. Maria Bretner, prof. dr hab. Ewa Świeżewska

561/N

EJCHMAN-PAC EWELINA

Nadprodukcja podjednostki katalitycznej fosfatazy ludzkiej PP2A w systemie ekspresyjnym *Pichia pastoris*.

(Overproduction of catalytic subunit of human phosphatase PP2A in *Pichia pastoris* expression system.)

Presented September 22, 2009

Research done at the Department of Protein Biosynthesis IBB PAS and Interfaculty Department of Biotechnology Warsaw University of Life Sciences.

M.Sc. Thesis Supervisor: dr Angela Dvornyk

562/N

KUPIDURA KATARZYNA

Próba poszukiwania celu komórkowego trucizny Zeta systemu TA z plazmidu pSM19035 metodą immunoprecypitacji.

(Immunoprecipitation approach to search for a cellular target of Zeta, a toxin of the TA system from plasmid pSM19035.)

Presented July 7, 2009

Research done at the Department of Microbial Biochemistry IBB PAS and Faculty of Chemistry Warsaw University of Technology.

M.Sc. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Magdalena Rakowska-Boguta

563/N

LITWICKA PATRYCJA

Charakterystyka mutantów *Candida albicans* z zaburzoną aktywnością *cis*-prenylotransferazy.

(The characterization of *Candida albicans* mutants with impaired *cis*-prenyltransferase activity.)

Presented December 14, 2009

Research done at the Laboratory of Fungal Glycobiology.

M.Sc. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Grażyna Palamarczyk

564/N

POŁAWSKA KATARZYNA

Rola bakteryjnego białka IHF w regulacji transkrypcji genów operonu *par* plazmidu- profaga P1, kodującego białka partycyjne.

(The role of bacterial IHF protein in the transcriptional regulation of genes of the P1 plasmid *par* operon, encoding partition proteins.)

Presented July 16, 2009

Research done at the Department of Microbial Biochemistry IBB PAS and Warsaw University of Life Sciences.

M.Sc. Thesis Supervisor: dr hab. Małgorzata Łobocka

565/N

SZURGOT INGA

Wpływ wybranych inhibitorów na aktywność rekombinowanej domeny katalitycznej kinazy Jak2.

(The influence of selected inhibitors on the activity of recombinant catalytic domain of Jak2 kinase.)

Presented July 9, 2009

Research done at the Department of Protein Biosynthesis IBB PAS and The Faculty of Biology and Earth Sciences Maria Curie-Skłodowska University in Lublin.

M.Sc. Thesis Supervisor: dr hab. Krystyna Grzelak

MISCELLANEA

161/M

GÓRA-SOCHACKA A., REDKIEWICZ P.A., NAPIÓRKOWSKA B., SIRKO A.

Wykorzystanie systemów roślinnych do produkcji rekombinowanych cytokin.

Postępy Biochemii (2009) 55 (1): 85-94

162/M

POLKOWSKA-KOWALCZYK L., KOWALCZYK P., TUDEK B., WIELGAT B.

Free radicals - defenders or killers of the organisms.

Transfer von Wissen und Kulturmustern im Zeitalter der Globalisierung. **Publikacje Societas**

Humboldtiana Polonorum v.14. Herausgegeben von Aleksander Strasburger, Witold Kosiński

und Wojciech Ziętara, Warszawa (2009) p. 259-265

ISBN 978-83-923622-4-1

163/M

GOLIK P.

Pochodzenie i ewolucja genomu mitochondrialnego.

Kosmos (2009) 58(3/4): 547-554

164/M

BIERNACKA E., BARDOWSKI J.K.

Bezpieczeństwo w różnorodności.

Medical Tribune (2009) 5: 28

165/M

BURZYŃSKA B., ADAMOWICZ-SALACH A., PŁOCHOCKA D., GOŁASZEWSKA E.,

WITOS I.

Mutacja C1155G genu dehydrogenazy-6-glukozo-fosforanowej krwinek czerwonych u chorego z ciężką wrodzoną niesferocytową niedokrwistością hemolityczną.

Medycyna Wieku Rozwojowego (2009) XIII, 2: 136-139

166/M

KIERDASZUK B., JAMROZIK Z., TOŃSKA K., BARTNIK E., KALISZEWSKA M.,

KAMIŃSKA A., KWIECIŃSKI H.

Cytopatie mitochondrialne: charakterystyka kliniczna, morfologiczna i genetyczna. Mitochondrial cytopathies: clinical, morphological and genetic characteristics.

Neurologia i Neurochirurgia Polska (2009) 43(3): 216-227

167/M

WIERZCHOWSKI K.L., PAWŁOWSKI K.

Methods in Molecular Biology; vol. 474. Nanostructure Design: Methods and Protocols, Ehud Gazit and Ruth Nussinov, Ed. Humana Press 2008. 267 pp. ISSN: 1064-3745. **Book review.**

Acta Biochimica Polonica (2009) 56(2): 371-373

168/M

SIKORA A., BŁASZCZYK M.

Prokarioty redukujące Fe(III): klasyfikacja, występowanie, mechanizmy redukcji Fe(III), rola ekologiczna i znaczenie biotechnologiczne.

Postępy Mikrobiologii (2009) 48(2): 105-124

169/M

BARTNIK E.

Ludzki genom mitochondrialny.

Kosmos (2009) 58 (3/4): 284-285

170/M

PAWŁOWSKI P.H.

Czy jesteśmy scale-free?

Kosmos (2009) 58(1/2): 89-95

171/M

LEWANDOWICZ A., BAKUN M., IMIELA J., DADLEZ M.

Proteomika w uronefrologii - nowe perspektywy diagnostyki nieinwazyjnej?

Nefrologia i Dializoterapia Polska (2009) 13(1): 15-21

172/M

DMOWSKI M.

Dziedziczenie doskonałe.

Academia (2009) 2(18): 8-11

173/M

ZIELENKIEWICZ U., DMOWSKI M.

Epsilon kontra Zeta.

Academia (2009) 1(17): 38-39

174/M

SZKIŁŁĄDŹ-SKIBA M., JACKOWSKA T., BURZYŃSKA B.

Morfologia krwi obwodowej u 9-letniego chłopca wielokrotnie leczonego preparatami żelaza i witaminami krwiotwórczymi.

Pediatrica po Dyplomie (2009) 13(5): 91-94

**PUBLIKACJE ZA ROK 2008, KTÓRE NIE ZNALAZŁY SIĘ W
UBIEGŁOROCZNYM SPRAWOZDANIU**

4285

MALECKI M., JEDRZEJCZAK R., PUCHTA O., STĘPIEŃ P.P., GOLIK P.

In vivo and *in vitro* approaches for studying the yeast mitochondrial RNA degradosome complex.

Methods in Enzymology (2008) 447: 463-488

IF 1,695

4285/1

ARCZEWSKA K., MICHALICKOWA K., DONALDSON I.M., NILSEN H.

The contribution of DNA base damage to human cancer is modulated by the base excision repair interaction network.

Critical Reviews in Oncogenesis (2008) 14(4): 217-274

159/M

KOPERA E., BAL W.

Metody odcinania etykiet powinowactwa w białkach rekombinowanych.

Rozdział w: **Na Pograniczu Chemii i Biologii**. Poznań: UAM 2008 Tom XX s.381-401

ISBN 83-232184-5-6

160/M

GRZELAK K., RADECKA H.

Elektrochemiczna biosonda molekularna w badaniach oddziaływań białko-hormon.

Rozdział w: **Na Pograniczu Chemii i Biologii**. Poznań: UAM 2008 Tom XX s. 541-559

ISBN 83-232184-5-6

2669/A

LIBEREK A., SZLAGATYS-SIDORKIEWICZ A., KMIEĆ Z., JAKÓBKIEWICZ-BANECKA J., WIERZBICKI P., KŁOSKA A., MAREK A., KARTANOWICZ D., STANISŁAWOWSKI M., MAREK K., KAMIŃSKA B., WĘGRZYN G.

Role of transforming growth factor-beta1 (TGF- β) and its gene polymorphism in chronic hepatitis in children.

Konferencja Naukowo-Szkoleniowa Polskiego Towarzystwa Hepatologicznego pt. "Postępy w hepatologii". Wyróżnienie za pracę w sesji plakatowej.

Mikołajki 22-24. 06. 2008

Experimental & Clinical Hepatology. Abstract (2008) 4 (2): 18

Informacje o działalności IBB PAN za 2009 rok

opracowane zgodnie z zasadami określonymi decyzją Prezesa PAN

Informacje o działalności placówki PAN w 2009r.

I. Podstawowe dane:

I.1.	nazwa	ulica	nr	kod pocztowy		
	Instytut Biochemii i Biofizyki Polskiej Akademii Nauk	Pawińskiego	5a	02-106		
	miasto	tel. 1	tel.2	fax		
	Warszawa	22-592-21-45	22-592-21-41	22-592-21-90		
	www	e-mail	inne			
	www.ibb.waw.pl	secretariate@ibb.waw.pl				
	kategoria jednostki	data założenia placówki				
	I	14.03.1957				
I.2.	Dyrektor	tytuł	imię 1	imię 2	nazwisko	
		Prof. dr hab.	Piotr		Zielenkiewicz	
	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:

liczba ogółem (w roku sprawozdawczym)	w tym:						
	monografie	podręczniki	publikacje 1	publikacje 2	prace popularno-naukowe	doniesienia zjazdowe i konferencyjne	inne publikacje
268	0	6	95	12	0	155	0

II.1.1. Wykaz publikacji recenzowanych w czasopismach:

liczba ogółem	czasopismo/wydawca monografii	tytuł	autor	rok, tom, strona	punktacja
a) z listy filadelfijskiej					
1.	Journal of Biotechnology	Activity of the <i>AtMRP3</i> promoter in transgenic <i>Arabidopsis thaliana</i> and <i>Nicotiana tabacum</i> plants in increased by cadmium, nickel, arsenic, cobalt and lead but not by zinc and iron.	ZIENTARA K., WAWRZYŃSKA A.K., ŁUKOMSKA J., LOPEZ-MOYA J.R., LISZEWSKA F., ASSUNCAO A.G.L., AARTS M.G.M., SIRKO A.	(2009) 139: 258-263	20
2.	DNA Repair	Msh1p counteracts oxidative lesion-induced instability of mtDNA and stimulates mitochondrial recombination in <i>Saccharomyces cerevisiae</i> .	KANIAK A., DZIERZBICKI P., ROGOWSKA A.T., MALC E.P., FIKUS M., CIEŚLA Z.	(2009) 8: 318-329	24
3.	Microbiology	Verification of a topology model of PorT as an integral outer-membrane protein in <i>Porphyromonas gingivalis</i> .	NGUYEN K.A., ŻYLICZ J., SZCZĘSNY P., SROKA A., HUNTER N., POTEMPA J.	(2009) 155: 328-337	10
4.	Journal of Chemical Information and Modeling	Are thermodynamic and kinetic stabilities correlated? A topological index of reactivity toward electrophiles used as a criterion of aromaticity of polycyclic benzenoid hydrocarbons.	CIESIELSKI A., KRYGOWSKI T.M., CYRAŃSKI M.K., DOBROWOLSKI M.A., BALABAN A.T.	(2009) 49: 369-376	24
5.	Bioorganic & Medicinal Chemistry	Synthesis of new analogs of benzotriazole, benzimidazole and phthalimide-potential inhibitors of human protein kinase CK2.	NAJDA-BERNATOWICZ A., ŁEBSKA M., ORZESZKO A., KOPAŃSKA K., KRZYWIŃSKA E., MUSZYŃSKA G., BRETNER M.	(2009) 17: 1573-1578	20
6.	Journal of Applied Genetics	Mitochondria and aging: innocent bystanders or guilty parties?	TOŃSKA K., SOŁYGA A., BARTNIK E.	(2009) 50(1): 55-62	10
7.	Journal of Applied Microbiology	Functional expression of human HMG CoA reductase in <i>Saccharomyces cerevisiae</i> : a system to analyse normal and mutated version of the enzyme in the context of statin treatment.	WYSOCKA-KAPCIŃSKA M., LUTYK-NADOLSKA J., KILISZEK M., PŁOCHOCKA D., MACIĄG M., LESZCZYŃSKA A., RYTKA J., BURZYŃSKA B.	(2009) 106 : 895-902	20
8.	Insect Biochemistry and Molecular Biology	Glutathione-ascorbic acid redox cycle and thioredoxin reductase activity in the digestive tract of <i>Leptinotarsa decemlineata</i> (Say).	KRISHNAN N., KODRIK D., KLUDKIEWICZ B., SEHNAL F.	(2009) 39: 180-188	24
9.	Oncology Reports	Breast cancer as a mitochondrial disorder (Review).	PLAK K., CZARNECKA A.M., KRAWCZYK T., GOLIK P., BARTNIK E.	(2009) 21: 845-851	15

Akt.nauk.-publ.nauk.

10.	Journal of Peptide Science	<i>N</i> -(ureidoethyl)amides of cyclic enkephalin analogs.	CISZEWSKA M., KWASIBORSKA M., NOWAKOWSKI M., OLESZCZUK M., WÓJCIK J., CHUNG N.N., SCHILLER P.W., IZDEBSKI J.	(2009) 15: 312-318	20
11.	Bioorganic & Medicinal Chemistry	Fluorescence emission properties of 8-aza analogues of caffeine, theophylline, and related <i>N</i> -alkyl xanthines.	MĘDZA G., WIERZCHOWSKI J., KIERDASZUK B., SHUGAR D.	(2009) 17: 2585-2591	20
12.	Physiologia Plantarum	Role of polyisoprenoids in tobacco resistance against biotic stresses.	BAJDA A., KONOPKA-POSTUPOLSKA D., KRZYMOWSKA M., HENNIG J., SKORUPIŃSKA-TUDEK K., SURMACZ L., WÓJCIK J., MATYSIAK Z., CHOJNACKI T., SKORZYŃSKA-POLIT E., DRAŹKIEWICZ M., PATRZYLAŚ P., TOMASZEWSKA M., KANIA M., ŚWIST M., DANIKEWICZ W., PIOTROWSKA W., ŚWIEŻEWSKA E.	(2009) 135: 351-364	24
13.	Tetrahedron Letters	Stereoselective syntheses of heptaprenylphosphoryl β -D-arabino- and β -D-ribo-furanoses.	LIAN A., CIEPICHAŁ E., ŚWIEŻEWSKA E., BOBOVSKA A., DIANISKOVA P., BLASKO J., MIKUSOVA K., BRENNAN P.J.	(2009) 50: 2242-2244	20
14.	Chemical Communications	The Cu(II) complex of A β 40 peptide in ammonium acetate solutions. Evidence for ternary species formation.	RÓZGA M., PROTAS A.M., JABŁONOWSKA A.M., DADLEZ M., BAL W.	(2009): 1374-1376	24
15.	FEMS Yeast Research	The YTA7 gene is involved in the regulation of the isoprenoid pathway in the yeast <i>Saccharomyces cerevisiae</i> .	KURANDA K.K., GRABIŃSKA K., BERGES T., KARST F., LEBERRE V., SOKOL S., FRANCOIS J., PALAMARCZYK G.	(2009) 9: 381-390	24
16.	Acta Paediatrica	Correlation between severity of mucopolysaccharidoses and combination of the residual enzyme activity and efficiency of glycosaminoglycan synthesis.	PIOTROWSKA E., JAKÓBKIEWICZ-BANECKA J., TYLKI-SZYMAŃSKA A., CZARTORYSKA B., WĘGRZYN A., WĘGRZYN G.	(2009) 98: 743-749	20
17.	Biopolymers	Rapid communication the immunosuppressive activity and solution structures of ubiquitin fragments.	JAREMKO Ł., JAREMKO M., PASIKOWSKI P., CEBRAT M., STEFANOWICZ P., LISOWSKI M., ARTYM J., ZIMECKI M., ZHUKOV I., SZEWCZUK Z.	(2009) 91(6): 423-431	24
18.	Planta	Genetic analysis of functional redundancy of BRM ATPase and ATSWI3C subunits of <i>Arabidopsis</i> SWI/SNF chromatin remodelling complexes.	ARCHACKI R., SARNOWSKI T.J., HALIBART-PUZIO J., BRZESKA K., BUSZEWICZ D., PRYMAKOWSKA-BOSAK M., KONCZ C., JERZMANOWSKI A.J.	(2009) 229: 1281-1292	24
19.	International Journal of Food Microbiology	Analysis of the complete genome sequence of the lactococcal bacteriophage bIBB29.	HEJNOWICZ M.S., GOŁĘBIEWSKI M., BARDOWSKI J.K.	(2009) 131: 52-61	24
20.	Microbiology	ParB deficiency in <i>Pseudomonas aeruginosa</i> destabilizes the partner protein ParA and affects a variety of physiological parameters.	BARTOSIK A.A., MIERZEJEWSKA J., THOMAS C.M., JAGURA-BURDZY G.	(2009) 155: 1080-1092	10

21.	Acta Biochimica Polonica	Practical highly enantioselective synthesis of (R)- and (S)-(E)-4-hydroxynon-2-enal.	KOMISARSKI M., KACZMARSKA Z., KUŚMIEREK J.T.	(2009) 56(1): 189-193	10
22.	FEMS Yeast Research	The <i>Saccharomyces cerevisiae</i> protein Ccz1p interacts with components of the endosomal fusion machinery.	KUCHARCZYK R., HOFFMAN-SOMMER M., PIEKARSKA I., FISCHER von MOLLARD von G., RYTKA J.	(2009) 9: 565-573	24
23.	Fungal Genetics and Biology	The 2008 update of the <i>Aspergillus nidulans</i> genome annotation: a community effort.	WORTMAN J.R., GILSENAN J.M., JOARDAR V., DEEGAN J., CLUTTERBUCK J., ANDERSEN M.R., ARCHER D., BENCINA M., BRAUS G., COUTINHO P., DOHREN von H., DOONAN J., DRIESSEN A.J.M., DUREK P., ESPESO E., FEKETE E., FLIPPHI M., ESTRADA C.G., GEYSSENS S., GOLDMAN G., GROOT de P.W.J., HANSEN K., HARRIS S.D., HEINEKAMP T., HELMSTAEDT K., HENRISSAT B., HOFMANN G., HOMAN T., HORIO T., HORIUCHI H., JAMES S., JONES M., KARAFFA L., KARANYI Z., KATO M., KELLER N., KELLY D. E., KIEL J. A. K. W., KIM J.-M., KLEI van der I. J., KLIS F. M., KOVALCHUK A., KRASEVEC N., KUBICEK CH. P., LIU BO, MacCABE A., MEYER E., MIRABITO P., MISKEI M., MOS M., MULLINS J., NELSON D. R., NIELSEN J., OAKLEY B. R., OSMANI S. A., PAKULA T., PASZEWSKI A., PAULSEN I., PIŁSYK S., POCSI I., PUNT P.J., RAM A.F.J., REN Q., ROBLET X., ROBSON G., SEIBOTH B., SOLINGEN van P., SPECHT T., SUN J., TAHERI-TALES N., TAKESHITA N., USSERY D., vanKUYK P., VISSER H., VONDERVOORT van de P.J.I., VRIES de R.P., WALTON J., XIANG X., XIONG Y., ZENG A.P., BRANDT B.W., CORNELL M.J., HONDEL van den C.A.M.J.J., VISSER J., OLIVER S.G., TURNER G.	(2009) 46 (1) suppl. : S2-S13	24
24.	Current Genetics	Evaluation of the roles of Pol zeta NHEJ in starvation-associated spontaneous mutagenesis in the yeast <i>Saccharomyces cerevisiae</i> .	HAŁAS A., BARANOWSKA H., PODLASKA A., ŚLEDZIEWSKA-GÓJSKA E.	(2009) 55: 245-251	15
25.	Physiologia Plantarum	A novel splicing variant encoding putative catalytic α subunit of maize protein kinase CK2.	ŁEBSKA M., SZCZEGIELNIAK J., DOBROWOLSKA G., COZZA G., MORO S., MUSZYŃSKA G.	(2009) 136: 251-263	24
26.	Mutation Research-Fundamental and Molecular Mechanisms of Mutagenesis	Cockayne syndrome group B protein is engaged in processing of DNA adducts of lipid peroxidation product <i>trans</i> -4-hydroxy-nonenal.	MADDUKURI L., SPEINA E., CHRISTIANSEN M., DUDZIŃSKA D., ZAIM J., OBTUŁOWICZ T., KABACZYK S., KOMISARSKI M., BUKOWY Z., SZCZEGIELNIAK J., WÓJCIK A., KUŚMIEREK J.T., STEVNSNER T., BOHR V.A., TUDEK B.	(2009) 666: 23-31	24

27.	Current Genetics	The <i>Aspergillus nidulans</i> <i>pigP</i> gene encodes a subunit of GPI-N-acetylglucosaminyltransferase which influences filamentation and protein secretion.	PIŁSYK S., PASZEWSKI A.	(2009) 55: 301-309	15
28.	Biochimica et Biophysica Acta - Molecular Cell Research	Biochemical consequences in yeast of the human mitochondrial DNA 8992T>C mutation in the ATPase6 gene found in NARP/MILS patients.	KUCHARCZYK R., RAK M., DI RAGO J.-P.	(2009) 1793: 817-824	24
29.	Journal of Molecular Biology	Different behaviors in vivo of mutations in the β hairpin loop of the DNA polymerases of the closely related phages T4 and RB69.	TRZEMECKA A., PŁOCHOCKA D., BĘBENEK A.	(2009) 389: 797-807	24
30.	Journal of Bacteriology	In vivo interactions between toxin-antitoxin proteins epsilon and zeta of streptococcal plasmid pSM19035 in <i>Saccharomyces cerevisiae</i> .	ZIELENKIEWICZ U., KOWALEWSKA M., KACZOR C., CEGŁOWSKI P.	(2009) 191(11): 3677-3684	24
31.	Biophysical Chemistry	Equivalence of Mg^{2+} and Na^{+} ions in salt dependance of the equilibrium binding and dissociation rate constants of <i>Escherichia coli</i> RNA polymerase open complex.	ŁOZIŃSKI T., BOLEWSKA K., WIERZCHOWSKI K.L.	(2009) 142: 65-75	20
32.	Journal of Inorganic Biochemistry	Spectroscopic and thermodynamic determination of three distinct binding sites for Co(II) ions in human serum albumin.	SOKOŁOWSKA M., WSZELAKA-RYLIK M., POZNAŃSKI J., BAL J.	(2009) 103: 1005-1013	24
33.	Dalton Transactions	The structural effects of the Cys-S-S-Cys bridge exchange by the His-Cu(II)-His motif studied on natural peptides - a promising tool for natural compounds-based design.	BRASUŃ J., CEBRAT M., JAREMKO Ł., JAREMKO M., ILC G., GŁADYSZ O., ZHUKOV I.	(2009): 4853-4857	24
34.	Journal of Inorganic Biochemistry	Histidine analogues of oxytocin and vasopressin as efficient ligands for Zn^{2+} ions - Potentiometric and NMR studies.	BRASUŃ J., CEBRAT M., JAREMKO M., JAREMKO Ł., GŁADYSZ O., ZHUKOV I.	(2009) 103: 1033-1038	24
35.	British Journal of Haematology	Novel beta-spectrin mutations in hereditary spherocytosis associated with decreased levels of mRNA.	MACIĄG M., PŁOCHOCKA D., ADAMOWICZ-SALACH A., BURZYŃSKA B.	(2009) 146: 326-332	24
36.	Plant Physiology	The role of annexin 1 in drought stress in <i>Arabidopsis</i> ^[W] .	KONOPKA-POSTUPOLSKA D., CLARK G., GOCH G., DĘBSKI J., FLORAS K., CANTERO A., FIJOŁEK B., ROUX S., HENNIG J.	(2009) 150: 1394-1410	24
37.	Acta Biochimica Polonica	Mutational analysis of the AtNUDT7 Nudix hydrolase from <i>Arabidopsis thaliana</i> reveals residues required from protein quaternary structure formation and activity.	OLEJNIK K., PŁOCHOCKA D., GRYNBERG M., GOCH G., GRUSZECKI W. I., BASIŃSKA T., KRASZEWSKA E.	(2009) 56(2): 291-300	10

38.	Environmental Pollution	Ectopic expression of <i>Arabidopsis</i> ABC transporter MRP7 modifies cadmium root-to-shoot transport and accumulation.	WOJAS S., HENNIG J., PLAZA S., GEISLER M., SIEMIANOWSKI O., SKŁODOWSKA A., RUSZCZYŃSKA A., BULSKA E., ANTOSIEWICZ D.M.	(2009) 157: 2781-2789	24
39.	Molecular Vision	Quantification of dolichol in the human lens with different types of cataracts.	GAJJAR D., JÓŹWIAK A., KULA-ŚWIEŻEWSKA E., ALAPURE B., PARMAR T., JOHAR K., VASAVADA A.R.	(2009) 15: 1573-1579	24
40.	European Journal of Haematology	The use of real-time PCR technique in the detection of novel protein 4.2 gene mutations that coexist with thalassaemia alpha in a single patient.	MACIĄG M., ADAMOWICZ-SALACH A., SIWICKA A., SPYCHALSKA J., BURZYŃSKA B.	(2009) 83: 373-377	15
41.	Journal of Physical Organic Chemistry	Complexation of aminoglutethimide with native and modified cyclodextrins.	NOWAKOWSKI M., DŁUGOSZ M., TARASZEWSKA J., WÓJCIK J.	(2009) 22: 948-953	15
42.	Magnetic Resonance in Chemistry	Complete ^1H and ^{13}C signal assignment of prenol-10 with 3D NMR spectroscopy.	MISIAK M., KOŹMIŃSKI W., KWASIBORSKA M., WÓJCIK J., CIEPICHAŁ E., KULA-ŚWIEŻEWSKA E.	(2009) 47: 825-829	20
43.	Mutation Research - Fundamental and Molecular Mechanisms of Mutagenesis	Defective interaction between Pol2p and Dpb2p, subunits of DNA polymerase epsilon, contributes to a mutator phenotype in <i>Saccharomyces cerevisiae</i> .	JASZCZUR M., RUDZKA J., KRASZEWSKA J., FLIS K., POLACZEK P., CAMPBELL J.L., FIJAŁKOWSKA I.J., JONCZYK P.	(2009) 669: 27-35	24
44.	Antimicrobial Agents and Chemotherapy	Emergence of <i>Klebsiella pneumoniae</i> ST258 with KPC-2 in Poland.	BARANIAK A., IZDEBSKI R., HERDA M., FIETT J., HRYNIEWICZ W., GNIADKOWSKI M., KERN-ZDANOWICZ I., FILCZAK K., ŁOPACIUK U.	(2009) 4565-4567	24
45.	Applied and Environmental Microbiology	Intra- and interspecies conjugal transfer of Tn916-like elements from <i>Lactococcus lactis</i> in vitro and in vivo.	BOGUSŁAWSKA D.M., ŻYCKA-KRZESIŃSKA J., WILCKS A., BARDOWSKI J.K.	(2009) 75(19): 6352-6360	24
46.	Mutation Research - Fundamental and Molecular Mechanisms of Mutagenesis	Inactivation of the 20S proteasome maturase, Ump1p, leads to the instability of mtDNA in <i>Saccharomyces cerevisiae</i> .	MALC E.P., DZIERZBICKI P., KANIAK A., SKONECZNA A., CIEŚLA Z.	(2009) 669: 95-103	24
47.	Biochemical and Biophysical Research Communications	Physiological levels of glutathione enhance Zn(II) binding by a Cys4 zinc finger.	PIĄTEK K., HARTWIG A., BAL W.	(2009) 389: 265-268	20
48.	Critical Reviews in Microbiology	Bacteriophage-encoded functions engaged in initiation of homologous recombination events.	SZCZEPAŃSKA A.K.	(2009) 35(3): 197-220	24
49.	Amino Acids	The level of sulfane sulfur in the fungus <i>Aspergillus nidulans</i> wild type and mutant strains.	WRÓBEL M., LEWANDOWSKA I., BRONOWICKA-ADAMSKA P., PASZEWSKI A.	(2009) 37: 565-571	20
50.	Human Molecular Genetics	Direct and indirect roles of RECQL4 in modulating base excision repair capacity.	SCHURMAN S.H., HEDAYATI M., WANG Z.M., SINGH D.K., SPEINA E., ZHANG Y., BECKER K., MACRIS M., SUNG P., WILSON D.M.III, CROTEAU D.L., BOHR V.A.	(2009) 18: 3470-3483	24

51.	Journal of Mass Spectrometry	A mechanistic study on the fragmentation of peptide-derived Amadori products	STEFANOWICZ P., KAPCZYŃSKA K., JAREMKO M., JAREMKO Ł., SZEWCZUK Z.	(2009) 44:1500-1508	24
52.	Current Genetics	<i>Aspergillus nidulans</i> genes encoding reverse transsulfuration enzymes belong to homocysteine regulon.	SIEŃKO M., NATORFF R. OWCZAREK S., OLEWIECKI I., PASZEWSKI A.	(2009) 55: 561-570	15
53.	Australian Journal of Chemistry	Hindered rotation in new air-stable ruthenium olefin metathesis catalysts with chromanylmethylidene ligands.	HRYNIEWICKA A., MORZYCKI J.W., SIERGIEJCZYK L., WITKOWSKI S., WÓJCIK J., GRYFF-KELLER A.	(2009) 62: 1363-1370	24
54.	Acta Biochimica Polonica	Sulfate permeases - phylogenetic diversity of sulfate transport.	PIŁSYK S., PASZEWSKI A.	(2009) 56(3): 375-384	10
55.	European Journal of Cell Biology	Mutations in the <i>Saccharomyces cerevisiae</i> vacuolar fusion proteins Ccz1, Mon1 and Ypt7 cause defects in cell cycle progression in a <i>num1</i> Δ background.	HOFFMAN-SOMMER M., KUCHARCZYK R., PIEKARSKA I., KOZŁOWSKA E., RYTKA J.	(2009) 88: 639-652	20
56.	Journal of Peptide Science	Synthesis and receptor binding of opioid peptide analogues containing β^3 - <i>homo</i> -amino acids.	WILCZYŃSKA D., KOSSON P., KWASIBORSKA M., EJCHART A., OLMA A.	(2009) 15: 777-782	20
57.	Genome Research	Comparative genomic analyses of the human fungal pathogens <i>Coccidioides</i> and their relatives.	SHARPTON T.J., STAJICH J.E., ROUNSLEY S.D., GARDNER M.J., WORTMAN J.R., JORDAN V.S., MAITI R., KODIRA CH.D., NEAFSEY D.E., ZENG Q., HUNG C.Y., McMAHAN C., MUSZEWSKA A., GRYNBERG M., MANDEL M.A., KELLNER E.M., BARKER B.M., GALGIANI J.N., ORBACH M.J., KIRKLAND T.N., COLE G.T., HENN M.R., BIRREN B.W., TAYLOR J.W.	(2009) 19: 1722-1731	24
58.	Biochimica et Biophysica Acta - Molecular Cell Research	Yeast prion [PSI ⁺] lowers the levels of mitochondrial prohibitins.	SIKORA J., TOWPIK J., GRACZYK D., KISTOWSKI M., RUBEL T., POZNAŃSKI J., LANGRIDGE J., HUGHES CH., DADLEZ M., BOGUTA M.	(2009) 1793: 1703-1709	24
59.	Acta Biologica Cracoviensia. Series Botanica	Tocochromanols, plastoquinone and polyprenols in selected plant species from Chilean Patagonia.	STRZAŁKA K., SZYMAŃSKA R., ŚWIEŻEWSKA E., SKORUPIŃSKA-TUDEK K., SUWALSKY M.	(2009) 51(1): 39-44	10
60.	Molecular Microbiology	Role of <i>Escherichia coli</i> DNA polymerase I in chromosomal DNA replication fidelity.	MAKIEŁA-DZBEŃSKA K., JASZCZUR M., BANACH-ORŁOWSKA M., JONCZYK P., SCHAAPER R.M., FIJAŁKOWSKA I.J.	(2009) 74(5): 1114-1127	24
61.	Journal of Molecular Microbiology and Biotechnology	Plasmids derived from lambdoid bacteriophages as models for studying replication of mobile genetic elements responsible for the production of Shiga toxins by pathogenic <i>Escherichia coli</i> strains.	NEJMAN B., ŁOŚ J.M., ŁOŚ M., WĘGRZYN G., WĘGRZYN A.	(2009) 17: 211-220	20

62.	Microbial Pathogenesis	Differential efficiency of induction of various lambdoid prophages responsible for production of Shiga toxins in response to different induction agents.	ŁOŚ J.M., ŁOŚ M., WĘGRZYN G., WĘGRZYN A.	(2009) 47: 289-298	20
63.	Plasmid	Classification of plasmid vectors using replication origin, selection marker and promoter as criteria.	WANG Z., JIN L., YUAN Z., WĘGRZYN G., WĘGRZYN A.	(2009) 61: 47-51	15
64.	Acta Paediatrica	Correlation between severity of mucopolysaccharidoses and combination of the residual enzyme activity and efficiency of glycosaminoglycan synthesis.	PIOTROWSKA A., JAKÓBKIEWICZ-BANECKA J., TYLKI-SZYMAŃSKA A., CZARTORYSKA B., WĘGRZYN A.	(2009) 98: 743-749	20
65.	American Journal of Potato Research	Sequencing the potato genome: outline and first results to come from the elucidation of the sequence of the world's third most important food crop.	VISSER R.G.F., BACHEM CH.W.B., BOER DE J.M., BRYAN G.J., CHAKRABATI S.K., FEINGOLD S., GROMADKA R., HAM VAN R.C.H.J., HUANG S., JACOBS J.M.E., KUZNETSOV B., MELO DE P.E., MILBOURNE D., ORJEDA G., SAGREDO B., TANG X.	(2009) 86: 417-429	15
66.	Vaccine	Influenza recombinant vaccine: Matrix protein M1 on the platform of the adenovirus dodecahedron.	NASKALSKA A., SZOŁAJSKA E., CHAPEROT L., ANGEL J., PLUMAS J., CHROBOCZEK J.	(2009) 27: 7385-7393	24
67.	Environmental and Molecular Mutagenesis	Mutagenic potency of MMS-induced 1meA/3meC lesions in <i>E.coli</i> .	NIEMINUSZCZY J., MIELECKI D., SIKORA A., WRZESIŃSKI M., CHOJNACKA A., KRZAWICZ J., JANION C., GRZESIUŁ E.	(2009) 50: 791-799	24
68.	Physical Chemistry Chemical Physics	Graph-topological approach to magnetic properties of benzenoid hydrocarbons.	CIESIELSKI A., KRYGOWSKI T.M., CYRAŃSKI M.K., DOBROWOLSKI M.A., AIHARA J.	(2009) 11: 11447-11455	24
69.	Parasite Immunology	<i>Trichinella spiralis</i> infection enhances protein kinase C phosphorylation in guinea pig alveolar macrophages.	DZIK J.M., ZIELIŃSKI Z., CIEŚLA J. M., WAŁAJTYS-RODE E.	(2009) 32: 1-12	20
70.	Plant Science	Global analysis of gene expression in maize leaves treated with low temperature I. Moderate chilling (14 °C).	TRZCIŃSKA-DANIELEWICZ J., BILSKA A., FRONK J., ZIELENKIEWICZ P., JAROCHOWSKA E., ROSZCZYK M., JOŃCZYK M., AXENTOWICZ E., SKONECZNY M., SOWIŃSKI P.	(2009) 177: 648-658	20
71.	International Journal of Oncology	Efficacy and mechanism of anti-tumor action of new potential CK2 inhibitors toward glioblastoma cells.	KAMIŃSKA B., ELLERT-MIKLASZEWSKA A., OBERBEK A., WIŚNIEWSKI P., KAZA B., MAKOWSKA M., BRETNER M., KAZIMIERCZUK Z.	(2009) 35(5): 1091-1100	20
72.	Journal of Clinical Microbiology	International clones of <i>Klebsiella pneumoniae</i> and <i>Escherichia coli</i> with extended-spectrum β -lactamases in a Czech hospital.	HRABAK J., EMPEL J., BERGEROVA T., FAJFRLIK K., URBASKOVA P., KERN-ZDANOWICZ I., HRYNIEWICZ W., GNIADKOWSKI M.	(2009) 47(10): 3353-3357	24

73.	BMC Bioinformatics	The High Throughput Sequence Annotation Service (HT-SAS) - the shortcut from sequence to true Medline words.	KACZANOWSKI S., SIEDLECKI P., ZIELENKIEWICZ P.	(2009) 10: 148 (7 p./electronic only)	24
74.	Current Opinion in Investigational Drugs	Bacteriophage therapy for the treatment of infections.	GÓRSKI A., MIĘDZYBRODZKI R., BORYSOWSKI J., WEBER-DĄBROWSKA B., ŁOBOCKA M.B., FORTUNA W., LETKIEWICZ S., ZIMECKI M., FILBY G.	(2009) 10(8): 766-774	
75.	Acta Biochimica Polonica	Evaluation of mixed-salt effects on thermodynamic and kinetic parameters of RNA polymerase-promoter DNA complexes in terms of equivalent salt concentrations. General applicability to DNA complexes.	ŁOZIŃSKI T., WIERZCHOWSKI K.L.	(2009) 56(4): 697-704	10
76.	Acta Biochimica Polonica	Elements regulating <i>Potato leafroll virus</i> sgRNA1 translation are located within the coding sequences of the coat protein and read-through domain.	ŁONIEWSKA-LWOWSKA A., CHEŁSTOWSKA S., ZAGÓRSKI-OSTOJA W., PAŁUCHA A.	(2009) 56(4): 619-625	10
77.	Journal of Molecular Biology	Posttranslational modifications affect the interaction of S100 proteins with tumor suppressor p53.	DIECK VAN J., TEUFEL D.P., JAULENT A.M., FERNANDEZ-FERNANDEZ M.R., RUTHERFORD T.J., WYSŁOUCH-CIESZYŃSKA A., FERSHT A.R.	(2009) 394: 922-930	24
78.	Acta Biochimica Polonica	Mechanosensitivity of cell membrane may govern creep-strain recovery, osmotic expansion and lysis.	PAWŁOWSKI P.H.	(2009) 56(3): 471-480	10
79.	Proteome Science	Proteins recruited by SH3 domains of Ruk/CIN85 adaptor identified by LC-MS/MS.	HAVRYLOV S., RZHEPETSKYY Y., MALINOWSKA A., DROBOT L., REDOWICZ M.J.	(2009) 7:21 (19p./electronic only)	
80.	Journal of Proteomics	Identification of proteins co-purifying with scrapie infectivity.	PETRAKIS S., MALINOWSKA A., DADLEZ M., SKLAVIADIS T.	(2009) 72(4): 690-694	
81.	Proteomics Clinical Applications	An integrated LC-ESI-MS platform for quantitation of serum peptide ladders. Application for colon carcinoma study.	BAKUN M., KARCMARSKI J., POZNAŃSKI J., RUBEL T., RÓZGA M., MALINOWSKA A., SANDS D., HENNIG E., OŁĘDZKI J., OSTROWSKI J., DADLEZ M.	(2009) 3(8): 932-946	10
82.	Computers in Biology and Medicine	Classification of peptide mass fingerprint data by novel no-regret boosting method.	GAMBIN A., SZCZUREK E., DUTKOWSKI J., BAKUN M., DADLEZ M.	(2009) 39(5): 460-473	20
83.	Expert Review of Proteomics	Proteomic technology in the design of new effective antibacterial vaccines.	JAGUSZTYN-KRYNICKA E.K., DADLEZ M., GRABOWSKA A., ROSZCZENKO P.	(2009) 6(3) 315-330	24
84.	Acta Biochimica Polonica	Methods in Molecular Biology; vol. 474. Nanostructure Design: Methods and Protocols, Ehud Gazit and Ruth Nussinov, Ed. Humana Press 2008. 267 pp. ISSN: 1064-3745. Book review.	WIERZCHOWSKI K.L., PAWŁOWSKI K.	(2009) 56(2): 371-373	10

85.	PLoS Pathogens	The signal for signaling, found.	GRYNBERG M., GODZIK A.	(2009) 5(4): e1000398 (2 p./electronic only)	24
86.	Insect Biochemistry and Molecular Biology	Structure and expression of the silk adhesive protein Ser2 in <i>Bombyx mori</i> .	KŁUDKIEWICZ B., TAKASU Y., FEDIC R., TAMURA T., SEHNAL F., ZUROVEC M.	(2009) 39: 938-946	24
87.	Folia Microbiologica	Probiotic Lactobacillus strains: <i>in vitro</i> and <i>in vivo</i> studies.	CUKROWSKA B., MOTYL I., KOZÁKOVÁ H., SCHWARZER M., GÓRECKI R.K., KLEWICKA E., ŚLIŻEWSKA K., LIBUDZISZ Z.	(2009) 54(6): 533-537	15
88.	Cell Cycle	Control of RNA polymerases I and III by the TOR signaling pathway.	BOGUTA M.	(2009) 8(24) 4023-4024	20
b) zagranicznych					
1.	International Journal of Biological Sciences	Nucleotide excision repair and recombination are engaged in repair of <i>trans</i> -4-hydroxy-2-nonenal adducts to DNA bases in <i>Escherichia coli</i> .	JANOWSKA B., KOMISARSKI M., PROROK P., SOKOŁOWSKA A., KUŚMIEREK J.T., JANION C., TUDEK B.	(2009) 5(6): 611-620	
2.	International Archives of Medicine	Common mitochondrial polymorphisms as risk for endometrial cancer.	CZARNECKA A., KLEMB A., SEMCZUK A., PLAK K., MARZEC B., KRAWCZYK T., KOFLER B., GOLIK P., BARTNIK E.	(2009) 2: 33 (12p./electronic only)	
3.	BMC Biochemistry	A novel method for screening the glutathione transferase inhibitors.	WANG Z., JIN L., WĘGRZYN G., WĘGRZYN A.	(2009) 10: 6 (11 p./electronic only)	
4.	PLoS ONE	Adenovirus dodecahedron, as a drug delivery vector.	ŻOCHOWSKA M., PACA A., SCHOEHN G., ANDRIEU J.P., CHROBOCZEK J., DUBLET B., SZOŁAJSKA E.	(2009) 4(5): e5569 (12 p./electronic only)	
5.	Database	CilDb: a knowledgebase for centrosomes and cilia.	ARNAIZ O., MALINOWSKA A., KLOTZ C., SPERLING L., DADLEZ M., KOLL F., COHEN J.	(2009) 2009: bap022 (14 p./electronic only)	
6.	PLoS ONE	Peroxisomal 6 fails to limit phospholipid peroxidation in lung from <i>Ctfr</i> -knockout mice subjected to oxidative challenge.	TRUDEL S., KELLY M., FRITSCH J., NGUYEN-KHOA T., THEROND P., COUTURIER M., DADLEZ M., DĘBSKI J., TOUQUI L., VALLEE B., OLLERO M., EDELMAN A., BROUILLARD F.	(2009) 4(6): e6075 (13 p./electronic only)	
7.	PLoS ONE	Investigating the effects of statins on cellular lipid metabolism using a yeast expression system.	LESZCZYŃSKA A., BURZYŃSKA B., PŁOCHOCKA D., KAMIŃSKA J., ZIMNICKA M., KANIA M., KILISZEK M., WYSOCKA-KAPCIŃSKA M., DANIKIEWICZ W., SZKOPIŃSKA A.	(2009) 4(12): e8499 (6 p./electronic only)	
c) polskich o zasięgu co najmniej krajowym					
1.	Postępy Biochemii	Wykorzystanie systemów roślinnych do produkcji rekombinowanych cytokin.	GÓRA-SOCHACKA A., REDKIEWICZ P.A., NAPIÓRKOWSKA B., SIRKO A.	(2009) 55 (1): 85-94	4
2.	Kosmos	Pochodzenie i ewolucja genomu mitochondrialnego.	GOLIK P.	(2009) 58(3/4): 547-554	4
3.	Medical Tribune	Bezpieczeństwo w różnorodności.	BIERNACKA E., BARDOWSKI J.K.	(2009) 5: 28	

4.	Medycyna Wieku Rozwojowego	Mutacja C1155G genu dehydrogenazy-6-glukozy-fosforanowej krwinek czerwonych u chorego z ciężką wrodzoną niesferocytową niedokrwistością hemolityczną.	BURZYŃSKA B., ADAMOWICZ-SALACH A., PŁOCHOCKA D., GOŁASZEWSKA E., WITOS I.	(2009) XIII, 2 str.136-139	6
5.	Neurologia i Neurochirurgia Polska	Cytopatie mitochondrialne: charakterystyka kliniczna, morfologiczna i genetyczna. Mitochondrial cytopathies: clinical, morphological and genetic characteristics.	KIERDASZUK B. JAMROZIK Z., TOŃSKA K., BARTNIK E., KALISZEWSKA M., KAMIŃSKA A., KWIECIŃSKI H.	(2009) 43(3): 216-227	6
6.	Postępy Mikrobiologii	Prokarioty redukujące Fe(III): klasyfikacja, występowanie, mechanizmy redukcji Fe(III), rola ekologiczna i znaczenie biotechnologiczne.	SIKORA A., BŁASZCZYK M.	(2009) 48(2): 105-124	4
7.	Kosmos	Ludzki genom mitochondrialny.	BARTNIK E.	(2009) 58 (3/4): 284-285	4
8.	Kosmos	Czy jesteśmy scale-free?	PAWŁOWSKI P.H.	(2009) 58(1/2): 89-95	4
9.	Nefrologia i Dializoterapia Polska	Proteomika w uronofrologii - nowe perspektywy diagnostyki nieinwazyjnej?	LEWANDOWICZ A., BAKUN M., IMIELA J., DADLEZ M.	(2009) 13(1): 15-21	2
10.	Academia	Dziedziczenie doskonałe.	DMOWSKI M.	(2009) 2(18) 8-11	
11.	Academia	Epsilon kontra Zeta.	ZIELENKIEWICZ U., DMOWSKI M.	(2009) 1(17) 38-39	
12.	Pediatrya po Dyplomie	Morfologia krwi obwodowej u 9-letniego chłopca wielokrotnie leczonego preparatami żelaza i witaminami krwiotwórczymi.	SZKIŁŁADŹ-SKIBA M., JACKOWSKA T., BURZYŃSKA B.	(2009) 13(5): 91-94	2
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	język
a) autorstwo monografii lub podręcznika w jęz. obcym					
0					
b) autorstwo monografii lub podręcznika w jęz. polskim					polski
0					polski
					polski
c) autorstwo rozdziału w monografii lub podręczniku w jęz. obcym					
1.	Cellular respiration and carcinogenesis. Ed. S.P. Apte, R. Sarangarajan.Springer, Humana Press	Mitochondrial DNA mutations tumors.	CZARNECKA A., BARTNIK E.	2009, p.119-129	angielski

2.	Sulfur Metabolism in Plants. Regulatory Aspects, Significance of Sulfur in the Food Chain, Agriculture and the Environment. Ed. A. Sirko, L.J. De Kok, S. Haneklaus, M.J. Hawkesford, H. Rennenberg, K. Saito, E. Schung and I. Stulen. Backhuys Publishers, Leiden, ISBN 978-3-8236-1547-7	Sulfur metabolism in <i>Aspergillus nidulans</i> : pathways and regulation.	PASZEWSKI A., NATORFF R., SIEŃKO M., BRZYWCZY J., LEWANDOWSKA I.	2009, p.279-283	angielski
3.	Nuclear Magnetic Resonance. Ed. G. A. Webb. RSC Publishing	Applications of spin-spin couplings.	KAMIENSKA-TRELA K., WÓJCIK J.	2009, 38: 194-242	angielski
4.	Sulfur Metabolism in Plants. Regulatory Aspects, Significance of Sulfur in the Food Chain, Agriculture and the Environment. Ed. A. Sirko, L.J. De Kok, S. Haneklaus, M.J. Hawkesford, H. Rennenberg, K. Saito, E. Schung and I. Stulen. Backhuys Publishers, Leiden, ISBN 978-3-8236-1547-7	Identification of additional genes regulated by sulfur shortage in tobacco.	LEWANDOWSKA M., SIRKO A.	2009, p.73-77	angielski
5.	Sulfur Metabolism in Plants. Regulatory Aspects, Significance of Sulfur in the Food Chain, Agriculture and the Environment. Ed. A. Sirko, L.J. De Kok, S. Haneklaus, M.J. Hawkesford, H. Rennenberg, K. Saito, E. Schung and I. Stulen. Backhuys Publishers, Leiden, ISBN 978-3-8236-1547-7	Influence of short term sulfur starvation on photosynthesis-related compounds and process in tobacco.	LEWANDOWSKA M., BAJDA A., KULA-ŚWIEŻEWSKA E., SIRKO A.	2009, p.79-83	angielski

6.	Transfer von Wissen und Kulturmustern im Zeitalter der Globalisierung. Publikacje Societas Humboldtiana Polonorum v.14. Herausgegeben von Aleksander Strasburger, Witold Kosiński und Wojciech Ziętara, ISBN 978-83-923622-4-1	Free radicals - defenders or killers of the organisms	POLKOWSKA-KOWALCZYK L., KOWALCZYK PAWEŁ, TUDEK B., WIELGAT B.	2009, vol. 14, p. 259-265	angielski
d) autorstwo rozdziału w monografii lub podręczniku w jęz. polskim					polski
0					polski
					polski
e) redakcja monografii lub podręcznika					
0					

II. Aktywność naukowa placówki

II.2. Realizowane projekty badawcze

		Projekty badawcze				okres realizacji		Koszt projektu
II.2.1. realizowane w ramach działalności statutowej placówki	Tytuł projektu	Kierownik projektu				rok pocz.	rok.końc.	
		Tytuł	Imię 1	Imię 2	Nazwisko			
	Biotechnologiczne zastosowanie reakcji hydrolizy wiązania peptydowego z zastosowaniem jonów niklu (II) – nowa metoda odcinania C-terminalnych etykiet powinowactwa.	mgr	Agnieszka		Belczyk	2009	2009	5 000,00 zł
Ogółem	Poszukiwanie znaczenia wewnątrzgenowych oraz białkowych oddziaływań domen A i BC oraz regulacja aktywności Maf1 w różnorodnych warunkach represji transkrypcji zależnej od polimerazy III RNA w komórkach <i>Saccharomyces cerevisiae</i> .	mgr	Anna		Gajda	2009	2009	7 000,00 zł
21	Wpływ Dpb2p, niekatalitycznej podjednostki polimerazy ϵ (Pol ϵ), na kształtowanie wierności replikacji w komórkach <i>Saccharomyces cerevisiae</i> .	mgr	Marta		Garbacz	2009	2009	7 000,00 zł
	Potranslacyjne modyfikacje efektorów HopQ1-1, oraz poszukiwanie komponentów białkowych z nim oddziałujących.	mgr	Fabian		Giska	2009	2009	7 000,00 zł
	Badanie wpływu fosforylacji na zdolność białka AtSGT1b do wiązania łańcuchów poliubikwitynowych.	mgr	Rafał		Hoser	2009	2009	5 000,00 zł
	Analiza funkcjonalna ORF 19.2187 <i>Candida albicans</i> .	mgr	Mateusz		Juchimiuk	2009	2009	7 000,00 zł
	Wgląd w proces ubikwitynylation. Próba rekonstrukcji mechanizmu działania enzymu E1 w roztworze przy użyciu spektroskopii NMR.	mgr	Mariusz		Jaremkowski	2009	2009	7 000,00 zł
	Identyfikacja białek chromatynowych <i>Arabidopsis</i> oddziałujących z histonem H3 fosforylowanym na serynie 10.	mgr	Daniel		Buszewicz	2009	2009	5 000,00 zł
	Badanie mechanizmu aktywacji oraz roli kinazy SnRK2 w odpowiedzi rośliny na kadm.	mgr	Anna		Jaworska	2009	2009	5 000,00 zł

Rola polimerazy η w replikacji nieuszkodzonej matrycy chromosomowego DNA w szczepach <i>Saccharomyces cerevisiae</i> .	mgr	Joanna		Kraszewska	2009	2009	5 000,00 zł
Wykorzystanie drożdży <i>Saccharomyces cerevisiae</i> jako organizmu modelowego do analizy zmian genetycznych ludzkiej reduktazy HMG-CoA w kontekście leczenia statynami.	mgr	Agata		Leszczyńska	2009	2009	5 000,00 zł
Analiza retrotranspozonów LTR u nitkowatych workowców pod kątem kodowanych białek.	mgr	Anna		Muszevska	2009	2009	5 000,00 zł
Wykonanie reakcji AFLP, w celu stworzenia mapy sprzężeń genomu i wykrycia genetycznego czynnika determinującego płęć u jesiotra ostronosego (<i>Acipenser oxyrinchus</i>).	mgr	Hanna		Panagiotopoulou	2009	2009	5 000,00 zł
Wpływ glutationu na zdolność wiązania jonów metali przez palec cynkowy XPA.	mgr	Katarzyna		Piątek	2009	2009	5 000,00 zł
Badanie aktywności egzorybonukleolitycznej drożdżowego białka Pet127.	mgr	Olga		Puchta	2009	2009	7 000,00 zł
Wpływ spinki dityrozynowej na neurotoksyczność oligomerów peptydu A β .	mgr	Ewa		Sitkiewicz	2009	2009	7 000,00 zł
Wpływ drożdżowego kompleksu GINS, na wierność procesu replikacji DNA.	mgr	Urszula		Wrońska	2009	2009	7 000,00 zł
Ccz1, białko niezbędne w procesie sporulacji drożdży <i>Saccharomyces cerevisiae</i> .	mgr	Iga		Piekarska	2009	2009	5 000,00 zł
Wykorzystanie dodekahedronu adenowirusowego do wprowadzania czynników terapeutycznych do tkanek nowotworowych.	mgr	Monika		Żochowska	2009	2009	7 000,00 zł
Identyfikacja i charakterystyka kompleksów ternarnych peptydu A β 40.	mgr	Małgorzata		Różga	2009	2009	5 000,00 zł
Badanie roli kinazy SIPK z <i>Nicotiana tabacum</i> w regulacji funkcji białka SGT1	mgr	Rafał		Hoser	2008	2009	5 000,00 zł

II.2.2. własne (granty)	Tytuł projektu	Kierownik projektu				okres realizacji		Koszt projektu
		Tytuł	Imię 1	Imię 2	Nazwisko	rok pocz.	rok.końc.	
Ogółem	Budowa i optymalizacja mikrobiologicznych ogniw paliwowych z udziałem mikroorganizmów żwacza oraz bakterii redukujących metale.	dr	Anna		Sikora	2005	2009	345 000,00 zł
53	Rola aneksyn w percepcji i przekazywaniu sygnału wapniowego w komórkach <i>Arabidopsis thaliana</i> w odpowiedzi na zmiany środowiskowe.	dr	Dorota		Konopka-Podstupolska	2005	2009	280 000,00 zł
	Sprecyzowanie roli białka Irr1, elementu kompleksu kohezyjnego chromatyd siostrzanych, w podziałach mototycznych i mejotycznych z wykorzystaniem drożdży <i>Saccharomyces cerevisiae</i> jako organizmu modelowego.	dr hab.	Anna		Kurlandzka	2006	2009	289 600,00 zł
	Mechanizm fuzji błon. Rola Białka Ccz1 w procesie transportu pęcherzykowego w komórkach drożdży <i>S. cerevisiae</i> .	dr	Róża		Kucharczyk	2006	2009	258 000,00 zł
	Udział polimerazy I DNA w replikacji chromosomu <i>Escherichia coli</i> .	prof. dr hab.	Iwona		Fijałkowska	2006	2009	310 800,00 zł
	Fitopatologiczna oraz fenotypowa analiza roślin tytoniu o zmodyfikowanym wzorze fosforylacji białek.	dr	Magdalena		Krzymowska	2006	2009	299 000,00 zł
	Funkcje białek uczestniczących w przebudowie chromatyny w odpowiedzi obronnej i reakcji na stresy środowiskowe u roślin.	dr	Tomasz		Sarnowski	2006	2009	140 000,00 zł
	Analiza mechanizmów kontrolujących stabilność ppolimerazy DNA eta w komórkach drożdży <i>S. cerevisiae</i> .	doc. dr hab.	Ewa		Śledziwska-Gójska	2006	2009	250 000,00 zł
	Optymalizacja właściwości biokontrolnych grzybów z rodzaju <i>Trichoderma</i> .	doc. dr hab.	Joanna		Kruszewska	2006	2009	387 920,00 zł
	Zastosowanie technologii mikromacierzowej do identyfikacji genów drożdży <i>Saccharomyces cerevisiae</i> odpowiedzialnych za stabilność genomu.	dr	Adrianna		Skoneczna	2006	2009	290 051,00 zł

Ziarna kefirowe jako kompleksowy ekosystem w produkcji żywności - identyfikacja różnorodności biologicznej genów, mikroorganizmów oraz substancji antybiotycznych.	prof. dr hab.	Jacek		Bardowski	2006	2009	234 000,00 zł
Regulacja procesu asymilacji siarki u <i>Burholderia cenocepacia</i> .	prof. dr hab.	Monika		Hryniewicz	2007	2010	221 000,00 zł
Wykorzystanie bakterii mlekowych jako bioreaktorów do syntezy neuropeptydów i wywoływania tolerancji pokarmowej u szczurów z EAE.	prof. dr hab.	Jacek		Bardowski	2007	2010	285 000,00 zł
Regulacja transkrypcji tRNA u drożdży <i>Saccharomyces cerevisiae</i> .	prof. dr hab.	Magdalena		Boguta	2007	2010	310 000,00 zł
Potencjał reperacyjny genomu mitochondrialnego a długowieczność niedzielać się komórek drożdży <i>Saccharomyces cerevisiae</i> .	prof. dr hab.	Zygmunt		Cieśla	2007	2010	250 000,00 zł
Zidentyfikowanie i sklonowanie w drożdżach <i>saccharomyces cerevisiae</i> genu kodującego tRNA rozpoznające kodon GCG dla alaniny.	dr	Krzysztof		Flis	2007	2009	148 200,00 zł
Oddziaływanie terminalnego białka wirusa Y ziemniaka, VPg, ze składnikami komórek gospodarza.	dr hab.	Jadwiga		Chroboczek	2007	2010	390 000,00 zł
Badanie roli białka Emp24 w tworzeniu pęcherzyków transportujących typu COP-I w aparacie Golgiego u drożdży <i>S. cerevisiae</i> .	dr	Joanna		Kamińska	2007	2011	275 000,00 zł
Poszukiwanie i charakterystyka genów zaangażowanych w procesy płciowe u orzęska <i>Paramecium tetraurelia</i> .	dr	Robert		Gromadka	2007	2010	300 000,00 zł
Mechanizm regulacji transportu jądrowo-cytoplazmatycznego tRNA przez ligazę ubikwintynową Rsp5 u drożdży.	prof. dr hab.	Teresa		Żołądek	2007	2010	285 000,00 zł
Badanie wierności replikacji mutantów polimerazy DNA faga RB69.	dr	Anna		Bębenek	2007	2010	300 000,00 zł

Badanie wpływu inaktywacji genów regulatorowych <i>ccpA</i> i <i>yebF</i> oraz nabycia genów zlokalizowanych na plazmidzie pIL7 na funkcje metaboliczne <i>Lactococcus lactis</i> w globalnym podejściu proteomicznym.	dr	Magdalena		Kowalczyk	2007	2010	350 000,00 zł
S-nitrozylacja białek oraz fosforylacja zależna od kinazy Cdk5 - badania proteomiczne frakcji synaprosomalnej myszy transgenicznnych będących modelem choroby Alzheimerera.	prof. dr hab.	Michał		Dadlez	2007	2010	463 000,00 zł
Udział kinaz należnych do rodziny SnRK2 (SNF1-related protein kinase 2) w odpowiedzi rośliny na stres abiotyczny. Analiza funkcji i regulacji aktywności pod wpływem stresu.	doc. dr hab.	Grażyna		Dobrowolska	2007	2010	325 000,00 zł
Identyfikacja systemów metabolicznych kodowanych na 7 plazmidach w komórkach <i>Lactococcus lactis</i> IL594.	dr	Marcin		Grynberg	2007	2010	253 000,00 zł
Charakterystyka funkcji i oddziaływań białek systemu dsb Epsilonproteobacteria (<i>Campylobacter jejuni</i> , <i>Campylobacter coli</i> , <i>Campylobacter lari</i> i <i>Helicobacter pulori</i>). Część zadania nr 5 harmonogramu.	prof. dr hab.	Michał		Dadlez	2008	2010	29 500,00 zł
Szlaki naprawy uszkodzeń DNA indukowanych przez produkt peroksydacji lipidów <i>yrans</i> -4-hydroksy-2-nonenal i ich rola w stabilności genomu i procesach starzenia.	prof. dr hab.	Barbara		Tudek	2008	2011	360 000,00 zł
Transgeniczne rośliny tytoniu o niskiej zawartości alkaloidów jako źródło zrekombinowanych białek cytokin IL-2 i GMCSF oraz ich fuzji z antygenami szczepionkowymi.	dr	Anna		Góra-Sochacka	2008	2011	279 500,00 zł
Badania właściwości strukturalnych białka S100A1 jako łącznika pomiędzy dwoma szlakami sygnałowymi: wapniowym i oksydacyjno-redukcyjnym.	prof. dr hab.	Andrzej		Ejchart	2008	2011	183 950,00 zł
Badania szlaków sygnałowych w różnych typach interakcji genotypów <i>Solanum</i> z <i>Phytophthora infestans</i> .	dr	Lidia		Polkowska-Kowalczyk	2008	2011	297 400,00 zł

Analiza polimorfizmu genetycznego certy (<i>Vimba vimba</i>) w związku z programem restytucji tego gatunku.	dr	Anna		Stanković	2008	2010	230 000,00 zł
Segregacja chromosomów u <i>Pseudomonas aeruginosa</i> - rola białek ParA/ParB i wybranych białek gospodarza w tym procesie.	prof. dr hab.	Grażyna		Jagura-Burdzy	2008	2011	271 200,00 zł
Analiza funkcjonalna produktów genów At1g11780, At3g14160 i At5g01780 <i>Arabidopsis thaliana</i> – homologów strukturalnych bakteryjnego białka AlkB.	prof. dr hab.	Elżbieta		Grzesiuk	2008	2011	256 400,00 zł
Charakterystyka roli wybranych białek kodowanych przez geny indokowane w roślinach w odpowiedzi na niedobór siarki w podłożu.	prof. dr hab.	Agnieszka		Sirko	2008	2011	350 000,00 zł
Rola białka Nudix AtNUDT7 w odpowiedzi roślin na stres.	dr	Elżbieta		Kraszevska	2008	2011	330 800,00 zł
Badanie szlaków sygnałowych zranienia z udziałem ZmCPK11 u kukurydzy.	dr	Jadwiga		Szczegielniak	2008	2011	250 000,00 zł
Odpowiedź obronna a program rozwojowy roślin - badanie roli białka SGT1 w przeciwstawnej regulacji tych procesów.	dr	Magdalena		Krzymowska	2008	2011	299 000,00 zł
Strukturalna analiza N-końcowego obszaru białka Dis3 (Rrp44) odpowiedzialnego za nową endonukleolityczną aktywność głównej rybonukleazy organizmów eukariotycznych, kompleksu egzozomu.	dr	Igor		Zhukov	2009	2012	494 000,00 zł
Analiza funkcjonalna ludzkiego kompleksu egzozomu będącego podstawą egzorybonukleazą organizmów eukariotycznych.	dr	Rafał		Tomecki	2009	2011	400 000,00 zł
Analiza metagenomiczna zespołu bakterii prowadzących fermentację wodorową w hodowli ciągłej na substratach odpadowych oraz ilościowe i jakościowe oznaczenia końcowych niegazowanych produktów fermentacji.	dr	Urszula		Zielenkiewicz	2009	2011	300 000,00 zł

Mechanizmy kontrolujące w komórkach drożdży <i>S. cerevisiae</i> poziom polimerazy eta-polimerazy DNA tolerującej uszkodzenia matrycy.	dr	Justyna		McIntyre	2009	2012	300 000,00 zł
Zastosowanie technologii mikromacierzowej do identyfikacji genów drożdży <i>Saccharomyces cerevisiae</i> odpowiedzialnych za naprawę dwuniciowych pęknięć DNA.	dr	Adrianna		Skoneczna	2009	2011	353 016,00 zł
Zastosowanie narzędzi genomiki funkcjonalnej w celu charakterystyki różnych form odporności ziemniaka (<i>Solanum tuberosum</i> L.) na infekcje wirusa PVY.	prof. dr hab.	Jacek		Hennig	2009	2012	468 000,00 zł
Struktura i funkcja genu kodującego ZmCPK11.	prof. dr hab.	Grażyna		Muszyńska	2009	2012	267 000,00 zł
Zmiany profilu białkowego i transkrypcyjnego w mutantach regulatorowych <i>Aspergillus nidulans</i> jako konsekwencja nadprodukcji lub niedoboru związków siarkowych.	prof. dr hab.	Andrzej		Paszewski	2009	2012	406 900,00 zł
Udział kompleksu GINS w kontroli wierności replikacji DNA.	prof. dr hab.	Piotr		Jonczyk	2009	2012	300 000,00 zł
Analiza funkcjonalna regionów centromerowych oraz zakresu partycyjnego plazmidu pSM19035.	dr	Michał		Dmowski	2009	2012	325 000,00 zł
Poliizoprenoidy - biosynteza oraz rola produktów ich utleniania.	prof. dr hab.	Ewa		Świeżewska	2009	2012	320 000,00 zł
Rola histonu H1 w zależnym od polycomb mechanizmie pamięci komórkowej.	dr	Szymon		Świeżewski	2009	2012	406 500,00 zł
Wpływ niekatalitycznej podjednostki holoenzymu polimerazy DNA epsilon, białka Dpb2, na wierność replikacji DNA w drożdżach <i>Saccharomyces cerevisiae</i> .	dr	Małgorzata		Jaszczur	2009	2011	208 000,00 zł
Koordinacja transkrypcji, dojrzewania i kontroli trwałości eukariotycznych t RNA.	dr	Joanna		Towpik	2009	2012	420 000,00 zł

II.2.3. promotorskie	Tytuł projektu	Kierownik projektu				okres realizacji		Koszt projektu
		Tytuł	Imię 1	Imię 2	Nazwisko	rok pocz.	rok.końc.	
Ogółem	Identyfikacja i charakterystyka białek uczestniczących w adsorpcji pomiędzy bakteriofagiem bIBB29 a bakteriami <i>Lactococcus lactis</i> .	prof. dr hab.	Jacek		Bardowski	2007	2009	40 000,00 zł
16	Badanie mechanizmów odpowiedzi roślin na stres biotyczny - rola białka NUDT7 w przekazywaniu sygnałów.	prof. dr hab.	Jerzy		Buchowicz	2007	2009	50 000,00 zł
	Hamowanie replikacji wirusa zapalenia wątroby typu C (HCV) przez inhibitory helikazy wirusowej.	prof. dr hab.	Włodzimierz		Zagórski	2007	2010	50 000,00 zł
	Rola peroksydacji lipidów w syndromie Wernera. (promotorski)	prof. dr hab.	Barbara		Tudek	2007	2009	50 000,00 zł
	Ekspresja, charakterystyka i modyfikacja wirusopodobnych cząsteczek wirusa liściozwoju ziemniaka.	prof. dr hab.	Włodzimierz		Zagórski	2007	2009	50 000,00 zł
	Charakterystyka oraz ustalenie roli oddziaływania białek hSuv3p i p32.	prof. dr hab.	Ewa		Bartnik	2007	2009	50 000,00 zł
	Poszukiwanie partnerów komórkowych ParA i ParB w <i>Pseudomonas aeruginosa</i> .	prof. dr hab.	Grażyna		Jagura-Burdzy	2007	2010	60 000,00 zł
	Rola enzymów XRN2 i XRN3 w dojrzewaniu i degradacji RNA u <i>Arabidopsis thaliana</i> .	dr hab.	Joanna		Kufel	2007	2009	50 000,00 zł
	Analiza transkryptomu roślin ziemniaka (<i>Solanum Tuberosum</i> L.) odpornych na infekcję wirusa PVY ^N .	prof. dr hab.	Jacek		Hennig	2007	2009	50 000,00 zł
	Wpływ polimerazy I DNA na wierność replikacji w <i>Escherichia coli</i> : analiza spektrum mutagenyzy.	prof. dr hab.	Iwona		Fijałkowska	2008	2010	50 000,00 zł
	Charakterystyka funkcjonalna plazmidowych genów restrykcji i modyfikacji typu I u <i>Lactococcus lactis</i> IL594.	prof. dr hab.	Jacek		Bardowski	2008	2009	50 000,00 zł
	Wpływ modyfikacji poziomu wybranych chelatorów i transporterów metali na akumulację kadmu i cunku w tytoniu.	prof. dr hab.	Agnieszka		Sirko	2008	2010	49 080,00 zł
	Rola kinazy CK2 w regulacji aktywności Maf1, represora transkrypcji tRNA u drożdży.	prof. dr hab.	Magdalena		Boguta	2008	2010	60 000,00 zł
	Rola kohezyny Irr1/Scs3 w inicjacji mejozy w <i>Saccharomyces cerevisiae</i> oraz określenie rodzaju modyfikacji posttranslacyjnej tego białka.	dr hab.	Anna		Kurlandzka	2009	2010	48 100,00 zł

Akt. nauk.-pr.bad.

	Wirusowe białko VPg, badania strukturalne i funkcjonalne.	dr	Jadwiga		Chroboczek	2009	2010	50 000,00 zł
	Regulacja transkrypcji z udziałem polimerazy III RNA: Rola ewolucyjnie konserwowanych domen represora Maf1	prof. dr hab.	Magdalena		Boguta	2009	2011	60 000,00 zł
	Udział polimerazy DNA eta (Pol n) w mutagenie spontanicznej drożdży <i>Saccharomyces cerevisiae</i>).	prof. dr hab.	Piotr		Jonczyk	2009	2011	49 800,00 zł
II.2.4. zamawiane	Tytuł projektu	Kierownik projektu			okres realizacji		Koszt projektu	
		Tytuł	Imię 1	Imię 2	Nazwisko	rok pocz.	rok.końc.	
Ogółem	Genomika funkcjonalna modelowych mikroorganizmów w badaniach molekularnych podłoża ludzkich chorób genetycznych i patogenności.	prof. dr hab.	Joanna		Rytka	2005	2009	377 920,00 zł
25	Identyfikacja zachowanych w ewolucji substratów ludzkiej ligazy ubikwintynowej hNedd4.	prof. dr hab.	Teresa		Żołądek	2005	2009	265 000,00 zł
	Identyfikacja zachowanych w ewolucji substratów ludzkiej ligazy ubikwintynowej hNedd4.	prof. dr hab.	Ewa		Śledziwska-Gójska	2005	2009	115 000,00 zł
	Wykorzystanie drożdży w badaniu genetycznego podłoża dysfunkcji śródbłonkowej.	dr	Beata		Burzyńska	2005	2009	236 000,00 zł
	Analiza genetycznego uwarunkowania anemii hemolitycznych.	dr	Beata		Burzyńska	2005	2009	210 000,00 zł
	Organizacja ściany komórkowej <i>S. cerevisiae</i> i <i>Candida albicans</i> a wrażliwość na leki przeciwgrzybicze.	prof. dr hab.	Grażyna		Palamarczyk	2005	2009	314 400,00 zł
	Funkcja białka Yaf9 w procesie prawidłowej segregacji chromosomów i utrzymania stabilności genomu.	dr	Anna		Chelstowska	2005	2009	327 000,00 zł
	Rola białka Maf1 jako potencjalnego supresora nowotworów – mechanizm działania i znalezienie powiązań regulacyjnych w kaskadzie przekazywania sygnałów.	prof. dr hab.	Magdalena		Boguta	2005	2009	294 000,00 zł
	Zastosowanie współczesnej genomiki funkcjonalnej i bioinformatyki do charakteryzacji i tworzenia modeli procesów biologicznych o istotnym znaczeniu w medycynie i rolnictwie.	dr	Marta		Prymakowska-Bosak	2006	2009	987 000,00 zł

Analizy proteomiczne frakcji białek jądrowych komórek T 87 <i>Arabidopsis thaliana</i> z wykorzystaniem Spektrometrii Mas.	prof. dr hab.	Michał		Dadlez	2006	2009	565 000,00 zł
Analiza bioinformatyczna proteomu jądrowego <i>Arabidopsis thaliana</i> .	prof. dr hab.	Piotr		Zielenkiewicz	2006	2009	260 000,00 zł
Rola prenylacji białek i lipidów prenylowych w transporcie pęcherzykowym w roślin.	dr	Liliana		Surmacz	2006	2011	240 000,00 zł
Rozwój metody genomiki integracyjnej związanych z analizą mikromacierzy oligonukleotydowych i badaniem transkryptomu komórki nowotworowej.	prof. dr hab.	Michał		Dadlez	2006	2009	339 000,00 zł
Poznanie i opisanie nowych elementów modułów funkcjonalnych w raku jelita grubego za pomocą techniki analizy danych literaturowych korelowanych z analizą sekwencji.	prof. dr hab.	Piotr		Zielenkiewicz	2006	2009	220 000,00 zł
Badania procesów oksydacyjnych w patogenezie nowotworów z wykorzystaniem metod genomiki integracyjnej.	prof. dr hab.	Barbara		Tudek	2007	2009	100 000,00 zł
Wykorzystanie aneksyn oraz białek z rodziny CBP w celu ochrony ziemniaka (<i>Solanum tuberosum</i> L.) przed deficytem wody – zastosowanie w hodowli i naukach podstawowych.	prof. dr hab.	Jacek		Hennig	2007	2010	425 000,00 zł
Dynamika zmian cytoszkieletu w komórkach szparkowych <i>Arabidopsis thaliana</i> w odpowiedzi na bodźce środowiska.	dr	Małgorzata		Lichocka	2007	2010	240 000,00 zł
Otrzymanie i molekularna analiza międzygatunkowych mieszańców somatycznych <i>Solanum</i> jako nowego źródła odporności na <i>Phytophthora infestans</i> dla ziemniaka uprawnego.	prof. dr hab.	Bernard		Wielgat	2007	2010	324 000,00 zł
Ruchome elementy genetyczne bakterii - analiza molekularna i wykorzystanie do konstrukcji narzędzi dla przemysłu biotechnologicznego.	dr hab.	Małgorzata		Łobocka	2007	2010	2 198 950,00 zł

Ruchome elementy genetyczne bakterii - analiza molekularna i wykorzystanie do konstrukcji narzędzi dla przemysłu biotechnologicznego. Punkt 1.2, 2.2, 2.4, 3.3, 4.1 harmonogramu	prof. dr hab.	Grażyna		Jagura Burdzy	2007	2010	1 343 800,00 zł
Ruchome elementy genetyczne bakterii - analiza molekularna i wykorzystanie do konstrukcji narzędzi dla przemysłu biotechnologicznego. Punkt 4.1, 4.2 harmonogramu	prof. dr hab.	Jacek		Bardowski	2007	2010	629 200,00 zł
Ruchome elementy genetyczne bakterii - analiza molekularna i wykorzystanie do konstrukcji narzędzi dla przemysłu biotechnologicznego. Punkt 3.1 harmonogramu	prof. dr hab.	Piotr		Zielenkiewicz	2007	2010	191 100,00 zł
Ruchome elementy genetyczne bakterii - analiza molekularna i wykorzystanie do konstrukcji narzędzi dla przemysłu biotechnologicznego. Punkt 2.3 harmonogramu	dr	Urszula		Zielenkiewicz	2007	2010	192 400,00 zł
Ruchome elementy genetyczne bakterii - analiza molekularna i wykorzystanie do konstrukcji narzędzi dla przemysłu biotechnologicznego. Punkt 1.1, 2.4 harmonogramu	dr	Iza		Kern-Zdanowicz	2007	2010	577 850,00 zł
Ruchome elementy genetyczne bakterii - analiza molekularna i wykorzystanie do konstrukcji narzędzi dla przemysłu biotechnologicznego. Punkt 3.2 harmonogramu	dr	Maria		Bretner	2007	2010	390 200,00 zł
Tytuł projektu	Kierownik projektu				okres realizacji		Koszt projektu
	Tytuł	Imię 1	Imię 2	Nazwisko	rok pocz.	rok.końc.	
Nowa metoda oczyszczania białek rekombinowanych.	prof. dr hab.	Wojciech		Bal	2008	2011	1 226 000,00 zł
Centrum biotechnologii produktów leczniczych. Pakiet innowacyjnych biofarmaceutyków dla terapii i profilaktyki ludzi i zwierząt.	prof. dr hab.	Jacek		Bardowski	2008	2011	4 000 000,06 zł
Centrum biotechnologii produktów leczniczych. Pakiet innowacyjnych biofarmaceutyków dla terapii i profilaktyki ludzi i zwierząt.	prof. dr hab.	Agnieszka		Sirko	2008	2011	3 953 620,00 zł
Optymalizacja charakterystyki i przygotowania preparatów fagowych do celów terapeutycznych.	dr hab.	Małgorzata		Łobocka	2008	2012	6 576 000,00 zł
Zastosowanie pochodnych poliioprenoidów jako nośników leków i regulatorów.	prof. dr hab.	Ewa		Świeżewska	2010	2014	5 000 000,00 zł

Akt. nauk.-pr.bad.

	Inżynierowanie szczepów Trichoderma o wzmocnionych właściwościach biokontrolnych.	doc. dr hab.	Joanna		Kruszewska	2009	2012	3 153 855,00 zł
	Biocentrum Ochota - infrastruktura informatyczna dla rozwoju strategicznych kierunków biologii i medycyny.	prof. dr hab.	Piotr		Zielenkiewicz	2009	2013	26 530 185,40 zł
	Opracowanie metody wykrywania markerów wskazujących na predyspozycję do rozwoju insulinooporności.	dr	Marta		Prymakowska-Bosak	2009	2013	3 760 040,00 zł
	Macromolecular assemblies involved in RNA metabolism.	dr	Andrzej		Dziembowski	2009	2013	2 184 000,00 zł
II.2.6. rozwojowe	Tytuł projektu	Kierownik projektu				okres realizacji		Koszt projektu
		Tytuł	Imię 1	Imię 2	Nazwisko	rok pocz.	rok.końc.	
Ogółem	Nowe narzędzia do analizy danych spektrometrii mas w zastosowaniu do diagnostyki medycznej.	prof. dr hab.	Michał		Dadlez	2007	2010	1 400 000,00 zł
2	Badania systemowe czynników genetycznych choroby wieńcowej.	dr	Beata		Burzynska	2009	2012	3 860 000,00 zł
II.2.7. specjalne	Tytuł projektu	Kierownik projektu				okres realizacji		Koszt projektu
		Tytuł	Imię 1	Imię 2	Nazwisko	rok pocz.	rok.końc.	
Ogółem	Narodowy Program Poznania Genomu Ziemiaka	prof. dr hab.	Włodzimierz		Zagórski-Ostoja	2006	2010	6 600 000,00 zł
1								
II.2.8. celowe	Tytuł projektu	Kierownik projektu				okres realizacji		Koszt projektu
		Tytuł	Imię 1	Imię 2	Nazwisko	rok pocz.	rok.końc.	
Ogółem								
0								
II.2.9. celowe zamawiane	Tytuł projektu	Kierownik projektu				okres realizacji		Koszt projektu
		Tytuł	Imię 1	Imię 2	Nazwisko	rok pocz.	rok.końc.	
Ogółem								
0								
II.2.10. międzynarodowe	Tytuł projektu	Kierownik projektu				okres realizacji		Koszt projektu
		Tytuł	Imię 1	Imię 2	Nazwisko	rok pocz.	rok.końc.	
Ogółem	Rola białek DBP w mechanizmach odporności roślin na infekcje i ich biotechnologiczne zastosowanie w naukach rolniczych.	prof. dr hab.	Jacek		Hennig	2007	2010	400 000,00 zł
4	Opracowanie techniki wysokowydajnej rekombinacji u Gram-dodatnich komensalnych bakterii człowieka oraz bakterii stosowanych w produkcji żywności.	prof. dr hab.	Jacek		Bardowski	2008	2010	536 024,00 zł

	Naprawa uszkodzeń DNA indukowanych przez produkty peroksydacji lipidów: nowe białka, nowe czynniki ryzyka i cele terapeutyczne.	prof. dr hab.	Barbara		Tudek	2008	2011	320 800,00 zł
	Zastosowanie metod molekularnych do kontroli przepływu siarki w roślinach poprzez wybiórczą deregulację kompleksów syntazy cysteinowej.	dr	Anna		Wawrzyńska	2008	2011	500 000,00 zł
II.2.11. SPUB-y międzynarodowe (tzw. SPUB-M) finansowane przez KBN	Tytuł projektu	Kierownik projektu			okres realizacji		Koszt projektu	
		Tytuł	Imię 1	Imię 2	Nazwisko	rok pocz.	rok.końc.	
	Fitotechnologie promujące długotrwałe użytkowanie ziemi i poprawę bezpieczeństwa żywności.	prof. dr hab.	Agnieszka		Sirko	2005	2009	752 410,00 zł
	Badania udziału ubikwiny w procesie autofagocytosis u drożdży <i>S. cerevisiae</i> , modelowego organizmu eukariotycznego.	prof. dr hab.	Teresa		Żołądek	2007	2010	417 457,00 zł
	Oddziaływania domen SH3 w komórkach drożdży <i>Saccharomyces cerevisiae</i> .	prof. dr hab.	Joanna		Rytka	2008	2011	1 045 467,00 zł
	Otrzymanie i identyfikacja nowych inhibitorów odwrotnej transkryptazy HIV skierowanych przeciwko szczepom HIV opornym wobec leków przeciwko HIV/AIDS.	prof. dr hab.	Tadeusz		Kulikowski	2007	2009	807 247,00 zł
Ogółem	Identyfikacja i weryfikacja paneli markerów chorób układu moczowego i nerek w proteomicznej analizie białek moczu.	prof. dr hab.	Michał		Dadlez	2009	2012	2 452 306,00 zł
6	Rola kinaz SNRK2 (SNF1-related protein kinases 2) w regulacji wrażliwości roślin na stres deficytu wody i zasolenia.	doc. dr hab.	Grażyna		Dobrowolska	2009	2012	724 100,00 zł
II.2.12. finansowane przez inne poza KBN podmioty/instytucje krajowe np. zlecane placówce bezpośrednio przez resorty	Tytuł projektu	Kierownik projektu			okres realizacji		Koszt projektu	
		Tytuł	Imię 1	Imię 2	Nazwisko	rok pocz.	rok.końc.	
	The AlkB and its eukaryotic homologues - the role in DNA repair and the possible role in cancer etiology and target in cancer therapy.	prof. dr hab.	Elżbieta		Grzesiuk	2008	2010	1 400 000,00 zł

Ogółem								
1								
II.2.13. 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.	
	Signal Transduction by Ubiquitination, a Matter of Location	prof. dr hab.	Teresa		Żołądek	2006	2010	695 763,00 zł
	Evolution of the protein-interaction Networks: the SH3 network in Yeast.	prof. dr hab.	Joanna		Rytka	2007	2011	696 978,00 zł
	Preparation and identification of new HIV reverse transcriptase inhibitors targeted against HIV strains resistant to anti-HIV/AIDS drugs.	prof. dr hab.	Tadeusz		Kulikowski	2007	2009	1 345 413,00 zł
	TFE as the 3D-fold inducer. Application for domain 4 of <i>E.coli</i> RNAP $\Sigma 70$.	dr	Jarosław		Poznański	2009	2011	175 000,00 zł
Ogółem								
4								
Razem wszystkie								
142								

II.2.10. Wybrane 3 ważniejsze wyniki badań projektów zrealizowanych i rozliczonych w roku sprawozdawczym (na każdy opis - maks. 500 znaków ze spacjami)

1	Wieloletnie prace zespołu prof. Iwony Fijałkowskiej pozwoliły na zaproponowanie modelu współdziałania i kompetycji 5 polimeraz DNA w replikacji chromosomu <i>E. coli</i>. Otrzymane wyniki mają istotne znaczenie w poznawaniu źródeł mutacji spontanicznych. Członkowie zespołu: mgr. K. Makiela-Dzbeńska, dr. M. Jaszczur, prof. P. Jonczyk, prof. I.J. Fijałkowska. Praca: Makiela-Dzbeńska et al. (2009) Role of Escherichia coli DNA polymerase I in chromosomal DNA replication fidelity. Mol. Microbiol. 74:1114-1127.
2	Maciag M, Plochocka D, Adamowicz-Salach A, Burzyńska B. (2009) Novel beta-spectrin mutations in hereditary spherocytosis associated with decreased levels of mRNA. Br J Haematol;146(3):326-32. Dziedziczna sferocytoza (HS) jest jedną z częstszych, heterogennych anemii hemolitycznych, uwarunkowaną niedoborami białek błonowych. Zbadaliśmy relatywne poziomy mRNA genów kodujących białka błonowe krwinki czerwonej i wykazaliśmy, że gen kodujący beta spektrynę (SPTB) może powodować anemię hemolityczną. Analiza DNA pacjentów z HS wykazała obecność nie opisanych dotychczas mutacji w genie SPTB: R1756X, 781delT and IVS22nt-4G>A, 1502insA i IVS20nt-2A>G. Wykazaliśmy, że pomiary poziomu mRNA genów kodujących białka błonowe krwinki czerwonej u pacjentów ze sferocytozą są użyteczną metodą dla ukierunkowania badań na konkretne geny przy poszukiwaniu przyczyn anemii.
3	Aneksyna 1 jest elementem szlaku przekazywania sygnału przez kwas abscysynowy w komórkach Arabidopsis thaliana. Pod wpływem ABA aneksyna 1 ulega S-glutathionylacji., co powoduje obniżenie stałej wiązania wapnia. Istnieje pozytywna korelacja pomiędzy poziomem aneksyny 1 a tolerancją roślin na niedobór wody w otoczeniu. Wzmacnianie mechanizmów związanych z oddziaływaniami z błonami komórkowymi podczas stresu stanowi nowy, słabo dotychczas eksplorowany kierunek dla manipulacji biotechnologicznych. Konopka-Postupolska D, Clark G, Goch G, Debski J, Floras K, Cantero A, Fijolek B, Roux S, Hennig J (2009) The role of annexin 1 in drought stress in Arabidopsis. Plant Physiol 150: 1394-1410 Pracownikami IBB PAN są: Dorota Konopka-Postupolska, Janusz Debski, Krzysztof Floras, Bartłomiej Fijolek, Jacek Hennig

II. Aktywność naukowa placówki**II.3. Działalność placówki o charakterze innowacyjnym, aplikacyjnym:**

II.3.1. Ochrona własności intelektualnej (dotyczy uprawnień placówki z patentu/prawa ochronnego w myśl obowiązujących aktów prawnych z zakresu ochrony własności przemysłowej, w tym:

a) Uzyskane patenty

tytuł	data decyzji	nr patentu	kraj
Gen kodujący enzym hydrolityczny 1,3-β-glukanazy, sposób jego wytwarzania, enzym kodowany przez ten gen oraz sposób wytwarzania enzymu hydrolitycznego 1,3-β-glukanazy.	2009-02-13	200176	Polska
Preparat probiotyczny dla zwierząt roślinożernych	2009-03-12	200549	Polska
Sposób wytwarzania znakowanych trytem ubichinonów i ich analogów strukturalnych	2009-05-21	201211	Polska
Nowe sole halogenoetyloguanin jako inhoibitory wirusów z rodziny Flaviviridae oraz środki lecznicze o działaniu przeciwwirusowym.	2009-08-04	201978	Polska
Przeciwciała poliklonalne przeciwko białkom <i>Helicobacter pylori</i> oraz sposób ich wytwarzania.	2009-08-18	201982	Polska

b) Uzyskane prawa ochronne na wzory użytkowe

tytuł	data decyzji	nr świadectwa	kraj
brak			

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
wyodróżnienie wyrazu i szczepu bakteryjnego <i>Lactococcus lactis</i> (DB500/S7270)	lactococcus bakterie Mlekowe	JHJ Sp. z o.o.	umowa	100 000 zł	W pierwszej fazie realizacji umowy efekty praktyczne, z perspektywą ekonomiczną i ekologiczną od 2011 r.

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
Jacek	Karol	Bardowski
Piotr		Jonczyk

doktora habilitowanego				
imię 1	imię 2	nazwisko	tytuły prac habilitacyjnych	zakres nadanego stopnia naukowego
Anna	Ewa	Bębenek	Polimeraza DNA bakteriofaga RB69 jako model do badania mechanizmów wierności replikacji DNA.	dziedzina: nauk biologicznych; dyscyplina: biochemia
Marek		Skoneczny	Drożdże <i>Saccharomyces cerevisiae</i> jako organizm modelowy w badaniach funkcji biogenezy peroksysomów.	dziedzina: nauk biologicznych; dyscyplina: biochemia

doktora				
imię 1	imię 2	nazwisko	tytuły prac doktorskich	zakres nadanego stopnia naukowego
Paweł	Piotr	Szczęsny	"Domain dictionary of trimeric autotransporter adhesins". "Słownik domen trimerycznych adhezyn"	biologia
Grzegorz	Andrzej	Wieczorek	"The influence of macromolecular crowding on protein - protein rates - a Brownian Dynamice study". "Wpływ zatłoczenia makromolekularnego na kinetykę asocjacji białko - białko. Badania metodą Dynamiki Brownowskiej".	biologia
Jacek	Wojciech	Sikora	"Differential proteomics approach for the analysis of the affect of prion [PSI] on mitochondria of the yeast <i>Saccharomyces cerevisiae</i> ". "Zastosowanie proteomiki różnicowej do analizy efektu prionu [PSI] na mitochondria drożdży <i>Saccharomyces cerevisiae</i> ".	biochemia
Wojciech	Stefan	Podstolski	"Sequence constraints of PSTVd genetic variability". "Granice zmienności genetycznej PSTVd".	biochemia

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

doktora habilitowanego	doktora
	7

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
121	24	114	92	2

Kadra naukowa

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
Ewa	Patrycja	Malc	"Rola białka Msh1 w utrzymaniu stabilności mitochondrialnego DNA i regulacji chronologicznej długości życia <i>Saccharomyces cerevisiae</i> ".	biochemia
Krzysztof	Tadeusz	Olszak	"Badanie struktury przestrzennej tRNA mitochondrialnych w stanach patologicznych u ludzi".	biochemia
Zuzanna		Bukowy	"Factors regulating the enzymatic activities of WRN protein". „Czynniki regulujące aktywności enzymatyczne białka WRN"	biochemia
Monika	Anna	Zakrzewska-Płaczek	"Rola enzymów XRN2 i XRN3 w metabolizmie RNA u <i>Arabidopsis thaliana</i> ".	biochemia
Monika	Sabina	Hejnowicz	"Bakteriofag BIBB29 <i>Lactococcus lactis</i> : charakterystyka, kompletna sekwencja genomu oraz poszukiwanie białek oddziałujących z białkiem RBP"	biochemia
Agata		Zielak	"Regulacja ekspresji genów związanych z procesami asymilacji siarki	biochemia
Mariusz	Bogusław	Krawczyk	"New inhibitors of Hepatitis C virus replication". "Nowe inhibitory replikacji wirusa zapalenia wątroby typu C".	biochemia
Elżbieta	Helena	Sułuja	"Otrzymywanie i charakterystyka cząstek wirusopodobnych wirusa liściozwoju ziemniaka".	biochemia
Anna	Zofia	Stankiewicz-Drogoń	"Inhibition of Hepatitis C virus replication (HCV) by inhibitors of viral helicase". "Hamowanie replikacji wirusa zapalenia wątroby typu C (HCV) przez inhibitory helikazy wirusowej".	biochemia
Roman	Józef	Szczęsny	"Badanie funkcji ludzkiej helikazy hSuv3p".	biochemia
Piotr	Mieczysław	Chołbiński	"Yeast ubiquitin ligase Rsp5: subcellular dynamics and effects on tRNA metabolism". "Ligaza ubikwitylowa Rsp5 u drożdży: dynamika subkomórkowa i wpływ na metabolizm tRNA".	biochemia

II.4.4. Uczestnicy innych form kształcenia (magistranci, praktykanci, stażyści)

- z wyszczególnieniem poszczególnych form kształcenia

ogółem

21

w tym, przyjęci w roku sprawozdawczym:

forma kształcenia	liczba
magistranci	7
praktykanci	8
stażyści	0
inni	6

II.4.5. Opieka nad studentami

liczba studentów odbywających praktyki ogółem	ogółem	prace magisterskie	
		w uczelniach macierzystych	w placówkach PAN
29	27	8	10

Kadra naukowa

II. Aktywność naukowa placówki**II.5. Aktywność wydawnicza:****II.5.1. Własne wydawnictwa placówki w roku sprawozdawczym****tabela A**

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

tabela B - uzupełniająca

tytuł	język obcy (jaki?)	typ (P/Z)	recenzowane o zasięgu międzynarodowym	indeksowane przez ISI

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	Ewa		Malc	Inactivation of the 20S proteasome maturase, UMP1, leads to the instability of mtDNA in <i>S. cerevisiae</i>	34th FEBS Congress	Czechy
dr hab.	Andrzej		Dziembowski	Identification of potential phosphodiesterase essential for U6 snRNA stability	ESF - RNAQuality workshop 2009	Francja
Prof.	Piotr		Zielenkiewicz	Protein-protein interaction inhibitors: Application to Cystic Fibrosis	BIOmics Hands-On Workshop & Conference	Izrael
dr	Sabina		Zuzga	Specific phosphorylation of conserved eukaryotic protein SGT1 is an essential element of plant pathogen defense	The 4th Conference of Polish Society of Experimental Plant Biology	Polska
mgr inż.	Mateusz		Juchimiuk	Cis-prenylotransferaza <i>C. albicans</i> w tworzeniu form wirulentnych	4th Inter. Conference on Molecular Mechanisms of fungal	Polska
dr	Jacek	Krzysztof	Nowak	A putative DEAH-box helicase is involved in developmentally programmed genome rearrangements in <i>Paramecium tetraurelia</i> .	5th International Meeting of the GDRE 'Paramecium Genomics'	Polska
dr	Joanna		Kamńska	The Rsp5 ubiquitin ligase regulates COPI dependent retrograde Golgi to ER trafficking in the yeast <i>saccharomyces cerevisiae</i>	IV International Conference on Molecular Mechanisms of Fungal Cell Wall Biogenesis	Polska
prof. dr hab.	Teresa		Żołądek	Udział ligazy ubikwitynowej Rsp5 w autofagii u drożdży	Symposium Autofagia - narzędzie przeżycia czy śmierci komórki	Polska
prof. dr hab.	Andrzej		Jerzmanowski	Chromatin remodelling in control of plant development	Zjazd Polskiego Towarzystwa Biochemicznego Łódź 2009	Polska
dr	Sabina		Zuzga	Specific phosphorylation of conserved eukaryotic protein SGT1 is an essential element of plant pathogen defense	The 4th Conference of Polish Society of Experimental Plant Biology	Polska
prof. dr hab.	Barbara		Tudek	Nowe enzymy naprawy alkilacyjnych uszkodzeń DNA	XLIV Zjazd PTBioch	Polska
mgr	Ewa		Krzywińska	SnRK2 cellular partners: identification and characterization	4th Conference of Polish Society of Plant Experimental Biology	Polska
prof. dr hab.	Grażyna		Palamarczyk	Defekt glikozylacji a wrażliwość na leki w komórkach drożdży	Visegrad Yeast Conference	Słowacja
mgr inż.	Mateusz		Juchimiuk	Cis-prenylo transferaza <i>C. albicans</i>	Visegrad Yeast Conference	Słowacja

mgr	Agata		Leszczyńska	Functional expression of human HMG-CoA reductase in <i>Saccharomyces cerevisiae</i> : a system to analyze normal and mutated versions of the enzyme in the context of statin treatment Functional expression of human HMG-CoA reductase in <i>Saccharomyces cerevisiae</i> : a system to analyze normal and mutated versions of the enzyme in the context of statin treatment	37th Annual Conference on Yeast Slowacja	Słowacja
prof. dr hab.	Barbara		Tudek	Base excision repair modulation as a risk factor for human cancers	Third International Congress of Molecular Medicine	Turcja
dr	Jacek	Krzysztof	Nowak	A putative DEAH-box helicase is involved in developmentally programmed genome rearrangements in <i>Paramecium tetraurelia</i> .	FASEB Summer Research Conferences - Ciliate Molecular Biology	USA
dr	Aneta		Kaniak	Msh1p counteracts oxidative lesion-induced instability of mitochondrial genome and extends the chronological lifespan of an <i>ogg1</i> mutant of <i>S. cerevisiae</i>	Keystone Symposia, Genome Instability and DNA Repair, Taos (2009)	USA
prof. dr hab.	Teresa		Żoładek	Localization of Rsp5 ubiquitin ligase to multiple sites in yeast cells depends on C2, WW domains and nuclear localization and export signals in the Hect domain	24th International Conference on yeast Genetics and Molecular Biology	Wielka Brytania
mgr	Katarzyna		Zientara	UP15 protein and its potential role in coordination of S and N metabolism in tobacco	2nd Sulphyton Meeting on Plant Sulfur Research, Norwich	Wielka Brytania
mgr	Grzegorz		Moniuszko	Impact of sulfur deficiency and hormone treatment on tobacco seedlings roots.	2nd Sulphyton Meeting on Plant Sulfur Research, Norwich	Wielka Brytania
dr hab.	Andrzej		Dziembowski	Different RNA pathways towards the catalytic centres of the eukaryotic exosome complex	Messenger RNA 3' ends & gene expression	Wielka Brytania
prof. dr hab.	Barbara		Tudek	Base excision repair, oxidative stress and cancer	10 International Conference on Environmental Mutagens	Włochy

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	Nazwisko			
prof. dr hab.	Andrzej		Jerzmanowski	SWI/SNF remodeling in plants – hormone	Georg Mendel Institute of Plant Molecular	Austria
prof. dr hab.	Jacek	Karol	Bardowski	LAB as a source of new genes, enzymatic	BOKU-University of Natural Resources and	Austria
dr hab.	Maria		Bretner	Inhibitors of CK2- structure–activity relationship	University of Southern Denmark	Dania
dr	Magdalena		Kowalczyk	Kefir grains as a complex ecosystem in dairy production	IPLA-CSIC, Villaviciosa	Hiszpania
prof. dr hab.	Andrzej		Jerzmanowski	Linker (H1) histones in plants	Max Planck Institute for Plant Breeding Cologne May 25, 2009	Niemcy
dr	Magdalena		Krzymowska	Specific phosphorylation of conserved eukaryotic protein SGT1 is an essential element of plant pathogen defense	Max-Planck Institute for Plant Breeding Research,	Niemcy
prof. dr hab.	Barbara		Tudek	Naprawa Oksydacyjnych uszkodzeń DNA przez system BER	Uniwersytet Mikołaja Kopernika, Collegium Medicum	Polska
prof. dr hab.	Jacek		Hennig	Programmed cell death-plant defense mechanism in plants	National Institute of Biology	Słowenia
prof. dr hab.	Andrzej		Jerzmanowski	Linker histone variants in Arabidopsis. Do they have distinct functional role?	European Workshop on Plant Chromatin, ETH Zurich 3-4 Sept. 2009	Szwajcaria

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
Francja	CNRS	GDRE "Paramecium Genomics"	01.07.2002 - 31.12.2009
Francja	CNRS	GDRE "Paramecium Genomics"	01.07.2002 - 31.12.2009
Norwegia	University of Oslo	Umowa konsorcyjna	07.2008 - 12.2010
Norwegia	Institute of Microbiology, Rikshospitalet HF	Umowa konsorcyjna	07.2008 - 12.2010
Norwegia	Uniwersytet w Oslo	grant PNRF-143-AI-1/07 "Białko AlkB i jego eukariotyczne analogi - rola w naprawie DNA i możliwa rola w etiologii nowotworów oraz jako cel w terapii przeciwnowotworowej"	01.07.2008 - 31.12.2010
Niemcy	Uniwersytet	Umowa dwustronna	01.09.2008 - 31.03.2010
Słowenia	National Institute of Biology	Umowa o współpracy w dziedzinie nauki i techniki między Rządem Rzeczypospolitej Polskiej a Rządem Republiki Słowenii, podpisana w Warszawie dnia 23 maja 1996 roku.	2010 - 2011

II. 7.2. Zagraniczne instytucje naukowe, z którymi placówka współpracuje w sposób ciągły bez zawartego porozumienia.

liczba ogółem: 44

II. 7.3. Tematy realizowane we współpracy z zagranicą:

liczba tematów: 34

II. 7.4. Uzyskane rezultaty współpracy:

np.: wspólne publikacje, patenty, nowe metody badawcze i technologie
W roku sprawozdawczym we współpracy: opublikowano 31 publikacje; kolejnych 3 przyjęto do druku bądź są w przygotowaniu; uzyskano 1 patent krajowy, opracowano 1 metodę.

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
brak													

II.8.2. Działalność naukowa:liczba opublikowanych (łącznie) prac:

wybrane ważniejsze wyniki (3)
brak

działalność dydaktyczna
brak

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

brak

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	8	525		2
- na podstawie umowy	3	30	1	30
- pozostałe	1	248	2	3
b) inne	1	2	5	17
2. Za granicą	0	0	0	0

Działalność dydaktyczna

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
Inhibitors of Protein Kinases	Instytut Biochemii i Biofizyki Polskiej Akademii Nauk, Interdyscyplinarne Centrum Modelowania Matematycznego i Komputerowego, Uniwersytet Warszawski, Międzynarodowy Instytut Biologii Molekularnej i Komórkowej, Instytut Biocybernetyki i Inżynierii Biomedycznej, Centrum Doskonałości BioExploratorium, Zakład Biofizyki Instytutu Fizyki Doświadczalnej, Wydział Fizyki UW.	X		66	49
Molecular Mechanisms of Fungal Cell Wall Biogenesis	Instytut Biochemii i Biofizyki Polskiej Akademii Nauk	X		60	12
5th International Meeting of the GDRE 'Paramecium Genomics'	Instytut Biochemii i Biofizyki Polskiej Akademii Nauk, GDRE (Groupement de Recherches Européen), Instytutu Systematyki i Ewolucji Zwierząt PAN, Centre de Génétique Moléculaire CNRS - Gif-sur-Yvette	X		46	13

Udział plac. w życiu nauk.

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	
HORIZON			
bibliograficzne bazy danych	z podziałem na abstraktowe	pełne teksty	
	MEDLAINE, PubMed	Elsevier, ACS, Wiley-Blackwell, Springer, ABE Marketing	
- zasoby			
liczba nabytków	rodzaj		
86	książek		
76	czasopism		
- udostępnianie zbiorów			
liczba korzystających	874		

II. 11.2. Muzea, wystawy, kolekcje specjalistyczne i ekspozyty, banki zasobów genetycznych, i in.

- ekspozyty, kolekcje:

rodzaj	nabytków
Centralna kolekcja szczepów IBB gromadzi: plazmidy, szczepy bakteryjne, drożdże, organizmy transgeniczne (8.361 w sieci). Adres strony internetowej: Kolekcja Szczepów „COLIBB” została założona w IBB PAN w 2001 roku. W roku 2003 roku została wcielona do Krajowej Sieci Informacji o Bioróżnorodności. W roku 2009 kontynuowano prace nad usprawnieniem wprowadzania rekordów i wyszukiwania danych w istniejących podgrupach kolekcji, oraz nad rozbudową kolejnych dwóch podgrup szczepów (Bakterioflagi oraz Izolaty Środowiskowe). W 2009 roku zasoby kolekcji „COLIBB” wzrosły do: 3008 szczepów bakteryjnych, 3798 szczepów drożdżowych i 2006 plazmidów. W przygotowaniu do zdeponowania jest 75 szczepów drożdżowych. W ramach współpracy z Siecią Biologii i Biotechnologii Bakteriofagów, wprowadzane są do zasobów kolekcji IBB referencyjne szczepy bakteriofagowe niezbędne do prowadzenia badań nad fagami i określania ich specyficzności. Ponadto prowadzono dalszą rozbudowę podgrupy - Izolatów Środowiskowych, w skład której wchodziły szczepy (bakterie i grzyby) izolowane ze środowisk naturalnych. Wymienione szczepy poddawane są dokładnej an na celu ich charakterystykę. W chwili obecnej zdeponowanych jest już 300 szczepów wyizolowanych z kopalni złota w Złotym Stoku, a w przygotowaniu są kolejne szczepy bakteryjne oraz grzyby. Kolekcja COLIBB i informacje o jej zasobach są dostępne na stronie internetowej IBB PAN: http://kolekcja.ibb.waw.pl .	
Gatunki bakterii zdeponowanych w kolekcji: <i>Acinetobacter Baumannii</i> , <i>Aeromonas</i> sp., <i>Arthrobacter</i> sp., <i>Bacillus subtilis</i> , <i>Bifidobacterium longum</i> , <i>Brevundimonas</i> sp., <i>Chryseobacterium</i> sp., <i>Cryobacterium</i> sp., <i>Enterococcus faecalis</i> , <i>Escherichia coli</i> , <i>Lactobacillus</i> sp., <i>Lactobacillus casei</i> , <i>Lactobacillus paracasei</i> , <i>Lactobacillus plantarum</i> , <i>Lactobacillus thymosus</i> , <i>Lactococcus cremoris</i> , <i>Lactococcus garvieae</i> , <i>Lactococcus hordniae</i> , <i>Lactococcus lactis</i> , <i>Lactococcus raffinolactis</i> , <i>Micrococcus</i> sp., <i>Paracoccus marcusii</i> , <i>Pseudomonas aeruginosa</i> , <i>Rhodococcus</i> sp., <i>Salmonella typhimurium</i> , <i>Serratia grimesii</i> , <i>Shewanella</i> sp., <i>Sinorhizobium</i> sp., <i>Sphingomonas</i> sp., <i>Staphylococcus aureus</i> , <i>Stenotrophomonas</i> sp., <i>Streptococcus agalactiae</i> , <i>Streptococcus bovis</i> , <i>Streptococcus equisimilis</i> , <i>Streptococcus pyogenes</i> , <i>Streptococcus thermophilus</i> , <i>Streptomyces</i> sp. <i>Gatunek drożdży zdeponowany w kolekcji:</i> <i>Saccharomyces cerevisiae</i> . 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
-
- uzyskane certyfikaty za wdrożenia systemów jakości (międzynarodowych, przyjętych w UE):
-
- uzyskane akredytacje Polskiego Centrum Akredytacji lub równorzędnego, systemu 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
Stypendium dla wybitnych młodych naukowców	osiągnięcia naukowe	Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego	A. Dziembowski
Mazowieckie Stypendium Doktoranckie	dla najlepszych absolwentów szkół wyższych kontynuujących naukę na studiach doktoranckich z zakresu nauk i dziedzin naukowych przyczyniających się do rozwoju strategicznych obszarów Województwa Mazowieckiego.	Wojewoda Mazowiecki	A. Belczyk, J. Dębski, M. Frankowska, F. Giska, A. Gładki, K. Głąbski, E. Grabowska, J. Halibart-Puzio, R. Hoser, M. Jaremko, A. Jóźwiak, A. Kamaszewska, M. Kłoniecki, M. Koliński, J. Kosiński, Ł. Kozłowski, J. Kraszewska, M. Kusiak, A. Malinowska, A. Muszewska, K. Makiela, A. Obarska-Kosińska, N. Odolczyk, J. Orłowski, D. Pianka, K. Poleszak, W. Potrzebowski, E. Purta, A. Protas, K. Rutowicz, W. Siwek, T. Sobiesiak, J. Szarlak, E. Tkalińska, K. Tomczyk-Żak, M. Warsińska, A. Żurawska
Wyróżnienie za prezentację plakatową na 39 Zjeździe EEMS	komunikat "Identification and characterization of MutT family enzymes in <i>Caenorhabditis elegans</i> "	Oxford University Press	K. Arczewska
Wyróżnienie za prezentację plakatową na 39 Zjeździe EEMS	komunikat "Saturated exocyclic hydroxyalkano DNA adducts are new substrates for <i>E. coli</i> AlkB protein"	Oxford University Press	A. Maciejewska
Wyróżnienie	za pracę "Cytogenic characteristics of the interspecific somatic hybrids of <i>Solanum villosum</i> (+) <i>S. tuberosum</i>	Komitet XII Ogólnopolskiej Konferencji Kultur In Vitro i Biotechnologii Roślin, Poznań 2009	J. Tarwacka, A. Szczerbakowa, B. Wielgat.
Roczna prenumerata czasopisma naukowego	Za plakat na konferencji "Comparative genomics of eukaryotic microorganisms conference"	Ogarnizator konferencji	A. Muszewska
Nagroda za pracę doktorską	za pracę doktorską	Instytut Biochemii i Biofizyki PAN	M. Stawiecka-Mirota

II.12.2. Nagrody i wyróżnienia przyznane za praktyczne zastosowanie wyników B+R

nazwa / rodzaj nagrody	za co przyznane	przez kogo	komu

Nagrody i wyróżnienia

III. Zatrudnienie**III.1. Zatrudnienie wg stanu na 31 XII roku sprawozdawczego - (w Jednostce PAN jako głównym miejscu pracy)**

ogółem w osobach	pracownicy naukowcy						pozostali pracownicy
	razem	profesorowie	w tym: czł. PAN	docenci	adiunkci	asystenci	
256	119	34	2	6	34	45	137

ogółem: **229,55**, 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	w tym: członkowie PAN	doktora hab.	doktora	wyższym	średnim	podstawowym
174,90/118,30	25,73/12,79	0,66/0	11,71/8,71	85,83/62,17	44,33/29,33	7,30/5,30	0/0

b) w przeliczeniu na ekwiwalenty EPC ¹⁾

ogółem	w tym ze stopniem naukowym:				pozostali z wykształceniem:		
	profesora	w tym: członkowie PAN	doktora hab.	doktora	wyższym	średnim	podstawowym
129,70/88,90	14,70/7	0,66/0	8,50/6,10	65,40/48	35,20/23,50	5,90/4,30	0/0

III.1.2. Zatrudnienie poza działalnością B+R (razem/w tym kobiety) - (w przeliczeniu na pełny wymiar czasu pracy):ogółem: **54,64/37,77****III.2. Zatrudnienie średnioroczne w przeliczeniu na pełne etaty:**

ogółem: **231,12**
w tym naukowych: **107,07**

¹⁾ EPC (ekwiwalent pełnego wymiaru czasu pracy) – są to jednostki przeliczeniowe służące do ustalenia faktycznego zatrudnienia przy realizacji prac B+R. Jeden ekwiwalent pełnego czasu pracy oznacza jeden osoborok poświęcony wyłącznie na działalność B+R. Zatrudnienie w działalności B+R w ekwiwalentach pełnego wymiaru czasu pracy należy ustalić na podstawie proporcji czasu przepracowanego przez poszczególnych pracowników w ciągu roku sprawozdawczego przy realizacji prac B+R do pełnego wymiaru czasu pracy obowiązującego na danym stanowisku zgodnie z wytycznymi Głównego Urzędu Statystycznego zamieszczonymi w objaśnieniach do formularza PNT-01 lub PNT-01/s.

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		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
"Farmakologiczna i genetyczna protekcja oraz cytoprotekcja w schorzeniach ośrodkowego układu nerwowego"	Specjalnością sieci jest terapia farmakologiczna i genowa.	1. Instytut Medycyny Doświadczalnej i Klinicznej PAN 2. Instytut Farmakologii PAN 3. Instytut Fizyki Jądrowej PAN im. H. Niewodniczańskiego 4. Wojskowy Instytut Medycyny 5. Instytut Biochemii i Biofizyki PAN
"Nowe zastosowania spektroskopii magnetycznego rezonansu jądrowego w chemii, biologii, farmacji i medycynie"	Specjalnością sieci jest działalność na rzecz rozwoju metodologii pomiarów magnetycznego rezonansu jądrowego, mająca na celu wdrożenie i komercjalizację badań NMR w chemii organicznej, bioorganicznej i farmaceutycznej oraz biologii i medycynie oraz diagnostyce medycznej <i>in vitro</i> .	1. Centrum Badań Molekularnych i Makromolekularnych PAN 2. Instytut Chemii Bioorganicznej PAN 3. Instytut Chemii Organicznej PAN 4. Instytut Chemii Fizycznej PAN 5. Uniwersytet Warszawski, Wydział Chemii 6. Politechnika Warszawska, Szkoła Zaawansowanych Technologii Chemicznych i Materiałowych, Wydział Chemiczny 7. Politechnika Łódzka, Wydział Chemiczny 8. Instytut Biochemii i Biofizyki PAN 9. Narodowy Instytut Leków 10. Instytut "Pomnik - Centrum Zdrowia Dziecka"
"Biologia i Biotechnologia Bakteriofagów"	Specjalnością sieci jest mikrobiologia, genomika bakteriofagów, biologia molekularna, biotechnologia, bioinformatyka, medycyna.	1. Instytut Immunologii i Terapii Doświadczalnej PAN im. Ludwika Hirszfelda 2. Narodowy Instytut Zdrowia Publicznego 3. Instytut Biochemii i Biofizyki PAN 4. Wydział Biologii, Geografii i Oceanologii Uniwersytetu Gdańskiego 5. Wydział Matematyki, Informatyki i Mechaniki UW 6. I Wydział Lekarski Akademii Medycznej w Warszawie

"Polska Sieć Mitochondrialna MITONet.pl"	Specjalność sieci Mitonet.pl to integracja badań podstawowych w zakresie bioenergetyki mitochondrialnej w obrębie biologii molekularnej, biologii i farmakologii.	1. Instytut Biologii Doświadczalnej PAN im. M. Nenckiego 2. Uniwersytet Warszawski 3. Instytut Medycyny Doświadczalnej PAN 4. Uniwersytet Jagielloński CM 5. Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego 6. Instytut Biochemii i Biofizyki PAN 7. Uniwersytet im. Adama Mickiewicza 8. Centrum Medyczne Kształcenia Podyplomowego 9. Uniwersytet Wrocławski 10. Instytut "Pomnik - Centrum Zdrowia Dziecka" 11. Uniwersytet Gdański.
"Wizualizacja zjawisk biomedycznych" BOWIZJA	Specjalnością sieci jest koncentracja interdyscyplinarnego potencjału badawczego zdolnego do realizacji dużych międzynarodowych grantów dotyczących problemów z dziedziny biologii, medycyny oraz biotechnologii i bioinżynierii.	1. Instytut Biochemii i Biofizyki PAN 2. Instytut Biocybernetyki i Inżynierii Biomedycznej PAN 3. Instytut Biologii Doświadczalnej im. M. Nenckiego PAN 4. Instytut Medycyny Doświadczalnej i Klinicznej im. M. Mossakowskiego PAN 5. Instytut Podstawowych Problemów Techniki PAN 6. Międzynarodowy Instytut Biologii Molekularnej i Komórkowej

b) do innych sieci

nazwa sieci naukowej	specjalność naukowa	jednostki naukowe tworzące sieć
Krajowa Sieć Informacji o Bioróżnorodności Światowy System Informacji o Bioróżnorodności (Global Biodiversity Information Facility GBIF) http://www.gbif.edu.pl/	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 rejon 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.).	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

Polska Sieć biologii komórkowej i molekularnej UNESCO/PAN	Polska Sieć biologii komórkowej i molekularnej UNESCO/PAN jest organizacją otwartą, skupiającą na zasadzie dobrowolności poszczególne jednostki badawcze, bez jakichkolwiek zobowiązań finansowych	1. Akademia Medyczna 2. Uniwersytet Gdański 3. Centrum Onkologii - Instytut im. Marie Skłodowskiej-Curie 4. Instytut Farmakologii PAN 5. Uniwersytet Jagielloński 6. Akademia Medyczna w Lublinie 7. Uniwersytet im. Marii Skłodowskiej-Curie 8. Uniwersytet Łódzki 9. Akademia Rolniczo-Techniczna 10. Akademia Medyczna w Poznaniu 11. Instytut Chemii Bioorganicznej PAN 12. Uniwersytet im. Adama Mickiewicza 13. Zakład Genetyki Człowieka PAN 14. Pomorska Akademia Medyczna 15. Uniwersytet Mikołaja Kopernika 16. Instytut - Centrum Medycyny Doświadczalnej i Klinicznej PAN 17. Centrum Medyczne Kształcenia Podyplomowego 18. Instytut Biochemii i Biofizyki PAN 19. Instytut Biologii Doświadczalnej im. Nenckiego PAN 20. Międzynarodowy Instytut Biologii Molekularnej i Komórkowej 21. Zakład Genetyki, Instytut Matki i Dziecka 22. Zakład Genetyki, Instytut Psychiatrii i Neurobiologii 23. Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego 24. Uniwersytet Warszawski 25. Akademia Medyczna we Wrocławiu 26. Akademia Rolnicza we Wrocławiu 27. Instytut Immunologii i Terapii Doświadczalnej PAN 28. Uniwersytet Wrocławski
---	--	--

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. IChF PAN