

INSTYTUT BIOCHEMII I BIOFIZYKI

Polskiej Akademii Nauk

ul. Pawińskiego 5A
02-106 Warszawa

SPRAWOZDANIE Z DZIAŁALNOŚCI
za 2010 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 47: Modelowanie struktury i funkcji białek	
prof. dr hab. P. Zielenkiewicz	I.39
Temat nr 48: Badania wczesnych etapów zwijania i agregacji białek	
prof. dr hab. M. Dadlez	I.40
Temat nr 49: Metabolizm cukrów u bakterii mlekowych	
prof. dr hab. J. Bardowski	I.41
Temat nr 50: Przewodzenie sygnału stresu osmotycznego w roślinach	
doc. dr hab. G. Dobrowolska	I.42

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

Środowiskowe Laboratorium Magnetycznego Rezonansu Jądrowego	
prof. dr hab. A. Ejchart.....	I.70
Środowiskowe Laboratorium Spektrometrii Mas	
prof. dr hab. M. Dadlez	I.71
Lista seminariów instytutowych	I.72-I.75
Lista publikacji.....	II
Artykuły.....	II.77-II.87
Abstrakty	II.88-II.103
Rozprawy habilitacyjne	II.104
Prace doktorskie	II.105-II.109
Prace magisterskie	II.110-II.112
Miscellanea.....	II.113-II.114
Publikacje za rok 2009, które nie znalazły się w ubiegłorocznym sprawozdaniu	II.115
Inne ważne informacje o działalności IBB PAN	III
Podstawowe dane	III.117
Publikacje placówki.....	III.118-III.122
Realizowane projekty badawcze.....	III.123-III.135
Wybrane wyniki badań	III.136
Działalność placówki o charakterze innowacyjnym, aplikacyjnym	III.137
Kształcenie (rozwój) kadr naukowych	III.138-III.140
Aktywność wydawnicza	III.141
Upowszechnianie i promocja osiągnięć naukowych	III.142-III.144
Współpraca naukowa z zagranicą.....	III.145-III.146
Międzynarodowe centra naukowe	III.147
Działalność dydaktyczna	III.148
Udział placówki w organizacji krajowego życia naukowego	III.149
Działalność zaplecza naukowego o charakterze ogólno-środowiskowym	III.150-III.152
Nagrody, wyróżnienia naukowe uzyskane przez pracowników PAN w roku sprawozdawczym	III.153
Zatrudnienie.....	III.154
Centra doskonałości, sieci i konsorcja naukowe	III.155-III.157

**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

NAKŁADY NA DZIAŁALNOŚĆ IBB PAN w 2010 r.:

Przyznane dotacje	60.267.636,15
<i>w tym:</i>	
Działalność statutowa	20.621.630,00
Projekty badawcze MNiSW (granty)	4.829.338,80
Projekty UE	1.231.036,52
SPB-M	1.188.760,00
Projekty zamawiane	45.000,00
Fundusze strukturalne	28.711.070,83
Program specjalny JUVENTUS	1.150.000,00
Programy rozwojowe	890.800,00
Inwestycja aparaturowa	1.600.000,00
Inne	5.666.925,51
<i>w tym:</i>	
Działalność gospodarcza	1.418.243,74
Działalność finansowa	260.807,09
Pozostałe	3.987.874,60

ŁĄCZNIE: 65.934.561,66

PUBLIKACJE IBB PAN w 2010 r.:

• podręczniki/monografie lub ich rozdziały	4
• publikacje ukazujące się w czasopismach recenzowanych o zasięgu międzynarodowym	88
• publikacje ukazujące się w naukowych czasopismach krajowych	11
• prace popularno-naukowe	1
• doniesienie zjazdowe i konferencyjne	128
• inne publikacje	0
OGÓŁEM:	232

Sprawozdanie merytoryczne
z działalności statutowej
za 2010 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 (do 31.07.2010), dr Patrycja Wińska (do 31.08.2010), dr inż. Przemysław Ziemkowski (do 30.09.2010), dr Ramahandra Singh (od 01.09.2010), prof. dr hab. David Shugar

Zsyntetyzowano i zbadano szereg nowych analogów z grupy pochodnych 3'-fluorotymidyny i 4'-etynylostawudyny, spośród których 14 wykazało silną aktywność przeciwko HIV-1, przy jednocześniej bardzo niskiej cytotoksyczności *in vitro*.

Zbadano oddziaływanie wybranych nukleozydo-5'-trifosforanów z szeregiem powodujących oporność mutantów odwrotnej transkryptazy HIV-1 (HIV RT) (współpraca z zespołem prof. M. Figlerowicza z Instytutu Chemii Bioorganicznej PAN w Poznaniu). Zbadano również oddziaływanie w.w. 5'-trifosforanów z ludzkimi polimerazami DNA γ i β . Wykazano, że analogi te są kompetytywnymi inhibitorami laboratoryjnych szczepów HIV-1 RT przy czym inhibują one silniej HIV RT niż ludzkie polimerazy DNA.

Wyznaczono profile oporności krzyżowej w stosunku do wyselekcjonowanych inhibitorów laboratoryjnych szczepów HIV-1. Najlepsze inhibitory o nanomolowych wartościach IC_{50} i wysokim indeksie selektywności poddano badaniom przy użyciu klinicznych szczepów HIV-1 o oporności wielolekowej (współpraca z zespołem dr. A. Piaska, z Instytutu Medycyny Doświadczalnej i Klinicznej PAN w Warszawie oraz z zespołem dr. V. Vidala z firmy farmaceutycznej InPheno, Bazylea, Szwajcaria). Najlepsze wyselekcjonowane związki zsyntetyzowano w większej skali, umożliwiającą przeprowadzenie badań toksyczności ostrej i podostrej *in vivo* na myszach, które wykazały bardzo niską toksyczność ostrą ($LD_{50} > 2000$ mg/kg masy ciała), co kwalifikuje je jako potencjalne środki przeciwko zakażeniom opornymi szczepami retrowirusa HIV-1 (współpraca z zespołem doc. K. Kity z Zakładu Toksykologii Instytutu Przemysłu Organicznego w Pszczynie).

Złożono 3 wnioski patentowe w polskim i europejskim urzędzie patentowym.

Najważniejszy wynik badawczy:

Wykrycie szeregu nowych selektywnych i niskotoksycznych analogów nukleozydowych wysokoaktywnych przeciwko szczepom HIV-1 opornym na dotychczasowe leki.

PUBLIKACJE: 4401, 4402, 4413, 4425, 4445, 2884/A, 2885/A, 2886/A

Temat nr 1.1: Nowe związki o działaniu przeciwwirusowym i przeciwnowotworowym

Zespół: doc. dr hab. Maria Bretner, mgr Andzelika Najda-Bernatowicz, mgr Małgorzata Makowska, mgr Justyna Maszkowska (urlop macierzyński 02.2010-02.2011), 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 i benzimidazolu z podstawnikami w pierścieniu benzenowym oraz triazolowym lub imidazolowym: 5,6,7-tribromo-1-(3-chloropropyl)-4-metylo-1H-benzotriazolu, 4,5,6-tribromo-1-(3-chloropropyl)-7-metylo-1H-benzotriazolu, 4,5,6-tribromo-2-(3-chloropropyl)-7-metylo-2H-benzotriazolu, 3-(5,6,7-tribromo-4-metylo-1H-benzotriazol-1-yl)propan-1-olu, 3-(4,5,6-tribromo-7-metylo-1H-benzotriazol-1-yl)propan-1-olu, 3-(4,5,6-tribromo-7-metylo-2H-benzotriazol-2-yl)propan-1-olu, amidu kwasu 5-bromo-N-(2-etylofenylo)-1H-benzotriazolo-7-karboksylowego, 4,5-dibromobenzotriazolu, 4,5,6-tribromobenzotriazolu, oraz 2-metylobromo-5,6-dibromobenzimidazolu, 5-bromo-7-etylo-1H-benzimidazolu i 4,5,6-tribromo-7-etylo-1H-benzimidazolu.

Testowano wpływ syntetyzowanych związków na aktywność kinazy CK2. Do badań stosowano podjednostkę katalityczną α kinazy CK2 (CK2 α 1 zakupiona w firmie Kinase Detect). Wyznaczono wartości IC₅₀ dla zsyntetyzowanych związków i najlepszym inhibitorem okazał się amid kwasu 5-bromo-N-(2-etylofenylo)-1H-benzotriazolo-7-karboksylowego dla którego IC₅₀ wynosi 1,07 μ M.

Najważniejszy wynik badawczy:

Zbadanie wpływu podstawników benzotriazolu na aktywność w stosunku do kinazy CK2. Wykazanie, że duży podstawnik w pierścieniu benzotriazolu znacznie poprawia właściwości inhibitorowe.

PUBLIKACJE: 4425, 4437, 2826/A, 2905/A, 2924/A, 2925/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 2010 kontynuowano badania dotyczące zmapowania w białku VPg miejsca oddziaływania z eukariotycznym czynnikiem inicjacji translacji eIF4E. Rezultatem naszej wcześniejszej pracy była identyfikacja peptydu-VPg, który najlepiej oddziałuje z pszenicznym eIF(iso)4E, dzięki czemu miejsce interakcji zostało zawężone do obszaru 26 aminokwasów (peptyd nr 5).

W mijającym roku nasze badania dotyczące mapowania miejsca interakcji na VPg zostały poszerzone o doświadczenia przeprowadzone z ludzkim czynnikiem eIF4E, który został otrzymany na drodze ekspresji w systemie bakteryjnym. Zgodnie z poprzednimi doświadczeniami, otrzymane białko zostało wykorzystane w zmodyfikowanym teście ELISA do pomiaru i porównania oddziaływania z peptydami-VPg. Uzyskane rezultaty pokazały, że tak samo jak dla eIF(iso)4E z pszenicy, również w przypadku ludzkiego eIF4E najlepiej oddziałującym peptydem-VPg jest peptyd nr 5.

Kontynuowano również badania dotyczące przygotowania białka VPg, umożliwiające jego dostarczenie do komórek nowotworowych. Doświadczenia przeprowadzone wcześniej w naszym zespole na komórkach owadzych sugerują, że VPg oddziałując z eIF4E może mieć wpływ na lokalizację a tym samym jego rolę w komórce. Żeby sprawdzić czy VPg w podobny sposób działa w komórce nowotworowej, do wprowadzenia białka do komórek ludzkich w hodowli *in vitro* postanowiliśmy wykorzystać wektor o wysokich zdolnościach transdukcyjnych, dodekahedron adenowirusowy (Dd). W tym celu białko VPg sklonowano w fuzji z adaptorem – drożdżowymi domenami WW, posiadającym powinowactwo do N-końca białka podstawy pentonu, z którego uformowany jest Dd. Białka fuzyjne (konstrukty VPgWW i WWVPg) wyrażono w systemie bakteryjnym, jednak ze względu na problemy związane z ich rozpuszczalnością oraz niską wydajnością w trakcie oczyszczania, konstrukty przeklonowano do wektora pozwalającego na ekspresję w systemie bakulowirusa. Uzyskane w nowym systemie białka zostaną wykorzystane do wprowadzenia do komórek ssaczych przy użyciu Dd, a w konsekwencji do sprawdzenia, czy VPg może kontrolować lokalizację eIF4E w komórce nowotworowej i tym samym modulować jego funkcje.

Najważniejszy wynik badawczy:

Badania oddziaływania peptydów-VPg z eukariotycznym czynnikiem inicjacji translacji pochodzenia zarówno pszenicznego jak i ludzkiego niezbiecie wykazały, że najlepiej oddziałującym peptydem-VPg jest peptyd nr 5, dzięki czemu miejsce interakcji na VPg wirusa Y ziemniaka zostało zawężone do obszaru 26 aminokwasów.

Temat nr 5.2: Badania nad strukturą i funkcją białek owadzych

Zespół: dr hab. Krystyna Grzelak, dr Anżela Dwornyk

We współpracy z prof. dr hab. Marianem Kochmanem (Instytut Chemii Organicznej, Biochemii i Biotechnologii Politechniki Wrocławskiej) kontynuowano badania nad rekombinowanym białkiem wiążącym hormon juvenilny (rJHBP). Celem badań było wyjaśnienie funkcji reszty oligosacharydowej w cząsteczce białka. Wcześniej wykazano, że JHBP z hemolimfy *Galleria mellonella* podlega N-glikozylacji tylko w jednym (Asn⁹⁴) z dwóch potencjalnych miejsc glikozylacji (Asn⁴ i Asn⁹⁴).

Badania nad N-glikozylacją rekombinowanego białka produkowanego w komórkach *Pichia pastoris* wykazały obecność łańcuchów cukrowych (Man₉₋₁₀GlcNac₂) nie tylko w miejscu Asn⁹⁴ ale również Asn⁴. Okazało się, że N-glikozylacja w pozycji Asn⁹⁴ jest niezbędna dla wydajnej sekrecji białka z komórki i jego termostabilności. Potwierdzono również, że N-glikozylacja rJHBP nie wpływa na aktywność biologiczną białka (wiązanie hormonu).

Najważniejszy wynik badawczy:

Wykazanie, że N-glikozylacja JHBP w pozycji Asn⁹⁴ jest niezbędna dla wydajnej sekrecji białka i jego termostabilności.

PUBLIKACJE: 4419

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 adenowirusa (Dd) jest to cząsteczka wirusopodobna (VLP) złożona z 12 pentamerów białka podstawy pentonu odpowiedzialnego za penetrację wirusa w momencie infekcji. Rekombinowany Dd otrzymywany z dużą wydajnością w systemie bakulowirusa niezwykle wydajnie penetruje komórki ludzkie. Wykazaliśmy, że rDd jest wydajnym nośnikiem leków kowalencyjnie przyłączonych do jego powierzchni; użycie VLP umożliwiło znaczące zwiększenie *in vitro* biodostępności przeciwrakowego leku – bleomycyny.

Planowane testy *in vivo* oraz potencjalne zastosowania terapeutyczne Dd wymagają otrzymywania odpowiednich ilości materiału. W roku 2010 podjęliśmy próbę uproszczenia i skrócenia 2-stopniowej procedury oczyszczania VLP trwającej 4 dni. W tym celu wykorzystaliśmy złożę monolityczne. Zastosowanie wysokosprawnej chromatografii jonowymiennej z użyciem monolitycznej kolumny QA umożliwiło izolację rDd bezpośrednio z lizatów komórkowych. Oczyszczanie z zastosowaniem nowej procedury pozwala na otrzymanie homogennego preparatu w ciągu jednego dnia, a pominięcie etapu ultrawirowania umożliwia zwiększenie skali procesu. Obecnie dopracowujemy tę metodę dla oczyszczania Dd na większą skalę.

Kontynuowaliśmy badania nad strukturą rDd zmierzające do otrzymania wektora optymalnego do wykorzystania *in vivo*. Zidentyfikowaliśmy reszty aminokwasowe niezbędne dla integralności wektora oraz wykazaliśmy ograniczenia w możliwości modyfikowania N-końcowej domeny białka podstawy pentonu (Pb), tak aby nie został zaburzony proces formowania stabilnych cząsteczek dodekahedrycznych.

Najważniejszy wynik badawczy:

Opracowanie metody oczyszczania rDd opartej na użyciu złoża monolitycznego umożliwiło znaczące skrócenie procedury do jednego dnia, oraz stworzyło możliwość zwiększenia skali oczyszczania.

PUBLIKACJE: 4446, 2888/A, 178/M

Temat nr 6.1: Molekularne podstawy infekcji wiroidowej

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

Przeprowadzono kompleksową charakterystykę porównawczą profilu białek jądrowych wyrażanych w zdrowych i zainfekowanych wiroidem wrzecionowatości bulw ziemniaka (PSTVd) roślinach z wykorzystaniem spektrometrii mas ze znakowaniem izotopowym iTRAQ. Do badań wybrano ostry wariant sekwencyjny – PSTVd-S23. Otrzymane preparaty jądrowe z roślin zdrowych i zakażonych PSTVd-S23 po wystandaryzowaniu przebiegów na HPLC zostały poddane analizie porównawczej na spektrometrze mas. Wstępna analiza pozwoliła na zidentyfikowanie 12 białek jądrowych, których poziom produkcji w komórkach roślinnych uległ zmianie w wyniku infekcji wiroidowej. Należy do nich między innymi jądrowa GTPaza, S1TCP3 (czynnik transkrypcyjny), białko wiążące sekwencję MAR.

Rozpoczęto badania zmienności genomu PSTVd w zależności od temperatury i czasu infekcji. W tym celu rośliny pomidora odmiany Rutgers zakażono ostrym (PSTVd-S23) lub łagodnym (PSTVd-M) wariantem sekwencyjnym. Doświadczenie zostało przeprowadzone w dwóch wariantach temperaturowych (21°C i 28°C) aby śledzić presję selekcyjną. Próby zbierano po trzech i sześciu tygodniach w celu monitorowania zmienności populacji w trakcie rozwoju infekcji. Po wyizolowaniu totalnego RNA z roślin uzyskano produkty RT-PCR z wykorzystaniem specyficznych starterów komplementarnych do silnie konserwowanego regionu PSTVd tzw. CCR. Masywne sekwencjonowanie będzie przeprowadzone przy użyciu sekwenatora genomowego GS FLX Titanium firmy Roche. Po uzyskaniu danych z sekwenatora tj. około 40 000 odczytów dla jednej próbki przeprowadzona zostanie analiza porównawcza sekwencji genomu wiroidów uzyskanych w poszczególnych eksperymentach uwzględniających różną temperaturę i czas od infekcji.

Najważniejszy wynik badawczy:

Zidentyfikowano 12 białek jądrowych, których poziom produkcji w komórkach roślinnych ulega zmianie w wyniku infekcji ostrym wariantem sekwencyjnym PSTVd-S23.

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, dr Ewa Ciepichał-Głodowska, dr Małgorzata Gutkowska-Stronkowska (od 01.10.2010), mgr Katarzyna Gawarecka (doktorantka, od 01.10.2010), techn. Józefina Hertel, dr Wiesław Jankowski, mgr Adam Józwiak, mgr Joanna Siedlecka (od 15.04.2010), dr Karolina Skorupińska-Tudek (od 01.09.2010, powrót po urlopie wychowawczym), dr Liliana Surmacz (od 01.06.2010, powrót po urlopie wychowawczym), dr Agnieszka Witek (do 30.06.2010), mgr Magdalena Wojtas (do 15.10.2010), magistrantki (od 01.10.10): Magdalena Hardej, Anna Leja, Magdalena Płes

Badano korelację zawartości dolicholi i ekspresji wybranych *cis*-prenylotransferaz (CPT) w korzeniach *Arabidopsis* w warunkach stresu osmotycznego - wykazano indukcję ekspresji jednej z CPT, zaobserwowano wpływ źródła węgla na zmiany profilu dolicholi.

Badano wpływ poliprenoli (efekt konfiguracji *cis/trans*-) na przepuszczalność błon modelowych (wsp. Prof. K. Strzałka, UJ), badano produkty oksydacji izoprenoidów tlenem singletowym (wsp. Prof. Z. Czarnocki, UW).

Kontynuowano badania nad pochodnymi poliprenoli (jodki prenylotrimetyloamoniowe) – przygotowano potrzebne ilości preparatów (wsp. prof. W. Danikiewicz i prof. M. Chmielewski, IChO), testowano ich właściwości lipofekcyjne (wsp. prof. Z. Madeja UJ i prof. M. Małecki, COI) oraz efekty ich długotrwałego podawania (wsp. prof. E. Kompanowska-Jezierska, IMDiK).

Kontynuowano badania nad mutantem insercyjnym *A. thaliana* z unieczynnionym genem kodującym REP, badano m.in. przebieg endocytozy, przeprowadzono komplementację mutantą kopią wt *AtREP* (wsp. dr Anna Anielska-Mazur).

Wykazano, że gen SRD5A3 jest ludzkim odpowiednikiem reduktazy poliprenoli (wsp. dr D. Lefeber, Radboud University, Nijmegen).

Scharakteryzowano ludzkie nowotwory mózgowia metodami NMR (ciało stałe) i GC (wsp. dr I Wawer, WUM).

Kontynuowano badania nad mechanizmem regulacji metabolizmu ubichinonu u ssaków (wsp. prof. G. Dallner, Stockholm University).

W ramach Kolekcji Poliprenoli udostępniono preparaty kilkunastu grupom badawczym.

Najważniejszy wynik badawczy:

Wykazano indukcję ekspresji genu kodującego *AtCPT* w korzeniach *Arabidopsis* pod wpływem stresu osmotycznego oraz wykazano zmianę profilu poliizoprenoidów w tkankach roślin w zależności od źródła węgla.

PUBLIKACJE: 4427, 4428, 2676/A, 2848/A, 2850/A, 2856/A, 2911/A, 577/N

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

Zespół: prof. dr hab. Grażyna Muszyńska, dr Jadwiga Szczegielniak, mgr Elżbieta Lewandowska-Gnatowska, mgr Lidia Szymona, mgr Inga Szurgot (do 28.02.2010)

Analizowano wpływ zranienia liści kukurydzy na metylację cytozyny w genomowym DNA i poziom fosforylacji białek przez endogenne kinazy białkowe.

Do oznaczania zawartości 5-metylocytozyny (5mC) w DNA zastosowano specyficzne do 5mC przeciwciała. Wykazano przejściowy spadek poziomu 5mC po zranieniu roślin. Immunodetekcja potwierdziła wyniki uprzednio uzyskane przy użyciu chromatografii cienkowsarstwowej, otrzymane dwiema niezależnymi metodami; sugerowało to wpływ zranienia na transkrypcję genów kodujących białka uczestniczące w odpowiedzi na stres. Zgodnie z założeniem w kukurydzy ekspresja genów odpowiedzi na zranienie [lipoksygenaz (*l,10*), inhibitorów proteaz (*WPI 1* i *MPI 1*), CDKP (*ZmCPK11*), MAPK (*ZmMPK5*), fosfatazy białkowej (*ZmPP2C*) i arginazy] wzrastała po zranieniu i była skorelowana z obniżeniem metylacji DNA. W pierwszym egzonie *ZmCPK11* zlokalizowano dwie modyfikowane cytozyny, których poziom metylacji spadał po zranieniu. Ponadto, analiza *in silico* sekwencji promotorowej *ZmCPK11* wykazała obecność dwóch obszarów szczególnie podatnych na metylację (tzw. wysp CpG) i 40 motywów regulatorowych, z których 18 jest potencjalnie związanych z odpowiedzią roślin na stresy.

Zranienie wpływa również na fosforylację białek. Ufosforylowane białka, po rozdziale poprzez elektroforezę dwukierunkową, zidentyfikowano Pro Q Diamond. Wykazano zmiany w poziomie fosforylacji 270 białek, z których 19 prawdopodobnie uczestniczy w przekazywaniu sygnałów (manuskrypt wysłany do Phytochemistry). Wśród białek, których fosforylacja jest regulowana przez zranienie, zidentyfikowano eukariotyczny czynnik inicjacji translacji (eIF5A).

Najważniejszy wynik badawczy:

Zranienie liści kukurydzy powoduje zmiany w poziomie metylacji genomowego DNA i w fosforylacji białek. Sensorem tych zmian jest kinaza *ZmCPK11*, której aktywność i poziom transkryptu wzrasta podczas zranienia i dotyku.

PUBLIKACJE: 4394, 2893/A, 2894/A, 2899/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, mgr Justyna Tarwacka, dr Anna Szczerbakowa, dr Urszula Maciejewska

Badania nad uzyskaniem genetycznej odporności ziemniaka (*Solanum tuberosum*) na *Phytophthora infestans* prowadzono techniką somatycznej hybrydyzacji z użyciem dzikich gatunków *Solanaceae*: 6x *S. nigrum*, 6x *S. Scabrum* i 4x *S. villosum* jako dawcy cech odporności. Otrzymano szereg mieszańców które poddano analizie cytogenetycznej i molekularnej oraz testom odporności na *P. infestans*. Mieszańce *S. villosum* (+) *S. tuberosum* DG 81-68 okazały się najbardziej odporne na *P. infestans* (ponad 8 w 9-cio stopniowej skali) podczas gdy odporność gatunków rodzicielskich wynosiła 2.5 dla *S. tuberosum* i 8.9 dla *S. villosum*. Skład genomowy DNA jądrowego mieszańców określono techniką genomowej hybrydyzacji *in situ* (GISH) przy wykorzystaniu wyznakowanych sond DNA rodzicielskich. Potwierdzono obecność pełnego zestawu chromosomów *S. tuberosum* w mieszańcach VT-1 i VT-5 (euploidy) a u VT-4 wykryto eliminację części chromosomów z *S. villosum* (aneuploidy). Mieszańce VT-1 i VT-5 poddano wstecznemu krzyżowaniu pyłkiem z *S. tuberosum* uzyskując zniekształcone nasiona tylko z VT-5. Wynik ten świadczy o możliwości uzyskania roślin ziemniaka z mieszańców o pełnej odporności na *P. infestans*.

Kontynuowano również badania nad możliwymi drogami przekazywania sygnału indukowanego elicitorem z *P. infestans* w genotypach *Solanum*, różniących się typem i poziomem odporności na ten patogen: *S. nigrum* var *Gigantea*, *S. tuberosum* cv. *Bzura* i klon *H-8105*. Dotychczas wykazano znaczące różnice w aktywności fosfolipazy A_2 (PLA_2) w badanych genotypach. Zróżnicowany wpływ inhibitorów (HELSS i BPB) na aktywność PLA_2 sugeruje obecność różnych izoform ($iPLA_2$, $sPLA_2$) tego enzymu oraz ich różną aktywację pod wpływem elicitorów z *P. infestans*. Wykazano również korelację pomiędzy aktywnością PLA_2 a syntezą reaktywnych form tlenu (RFT). Ponadto zaobserwowano wzrost aktywności kinaz białkowych po traktowaniu roślin elicitorem. W gatunku odpornym na *P. infestans* (*S. nigrum*) wykazano wzrost aktywności kinaz MAP już po 30. min po działaniu elicitora który utrzymywał się do 18 godziny inkubacji z elicitorem. Uzyskane dane wskazują na zróżnicowaną aktywację sygnałną zależną od poziomem odporności roślin na *P. infestans*.

Najważniejszy wynik badawczy:

Otrzymano mieszańce somatyczne o pełnej odporności na *P. infestans*. Wykazano korelację pomiędzy syntezą RFT a aktywacją fosfolipaz i kinaz MAP indukowanych przez *P. infestans*.

PUBLIKACJE: 4441, 2832/A, 2833/A

Temat nr 18: Molekularne regulacje syntezy glikokoniugatów w komórkach drożdży

Zespół: prof. dr hab. Grażyna Palamarczyk, dr Anna Janik, mgr Monika Pasikowska, mgr Mateusz Juchimiuk

Tematyka dotyczy badania przebiegu dolicholo-zależnych glikozylacji białek w patogennych drożdżach *Candida albicans*. Ten ludzki patogen grzybowy u zdrowych osobników występuje jako niegroźny organizm saprofityczny. Stanowi natomiast poważne zagrożenie dla pacjentów z ograniczoną odpornością immunologiczną.

Ciekawą cechą biologii *C. albicans* jest jej zdolność do tworzenia różnych form morfologicznych takich jak komórki drożdżowe, pseudo-strzępki, strzępka oraz chlamydospery. Przejście od formy drożdżowej do strzępkowej uważa się za warunek rozwoju formy patogenicznej *C. albicans*.

Skonstruowaliśmy warunkowego mutantu *C. albicans*, w którym kontrolowano ekspresję genu *RER2*, kodującego *cis*-prenylotransferazę, Rer2p, poprzez zastosowanie promotora metioninowego MET3. Białko Rer2p jest pierwszym enzymem szlaku mewalonowego, zaangażowanym w biosyntezę dolicholu, lipidowego nośnika reszt cukrowych w procesach glikozylacji białek. Zmutowany szczep, hodowany w obecności metioniny powodującej represję promotora genu *RER2*, zawierał ok. 4% aktywności *cis*-prenylotransferazy i znacznie ograniczoną ilość dolicholu. Ponadto był niezdolny do wzrostu w temperaturze 37°C, natomiast w temperaturze permissyjnej, 28°C, nie wytwarzał form strzępkowych. Analiza biochemiczna wykazała zaburzenia glikozylacji białek w tym mutancie a także uszkodzenie ściany komórkowej. Zaburzenia w tworzeniu strzępek obserwowano również w szczepie z regulowaną aktywnością CTP-zależnej kinazy dolicholu (Sec59p).

Równolegle badano rolę białka grzybowego Rot1p w regulowaniu procesu glikozylacji białek. Stwierdzono, że Rot1p oddziałuje funkcjonalnie z podjednostką Ost3p, wchodzącą w skład kompleksu oligo-sacharylotransferazy zaangażowanej w N-glikozylację białek.

Najważniejszy wynik badawczy:

Stwierdzenie, że poziom dolicholu oraz jego zdolność do włączenia się w procesy glikozylacji po fosforylacji decydują nie tylko o przebiegu glikozylacji białek, lecz także o różnicowaniu morfologicznym *C. albicans*, a w konsekwencji o jej wirulentności.

PUBLIKACJE: 4383, 4423, 4434, 2865/A

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 Sebastian Piłsyk, mgr inż. Patrycja Zembek (doktorantka)

Grzyby nitkowate z rodzaju *Trichoderma* mają niezwykle wydajny aparat produkcji i sekrecji białek co jest wykorzystywane 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.

Modyfikacje procesu O-glikozylacji w zasadniczy sposób wpływają na wydajność wydzielania białek u *Trichoderma*. Modyfikacja aktywności syntazy DPM kluczowego enzymu procesu O-glikozylacji w *T. atroviride*, spowodowała zwiększenie aktywności antygrzybowej i biokontrolnej. Sposób otrzymywania tych szczepów jak i one same są tematem zgłoszenia patentowego, które jest w trakcie przygotowywania.

Kontynuujemy proces analizy funkcjonalnej genu *rer2* z *T. reesei*. Nadekspresja tego genu w mutancie drożdżowym *S. cerevisiae* Δ *srt1* nie spowodowała znaczącego podniesienia aktywności *cis*-prenylotransferazy. Dalsze prace związane są z delecją genu *RER2* w szczepie *S. cerevisiae* Δ *srt1/rer2Tr*. Rozpoczęliśmy również proces klonowania i analizy funkcjonalnej genu *erg20* z *T. reesei*.

Dodatkowo kontynuujemy otrzymywanie zmodyfikowanych szczepów biokontrolnych poprzez modyfikacje szlaku mewalonowego związanego zarówno z produkcją związków antygrzybowych jak i z syntezą dolicholu, a tym samym z procesami glikozylacji.

Zakończyliśmy publikacją prace nad wpływem hodowli *Trichoderma* w obecności stabilizatora osmotycznego, sorbitolu, na procesy syntezy, modyfikacji i wydzielania białek. Zakończyliśmy też prace nad wyciszaniem ekspresji genu *pmt1* poprzez integrację dodatkowych kopii tego genu go genomu *T. reesei*. Praca w druku w Fungal Biology.

Najważniejszy wynik badawczy:

Analiza sekwencji genomu *T. reesei* wykazała obecność tylko jednego genu o znaczącej homologii do *RER2* i *SRT1* z *S. cerevisiae*. Nadekspresja *ERG20* w *T. atroviride* powoduje zmiany morfologiczne, ograniczenie wydzielania białek o zwiększonym stopniu glikozylacji.

PUBLIKACJE: 4440

Temat nr 20.1: Regulacja biosyntezy tRNA u drożdży

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

Przedmiotem naszych badań jest drożdżowe białko Maf1, konserwowane u wyższych eukariontów. Gen kodujący Maf1 u drożdży został sklonowany w naszym zespole. We współpracy z grupą dr. Lefebvre z CEA-Saclay udało nam się wykazać, że Maf1 jest globalnym represorem transkrypcji z udziałem polimerazy III RNA i częściowo poznać mechanizm jego działania. Badania przeprowadzone w ostatnim roku zmierzały do określenia wpływu braku kontroli transkrypcji tRNA przez Maf1 na potranskrypcyjne etapy biosyntezy tRNA u drożdży.

Zastosowanie precyzyjnych sond dla kilku różnych tRNA pozwoliło na odróżnienie pierwotnego transkryptu, prekursorów pozbawionych końców 5' i 3' zawierających intron i dojrzałego tRNA. Stwierdzono, że w komórkach *maf1-Δ* opóźnione jest dojrzewanie pre-tRNA zawierających introny. Dla takich tRNA obserwowano zwiększoną akumulację pierwotnego transkryptu, jak również prekursorów pozbawionych końców 5' i 3' zawierających intron. Akumulacji pierwotnego transkryptu nie obserwowano natomiast dla tRNA pozbawionych intronu. Wykorzystanie techniki FISH umożliwiło stwierdzenie lokalizacji jądrowej prekursorów tRNA akumulowanych w mutancie pozbawionym funkcjonalnego Maf1.

Wiadomo, że w komórkach kontrolnych czynnikiem limitującym obróbkę pierwotnego transkryptu jest RPR1, mały RNA wchodzący w skład RNazy P. Zwiększenie poziomu RPR1 nie wpływało jednak na akumulację pre-tRNA w komórkach *maf1-Δ*. Wynik ten wskazuje na zależność procesowania 5' końca pre-tRNA od obecności Maf1. Ze względu na zbieżność mitochondrialnego fenotypu *maf1-Δ* i mitochondrialną lokalizację endonukleazy tRNA u drożdży, zbadaliśmy, we współpracy z prof. Anitą Hopper z Ohio State University, USA, związek Maf1 ze splicingiem tRNA. Zwiększenie ekspresji tRNA-ligazy oraz podjednostek tRNA-endonukleazy nie powodowało jednak zniesienia defektu wycinania intronu z pre-tRNA obserwowanego w komórkach *maf1-Δ*. Zbadano, zatem, zależność akumulacji pre-tRNA spowodowaną brakiem regulacji transkrypcji tRNA przez Maf1 od poziomu eksportyny Los, która kontroluje transport pre-tRNA z jądra do cytoplazmy. Nadprodukcja Los1 wydaje się zmniejszać poziom pre-tRNA w komórkach *maf1-Δ*, co wskazuje, że czynnikiem limitującym jest eksport pre-tRNA z jądra. Inaktywacja Los1 powodowała jednak również zmniejszenie poziomu pre-tRNA, w podwójnym mutancie *maf1-Δ. los1-Δ*. Związek między regulacją transkrypcji a transportem tRNA między jądrem a cytoplazmą jest, zatem, bardziej skomplikowany i będzie przedmiotem naszych dalszych badań.

Najważniejszy wynik badawczy:

Wykazano zależność między transkrypcją a dojrzewaniem pre-tRNA.

PUBLIKACJE: 4382/2, 4447, 2927/A, 2928/A, 2929/A, 2935/A, 589/N, 597/N, 615/N, 616/N

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

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

Kontynuowano temat stabilności genomu komórek *S. cerevisiae*. Zastosowano technikę mikromacierzy do identyfikacji genów uczestniczących w naprawie poszczególnych rodzajów uszkodzeń DNA. Identyfikowano geny uczestniczące w naprawie podwójnych pęknięć w komórkach diploidalnych oraz geny uczestniczące w naprawie uszkodzeń typu frameshift i Amber. Testy indywidualne na szczepach z delecjami zidentyfikowanych genów wykazały wysoką zgodność z eksperymentami całogenomowymi. Wśród wyodrębnionych genów znajdują się geny o nieznanej funkcji oraz geny o funkcjach niewiązanych ze stabilnością genomu. Rozpoczęto współpracę z zespołami prof. prof. G. Palamarczyk, A. Paszewskiego i A. Sirko w całogenomowych projektach analizy transkryptomu komórek organizmów modelowych.

Badano wpływ mutacji w podjednostce szóstej syntazy ATP na funkcje mitochondriów i całej komórki. Do komórek drożdży *S. cerevisiae* wprowadzono pięć mutacji odpowiadających mutacjom znalezionym w nowotworach. Mutacje te nie zaburzają znacząco funkcji oddechowych komórki, wpływają natomiast na ważne w procesie nowotworzenia procesy: apoptozę (u drożdży czas życia komórki) i autofagocytozę.

Kontynuowano badanie ewolucyjnego konserwowania funkcji białek z domeną SH3. W mutancie *S. cerevisiae* z delecją genu *HOF1* wyrażono ortologi z *A. gossipii*, *C. albicans* i *S. pombe*. Wykazano, że białka z *C. albicans* i *S. pombe* nie mogą zastąpić białka Hof1 z *S. cerevisiae*. Przy zastosowaniu metody SGA (synthetic genetic array) poszukiwano interakcji genetycznych genu *HOF1*, pozbawionego części kodującej domenę SH3, stosując kolekcję mutantów delecyjnych. Technikę SGA zastosowano także do poszukiwania syntetycznych oddziaływań mutacji w genie *SWC4*, niezbędnym do życia komórek drożdży. Znalezione oddziaływanie z genem *CTF19*, kodującym białko kinetochorowe występujące w kompleksie COMA.

Najważniejszy wynik badawczy:

Wśród nowo zidentyfikowanych genów odpowiedzialnych za stabilność genomu istotną grupę stanowią geny o nieznanej funkcji oraz geny o funkcjach niewiązanych dotychczas z tym procesem.

PUBLIKACJE: 4382/4, 4435, 4448, 2828/A, 2889/A, 2892/A, 2932/A

Temat nr 20.3: Genetyczna regulacja 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 (doktorant)

Zakończono analizę dominujących mutacji w genie *metR Aspergillus nidulans* kodującym czynnik transkrypcyjny specyficzny dla szeregu genów metabolizmu siarkowego. Mutacje te selekcjonowano jako supresory mutacji w głównej drodze syntezy metioniny, umożliwiające wykorzystywanie drogi alternatywnej. Stwierdzono, że mutacje te polegają na zastąpieniu fenyloalaniny 48 na inny aminokwas przez co białko METR uwalnia się spod kontroli ligazy ubikwitynowej typu SCF, która prowadzi do jego inaktywacji. W konsekwencji geny kontrolowane przez METR, w tym kontrolujące drogę alternatywną syntezy metioniny, są stale włączone (praca w druku).

Rozpoczęto analizę transkryptomów i proteomów mutantów *A. nidulans* zaburzonych w metabolizmie siarki – jedne wytwarzające nadmiar związków siarkowych, głównie tioli, inne mające ich niedobór, przy czym jedne i drugie są prototrofami. Chodzi o sprawdzenie jak te zaburzenia odbijają się na profilach transkryptów i białek zmutowanych szczepów.

W ramach badań bioinformatycznych przeprowadzono analizę transpozonów w genomach około 80 gatunków grzybów, która wykazała wzbogacenie w transpozony genomów grzybów-patogenów roślin. Jednocześnie dla patogennych grzybów z rodziny *Ajellomycetaceae* zaobserwowano duże zróżnicowanie w zawartości transpozonów pomiędzy genomami szczepów jednego gatunku. Analiza genów „ukradzionych” przez transpozony sugeruje, że „ukradzione” geny mogą nieść adaptacyjne korzyści dla organizmu gospodarza.

Najważniejszy wynik badawczy:

Patogeny roślinne mają genomy najbogatsze w transpozony.

PUBLIKACJE: 4453, 2903/A

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

Zespół: prof. dr hab. Teresa Żóładek, dr Joanna Kamińska, dr Marta Stawiecka-Mirola (do 03.2010), mgr Daria Romanyuk, mgr Katarzyna Jarmoszewicz, mgr Żaneta Ludwiczak, mgr Anna Polak (do 08.2010), mgr Anna Domańska (od 10.2010)

Ligaza ubikwitynowa Rsp5 bierze udział w szeregu procesów komórkowych, w tym w endocytozie. Miejscem gdzie zachodzi endocytoza są łatki aktynowe i aktywna polimeryzacja aktyny jest niezbędna do tego procesu. W eksperymentach video z użyciem mikroskopu konfokalnego stwierdziliśmy, że N-końcowy fragment Rsp5 jest rekrutowany do łatek aktynowych, gdyż czasowo kolokalizował się z markerem łatek aktynowych, Abp1-mCherry. Organizacja cytoszkieletu aktynowego była nieprawidłowa w szczepie pozbawionym Rsp5 i w szczepie typu dzikiego z nadprodukcją Rsp5 i ten fenotyp korelował ze zmianami morfologicznymi komórek. Nadprodukcja Rsp5 powodowała nadwrażliwość komórek na Latrunkulinę A, związek depolimeryzujący aktynę. Nadekspresja genu *RSP5* była toksyczna dla komórek pozbawionych aktywatora nukleacji aktyny, Las17. Ponadto Rsp5 było niezbędne do polimeryzacji aktyny w systemie *in vitro* z udziałem białka GST-Myo5-TH2-SH3 i ekstraktu komórkowego. Rsp5 wiązało się z Las17 i białkami wiążącymi Las17: Lsb1, Lsb2 i Bzz1, w systemie *in vitro* z użyciem GST-Rsp5-WW2/3. Ubikwitynacja HA-Lsb1 i HA-Lsb2 była zależna od Rsp5 i nie powodowała degradacji tych białek. Nadprodukcja Rsp5 i delecje *lsb1Δ lsb2Δ* powodowały niezależnie zwiększenie poziomu HA-Las17. Regulacja funkcjonowania cytoszkieletu aktynowego przez Rsp5 może też być mechanizmem, przez który Rsp5 wpływa na transport powrotny białek z Aparatu Golgiego do ER, zależny od pęcherzyków COPI. Jest to przedmiotem naszych dalszych badań.

Badaliśmy też funkcjonowanie ludzkiego białka Atg2A w autofagii u drożdży i stwierdziliśmy, że jest ono rekrutowane do struktury preautofagosomalnej (PAS) przez wiązanie się z białkiem Atg18. Jednakże pomimo prawidłowej lokalizacji białko Atg2A nie funkcjonowało w autofagii, o czym świadczył brak komplementacji defektów autofagii mutantu *atg2Δ* pozbawionego Atg2. Również fuzje fragmentu N-terminalnego Atg2A z C-terminalnym fragmentem Atg2 (i odwrotnie) nie były funkcjonalne w autofagii.

Najważniejszy wynik badawczy:

Ligaza ubikwitynowa Rsp5 razem z białkami Lsb1 i Lsb2, które ubikwitynuje, reguluje poziom aktywatora nukleacji aktyny Las17 i w ten sposób reguluje cytoszkielet aktynowy.

PUBLIKACJE: 2825/A, 2828/A, 2840/A, 2889/A, 2933/A, 2934/A, 177/M, 604/N, 601/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* (szczep 715j, izolowany od pacjenta z mukowiscydozą). Stwierdzono, że utylizacja szeregu organicznych źródeł siarki (metioniny, tauryny, alifatycznych sulfonianów, DMSO, aromatycznych estrów siarczanowych oraz estrów siarczanowych prostych i złożonych węglowodanów) wymaga funkcji regulatora SsuR_{Bc} jako aktywatora transkrypcji odpowiednich genów/peronów. Zbadano rolę białka SsuR_{Bc} w regulacji ekspresji z regionów promotorowych genów związanych z metabolizmem siarkowym (w sumie 12 promotorów). Drogą konstrukcji i badania aktywności odpowiednich fuzji promotor-reporter wykazano, że ekspresja *in vivo* genów kontrolowanych przez SsuR_{Bc} nie ulega zahamowaniu w obecności nieorganicznego siarczanu i nie podlega kontroli przez inny regulator transkrypcyjny metabolizmu siarkowego, CysB_{Bc}. Stwierdzono, że SsuR_{Bc} wiąże się z regionami promotorowo-regulatorowymi genów docelowych na długich odcinkach DNA (ponad 120 pz). Stosując skrócone odcinki promotorowo-regulatorowe wybranych genów wykazano, że sekwencje ~44-pz poprzedzające element (-35) funkcjonalnych promotorów są wystarczające dla związania SsuR oraz aktywacji transkrypcyjnej promotora *in vivo*.

Najważniejszy wynik badawczy:

Identyfikacja genów należących do „regulon SsuR” oraz charakterystyka elementu wiążącego SsuR w regionach regulatorowych docelowych genów u *B. cenocepacia*.

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, dr Karolina Makiela-Dzbeńska, mgr Joanna Kraszewska, mgr Urszula Wrońska, mgr Marta Garbacz, mgr Ewa Grabowska, mgr Anna Zawada (od 01.10.2010), mgr Katarzyna Masłowska (od 01.10.2010)

W roku 2010 kontynuowano prace nad wyjaśnieniem roli niekatalitycznych podjednostek holoenzymów polimeraz DNA w stabilności materiału genetycznego. Wyizolowane w poprzednich latach w naszej pracowni mutanty *dpb2* (gen kodujący niekatalityczną podjednostkę holoenzymu polimerazy epsilon) charakteryzowały się podwyższonym poziomem spontanicznej mutagenazy. Jedną z zaproponowanych przez nas hipotez, tłumaczącą mechanizm mutatorowości szczepów *dpb2* postulowała, że zmiany w oddziaływaniach pomiędzy podjednostkami w holoenzymie Pol ϵ mogą prowadzić do destabilizacji całego holoenzymu, jego częstszej dysocjacji od matrycy DNA oraz włączenia się do procesu replikacji DNA innych, mniej wiernych polimeraz DNA. W komórkach drożdży dwie polimerazy TLS mogą odgrywać istotną rolę w trakcie replikacji DNA. Są to Pol η (eta) z rodziny polimeraz Y oraz Pol ζ (zeta) z rodziny polimeraz B. Używając szczepów nieposiadających aktywnej Pol ζ wykazaliśmy, że w komórkach *S. cerevisiae* Pol ζ jest odpowiedzialna za częściowy wzrost spontanicznej mutagenazy w szczepach niosących zmutowane formy białka Dpb2. Otrzymano również wyniki wskazujące na brak bezpośredniego udziału Pol η w replikacji nieuszkodzonego DNA w szczepach *dpb2*.

Kontynuowano prace dotyczące roli podjednostki tau (τ) – strukturalnej podjednostki holoenzymu polimerazy III DNA w kontroli powstawania mutacji spontanicznych w komórkach *Escherichia coli*. Otrzymane wyniki wskazują, że podjednostka tau uczestniczy w prawidłowym rozpoznawaniu niewłaściwych par zasad znajdujących się na końcu 3'OH primera (Gawel i wsp. Praca przyjęta do *J. Bacteriol.*). Podjednostka ta kontroluje udział innych polimeraz DNA (Pol II DNA czy Pol IV DNA) w replikacji.

Najważniejszy wynik badawczy:

Wykazaliśmy, że zarówno w komórkach prokariotycznych jak i eukariotycznych, podczas replikacji nieuszkodzonego DNA, następuje wymiana polimeraz w widelkach replikacyjnych. Wymiana ta może być kontrolowana przez niekatalityczne białka polimeraz DNA.

PUBLIKACJE: 4387, 2936/A, 2937/A, 2938/A, 2939/A, 576/N, 596/N

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

Zespół: prof. dr hab. Zygmunt Cieśla, dr Aneta Kaniak-Golik, dr Ewa Malc (do 04.2010)

Prace nad mechanizmami odpowiedzialnymi za naprawę uszkodzeń genomu mitochondrialnego drożdży *S. cerevisiae*, jako organizmu modelowego, koncentrowały się na udziale rekombinacji w tych procesach. W poprzednich badaniach wykazaliśmy, że białko Msh1, homolog bakteryjnego białka MutS, jest pozytywnym elementem indukującym rekombinację mitochondrialną. Ostatnio wykazano, że efekt stymulacji heteroallelicznej rekombinacji mitochondrialnej przez Msh1p jest uzależniony od funkcji mitochondrialnej nukleazy Nuc1, która jest zaangażowana w proces apoptozy komórek drożdżowych. Stwierdzono także, że inaktywacja genu *RAD50*, który jest również niezbędny do efektywnej rekombinacji mtDNA, w połączeniu z allelem *msh1-R813W*, powodującym częściową dysfunkcję białka Msh1, prowadzi do bardzo silnego fenotypu mutatora mitochondrialnego, badanego częstością pojawiania się mutacji opornych na erytromycynę (Ery^r). Wynik ten sugeruje, że rekombinacja mtDNA zależna od Rad50p i proces naprawczy zależny od Msh1p stanowią dwie odrębne ścieżki w reperacji uszkodzeń mtDNA. Ponieważ, zrozumienie funkcjonowania różnych ścieżek rekombinacji mtDNA jest utrudnione nieznaną wielką liczbą białek, które potencjalnie są zaangażowane w te procesy, jednym z głównych celów prowadzonych obecnie badań jest ich identyfikacja. W tym celu został zastosowany test alfa-komplementacji, zaprojektowany do identyfikacji białek zlokalizowanych w mitochondriach. Przy użyciu tego testu stwierdzono w kompartmentie mitochondrialnym obecność białka Rad51, który był dotychczas znany jako główna rekombinaza jądrowa. Wykazano także w mitochondriach obecność nukleazy Yen1, która jest odpowiedzialna podczas rekombinacji jądrowej za procesowanie struktur Holliday'a. Ponieważ jednak, oprócz identyfikacji rekombinazy Rad51 jako białka również mitochondrialnego, znana jest mitochondrialna rekombinaza Mhr1, a oprócz Yen1, w procesowanie struktur Holliday'a jest zaangażowana mitochondrialna endonukleaza Cce1, udział tych białek w rekombinacji heteroallelicznej, oznaczanej przy użyciu testu rekombinacji w obrębie reporterowego genu *Arg8^m*, badany jest obecnie poprzez analizę rekombinacji między odpowiednimi mutantami podwójnymi.

Najważniejszy wynik badawczy:

Ustalenie mitochondrialnej lokalizacji rekombinazy Rad51 i nukleazy Yen1.

PUBLIKACJE: 4454

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 (staż podoktorski USA), dr Agnieszka Podlaska, mgr Joanna Derkacz, mgr Małgorzata Alabrudzińska, mgr Izabela Brózda, mgr Kamil Król, mgr Michał Płachta, prof. dr hab. Witold Jachymczyk

Kontynuowano badania mechanizmów zaangażowanych w tolerancję uszkodzeń DNA. Upřednio wykazaliśmy, że białka Mms2 i Rad5, które tworzą wraz z Ubc13 kompleks odpowiedzialny za poliubikwitynację czynnika procesywności replikacji, PCNA, stymulują zależną od polimerazy zeta syntezę poprzez uszkodzenia DNA (TLS od Trans Lesion Synthesis). Nasze obecne badania pokazują, że w stymulacji TLS, Mms2 współpracuje z Ubc13, co sugeruje znaczenie aktywności koniugującej ubikwitynę kompleksu Mms2/Ubc13 w tym procesie. Stwierdziliśmy równocześnie, że ubikwitynacja PCNA w której uczestniczy kompleks Mms2/Ubc13 nie ma istotnego znaczenia dla syntezy poprzez uszkodzenia i że Mms2/Ubc13 funkcjonuje w TLS niezależnie od Rad5. Wykorzystując mutację punktową w domenie ATP-azowej i mutację inaktywującą domenę „RING finger” odpowiedzialną za aktywność ligazy ubikwitynowej, stwierdziliśmy, że znane aktywności enzymatyczne Rad5 nie mają znaczenia w stymulacji TLS co sugeruje strukturalną rolę samego białka RAD5 w promowaniu przejścia kompleksu replikacyjnego przez uszkodzenie. Ustaliśmy także, że w procesowaniu blokujących replikację uszkodzeń, Pol zeta-zależny TLS konkuruje z Rad52-zależną reperacją rekombinacją i zarówno Mms2/Ubc13 jak i Rad5 promują TLS w tej konkurencji.

Drugi kierunek badań naszego zespołu obejmuje eksperymenty genomiczne wykorzystujące bibliotekę izogenicznych szczepów delecyjnych wszystkich genów drożdży *Saccharomyces cerevisiae*, oraz mikromacierze „molekularnych kodów kreskowych” do badania procesów decydujących o stabilności genomu komórek diploidalnych. Wykazaliśmy doświadczalnie, wysoką zgodność danych wielkoskalowych z danymi dla poszczególnych szczepów. W dalszych badaniach zajęliśmy się wybranymi szczepami delecyjnymi, które wykazywały szczególnie silny efekt mutatorowy. Doprowadziło to do wykazania istnienia specyficznego dla komórki diploidalnej fenomenu redukcji liczby kopii genomu z 2c do 1c. Stwierdzono, że haploidyżacja umożliwia obniżenie poziomu mutagenyzy w szczepach, które w formie diploidalnej wykazują wysoki poziom rearanżacji chromosomalnych np. w szczepie niosącym delecję genu *CTF18*. Zaobserwowany fenomen zapobiega tym samym sukcesywnej degeneracji materiału genetycznego.

Badania genomiczne dotyczące stabilności genomu rozszerzyliśmy w ostatnim okresie o analizę mającą na celu wskazanie genów uczestniczących w odpowiedzi komórki na stres genotoksyczny. Analiza ta ma na celu ustalenie jakie mechanizmy komórkowe odpowiadają za identyfikację podwójnych pęknięć DNA, oraz za ich skuteczną naprawę. Pęknięcia nici DNA indukujemy na dwa sposoby: chemicznie (radiomimetykiem – zeocyną), oraz enzymatycznie poprzez nadekspresję endonukleaz. W tym roku wykonana została część mikromacierzowa eksperymentów. Analiza otrzymanych danych umożliwi wybranie grupy genów do dalszych badań.

Najważniejszy wynik badawczy:

Mms2/Ubc13 i Rad5, niezależnie od znanej roli tych białek w ubikwitynacji PCNA, funkcjonują w dwóch niezależnych ścieżkach stymulacji syntezy DNA poprzez uszkodzenia (TLS).

PUBLIKACJE: 2829/A

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

Zespół: dr Izabela Kern-Zdanowicz, 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). Chociaż stabilne dziedziczenie pSM19035 jest obserwowane również w innych bakteriach Gram dodatnich, to wkład systemu aktywnej partycji w to zjawisko nie jest określony. W celu zbadania wydajności działania systemu aktywnej partycji w komórkach różnych gospodarzy (paciorkowce grup A, B, C, *Lactococcus lactis*) opracowywany jest system doświadczalny oparty na ekspresji białka GFP kodowanego w plazmidzie niosącym badane geny δ i ω .

Analizowano kolejne 3 replikony plazmidów ze szczepów klinicznych *Enterobacteriaceae*, głównie *Klebsiella pneumoniae*, które nie zostały przyporządkowane do żadnej z 18 rodzin replikonów identyfikowanych metodą PBRT. Jak dotąd sekwencja każdego z badanych replikonów wykazuje znaczne podobieństwo z replikonami obecnymi w publicznych bazach danych. Ustalono również sekwencję otoczenia różnych genów bla_{TEM} i bla_{SHV} obecnych w plazmidach z badanych kolekcji. W przypadku bla_{TEM} zawsze w otoczeniu znajdował się Tn1/Tn3, zaś geny bla_{SHV} otoczone były przez sekwencje homologiczne do fragmentu chromosomu *K. pneumoniae* (geny *recF* i/lub *deoR*). Nie znaleziono zatem nowego otoczenia genów bla_{TEM} i bla_{SHV} , świadczącego o wydarzeniach mobilizacji genów, innych niż dotąd znane.

Analizowany jest system transferu koniugacyjnego plazmidu pCTX-M3 o szerokim zakresie gospodarza (grupa IncL/M), z klinicznego szczepu *Citrobacter freundii*. W kolekcji 27 mutantów delecyjnych w kolejnych genach systemu transferu pCTX-M3 przeprowadzono testy komplementacyjne. Geny: *nikA*, *traH*, *traI*, *traJ*, *traK*, *traL*, *traR*, *orf38*, *excA*, *orf46*, *trbB* i *trbN* wprowadzone do komórek *E. coli* niosących pCTX-M3 z delecją odpowiedniego genu przywracają zdolność koniugacji do poziomu dzikiego plazmidu. Mutanty w *nikB*, *traM* and *traN* odwracają mutacje tylko częściowo.

Najważniejszy wynik badawczy:

Nie zidentyfikowano wydarzeń mobilizacyjnych genów bla_{TEM} i bla_{SHV} innych niż dotąd znane.

PUBLIKACJE: 4452, 2906/A

Temat nr 28: Chemiczne podstawy mutagenезy i reperacja adduktów cyklicznych

Zespół: prof. dr hab. Jarosław Kuśmerek, dr Agnieszka Maciejewska, dr Beata Sokołowska (od 02.2010), mgr Karol Ruszel

*Naprawa 1,N⁶-etenoadeniny (ϵ A) w komórkach *E. coli*.* Stwierdzono, że dioksygenaza AlkB oraz w mniejszym stopniu glikozylaza Mug są zaangażowane w naprawę ϵ A, podczas gdy glikozylaza AlkA raczej nie bierze udziału w tej naprawie (manuskrypt zaakceptowany do *Mutagenesis*).

Mechanizm działania białka AlkB. Wyznaczone optymalne warunki naprawy 3mC, HPC, HEC, ϵ A i ϵ C zostały potwierdzone przez modelowanie molekularne wsparte obliczeniami mechaniki kwantowej (współpraca: dr hab. J. Poznański, dr A. Polkowska-Nowakowska - Zakład Biofizyki IBB). Oddziaływania elektrostatyczne z Asp135 w centrum aktywnym enzymu faworyzują uprotonowaną formę substratu. Związana z uprotonowaniem różnica w wysokości bariery energetycznej dla epoksydacji wynosi 0,4 kcal dla ϵ A i 0,7 kcal dla ϵ C, co oznacza, że dla obu cząsteczek ten etap zachodzi 2-3× szybciej w formie uprotonowanej. Bariera ta jest dla ϵ C o ~2,5 kcal/mol wyższa niż dla ϵ A, co sugeruje, że etap epoksydacji dla ϵ A zachodzi ~100× szybciej niż dla ϵ C. Ponadto zależność optymalnego stężenia jonów Fe^{++} od pH odtwarza proces protonacji pierścieni imidazolowych histydyn (H131 i H187) biorących udział w wiązaniu jonu Fe^{++} .

Specyficzność substratowa białka AlkB badana w systemie faga M13. Prowadzone są badania z użyciem systemu faga M13mp18 *lacZ* co w połączeniu z sekwencjonowaniem DNA uzyskanych mutantów pozwoli określić możliwe zaangażowanie białka AlkB w naprawę różnych adduktów guaniny *in vivo* (współpraca: dr P. Kowalczyk - ICM UW).

Analizy k-NN. W systemie testu mutagenезy z użyciem CAA w podejściu analitycznym zastosowano obok klasycznej statystyki również system rozpoznawania obrazów oparty na klasyfikatorze k-NN ze statystycznej teorii rozpoznawania obrazów. Wyniki analizy k-NN, dla oceny udziału białek AlkA i AlkB w naprawie DNA, wskazują na wysoką czułość tego podejścia w badaniu mutagenезy. Dodatkowo, przedstawiliśmy zastosowanie metod rozpoznawania obrazów w badaniach nad odpowiedzią oddechową na przerywaną hipoksję (IH) (współpraca: dr hab. A. Jóźwik – IBIB PAN).

Najważniejszy wynik badawczy:

Określenie roli AlkB, Mug i AlkA w naprawie ϵ A w komórkach *E. coli*.

PUBLIKACJE: 4385, 2860/A, 2861/A, 2863/A, 2875/A, 2876/A, 2912/A, 2923/A, 187/M, 606/N, 607/N

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

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

Wykonano analizę statystyczną wyników mikromacierzy i zidentyfikowano geny, których transkrypty mają zmienioną stabilność w szczepie z delecją genu *rrmA*, w porównaniu ze szczepem dzikim, w warunkach represji azotowej i stresu oksydacyjnego. Dla kilku wybranych genów wynik ten potwierdzono metodą hybrydyzacji Northern. Wykazano, że enzymy antyoksydacyjne mają obniżoną aktywność w mutancie z delecją genu *rrmA*, co koreluje z podwyższoną wrażliwością tego mutantu na stres oksydacyjny. Uzyskano ekspresję białka RRMA w bakteriach, oczyszczono je, potwierdzono jego identyczność przy pomocy analizy MassSpec i wykazano, że wiąże się ono *in vitro* z promotorami genów katabolizmu argininy. Przystąpiono do analizy ekspresji wybranych genów w mutancie z delecją genu *rrmA* przy pomocy metody Real Time PCR. Przystąpiono do uzyskania szczepu *Aspergillus* wyrażającego białko RRMA w fuzji ze znacznikiem TAP (na etapie transformacji *Aspergillus*), co umożliwi wyizolowanie kompleksów, w skład których wchodzi białko RRMA. Praca opisująca uzyskane wyniki jest w przygotowaniu – we współpracy z Markiem Caddickiem z University of Liverpool.

Podjęto drugą próbę uzyskania wydajnej ekspresji białka MCMA w bakteriach w fuzji ze znacznikami His i SUMO. Uzyskano stosunkowo wydajną ekspresję białka MCMMA w bakteriach, oczyszczono je i potwierdzono jego identyczność przy pomocy analizy MassSpec. Przystąpiono do badania wiązania tego białka *in vitro* z promotorami genów katabolizmu argininy.

Zakończono i przesłano do druku pracę pt. The *Aspergillus nidulans* proline suppressor codes for the endopeptidase, the member of the ubiquitous KEOPS/EKC protein complex.

Temat nr 30: Analiza mutantów typu SUV 3 u *Saccharomyces cerevisiae*

Zespół: prof. dr hab. Piotr P. Stępień, prof. dr hab. Ewa Bartnik, dr Aleksandra Dmochowska, dr Roman Szczęsny, 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, która daje efekt negatywnej dominacji, upośledza degradację RNA w mitochondriach ludzkich. Zahamowanie degradacji nie dotyczy jednak wszystkich transkryptów. Istotnym wynikiem było stwierdzenie obniżenia ilości mtDNA w mitochondriach po zahamowaniu degradacji RNA. Na podstawie analizy intermediatów replikacyjnych mtDNA w żelach dwukierunkowych ustalono, że fragmenty DNA obejmujące miejsce inicjacji replikacji wykazały prawie całkowity zanik tzw. oczek replikacyjnych. Jest to zgodne z modelem replikacji typu RITOLS (ribonucleotide incorporation throughout the lagging strand) i stwierdzeniem obecności białka SUV3 w nukleoidach mitochondrialnych.

Badania funkcji genu SUV3 prowadzono także na modelu ryby *Danio rerio* (zebrafish). Iniekcja do zapłodnionych jaj różnych morfolino hamujących ekspresję lub splicing prowadziła do szeregu zaburzeń rozwoju embrionalnego w pierwszych 48 godzinach rozwoju embrionu ryby. Obserwowano silne zmiany nekrotyczne lub apoptotyczne, zmniejszenie rozmiarów i skrócenie długiej osi ciała, zablokowany lub spowolniony przepływ krwi, obrzęk serca oraz zmieniony kształt trzewioczaszki. Ponieważ efekty zaburzeń splicingu były silniejsze niż efekty zahamowania ekspresji całego mRNA, wysunięto hipotezę o toksycznym działaniu skróconej formy białka SUV3.

Poszukiwania interaktorów ludzkiego białka SUV3 doprowadziły do identyfikacji dwóch nowych białek, które obecnie stanowią przedmiot naszych badań.

PUBLIKACJE: 4388, 4462

Temat nr 31: Szkoła Biologii Molekularnej/Studium Doktoranckie 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

Na studiach doktoranckich (SD) w IBB PAN zarejestrowano 119 osób, w tym 94 w IBB PAN, 21 w Międzynarodowym Instytucie Biologii Molekularnej i Komórkowej (MIBMiK) oraz 4 osoby w programie Wellcome FNP na SGGW. Pierwszoroczni uczestnicy SD, w ilości 21 osób w IBB PAN i 3 w MIBMiK, zostali przyjęci w wyniku trójstopniowego egzaminu wstępnego, do którego przystąpiło 31 osób. 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. Ponadto, od października br. na studia doktoranckie w IBB PAN zostało zakwalifikowanych 19 osób w ramach programu Fundacji na rzecz Nauki Polskiej – Międzynarodowe Projekty Doktoranckie (MPD) współfinansowanego ze środków Europejskiego Funduszu Rozwoju Regionalnego w ramach Programu Operacyjnego Innowacyjna Gospodarka. Kierownikiem programu MPD jest prof. dr hab. Magdalena Boguta.

Działalność dydaktyczna: W okresie sprawozdawczym doktoranci uczestniczyli w cyklu wykładów organizowanym przez Biocentrum Ochota. Wykłady dotyczyły szerokiego zakresu zagadnień, a każdy doktorant, w porozumieniu z promotorem, miał możliwość wybrania zajęć, które dotyczyły realizowanych przez niego prac lub które w sposób szczególny go zainteresowały. Wielu doktorantów brało również udział 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 26. pełnych prac naukowych oraz 64. komunikatów lub plakatów przedstawionych na zjazdach krajowych i zagranicznych. 27. doktorantów przedstawiło projekty badawcze (mini granty) pisane wg wzorów projektów finansowanych przez Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego a 19. uzyskało ich dodatkowe finansowanie z funduszy SD (6-8 tys. zł). Fundusze te mogą być przeznaczone na zakup odczynników i drobnego sprzętu, a przede wszystkim na sfinansowanie uczestnictwa w dowolnie wybranych konferencjach naukowych i szkołach letnich. Odbiorców grantów obowiązuje przedstawienie sprawozdania merytorycznego i finansowego.

Stopień doktora w roku 2010 otrzymało 18-tu doktorantów.

Finanse: W roku sprawozdawczym SBM/Studium Doktoranckie otrzymało, w ramach finansowania działalności statutowej IBB PAN przez Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego, 200 000 zł. Z tych funduszy sfinansowano mini granty oraz pokrywano częściowo udział doktorantów w konferencjach naukowych. 37-miu doktorantów IBB PAN otrzymuje stypendia z programów współfinansowanych przez Unię Europejską w ramach Europejskiego Funduszu Społecznego i Europejskiego Funduszu Rozwoju Regionalnego, takich jak: Bio&Technology Innovations Platform, TEAM. Dwie osoby realizują swoje prace doktorskie w ramach programu „Doctorat en Cotutelle”.

Temat nr 32.1: Regulacja ekspresji genów i innych procesów związanych z funkcjami DNA w komórkach bakteryjnych

Zespół: dr hab. Alicja Węgrzyn, dr hab. Magdalena Gabig-Cimińska, dr hab. Agata Czyż (do 01.12.2010 r.), 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 jest kluczowe dla opracowania metod zapobiegających skutkom infekcji bakteriami lizogennymi fagami niosącymi geny toksyn Shiga. Wcześniej wykazaliśmy, że nadtlenek wodoru może być czynnikiem indukującym profagi lambdoidalne (w tym fagi niosące geny toksyn Shiga). Ponieważ związek ten może występować w jelicie człowieka i to szczególnie podczas infekcji bakteryjnej, istotne jest poznanie molekularnego mechanizmu wymienionego powyżej zjawiska. W naszych badaniach stwierdziliśmy, że istotną rolę w procesie utrzymania profaga odgrywa białko OxyR, którego synteza indukowana jest podczas stresu oksydacyjnego. Wyniki te otwierają drogę do dalszych badań w celu poznania mechanizmu indukcji profagów pod wpływem działania nadtlenu wodoru.

W regulacji ekspresji genów bakteryjnych i fagowych bardzo istotną rolę odgrywa proces poliadenylacji RNA. Niemniej jednak, kontrola aktywności genu kodującego główny enzym przeprowadzający proces poliadenylacji RNA w komórkach *E. coli* – *pcnB* pozostawała do niedawna bardzo słabo poznana. W wyniku kompleksowych badań przedstawiliśmy molekularne mechanizmy regulacji transkrypcji genu *pcnB*.

Najważniejsze wyniki badawcze:

1. Wykazanie roli białka OxyR w utrzymaniu stadium profaga λ .
2. Zbadanie regulacji transkrypcji genu *pcnB* w komórkach *Escherichia coli*.

PUBLIKACJE: 4457, 4458, 4466, 4467, 4471, 2940/A, 2941/A, 2942/A, 2952/A

Temat nr 32.2: Działalność Zespołu Medycyny Molekularnej (IBB PAN, IBD PAN oraz MIBMiK). Białka opiekuńcze w transformacji nowotworowej.

Zespół: prof. dr hab. Maciej Żylicz (zatrudniony w MIBMiK), mgr Marta Frankowska (Marta Małuszek) (doktorantka), Zuzanna Tracz (doktorantka)

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. Uprzednio wykazaliśmy, że białko opiekuńcze Hsp90 przywraca aktywność transkrypcyjną *wt* p53 w temperaturze fizjologicznej 37°C (King *i wsp.* 2001; Walerych *i wsp.* 2004; Walerych *i wsp.* 2009). Obecnie opisaliśmy (Walerych *i wsp.* 2010), poszczególne etapy działania Hsp90 na białko p53. Dzięki izolacji białek Hsp90 ze zmienionymi aminokwasami w okolicy wiązania ATP opisaliśmy rolę ATP w reakcji, zależnego od Hsp90 wiązania się p53 do sekwencji promotorowej. Hsp90 wiąże się z p53 w nieobecności ATP. W tych warunkach następuje częściowe rozfałdowanie struktury przestrzennej p53. Obecność ATP wystarcza aby nastąpiła dysocjacja kompleksu p53-Hsp90. Uwolnione w ten sposób p53 może spontanicznie zwinąć się do konformacji niezbędnej do specyficznego rozpoznawania sekwencji promotora. Jeśli w wyniku tej reakcji, p53 nie zwinie się do aktywnej transkrypcyjnie konformacji, cykl: wiązanie Hsp90 do p53-rozfałdowanie p53- dysocjacja kompleksu p53-Hsp90 zależna od ATP -spontaniczne zwijanie się p53, powtarza się aż do momentu uzyskania przez p53 konformacji aktywnej.

PUBLIKACJE: 4382/3, 4465, 2866/A

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

Zespół: dr hab. Małgorzata Łobocka

Aktywna segregacja (partycja) jednokopiętowego plazmidu-profaga P1 przypomina mitozę w tym, że po replikacji, zlokalizowane w centrum komórki macierzystej kopie plazmidu są aktywnie przemieszczane do rejonów odpowiadających przyszłym centrom komórek potomnych. Proces ten zależy od obecności w cząsteczce plazmidu działającej w układzie *cis* sekwencji DNA, zwanej *parS*, będącej odpowiednikiem centromeru eukariotycznego, oraz dwóch białek plazmidowych: ParA i ParB. Chociaż homologiczne geny partycyjne wykryto w genomach wielu plazmidów, mechanizm ich działania nie został w pełni poznany. Nasze poprzednie wyniki wskazywały na udział ParA w lokalizacji białka ParB niezależnie od obecności plazmidowej sekwencji *parS*. W ramach kontynuacji badań nad wewnątrzkomórkową lokalizacją i wzajemnymi interakcjami białek partycyjnych ParA i ParB plazmidu P1 porównywano wpływ ParB typu dzikiego oraz białek ParB mutantów niezdolnych do wiązania *parS* lub zdolnych do wiązania *parS*, ale defektywnych w partycji, na fenotyp komórek nadprodukujących ParA. Wykazano, że zaburzenia partycji z udziałem białek badanych mutantów *parB* korelują nie tylko ze zmniejszeniem wpływu ParA na wewnątrzkomórkową lokalizację białek tych mutantów w nieobecności *parS*, ale także ze zmienioną zdolnością białek mutantów do modyfikacji fenotypu nadprodukcji ParA. Co więcej, im silniejsze były obserwowane zaburzenia wpływu ParA na wewnątrzkomórkową lokalizację białka danego mutantu, tym mniejszy był wpływ białka tego mutantu na fenotyp nadprodukcji ParA. Otrzymane wyniki jednoznacznie wskazują na zależność pomiędzy zdolnością białka ParB do interakcji z centromerowym i pozacentromerowym DNA plazmidu P1 i jego zdolnością do interakcji z ParA *in vivo*.

W ramach prac zamykających badania nad organizacją genomu gronkowcowego bakteriofaga A5W finansowane w poprzednim okresie z dotacji na działania sieci „Biologia i Biotechnologia Bakteriofagów” określono sekwencję nukleotydową powtórzeń fragmentów DNA znajdujących się na końcach cząsteczki DNA tego bakteriofaga oraz przeanalizowano sekwencje powtórzeń pod kątem organizacji genetycznej.

Najważniejszy wynik badawczy:

Uzyskanie dowodów zależności pomiędzy zdolnością ParB do interakcji z ParA, a zdolnością ParB do interakcji z DNA. Określenie struktury końców cząsteczki DNA w wirionie faga A5W.

PUBLIKACJE: 2869/A, 2882/A, 2883/A, 2918/A, 2919/A, 2926/A, 2931/A, 579/N, 610/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 Maciej Lirski, mgr Małgorzata Tybor

Wykazano, że zawierający białko BRM (BRAHMA) kompleks SWI/SNF przebudowujący chromatynę u *Arabidopsis* oddziałuje *in vitro* i *in vivo* poprzez podjednostkę SWI3B z białkami DELLA, głównymi represorami wzrostu u roślin i kluczowymi składnikami szlaku sygnalizacji giberelin (GA). Za pomocą immunoprecypitacji chromatyny (ChIP) wykazano obecność białka BRM na promotorach genów biorących udział w utrzymywaniu homeostazy GA w roślinach.

W ramach badań nad funkcją stresaindukowalnego wariantu histonu H1 u roślin wykazano, że indukowany ciemnością i w warunkach słabego oświetlenia wariant H1.3 u *Arabidopsis* zastępuje po indukcji część puli wariantów somatycznych H1.1 i H1.2 na różnych loci chromatynowych.

Najważniejszy wynik badawczy:

Wykazanie udziału kompleksów SWI/SNF w kontroli odpowiedzi wzrostowej roślin za pośrednictwem białek DELLA.

PUBLIKACJE: 2950/A, 2951/A

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

Zespół: prof. dr hab. Agnieszka Sirko, dr Anna Góra- Sochacka, mgr Patrycja Redkiewicz

W okresie sprawozdawczym prace zespołu koncentrowały się wokół produkcji ssaczych cytokin IL-2 (ludzka interleukina 2) oraz GM-CSF (mysi GM-CSF) w tytoniu, z zastosowaniem zarówno metod transformacji stabilnej jak i za pomocą wektorów wirusowych (transformacja przejściowa). Przeprowadzono analizę molekularną uzyskanych wcześniej transgeniczných roślin *Nicotiana tabacum* transformowanych kasetami ekspresyjnymi umożliwiającymi uzyskanie rekombinowanych białek cytokin w fuzji z inhibitorami proteaz SPI2 oraz CMTI. Uzyskano około 3.5 µg rekombinowanego białka w jednym gramie świeżej tkanki liścia. Ponadto potwierdzono w warunkach *in vitro*, że rekombinowane białka fuzyjne zachowują aktywność biologiczną zarówno cytokin (IL-2 i GM-CSF) jak i inhibitorów proteaz.

Dość niska wydajność produkcji rekombinowanych białek cytokin oraz ich fuzji z inhibitorami proteaz w stabilnie stransformowanym tytoniu skłoniła nas do przygotowania nowych kaset ekspresyjnych opartych na wektorze wirusowym systemu Magnicon. System ten pozwala na uzyskanie bardzo wydajnej ekspresji przejściowej transgeny w agroinfiltrowanych roślinach *Nicotiana benthamiana*. Przygotowano plazmidy pozwalające na uzyskanie ekspresji hIL-2, GM-CSF oraz fuzji hIL-2::SPI2 i hIL-2::CMTI. W przeprowadzonych wstępnych eksperymentach uzyskano wielokrotnie wyższy poziom produkcji rekombinowanych białek niż w roślinach transgeniczných.

Najważniejszy wynik badawczy:

Określono wydajność produkcji rekombinowanych białek fuzyjnych w roślinach oraz wykazano *in vitro* aktywność biologiczną każdego z komponentów, zarówno cytokiny jak i inhibitora proteaz.

PUBLIKACJE: 4404, 2879/A

Temat nr 36: Metody informatyczne w biologii molekularnej.

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

Opracowano model translacji w czasie rzeczywistym dla drożdży (publ. 4426). Na podstawie tego modelu porównano wartości parametrów translacji uzyskanych dla białek tworzących kompleksy w celu podjęcia próby przewidywania interakcji białkowych na podstawie parametrów translacji. Badano wpływ kolejkovania rybosomów na przebieg translacji. Opracowano algorytm pozwalający na znaczne zmniejszenie kolejkovania dla dowolnej sekwencji mRNA poprzez wprowadzenie niewielkiej liczby mutacji synonimicznych. Zbadano zależność pomiędzy wewnątrzkomórkową lokalizacją białek a używaniem kodonów.

Przeprowadzono analizę struktur drugorzędowych mRNA, oraz sekwencji wokół miejsca startu translacji u drożdży *S. cerevisiae* i badano ich wpływ na kinetykę translacji. Wykorzystano dane kinetyczne zgromadzone i obliczone w pracy #4426. Wywnioskowano, że struktura w 5'UTR może wpływać na proces inicjacji translacji na etapie wiązania rybosomów do mRNA (ale nie na procent udanych inicjacji), a dłuższy czas inicjacji translacji jest powiązany z bardziej stabilną strukturą 5'UTR mRNA. Analizowano dane mikromacierzowe z eksperymentu time-course dla siewek *Arabidopsis thaliana* poddanym stresom (termicznemu, świetlnemu, solnemu, itp.) Utworzono na podstawie danych z mikromacierzy mapy oddziaływań (represja, aktywacja) genów w odpowiedzi na stres biotyczny. Wykorzystując metodę maksymalizacji entropii badanego układu stworzono platformę informatyczną do analizy zebranych danych.

Opracowano model dotyczący udziału uniwersalnych kwantowo mechanicznych sił Casimira-Poldera w organizacji i stabilizacji struktury dwuwarstwy błony komórkowej.

PUBLIKACJE: 4384, 4405, 4426, 4436, 2947/A, 570/N

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. Kamil Witek (do 01.06.2010), mgr inż. Michał Szalonek (doktorant), mgr inż. Karolina Woroniecka (doktorantka)

Kontynuowaliśmy badania nad udziałem białek z rodziny aneksyn w odpowiedzi na zmiany środowiskowe – niedobór wody. Wykazaliśmy, że ekspresja aneksyny 1 u *Arabidopsis thaliana* ulega aktywacji podczas dehydratacji. Ponadto, w tych warunkach białko to ulega też potranslacyjnym modyfikacjom (S-glutationylacji), które zmieniają jego właściwości kanoniczne (wiązaną wapnia). Wykazaliśmy, że mRNA kodujące aneksynę p34 ulega akumulacji w komórkach liści ziemniaka jadalnego (*Solanum tuberosum* L.) podczas deficytu wody w glebie. Wyprowadzone zostały cisgeniczne linie ziemniaka (odmian hodowlanych: Santé i Désirée) charakteryzujące się o podwyższonym poziomem endogennej aneksyny p34 oraz transgeniczne linie ziemniaka produkujące egzogenną aneksynę 1 (AnnAt1) z *A. thaliana*. Szczegółowe analizy fenotypu roślin ziemniaka o zmienionym poziomie ekspresji genu p34 i *AnnAt1* są w toku. Analizowane są one pod kątem tolerancji wobec przejściowego i długotrwałego niedoboru wody w glebie. We wstępnych badaniach wykazaliśmy, że rośliny ziemniaka jadalnego o zwiększonym poziomie aneksyny p34 charakteryzują się lepszą przeżywalnością w warunkach krótkotrwałego niedoboru wody w glebie, jak również podwyższoną zdolnością do regeneracji po okresie całkowitego wysuszenia.

Najważniejszy wynik badawczy:

Wykazanie S-glutationylacji aneksyny 1 w komórkach *A. thaliana* pod wpływem kwasu abscysynowego; wykazanie ochronnego wpływu aneksyny p34 na tolerancję roślin ziemniaka jadalnego odmiany Santé na krótko- i długotrwały niedobór wody.

PUBLIKACJE: 4400, 2870/A, 2871/A, 2872/A, 2873/A, 175/M, 582/N

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 Rytki (temat nr 20.2). Wcześniej wykazaliśmy, że białka Ccz1 i Ypt7 są niezbędne we wczesnym, odmiennym dla każdego z nich, etapie mejozy pierwszej oraz udowodniliśmy, że defekt sporulacji w mutancie *ccz1Δ/ccz1Δ* jest ściśle związany z zaburzeniami w procesie autofagocytozy. Zaburzenia w autofagocytocie w warunkach głodzenia powodują zmniejszenie puli aminokwasów i w konsekwencji obniżenie poziomu syntezy białek. Analiza całkowitej puli aminokwasów w komórkach mutantów w różnym czasie po indukcji sporulacji wykazała, że ich stężenie w mutancie *ypt7Δ/ypt7Δ* jest niższe niż w mutancie *ccz1Δ/ccz1Δ*. Również dynamika stężeń kilku aminokwasów, w tym glutaminy, znacząco się różniła w obu mutantach. Różnice w puli aminokwasów mogą być powodem wcześniejszego bloku w sporulacji wykazywanego przez mutant *ypt7Δ/ypt7Δ* w porównaniu do komórek *ccz1Δ/ccz1Δ*.

Kontynuowano także badania prowadzone we współpracy z dr hab. Anną Szkopińską (temat nr 45) dotyczące funkcji drożdżowego białka Nus1, któremu przypisuje się cechy prenyltransferazy. Skonstruowane plazmidy kodujące białka fuzyjne GFP-Srt1 oraz GFP-Nus1 posłużyły do badania ich lokalizacji komórkowej. Przy pomocy techniki mikroskopii konfokalnej stwierdzono, że oba białka lokują się w ciałkach lipidowych (LD). Analiza obrazów mikroskopowych uzyskanych z drożdży w różnych fazach wzrostu wskazuje na odmienny sposób lokowania się obu białek w LD w późnej fazie stacjonarnej. Nus1p znajduje się wyłącznie w błonie ciała lipidowego.

Delecja genu *NUS1* jest letalna, jednak jego funkcja nie jest znana. Analiza *in silico* sekwencji białka Nus1 wskazuje na możliwość syntetyzowania przez nie krótszych prenoli niż produkty drożdżowej *cis*-prenyltransferazy Rer2p. Hipoteza ta została zweryfikowana doświadczalnie. Obraz HPLC poliizoprenoidów wyekstrahowanych z komórek z nadekspresją genu *NUS1* ujawnił obecność dodatkowej rodziny poliprenoli o długości 7-14 reszt izoprenowych.

Najważniejszy wynik badawczy:

Przy nadekspresji genu *NUS1* w komórce drożdżowej pojawia się dodatkowa rodzina krótkich poliprenoli. Ustalono lokalizację Srt1p.

PUBLIKACJE: 4435, 4448, 2886/A, 2932/A

Temat nr 39: Badania polimorfizmu mitochondrialnego w populacji polskiej

Zespół: prof. dr hab. Ewa Bartnik, Katarzyna Tońska (UW), Agata Kodroń (UW), Magdalena Kaliszewska (UW)

W 2010 roku badania dotyczące nowotworów zostały opublikowane, nie prowadzono nowych badań.

Przebadano 47. pacjentów z encefalomiopatiami mitochondrialnymi. W mitochondrialnym DNA stwierdzono mutację T8211G powodującą NARP (neuropathy, ataxia, retinitis pigmentosa) u jednego pacjenta i jednego zdrowego członka rodziny, jedną mutację *de novo* (nieobecna u matki) G13402A, która była obecna w krwi (30%), mięśniu (69%), nabłonku dróg moczowych i cebulkach włosowych. Znaleziono 15 delecji w mitochondrialnym DNA, z czego 7 to tzw. common deletion.

Badania choroby Lebera objęły 15 analiz pacjentów, wykryto 3 mutacje w pozycji 1778 i u jednej osoby, po zsekwencjonowaniu całego genomu mitochondrialnego, mutację G3635A.

PUBLIKACJE: 4388, 4389, 4411, 4412, 4439, 4449, 2834/A, 2835/A, 2890/A, 2891/A

Temat nr 41: Oksydacyjne uszkodzenia DNA

Zespół: prof. dr hab. Barbara Tudek, prof. dr hab. Celina Janion, dr Elżbieta Speina, mgr Alicja Winczura, mgr Beata Janowska, mgr Paulina Prorok, mgr Hubert Ludwiczak, mgr Dorota Dziuban (od 01.10.2010), mgr Artur Biela (od 01.10.2010, obecnie w Uniwersytecie Orleańskim, Francja, doktorat polsko-francuski)

Badania zespołu były prowadzone w dwóch głównych kierunkach: (1) oczyszczanie i charakterystyka ludzkich i bakteryjnych oksydacyjnych demetylaz z rodziny AlkB oraz (2) modulacja aktywności systemu BER przez stres oksydacyjny.

Rodzina białek AlkB to oksydacyjne demetylazy usuwające z zasad DNA i RNA specyficzne grupy alkilowe bez nacinania łańcucha kwasu nukleinowego. Sklonowano i oczyszczono dwa ludzkie homologi AlkB, ABH8 oraz FTO. ABH8 lokalizował się w cytoplazmie i nie naprawiał 1-metyloadeniny (1MeA), 3-metylcytosyny (3MeC), 1, N^6 -etenoadeniny (ϵ A), 3, N^4 -etenocytozyny (ϵ C) ani 1, N^2 -etenoguaniny (1, N^2 - ϵ G). Enzym ten metylował tRNA, a jego główna rola polega na regulacji wydajności translacji. Białko FTO lokalizowało się w jądrze i usuwało z DNA 1MeA, ale nie 3MeC, ϵ A, ϵ C, 1, N^2 - ϵ G.

Poszukując alternatywnych szlaków naprawy etenoadduktów DNA zaobserwowano, że ϵ C jest rozpoznawana przez ludzką AP-endonukleazę, APE1, która nacina nić DNA w miejscu uszkodzenia bez uprzedniego wycięcia zasady przez glikozylazę DNA.

Badając czynniki modulujące naprawę oksydacyjnych uszkodzeń DNA wykazano, że jeden z głównych produktów peroksydacji lipidów, 4-hydroksynonenal (HNE) hamuje naprawę ϵ A oraz ϵ C, ale nie 8-oksoG w ekstraktach fibroblastów ludzkich (linia K21). Jednocześnie HNE stymulował nacinanie DNA przez AP-endonukleazę oraz hamował ligację. Taka nierównowaga pomiędzy poszczególnymi etapami BER może być jednym z mechanizmów zwiększania przez stres oksydacyjny ryzyka powstawania nowotworów.

Najważniejszy wynik badawczy:

Sklonowano ludzki homolog białka AlkB, ABH8 i wykazano, że nie posiada on funkcji naprawczych lecz metyluje tRNA.

PUBLIKACJE: 4386, 4407, 4414, 4422, 4430, 4433, 2857/A, 2858/A, 2859/A, 2862/A, 2904/A, 2909/A, 2910/A

Temat nr 42: Mutacje indukowane i adaptacyjne

Zespół: prof. dr hab. Elżbieta Grzesiuk, dr Anna Sikora, dr Jadwiga Nieminuszczy, mgr Damian Mielecki, mgr Aleksandra Chojnacka

Kontynuowane są prace nad naprawą uszkodzeń alkilacyjnych w DNA przez białko AlkB *E.coli* oraz jego homologi w sinicach i roślinie *Arabidopsis thaliana*. Zbadano udział białka AlkB w naprawie uszkodzeń indukowanych MMS w bakterii pozbawionych systemu naprawy BER (mutant *E. coli nth xth nfo*). Stwierdzono, że w takim mutancie brak funkcjonalnego białka AlkB prowadzi do ekstremalnej wrażliwości na MMS, wysokiego poziomu rewersji *argE3* → Arg⁺ oraz silnie zaindukowanej odpowiedzi SOS. Wyniki te wskazują na kluczową rolę miejsc apurynowych/apirymidynowych (AP) w obserwowanych zjawiskach i na pośrednią rolę białka AlkB w naprawie miejsc AP. Stwierdzono również udział dioksygenazy AlkB w związanej z transkrypcją naprawie MFD, wariantem naprawy NER. W mutancie *E. coli mfd⁻ alkB⁻* zaobserwowano podwyższoną indukcję SOS, czego nie stwierdzono w odpowiedniku *mfd⁻ alkB⁺*. Badania nad szczepami *E. coli* zmutowanymi w naprawie MMR pozwoliły zauważyć, że białko AlkB może mieć udział w naprawie błędnie sparowanych zasad w DNA.

Dokonano charakterystyki (analiza metagenomiczna metodą pyrosekwencjonowania oraz opis warunków fizycznych i chemicznych) wyselekcjonowanych zespołów bakterii fermentacji wodorowych w hodowlach ciągłych na podłożu zawierającym melasę. Porównano dwa warianty hodowli, gdy bakterie tworzą jedynie biofilm oraz gdy obok biofilmu powstaje osad granularny.

Najważniejsze wyniki badawcze:

1. Wykazano rolę białka AlkB w ochronie bakterii defektywnych w innych systemach naprawy DNA (BER, NER, MMR) przed cytotoksycznym i mutagennym działaniem MMS.
2. Udowodniono, że nie tylko uszkodzenie 3meC ale również 1me A jest mutagenne w warunkach braku funkcjonalnego białka AlkB w komórkach *E. coli*.
3. Procesy fermentacji wodorowych (w tym produkcja wodoru) przebiegają z większą wydajnością, gdy w hodowli pojawia się osad granularny. Dominującymi bakteriami w hodowlach jest rodzaj *Clostridium*.

PUBLIKACJE: 4385, 4395, 4406, 4416, 4470, 2867/A, 2874/A, 2876/A, 2877/A, 2878/A, 2907/A, 2908/A, 2923/A, 605/N, 611/N

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 Magdalena Kusiak, dr Jolanta Mierzejewska, mgr Krzysztof Głąbski, mgr Paulina Kuchta, 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. W oparciu o skonstruowany uprzednio system wektorów do klonowania na bazie BHR minireplikonów RA3 (IncU) i RK2 (IncP-1) stworzyliśmy bank użytecznych kaset: stabilizacyjnych, mobilizacyjnych i koniugacyjnych. Opracowaliśmy też wygodną metodę badania stabilności plazmidów poprzez oznaczenia enzymatyczne. Kontynuujemy szczegółową analizę funkcjonalną i molekularną modułu replikacyjnego, stabilizacyjnego i koniugacyjnego plazmidu RA3.

Drugi kierunek naszych badań dotyczy wyjaśnienia mechanizmu działania chromosomalnych przedstawicieli rodzin białek partycyjnych ParA i ParB w *Pseudomonas aeruginosa*. Dotychczasowe nasze badania m.in. nad mutantami *par* *P. aeruginosa* wykazały, że białka Par zaangażowane są w prawidłową segregację chromosomów, wzrost i podział komórek a także w mobilność i zdolności kolonizacyjne *Pseudomonas*. Rozpoczęliśmy analizę transkryptomu szczepu dzikiego PAO1161 aby w następnym etapie porównać go z transkryptomem mutantów *parB* i *parA*. Równolegle prowadzimy dalszą analizę biblioteki genomu PAO1161 utworzonej w wektorze bakteryjnego systemu dwu-hybrydowego BACTH poszukując partnerów komórkowych białka ParB.

Najważniejszy wynik badawczy:

Opracowanie wygodnej wizualnej metody analizy właściwości stabilizacyjnych kaset plazmidowych. Moduł mobilizacyjny RA3 (mobilizowany przez heterologiczny system koniugacyjny plazmidu RK2) składa się z *oriT*, operonu relaksazy i białka pomocniczego (*mobC* *nic*) oraz prymazy *traC4*. Zidentyfikowaliśmy miejsce wiązania represora Moc, wśród zidentyfikowanych partnerów komórkowych ParB w *P. aeruginosa* są białka konserwowane o nieznanych funkcjach, białka zaangażowane w regulację transkrypcji i w syntezę aparatu motorycznego.

PUBLIKACJE: 586/N

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 Maria Kwasiborska (doktorantka), Mariusz Jaremkowski (doktorant)

Zastosowanie NMR 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*, we współpracy ze Slovenian NMR Centre w Lublanie i Italian Institute of Technology w Trieście badania strukturalne białek prionowych oraz we współpracy z Uniwersytetem w Duisburgu badania struktury i dynamiki niskotemperaturowej parwuliny CsPin.

Modelowe badania uproszczonych analogów tryptofanu

Tryptofan szczególnie często występuje w domenach transmembranowych białek membranowych wykazując tendencję do klasteryzacji w rejonach stykania się membrany z wodą. Uważa się, że klasteryzacja tryptofanu jest ważna dla struktury i działania tych białek i wynika z jego zdolności do tworzenia wiązań wodorowych oraz uczestniczenia w oddziaływaniach typu kation- π oraz π - π . Zrozumienie udziału poszczególnych czynników wymaga badań związków modelowych. W naszym laboratorium badane są właściwości i oddziaływania 1-metyloindolu, ze szczególnym uwzględnieniem autoasocjacji.

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:

Wyznaczenie wysokorozdzielczej struktury i dynamiki szkieletu głównego ludzkiego białka S100A1 w formie *apo* oraz przedyskutowanie różnic w strukturach ludzkiego i szczurzego S100A1 (publikacja złożona do druku).

PUBLIKACJE: 4391, 4397, 4403, 4415, 4429, 4438, 4443, 2826/A, 2827/A, 2836/A, 2841/A, 2842/A, 2843/A, 2844/A, 2845/A, 2846/A, 2847/A, 2848/A, 2851/A, 2852/A, 2853/A, 2854/A, 2855/A, 2856/A, 2867/A, 2886/A, 2921/A

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

Zespół: dr hab. Anna Szkopińska, dr Barbara Kłudkiewicz

Skonstruowane plazmidy kodujące białka fuzyjne GFP-Srt1 oraz GFP-Nus1 posłużyły do badania ich lokalizacji komórkowej. Przy pomocy mikroskopii konfokalnej stwierdzono, że oba białka lokują się w ciałkach lipidowych (LD). Analiza obrazów mikroskopowych uzyskanych z drożdży w różnych fazach wzrostu wskazuje na odmienny sposób lokowania się obu białek w LD w późnej fazie stacjonarnej. Nus1p znajduje się wyłącznie w błonie ciała lipidowego. Może to sugerować, że przeznaczone jest ono do degradacji.

Delecja genu *NUS1* jest letalna, jednak jego funkcja nie jest znana. Analiza *in silico* sekwencji białka Nus1 wskazuje na możliwość syntetyzowania przez nie krótszych poliprenoli niż produkty drożdżowej *cis*-prenyltransferazy Rer2p. Hipoteza ta została zweryfikowana doświadczalnie. Obraz HPLC poliizoprenoidów wyekstrahowanych z komórek z nadekspresją genu *NUS1* ujawnił obecność dodatkowej rodziny poliprenoli o długości 10-14 reszt izoprenowych. Projekt realizowany jest we współpracy z dr Bożenną Rempołą (temat nr 38).

Organizm modelowy, drożdże *Saccharomyces cerevisiae*, z wprowadzonym dzikim lub zmutowanym genem kodującym ludzką hHMGR zastosowany został do oznaczenia zmian poziomu mRNA enzymów szlaku kwasu mewalonowego (MVA) po podaniu simva-, fluva- lub atorwastatyny. Otrzymane wyniki pokazują, że wszystkie testowane statyny powodują podniesienie, aczkolwiek zróżnicowane, poziomu mRNA enzymów szlaku MVA. W znacznie większym stopniu poziom zmian uzależniony jest od umiejscowienia enzymu w szlaku tj. powyżej HMGR czy po cyklizacji łańcucha poliprenowego. Drugim organizmem modelowym, w którym oznaczane są profile ekspresji genów po działaniu simva- i atorvastatyny są komórki HepG2. Projekt realizowany jest we współpracy z dr hab. Beatą Burzyńską (temat nr 55).

Najważniejsze wyniki badawcze:

1. Przy nadekspresji genu *NUS1* w komórce drożdżowej pojawia się dodatkowa rodzina krótkich poliprenoli.
2. Wykazano lokalizację Srt1p w ciałkach lipidowych.

PUBLIKACJE: 2889/A

Temat nr 47: Modelowanie struktury i funkcji białek

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

Ludzka reduktaza 3-hidroksy-3-metylgłutaral koenzymu A (HMGCR) jest enzymem szlaku kwasu mewalonowego, którego inhibitory – statyny – są powszechnie stosowane do redukcji poziomu cholesterolu. Pokazano, na podstawie modelowania molekularnego, jakie zmiany zachodzą w strukturze HMGCR pod wpływem mutacji R393Q oraz Q766H. Przeanalizowano również zmiany jakie zachodzą w komórce pod wpływem działania statyn.

Opracowana, ogólna metoda syntezy pochodnych triazamakrocyclicznych (4398 oraz zgłoszenie patentowe P-386238) umożliwiła syntezę pochodnych triazacyklononanu (tacn), które są odpowiednie do funkcjonalizacji oligo(oksyetyleno)alkanotiole. Alkanotiolowe SAMs na złocie są stosowane do fabrykacji mikromacierzy (czipów) tj. mieszanych monowarstw o zadanej mikro-nanoarchitekturze. Czip został uformowany za pomocą nadrukowania mikrokontaktowego tiole na powierzchnię złota. Mikro-nano architektura czipu to uporządkowana sieć oddzielonych od siebie kwadratowych obszarów (komórek). Otrzymane w drodze syntezy tiole powinny tworzyć mieszaną monowarstwę tylko w obrębie komórek i jest ona odpowiednia do selektywnego wiązania białka z histydynową etykietą powinowactwa.

PUBLIKACJE: 4381, 4398, 2889/A, 2917/A

Temat nr 48: Badania wczesnych etapów zwijania i agregacji białek

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

Choroba Alzheimera jest najczęściej występującym schorzeniem neurodegeneracyjnym. Obecnie uważa się, że choroba ta powodowana jest przez agregację peptydu amyloidowego (A β) w tkance mózgowej. W świetle ostatnich doniesień, głównym czynnikiem odpowiedzialnym za powstawanie i rozwój choroby Alzheimera, wydają się być oligomery peptydu 1-40/42. Od kilku lat prowadzimy badania nad oligomeryzacją peptydu A β oraz oddziaływaniami peptydu i jego oligomerów z partnerami molekularnymi (BSA, RAGE, jony metali). W oparciu o dane uzyskane w spektrometrii mobilności jonów sprzężonej ze spektrometrią mas (IMS-MS) zbudowaliśmy model molekularny struktury oligomerycznej. Obecnie prowadzimy badania tendencji do oligomeryzacji w serii wariantów A β , co pozwoli zmapować oddziaływania odpowiedzialne za stabilność oligomerów. W ostatnim roku prowadziliśmy też badania kompleksu peptydu A β z receptorem RAGE. Potwierdziliśmy wniosek uzyskany w latach ubiegłych, że fragment peptydu A β 16-23 zidentyfikowany przez nas jako minimalna sekwencja wiążąca RAGE, jest w stanie specyficznie zablokować transport peptydu A β do komórek śródbłonna. Pokazaliśmy to w komórkach bEND3, używając fluorescencyjnej pochodnej peptydu A β i mikroskopii konfokalnej. Znalezione przez nas fragment blokuje zatem pierwszy etap aktywnego transportu peptydu A β przez barierę krew-mózg, a transport ten jest jednym z czynników sprzyjających gromadzeniu się potencjalnie neurotoksycznego peptydu A β w płynie mózgowym i powstawaniu patologii. Stosując metodę pomiarów kinetyk wymiany wodoru deuteru sprzężonej ze spektrometrią mas uzyskaliśmy też nowe informacje o strukturze części pozakomórkowej (domeny V-C1-C2) samego receptora RAGE. Na tej podstawie stworzyliśmy nowy model struktury pełnej trzydomenowej części receptora integrujący wyniki literaturowe dotyczące jego poszczególnych domen i wyniki badań własnych. Część pozakomórkowa receptora RAGE jest odpowiedzialna za wiązanie szeregu ligandów, powodując propagację prozapalnej aktywacji genów w wielu stanach patologicznych (cukrzyca, choroba Alzheimera, miażdżyca, zawał mięśnia sercowego, niewydolność mięśnia sercowego, łuszczyca). Wiedza o jego strukturze jest więc ważna dla zrozumienia mechanizmu aktywacji i tworzenia inhibitorów o potencjale terapeutycznym.

Najważniejsze wyniki badawcze:

1. Stworzenie modelu molekularnego trzydomenowej pozakomórkowej części receptora RAGE
2. Wykazanie, że skrócony peptyd A β 16-23 blokuje internalizację peptydu A β 1-40 do komórek śródbłonna..

PUBLIKACJE: 4393, 4442, 593/N

Temat nr 49: Metabolizm cukrów u bakterii mlekowych

Zespół: prof. dr hab. Jacek Bardowski, dr Tamara Aleksandrak-Piekarczyk, dr Roman Krzysztof Górecki, dr Anna Koryszewska-Bagińska, dr Magdalena Kowalczyk, dr Katarzyna Szatraj, dr Agnieszka Szczepankowska, mgr Aleksandra Grylak, mgr Wiktoria Łabudzka, mgr Joanna Radziwiłł, mgr Joanna Życka-Krzesińska, mgr Joanna Żylińska

Kontynuując badania funkcjonalne nad plazmidową pulą genów u *L. lactis* IL594 wykazano, że geny *umuC* i *orf24* z plazmidu pIL7 tworzą jeden operon (analiza transkrypcyjna), dla którego ustalono sekwencje promotorową i terminacji transkrypcji. Stwierdzono także, że obecność obu genów *umuC* i *orf24*, zwiększa częstotliwość powstawania mutantów na drodze mutagenazy spontanicznej i indukowanej promieniowaniem UV. Uzyskane wyniki sugerują, iż białko kodowane przez *orf24* jest odpowiednikiem UmuD, białka występującego u bakterii Gram-ujemnych, które zostało zidentyfikowane po raz pierwszy w naszych badaniach, wśród bakterii Gram-dodatnich. W wyniku dalszych badań stwierdzono, że operon *umuCorf24* nie komplementuje funkcjonalnie zmutowanego genu chromosomalnego *umuC* w komórkach *E. coli*. Zaproponowany w dalszej części pracy model strukturalny białka UmuC z pIL7 wskazuje, iż za brak komplementacji mogą być odpowiedzialne dodatkowe domeny, unikalne dla białka z *Lactococcus*, a nieobecne w białku UmuC z *E. coli*. Ponadto wykazano, że białko UmuC z pIL7 ma typowy dla wszystkich polimeraz kształt dłoni prawej ręki, w którym poza domenami unikalnymi wyodrębniłam domenę wnętrza dłoni, palców i kciuka, jak również domenę małego palca, typową dla polimeraz klasy Y, do której zaliczana jest polimeraza V (UmuDC).

Kontynuując badania nad systemem restrykcji i modyfikacji typu I, kodowanym przez geny zlokalizowane na różnych plazmidach, wspólnie egzystujących w komórkach szczepu *L. lactis* IL594 wykazaliśmy, że sklonowanie operonu *hsdRMS* na wektorze plazmidowym pIL253 nadaje komórkom gospodarza bardzo wysoki stopień oporności na bakteriofagi.

Najważniejszy wynik badawczy:

umuC tworzy dwugenowy operon z *orf24*. Obecność tego operonu w *L. lactis*, zwiększa częstotliwość powstawania mutantów na drodze mutagenazy spontanicznej i indukowanej promieniowaniem UV. Operon trójgenowy *hsdRMS* sklonowany w wektorze plazmidowym nadaje komórkom *L. lactis* wysoki stopień oporności na bakteriofagi.

PUBLIKACJE: 4424, 2943/A, 2944/A, 583/N, 584/N

Temat nr 50: Przewodzenie sygnału stresu osmotycznego w roślinach

Zespół: doc. dr hab. Grażyna Dobrowolska, dr Maria Bucholc, mgr Anna Kulik, mgr Ewa Krzywińska, mgr Katarzyna Szymańska (od 01.10.2010 r.)

Prowadzone w roku 2010 badania były kontynuacją badań mających na celu poznanie komórkowych regulatorów aktywności kinaz z rodziny SnRK2 (SNF1-related kinase 2).

Wykazano, że fosfatazy białkowe należące do grupy A PP2C negatywnie regulują aktywność zarówno kinaz SnRK2-zależnych od ABA (te dane zostały uzyskane równolegle przez kilka innych laboratoriów na świecie) jak i kinaz SnRK2-niezależnych od ABA. Badano wpływ wybranych fosfataz należących do w/w grupy na aktywność kinaz: SnRK.6 i SnRK2.8 (zależnych od ABA) oraz SnRK2.4 i SnRK2.10 (niezależnych od ABA). Udział fosfataz w regulacji aktywności SnRK2 sprawdzano zarówno w systemie *in vitro* (analizując aktywność białek uzyskanych w systemie bakteryjnym) jak i *in vivo* (analizując aktywność badanych enzymów uzyskanych za pomocą ekspresji przejściowej w protoplastach roślinnych).

Ponadto, scharakteryzowano zidentyfikowany wcześniej w naszym laboratorium sensor jonów wapnia, nazwany przez nas SCS (SnRK2-interacting Calcium Sensor). Wykazano, że białko to oddziałuje i jest negatywnym regulatorem aktywności SnRK2, zarówno zależnych jak i niezależnych od ABA. Wykazano, że oddziaływanie SCS z kinazami jest niezależne od jonów wapnia, natomiast działanie SCS jako inhibitora aktywności SnRK2 ujawnia się dopiero w obecności Ca^{2+} (badania *in vitro*). Wyselekcjonowano dwa niezależne mutanty inercyjne rzodkiewnika (*scs-1* i *scs-2*), w których brak jest ekspresji SCS. Analizując fenotyp mutantów *scs* w porównaniu do roślin typu dzikiego wykazano, że SCS uczestniczy w regulacji procesu kiełkowania nasion, najprawdopodobniej poprzez negatywną regulację kinaz SnRK2, które są kluczowymi elementami dojrzewania nasion i kiełkowania.

Najważniejszy wynik badawczy:

Sensor jonów wapnia oddziałujący z kinazami SnRK2 (SCS) jest negatywnym regulatorem aktywności tej rodziny kinaz; uczestniczy w regulacji kiełkowania nasion.

PUBLIKACJE: 4455, 2895/A, 2896/A, 2897/A, 2898/A

Temat nr 51: Strukturalne i funkcjonalne konsekwencje modyfikacji potranslacyjnych białek

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

Analizą proteomiczną zmian endogennej S-nitrozylacji białek w synaptosomach uzyskiwanych z mózgów myszy transgenicznych noszących zmutowane geny preseniliny 1 lub ludzkiego białka APP, które są uznanymi modelami choroby Alzheimera (AD) wskazała na szereg białek różnicowo S-nitrozylowanych wyłącznie na poszczególnych stadiach rozwoju AD. Dla wielu z tych białek wyniki uzyskane przy pomocy spektrometrii mas zostały potwierdzone przy pomocy klasycznych metod biochemicznych. Nasze eksperymenty dowodzą istotnej roli S-nitrozylacji białek w trakcie rozwoju choroby Alzheimera oraz typują białka, które ulegają tej modyfikacji w synaptosomach myszy. Projekt jest realizowany we współpracy z prof. M. Dadlezem (IBB), prof. J. Kuźnickim (IIMCB), dr. hab. C. Żekanowskim (CMDiK) oraz Fredem van Leuven (Leuven University, Belgium).

W ramach projektu badającego wpływ S-nitrozylacji białek S100 w oparciu o badania NMR (współpraca z dr. Igozem Zhukovem, Slovenian NMR Center) uzyskano molekularny model S-nitrozylowanego białka S100A1. Jest to jedna z pierwszych struktur uzyskanych dla S-nitrozylowanego białka metodami jądrowego rezonansu magnetycznego

Najważniejszy wynik badawczy:

Potwierdzenie S-nitrozylacji ważnych białek synaptosomalnych u myszy dzikich oraz myszy transgenicznych noszących ludzki gen białka APP przy pomocy klasycznych metod biochemicznych. Uzyskanie struktury S-nitrozylowanego białka S100A1.

PUBLIKACJE: 4399, 4420, 4455, 594/N

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

Zespół: dr hab. Elżbieta Kraszewska, prof. dr hab. Jerzy Buchowicz, mgr Agata Lipko (od 01.2010 do 09.2010), mgr Marta Modzelan (od 02.2010), mgr Martyna Kujawa (od 09.2010)

W zespole kontynuowano badania biologicznej roli białka AtNUDT7 poprzez analizę kompleksów tworzonych przez to białko w protoplastach *A. thaliana* przy zastosowaniu metody BIFC (Bimolecular Fluorescence Complementation). Analizy BIFC wykazały interakcje pomiędzy białkiem AtNUDT7 i RACK1A oraz białkiem RACK1A a podjednostkami gamma AGG1 i AGG2 sygnałowego dużego białka G. Dodatkowo zaobserwowano że białko AtNUDT7 może wiązać obie te podjednostki w komórkach, chociaż nie obserwowano takich interakcji podczas analiz *in vitro*. Wynik ten sugeruje, że *in vivo*, w interakcji pomiędzy AtNUDT7 a podjednostkami gamma pośredniczy białko RACK1A.

Analizowano także wpływ substratów hydrolazy AtNUDT7 (NADH i ADP-rybozy) na tworzenie się kompleksów. Wstępnie ustalono, że obecność NADH, ale nie ADP-rybozy, osłabia wiązanie AtNUDT7 z RACK1A. W celu wyjaśnienia tego zjawiska, we współpracy z dr Grażyną Goch, prowadzone są badania biofizyczne, które mają na celu ustalenie czy wiązanie substratu zmienia konformację białka AtNUDT7.

Kontynuując badania białek Nudix z bakterii patogennej *Pseudomonas syringae* pv tomato DC3000 ustalono, że białko kodowane przez gen *nudC* jest niezbędne dla prawidłowego wzrostu komórek.

Najważniejsze wyniki badawcze:

1. Białko RACK1A oraz AtNUDT7 tworzą kompleksy z podjednostkami gamma sygnałowego białka G.
2. Obecność substratu osłabia wiązanie pomiędzy białkami partnerskimi NUDT7 i RACK1A.
3. Białko NudC z *P. syringae* jest niezbędne dla prawidłowego wzrostu komórek bakteryjnych.

PUBLIKACJE: 2837/A, 2838/A, 2839/A, 569/N, 612/N, 613/N

Temat nr 54: Mechanizmy molekularne działania jonów metali czynnych biologicznie

Zespół: prof. dr hab. Wojciech Bał, dr Arkadiusz Bonna, dr Tomasz Frączyk (od 01.06. 2010), dr Grażyna Goch, dr Agnieszka Polkowska-Nowakowska (od 01.11.2010), dr Anna Staszewska (do 30.06.2010), mgr Hanieh Hosseinejad Ariani (od 01.07.2010), doktorantki: mgr Agnieszka Belczyk, mgr Ewa Kurowska, mgr Katarzyna Piątek, mgr inż. Anna Maria Protas, mgr Małgorzata Rózga, mgr Aleksandra Witkiewicz-Kucharczyk

W roku 2010 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 badań były dwie prace, przedstawiające mechanizm molekularny tej reakcji (4399, 4420). We współpracy z Katedrą Higieny Akademii Medycznej we Wrocławiu opublikowaliśmy wyniki, opisujące oddziaływanie kompleksu miedziowego albuminy z typowymi buforami (4444). W ramach badań mechanizmów molekularnych kancerogenezy opublikowaliśmy rozdział na temat metodologii pracy z palcami cynkowymi w książce *Methods in Molecular Biology* (współpraca z prof. A. Hartwig, TU Berlin, Niemcy i prof. T. Schwerdtle, Uniwersytet Munster, Niemcy) oraz rozdział opisujący mechanizmy molekularne karcynogenezy Ni i Cd w *Advances in Molecular Toxicology*, vol. 4 (Elsevier) (4409). Wspólnie z prof. M. Dadlezem kontynuowaliśmy badania oddziaływań jonów Cu(II) z peptydem Aβ40, publikując artykuł opisujący tworzenie kompleksów miedziowych monomeru tego peptydu (4393); opublikowaliśmy także artykuł przeglądowy na temat tych oddziaływań (praca 4392). We współpracy z prof. E. Grzesiuk badaliśmy właściwości konformacyjne białka TFF1, a wspólnie z prof. A. Bierzyńskim oddziaływania S100A1 z peptydem TRTK (TRTK-12) (manuskrypty w przygotowaniu). Wraz z dr hab. G. Dobrowolską opisaliśmy właściwości konformacyjne i wiązanie jonów wapniowych do białka SCS (praca w druku, ukaze się z datą 2011).

Najważniejszy wynik badawczy:

Opublikowanie mechanizmu molekularnego reakcji niklozależnej hydrolizy wiązania peptydowego (4399, 4420).

PUBLIKACJE: 4393, 4399, 4409, 4420, 4444, 4472, 2867/A, 2896/A

Temat nr 55: Analiza genetyczna podstaw wybranych chorób dziedzicznych

Zespół: dr hab. Beata Burzyńska, dr Monika Góra, mgr Agata Leszczyńska, mgr Monika Niewiadomska (od 10.2010), mgr Katarzyna Rawa (doktorantka WUM)

W roku 2010 kontynuowaliśmy projekt prowadzony w ramach współpracy z Kliniką Pediatrii, Hematologii i Onkologii AM oraz Kliniką Pediatrii Centrum Medycznego Kształcenia Podyplomowego. Celem tych badań jest poznanie genetycznego podłoża wrodzonych anemii hemolitycznych i scharakteryzowanie populacji polskiej pod względem częstości występowania tej grupy chorób. Dodatkowo prowadzimy badania pacjentów w kierunku Zespołu Gilberta (GS), choroby o podłożu genetycznym, powodującej hemolizę wyrównawczą związaną z hiperbilirubinemią. Stwierdziliśmy, że mutacje odpowiedzialne za występowanie GS, statystycznie częściej pojawiają się u pacjentów ze sferocytozą wrodzoną, co może być powodem nasilenia objawów anemii hemolitycznej.

Drugi kierunek badań prowadzony jest we współpracy z Katedrą i Kliniką Kardiologii AM w Warszawie, Uniwersytetem Medycznym w Białymstoku oraz Centrum Medycznego Kształcenia Podyplomowego. Głównym celem tego projektu jest wyznaczenie markerów rokowniczych pozawałowej przebudowy lewej komory mięśnia sercowego, pozwalających na optymalizację leczenia pacjentów po rozległym zawale.

W pierwszej części projektu u szczurów Wistar został wykonywany eksperymentalny zawał serca lub operacja pozorowana. Analiza macierzowa mRNA serc i komórek PBMC pobranych od zwierząt w 1, 3 i 7 dobie po operacji, umożliwiła zidentyfikowanie genów o zróżnicowanej ekspresji w komórkach serca i PBMC w grupie zwierząt z zawałami w porównaniu do grupy kontrolnej. Analiza funkcjonalna wybranych genów wykazała ich pośredni bądź bezpośredni związek z zawałem serca, hipertrofią serca czy z dysfunkcją lewej komory.

Najważniejszy wynik badawczy:

Wstępne wyniki wskazują że model eksperymentalnego zawału u szczura może być wykorzystany do wybrania potencjalnych biomarkerów niewydolności serca.

PUBLIKACJE: 4381, 2889/A, 2920/A, 566/N

Temat nr 56: Genomika *Paramecium tetraurelia*

Zespół: prof. dr hab. Joanna Rytka, dr Robert Gromadka, dr Jacek Nowak, mgr Kamila Maliszewska (10-12.2010, staż w CGM Gif sur-Yvette), mgr Julita Gruchota

Zaprogramowana eliminacja DNA podczas różnicowania się i wzrostu komórek była opisana w wielu organizmach i najczęściej dotyczy ona specyficznych genów. W *Paramecium tetraurelia*, jak i w innych orzęskach, proces ten odbywa się w trakcie dojrzewania nowego makronukleusa z generatywnego mikronukleusa i zachodzi równocześnie w bardzo wielu miejscach na genomie. Następuje usunięcie elementów wielokopijnych (m. in. transpozonów i minisatelitów) oraz precyzyjne wycięcie około 60 000 krótkich (26-882 pz), jednokopijnych, nie kodujących sekwencji IES (ang. Internal Eliminated Sequence) obecnych zarówno w obrębie sekwencji kodujących jak i nie kodujących genomu mikronuklearnego. Wzór rearanżacji jest dziedziczony epigenetycznie pomiędzy starym i nowym makronukleusem.

W proces ten zaangażowane jest bardzo wiele specyficznych genów, których produkty pojawiają się w komórce w określonych fazach procesu płciowego (autogamii).

Zespół kontynuował badania nad genami, wcześniej wytypowanymi z zastosowaniem techniki mikromacierzy, wyrażanymi specyficznie w trakcie autogamii, które ponadto mogą pełnić funkcję w metabolizmie RNA.

Fuzja genu PTMB.220 z GFP pozwoliła stwierdzić jego lokalizację w starym i nowopowstającym makronukleusie. Wyniki uzyskane podczas wyciszania tego genu na drodze interferencji RNA sugerują jego zaangażowanie w opierający się na niekodujących RNA szlak tak zwanych „skanujących RNA” (scnRNA), który pozwala porównanie genomów mikro- i makronukleusa w procesie rearanżacji DNA nowego makronukleusa.

Wstępne wyniki uzyskane dla drugiego badanego genu, TFIS4, charakteryzującego się wysoką homologią do czynnika transkrypcyjnego TFIS, jednego ze składników kompleksu DNA zależnej polimerazy RNA typu II, sugerują również jego potencjalny udział w procesie dojrzewania nowego makronukleusa. Fuzja białka TfIS z GFP została zlokalizowana tylko w obrębie nowego makronukleusa.

Najważniejszy wynik badawczy:

Wykazanie wpływu dwóch zidentyfikowanych genów na precyzyjne wycinanie IESów podczas dojrzewania nowego makronukleusa.

PUBLIKACJE: 185/M

Temat nr 57: Mechanizmy wierności replikacji DNA

Zespół: dr hab. Anna Bębenek, mgr Agata Jacewicz

Modelowym białkiem do badania mechanizmów wierności replikacji naszej pracowni jest polimeraza DNA faga RB69. Jest to polimeraza replikacyjna, odpowiedzialna za wierną replikację genomowego DNA faga RB69. W tym roku kontynuowaliśmy badania nad mutantem polimerazy DNA RB69D714A. D714 jest słabo konserwowaną resztą aminokwasową, znajduje się daleko od centrum katalitycznego polimerazy oraz nie oddziałuje z DNA. Mutant polimerazy RB69D714 nie podtrzymuje wzrostu faga T4gp43am *in vivo*, ale jest aktywnym enzymem *in vitro*. Wszystkie dotychczasowe badania biochemiczne (zdolność wiązania się z DNA, aktywność egzonukleolityczna na ss i dsDNA, wydłużanie startera) pokazują, że ta polimeraza nie różni się w sposób istotny od enzymu macierzystego. Badania kinetyczne w warunkach pojedynczego obrotu enzymu (ang. pre-steady-state) pokazały, że zamiana niekonserwowanego kwasu asparaginowego w pozycji 714 do alaniny w poważnym stopniu obniżyła (około 20-razy) wydajność katalityczną polimerazy DNA faga RB69 w porównaniu z enzymem dzikim. Otrzymana w laboratorium dr. Miguela Garcia-Diaz przez mgr Agatę Jacewicz struktura krystalograficzna dla apoenzymu mutantu polimerazy D714A o rozdzielczości 2.6 Å pokazała, że obecność mutacji D714A zaburza geometrię aminokwasów uczestniczących w wiązaniu jonów Mg^{2+} niezbędnych do katalizy.

Najważniejszy wynik badawczy:

Struktura apoenzymu polimerazy D714A o rozdzielczości 2,6Å pokazuje poważne zmiany w położeniu istotnych dla katalizy reszt aminokwasowych D411 i E686. Zmiany te mogą zaburzać prawidłowe wiązanie metalu i przyczyniać się do obserwowanego spowolnienia katalizy.

PUBLIKACJE: 4450, 590/N, 591/N

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

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

Biofilm naskalny z nieczynnej kopalni w Złotym Stoku stanowi niezwykle przykładowy zespół mikroorganizmów zdolnych do wzrostu w warunkach skrajnie ubogich w związki organiczne oraz w obecności bardzo wysokich stężeń jonów arsenu.

Dla pełnego obrazu bioróżnorodności biofilmu, w roku bieżącym określiliśmy skład gatunkowy królestwa *Archaea* za pomocą techniki pyrosekwencjonowania. Otrzymane sekwencje 16S rRNA przypisano do dwóch rodzajów archeonów: *Picrophilus* i *Ferroplasma*.

W okolicach Złotego Stoku do wód gruntowych przedostają się wysokie stężenia arsenu wypłukiwane ze skał wodą wypływającą z kopalni. W procesie uwalniania jonów As ze skał do wód mogą uczestniczyć mikroorganizmy tworzące biofilm. Aby sprawdzić tę hipotezę poszukiwaliśmy genów metabolizmu arsenu w bakteriach biofilmu. Wyizolowane z biofilmu całkowite DNA posłużyło jako matryca do amplifikacji genów *arrA* i *aoxB*. Produkty PCR zostały sklonowane, a następnie zsekwencjonowane. W wyniku analizy sekwencji za pomocą programów nBLAST i BLASTX, do *arrA* przypisano 90, a do *aoxB* 28 sekwencji. 62 sekwencje aminokwasowe ArrA przypisano do 6 typów białek, homologicznych do białek bakterii *Shewanella* lub z grupy δ/ϵ -*Proteobacteria*. Większość sekwencji AoxB posiadało wysokie podobieństwo do białek bakterii z grupy β - lub α -*Proteobacteria*. Sekwencje nukleotydowe genów *arrA* i *aoxB* zostały zdeponowane w bazie EMBL.

Przeprowadzono selektywną izolację organizmów tej grupy na kilku rodzajach podłoży uzupełnionych antybiotykiem hamującym rozwój komórek eukariotycznych (cykloheximid). Identyczność mikroorganizmów morfologicznie podobnych potwierdzano za pomocą MSSCP. Do identyfikacji za pomocą sekwencjonowania genu 16S rRNA wybierano przedstawiciela każdej grupy. Zidentyfikowano 40 mikroorganizmów należących do grupy *Actinobacteria*: *Kocuria*, *Brevibacterium*, *Tsukamurella*, *Mycobacterium*, *Arthrobacter*, *Streptomyces*, *Nocardia*, *Nocardiopsis*, *Micrococcus*, *Tetrasphaera* i *Rhodococcus*.

Najważniejszy wynik badawczy:

Zidentyfikowanie genów *arrA* i *aoxB* w puli całkowitego DNA wyizolowanego z biofilmu, co świadczy o obecności w biofilmie mikroorganizmów zdolnych do reakcji redukcji i/lub utlenienia jonów arsenu.

Temat nr 60: Mechanizmy podziałów komórkowych

Zespół: dr hab. Anna Kurlandzka, dr Agata Cena, mgr Leszek Tarnowski, mgr Piotr Kowalec (od 10.2010)

Badania koncentrują się na kompleksie kohezyjnym chromatyd siostrzanych, którego elementy są zachowane w trakcie ewolucji i niezbędne do życia. Kontynuowano prace nad rolą białka Irr1 w inicjacji mejozy u drożdży. Wykazano, że w pachytenie wchodzi ono w interakcję ze specyficzną dla mejozy kohezyną Rec8 i określono prawdopodobny obszar interakcji w Irr1p. Kontynuowano prace nad jądrowo-cytoplazmatycznym transportem kohezyn ludzkich SA1 i SA2 – ortologów Irr1p. W układzie heterologicznym drożdży potwierdzono, poprzez mutagenезę ukierunkowaną, że w kohezynie SA2 są dwie sekwencje sygnałowe odpowiedzialne za Crm1-zależny eksport z jądra do cytoplazmy. Zidentyfikowano główne sygnały lokalizacji jądrowej funkcjonujące w drożdżach. Wstępne dane w hodowlach komórek ludzkich wskazują, że za import jądrowy SA2 odpowiedzialna jest większa liczba sygnałów niż ma to miejsce w drożdżach, oraz że sygnały te mogą być inaczej eksponowane.

Najważniejszy wynik badawczy:

Eksperymentalnie potwierdzono funkcjonalność sygnałów Crm1-zależnego eksportu z jądra komórkowego białka SA2.

PUBLIKACJE: 2830/A, 2831/A, 176/M, 573/N, 600/N

Temat nr 61: Dynamika transkryptomu w normie i stresie

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

Prace prowadzone w 2010 roku stanowiły kontynuację tematu rozpoczętego w poprzednich latach, związanego z identyfikacją oraz charakterystyką genów szybkiej odpowiedzi na stres abiotyczny u roślin. Jako obiekt modelowy w wykonywanych doświadczeniach służą: linia komórkowa T87 *Arabidopsis thaliana*, a także wybrane mutanty roślinne. Użycie linii komórkowej T87 umożliwiło przeprowadzenie ściśle kontrolowanej analizy transkryptomicznej odpowiedzi komórek roślinnych na stres zasolenia. Analiza dotyczyła pierwszych 100 minut trwania stresu. Uzyskano dane bardzo dobrej jakości. Po zastosowaniu metod bioinformatycznych wyodrębniono nowe dotąd niescharakteryzowane geny, które mogą mieć istotne znaczenie w regulacji odpowiedzi komórek roślinnych na stres zasolenia oraz docelowo mogą decydować o odporności roślin na różnego typu stresy abiotyczne. Obecnie rozpoczęto charakterystykę fenotypową mutantów *Arabidopsis* w wytypowanych genach, ze zwróceniem szczególnej uwagi na reakcje badanych mutantów na różnego rodzaju stresy. Prowadzona jest także molekularna analiza tych genów na poziomie chromatyny.

Drugim elementem badań jest identyfikacja białek specyficznie oddziałujących z potranslacyjnie modyfikowanym histonem H3, istotnym w regulacji transkrypcji genów. Opracowana przez nas dla materiału roślinnego metoda chromatografii powinowactwa do peptydu (ang. „peptide pull-down”) oraz zastosowane metod spektrometrii mas pozwoliło na wstępną identyfikację wielu białek, które z dużym prawdopodobieństwem oddziałują *in vivo* z modyfikowanym histonem H3. Kolejnym elementem prac będzie powtórzenie przeprowadzonych eksperymentów oraz potwierdzenie dla wybranych białek oddziaływań białko-histon H3, zarówno *in vitro* jak i *in vivo*. Przeprowadzone będą także badania mutantów *Arabidopsis* w genach wytypowanych białek i próba określenia ich roli biologicznej oraz molekularnej w regulacji transkrypcji genów.

Najważniejsze wyniki badawcze:

1. Wykonanie analizy transkryptomicznej odpowiedzi komórek roślinnych na stres zasolenia i wytypowanie do dalszych badań genów o istotnym znaczeniu dla tego procesu.
2. Wstępna identyfikacja białek jądra komórkowego *Arabidopsis* oddziałujących z niemodyfikowanym oraz metylovanym histonem H3.

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

Zespół: dr hab. Krystyna Grzelak, dr Edyta Kopera, dr Małgorzata Milner-Krawczyk, mgr Marcin Mielecki (doktorant)

Kontynuowano badania nad nietypowymi (atypowymi) serynowymi kinazami Rio. Inhibitory tych kinaz, podobnie jak inhibitory kinaz JAK, mogą odegrać istotną rolę w terapii chorób nowotworowych. Nadprodukowana w komórkach *E. coli* kinaza Rio1 z *Archaeoglobus fulgidus* (His₆-Rio1) posłużyła do badania oddziaływań między kinazą, a jej potencjalnymi inhibitorami. Do badań użyto tyrfostynę (AG-490) oraz jej pochodne – wytypowane za pomocą metod projektowania molekularnego jako potencjale inhibitory kinaz Rio.

Wykazano, że AG-490 oraz jedna z jej pochodnych (C3) efektywnie hamują aktywność autofosforylacyjną Rio1. Współczynnik IC₅₀ dla AG-490 wyniósł 50 μM a dla C3 – 34 μM. W ramach wspólnego projektu badawczego z prof. dr hab. Hanną Radecką (Instytut Rozrodu Zwierząt i Badań Żywności PAN, Zakład Biosensorów, Olsztyn) podjęto również próbę opracowania bioczuJNIKA służącego do badania oddziaływań kinaza-inhibitor (7-miesięczny staż naukowy mgr. Marcina Mieleckiego w Zakładzie Biosensorów w Olsztynie). Kinazę Rio1, zawierającą znacznik histydynowy, unieruchamiano na powierzchni elektrody złotej, która modyfikowana była warstwą złożoną z organotiolu oraz warstwą zbudowaną z tiolu chelatującego jony miedzi (Cu²⁺). Za pomocą techniki woltamperometrii obserwowano efekt wiązania AG-490 przez kinazę w stężeniach ok. 10-krotnie niższych w porównaniu z pomiarami spektroskopowymi. Wartość stałej dysocjacji (K_d) pomiędzy His₆-Rio1 a AG-490 wyniosła 0,25 μM.

Rozpoczęto również badania nad uzyskaniem rekombinowanej hemaglutyniny (rHA) wirusa grypy A1 H5N1 jako potencjalnego antygeny szczepionkowego. W drożdżowym systemie ekspresyjnym *Pichia pastoris* otrzymano hemaglutyninę w formie rozpuszczalnej, którą następnie oczyszczono do homogenności. Badanie immunogenności otrzymanych preparatów rHA jest w toku.

Najważniejszy wynik badawczy:

Opracowanie biosensora zdolnego do badania oddziaływań kinaza-inhibitor.

Temat nr 63: Dodekahedron adenowirusa jako platforma szczepionkowa

Zespół: prof. dr hab. Włodzimierz Zagórski-Ostoja, dr hab. Jadwiga Chroboczek, dr Ewa Szolajska, dr Antonina Naskalska (do 08.2010), mgr Inga Szurgot (doktorantka), mgr Małgorzata Białoskórska

Prowadzone badania dotyczą przygotowania szczepionki przeciw grypowej, w której platformą dostarczającą antygeny jest wirusopodobna cząsteczka wektorowa – dodekahedron adenowirusa (Dd). Jako antygeny wykorzystywane są: hemaglutynina (HA) wywołująca powstawanie przeciwciał neutralizujących, oraz wewnętrzne białko wirusa – M1, które przede wszystkim indukuje odporność komórkową zaatakowanego organizmu.

Dotychczas wykazaliśmy, że Dd pełni rolę adjuwantu indukując zwiększoną reakcję systemu odpornościowego, a równocześnie jest nośnikiem wydajnie dostarczającym białka do ludzkich komórek układu immunologicznego. Antygen M1, wprowadzony przez wektor do mieloidalnych komórek dendrytycznych jest w nich prawidłowo przetwarzany, a także skutecznie prezentowany komórkom efektorowym takim jak cytotoksyczne limfocyty T.

W stosowanym dotychczas podejściu, jako antygeny wykorzystywaliśmy białka pełnej długości, przyłączone niekowalencyjnie do powierzchni wektora. W 2010 roku rozpoczęliśmy prace nad przygotowaniem Dd zawierającego w swej strukturze określone fragmenty białka M1. Opierając się na źródłach literaturowych wybraliśmy dwa różne epitopy białka M1 o długości 18 aminokwasów, jeden indukujący odpowiedź limfocytów CD8⁺ a drugi zdolny do indukcji zarówno limfocytów CD8⁺ jak i CD4⁺. W przygotowanych konstrukcjach sekwencje kodujące epitopy zostały umieszczone w obrębie białka podstawy pentonu, z którego składa się Dd. Stwierdziliśmy, że wprowadzenie sekwencji kodujących epitopy w określonych pozycjach białka podstawy pentonu nie zaburzyło procesu składania cząsteczek wektora w trakcie jego biosyntezy w komórkach owadzych (system bakulowirusa).

Preparaty oczyszczonych rekombinowanych Dd zawierających epitopy białka M1 zostaną wykorzystane do przeprowadzenia funkcjonalnych testów immunologicznych *in vitro*.

Najważniejszy wniosek badawczy:

Umieszczenie epitopów M1 w określonej pozycji białka podstawy pentonu nie zakłóca procesu składania dodekahedronów podczas ich biosyntezy.

PUBLIKACJE: 2930/A, 572/N

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), mgr inż. Marek Żurczak (doktorant)

Efektor HopQ1 wydzielany przez *Pseudomonas syringae* wspomaga rozwój bakteriozy obwódkowej fasoli, jednak jego sekrecja uniemożliwia infekcję roślin tytoniu. Tym samym zdolność do syntezy tego czynnika wyznacza spektrum roślin kolonizowanych przez daną odmianę chorobotwórczą bakterii. Dotychczas nie opisano jednak molekularnego mechanizmu działania HopQ1 wewnątrz komórek roślinnych.

Przeprowadzona przez nas analiza bioinformatyczna, poprzedzona poznaniem pełnej sekwencji genomu tego szczepu bakterii, ujawniła w sekwencji HopQ1 motywy charakterystyczne dla hydrolaz nukleozydów, rozcinających wiązanie glikozydowe między zasadą a rybozą. W dotychczasowych eksperymentach, nie udało nam się wykazać aktywności enzymatycznej rekombinowanego białka HopQ1, wobec szeregu testowanych potencjalnych substratów. Kontrolę pozytywną w przeprowadzonych doświadczeniach stanowiło uzyskane przez nas rekombinowane białko RihA z *Escherichia coli*, które z wysoką wydajnością hydrolizowało nukleozydy pirymidynowe. HopQ1, należy do podgrupy NH₂ hydrolaz nukleozydowych, w których zamiast typowego motywu DXDXXXDD, występuje sekwencja DXXXDXDD, gdzie X jest dowolnym aminokwasem, co może wskazywać na inną specyfikę substratową. Co ciekawe, podgrupa ta obejmuje białka pochodzące z różnych organizmów, wśród których znaczącą część stanowią czynniki chorobotwórcze wobec roślin i zwierząt (np. *Ralstonia solanacearum*, *Xanthomonas campestris*, *Magnaporthe grisea*, *Nocardia farcinica*). Wydało nam się, więc prawdopodobne, że białka tej podgrupy stawałyby się aktywne dopiero na terenie komórki gospodarza, np. na skutek specyficznych dla *Eukaryota* modyfikacji bądź oddziaływania ze specyficznym czynnikiem. Przypuszczenia te skłoniły nas, do ekspresji przejściowej HopQ1 w tkance *Nicotiana benthamiana*, celem znalezienia potencjalnych partnerów interakcji. Badania z użyciem spektrometrii mas, wykazały, że HopQ1 z dołączoną etykietką STREPII współczyszczą się z białkami z rodziny 14-3-3. Dodatkowo, analiza ta wykazała, że HopQ1 ulega specyficznej fosforylacji w komórkach roślinnych. Co ciekawe, modyfikacja ta zachodzi w dwóch prawdopodobnych miejscach oddziaływania z białkami 14-3-3, przy czym kanoniczne motywy wiązania zawierają właśnie fosfoseryny.

Najważniejszy wynik badawczy:

Białko HopQ1 z *Pseudomonas syringae* pv. *phaseolicola* oddziałuje z roślinnymi białkami z rodziny 14-3-3, w sposób zależny od fosforylacji.

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

Zespół: dr hab. Jarosław Poznański, dr Tomasz Łoziński, mgr Piotr Kaczka (doktorant do 05.2010), mgr Agnieszka Polkowska-Nowakowska (doktorantka do 10.2010), mgr Małgorzata Siudek (doktorantka od 10.2010)

Stabilność domeny σ^{70}_4 polimerazy RNA *E. coli* w wodnym roztworze TFE. Na podstawie analizy danych relaksacyjnych azotu ^{15}N stworzono dla 30% roztworu TFE spójny model dynamiki konformacyjnej całej σ^{70}_4 . W wysokich stężeniach Na_2SO_4 i MgSO_4 białko jest zwinięte w neutralnym pH bez obecności TFE. Większość zawarta w pracy doktorskiej Piotra Kaczki (580/N) część opublikowana (4397), reszta przy współudziale Małgorzaty Siudek (w przygotowaniu).

Metabolizm leków w komórce. Pomiary ^{19}F NMR umożliwiły prześledzenie metabolizmu fluorouracylu w komórkach drożdży szczepu W303. Po inkubacji z 5FU w ekstrakcie cytoplazmatycznym zidentyfikowano 5FUTP, które następnie jest kolejno degradowane do 5FUMP, 5FUrd i 5FU. Wydaje się, że na widmach występuje także sygnał 5FUrd związanej do syntazy tymidylanowej, ale to wymaga jeszcze potwierdzenia.

Mechanizm inhibicji helikazy HCV przez pochodne benzotriazolu. Połączenie danych doświadczalnych uzyskanych metodą „*chemical shift mapping*” z wynikami modelowania i dostępnymi danymi biochemicznymi pozwoliły na wskazanie mechanizmu działania jednego ze związków. Całość zawarta w pracy doktorskiej Agnieszki Polkowska-Nowakowska (588/N), publikacja w przygotowaniu.

Benzotriazolowe inhibitory kinazy CK2 α . Dla 18 potencjalnych inhibitorów stworzono molekularne modele ich kompleksów z enzymem oraz powiązano zmierzone *in vitro* wartości IC_{50} z własnościami ligandów (publikacja 4425). Dalsze badania w toku.

Najważniejsze wyniki badawcze:

1. W 30% TFE, podobnie jak w 2M Na_2SO_4 σ^{70}_4 , jest przynajmniej częściowo zwinięta.
2. Wiązanie DCBRT interferuje z wiązaniem DNA/RNA do helikazy HCV.
3. Aktywność inhibitorów CK2 α jest ściśle związana hydrofobowością ich formy anionowej.

PUBLIKACJE: 4397, 4399, 4420, 4425, 4445, 4451, 2826/A, 2827/A, 2836/A, 2841/A, 2861/A, 2886/A, 580/N, 588/N

Temat nr 66: Metodyka sekwencjonowań genomowych

Zespół: prof. dr hab. Włodzimierz Zagórski-Ostoja, dr Robert Gromadka, mgr Beata Babińska, mgr Karolina Citko (11-12.2010), mgr Małgorzata Filipiak, mgr Jan Gawor, mgr Ewa Kalińska, mgr Helena Kossowska, mgr Magdalena Kubicz (08-10.2010), mgr Anna Trzemecka (od 10.2010 urlop macierzyński)

W ramach międzynarodowego Konsorcjum Sekwencjonowania Ziemniaka (Potato Genome Sequencing Consortium – PGSC) kontynuowano prace nad sekwencjonowaniem DNA totalnego z ziemniaka monoploidalnego diploida klonu DM1-3 516R44 i polskiej odmiany DH Kuba 48/6, który został wyselekcjonowany w Pracowni Genetyki IHAR Młochów.

Łącznie wykonano sekwencjonowanie na 5. regionach odmiany DM i 30 regionach dla odmiany Kuba na aparacie genomowym GS FLX Titanium.

Otrzymane sekwencje zostały zdeponowane w bazie krótkich odczytów genomowych w The European Nucleotide Archive (ENA) i są dostępne pod adresem internetowym <http://www.ebi.ac.uk/ena/data/view/ERP000411> w archiwum the Sequence Read Archive dla szczepu DM i <http://www.ebi.ac.uk/ena/data/view/ERP000444> dla klonu Kuba 48/6. Łącznie odczytano 5 420 930 412 nukleotydów.

Ponadto w ramach współpracy z innymi laboratoriami wyizolowano i zsekwencjonowano genomy i plazmidy z różnych organizmów jak również DNA antyczne. Została zmodyfikowana metoda izolacji dużych plazmidów z bakterii. Ustalono konsensus sekwencji 11 plazmidów o łącznej długości ponad 1.2 Mb, genomu *Lactococcus lactiscremoris* około 2,9 Mb i 4 genomów różnych izolatów *Staphylococcus aureus* o wielkościach około 3Mb.

Najważniejszy wynik badawczy:

Ustalenie sekwencji i określenie położenia genów na plazmidzie pSIN kodujących białka oporności na antybiotyki. Plazmid może być zastosowany do neutralizacji ścieków kopalnianych.

PUBLIKACJE: 184/M

Temat nr 67: Metabolizm siarki w roślinach

Zespół: prof. dr hab. Agnieszka Sirko, dr Anna Wawrzyńska, mgr Grzegorz Moniuszko, mgr Katarzyna Zientara-Rytter, mgr Jolanta Łukomska (do 30.06.2010)

Najważniejszym celem naszych badań jest ustalenie molekularnych podstaw odpowiedzi roślin na ograniczenie dostępności siarczanu (źródła siarki). Interesuje nas z jednej strony identyfikacja czynników kontrolujących ekspresję genów, przekazywanie informacji z korzeni do pędu oraz ogólna koordynacja tej odpowiedzi. Z drugiej strony, dalekosiężnym celem naszych badań jest uzyskanie roślin sprawniej wykorzystujących związki odżywcze (mikro- i makroelementy), zawierających zwiększony poziom metabolitów pożądaných oraz zmniejszony poziom substancji toksycznych. Nasze wysiłki w okresie sprawozdawczym koncentrowały się głównie wokół rodziny genów *UP9/LSU* oraz kodowanych przez te geny małych, specyficznych dla roślin białek o nieznaną funkcji. Wykazaliśmy, że tytoniowe białko UP9C zaangażowane jest w liczne oddziaływania z innymi białkami. Charakterystyka partnerów UP9C doprowadziła nas do wniosku, że jest ono elementem niezbędnym do prawidłowej odpowiedzi roślin na głodzenie siarkowe. Możliwy mechanizm działania tego białka mógłby polegać na stabilizacji innych, kluczowych białek odpowiedzialnych za adaptację roślin do warunków niedoboru siarki.

Sklonowanie i scharakteryzowanie szeregu tytoniowych czynników transkrypcyjnych należących do rodziny białek EIL pozwoliło na sprawdzenie ich zaangażowania w regulację ekspresji interesujących nas genów. Co najmniej dwa z tych czynników okazały się niezbędne do indukcji ekspresji tytoniowego genu *UP9C* w warunkach głodzenia siarkowego.

Najważniejsze wyniki badawcze:

1. Wykazanie, że białko UP9C jest niezbędne do prawidłowej odpowiedzi roślin tytoniu na głodzenie siarkowe.
2. Wykazanie, że czynniki transkrypcyjne z rodziny EIL biorą udział w regulacji ekspresji genu *UP9C* oraz być może innych genów regulowanych przez głodzenie siarkowe.

PUBLIKACJE: 4390, 4403, 2913/A, 2914/A, 2915/A, 2916/A, 2917/A

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

Zespół: dr hab. Paweł Golik, mgr Olga Puchta (doktorantka)

Kontynuowano badania nad funkcją drożdżowego białka kodowanego przez gen *DMR1*, które jest niezbędne dla utrzymania funkcjonowania mitochondrialnego aparatu genetycznego *S. cerevisiae*. Uzyskano punktowe hipomorficzne mutanty *ts* w genie *DMR1*. Stwierdzono, że w mutantach tych dochodzi do obniżenia poziomu translacji w mitochondriach. Ponadto, stwierdzono że podwójny mutant *dmr1-2* (T351A, D785V) wykazuje lżejszy fenotyp niż mutant pojedynczy *dmr1-1* (D785V), co sugeruje, że mutacja T351A może mieć charakter kompensacyjny. Stanowi to interesujący przyczynek do rozważań nad tempem ewolucji białek z rodziny PPR (do których należy produkt genu *DMR1*) – kompensacyjne mutacje (pseudorewersje) mogą być jednym z mechanizmów powodujących wyjątkowo szybką dywergencję sekwencji tych białek.

Kontynuowano badania nad białkiem Pet127p – hipotetyczną egzorybonukleazą działającą w mitochondriach drożdży. Na podstawie analizy fenotypów podwójnych mutantów stwierdzono możliwą interakcję genetyczną (syntetyczne wzmocnienie) pomiędzy *PET127*, a kodującym potencjalną rybonukleazę nieopisanym dotychczas pod kątem funkcji genem *YDR514C*.

Najważniejsze wyniki badawcze:

1. Wykazanie roli białka Dmr1p w translacji mitochondrialnej.
2. Wykazanie interakcji genetycznej między genami *PET127* i *YDR514C*.

PUBLIKACJE: 4408, 4411, 4439, 4449, 4454

Temat nr 69: Metabolizm RNA u Eukaryota

Zespół: dr hab. Andrzej Dziembowski, dr Rafał Tomecki, dr Seweryn Mroczek, dr Kamil Gewartowski, dr Leszek Lipiński, mgr Aleksander Chlebowski (doktorant UW), mgr Kinga Orłowska (doktorant UW), mgr Karolina Dążkowska (doktorant UW), mgr Aleksandra Siwaszek (doktorant), mgr Jacek Miłek (doktorant), Paweł Krawczyk (doktorant od 10.2010)

W roku 2010 kontynuowano prace dotyczące mechanizmu działania kompleksów białkowych zaangażowanych w metabolizm RNA. Rozpoczęto również nowe projekty badawcze.

Analiza głównej rybonukleazy organizmów eukariotycznych kompleksu egzozomu. We współpracy z laboratorium Helen Saibil uzyskaliśmy strukturę kompleksu egzozomu wraz z substratem (publikacja 4456). Zidentyfikowaliśmy również podjednostki katalityczne ludzkiego kompleksu egzozomu (publikacja 4421).

Analiza kompleksu THO/TREX uczestniczącego w biogenezie mRNA. Biochemiczne i strukturalne analizy kompleksu THO pozwoliły na poznanie jego kształtu, umiejscowienie części podjednostek w otrzymanej strukturze i identyfikację domeny odpowiedzialnej za oddziaływanie z kwasami nukleinowymi. Wyniki niedługo zostaną przygotowane do publikacji.

Analiza proteomiczna białek uczestniczących w degradacji RNA u kręgowców. Rozpoczęliśmy projekt mający na celu dogłębną analizę kompleksów białkowych zaangażowanych w metabolizm RNA przy użyciu limfoidalnej linii komórkowej DT40 pochodzącej z kurczaków. Stworzyliśmy nowe wektory integracyjne i opracowaliśmy niezwykle wydajną metodę integracji konstruktów w locus.

Analiza proteomiczna kompleksów białkowych Mycobacterium. Rozpoczęliśmy proteomiczną analizę kompleksów białkowych Mycobacterium przy użyciu niepatogennego szczepu BCG. Stworzyliśmy nowe wektory oraz przeprowadzamy optymalizację oczyszczania kompleksów za pomocą chromatografii powinowactwa.

Analiza metagenomiczna gleb skażonych pestycydami. Opracowano metodologię służącą do wysokowydajnego oczyszczania metagenomicznego DNA z silnie zanieczyszczonych gruntów, z okolic miejsc składowania przeterminowanych środków ochrony roślin. Stworzono kolekcję 80 próbek DNA i przeprowadzono wstępne analizy bioróżnorodności opierające się na amplifikacji zmiennego obszaru 16S rRNA i sekwencjonowania nowej generacji.

Najważniejszy wynik badawczy:

Identyfikacja podjednostek katalitycznych ludzkiego kompleksu egzozomu.

PUBLIKACJE: 4410, 4421, 4431, 4432, 4456

Laboratorium Analiz Modyfikacji Genetycznych

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

Laboratorium zajmuje się: 1. analizą obecności materiału transgenicznego w produktach rynkowych; 2. ilościową analizą mRNA oraz innymi analizami z użyciem PCR w czasie rzeczywistym.

1. W kwietniu i wrześniu, laboratorium z pozytywnymi wynikami uczestniczyło w dwóch międzylaboratoryjnych testach sprawności organizowanych przez Institute for Reference Materials and Measurements (JRC). Przedmiotem testów były pomiary ilościowe obecności zmodyfikowanej genetycznie kukurydzy, linie NK603 i MON810 .

2. Wykonano usługi pomiaru ilościowego mRNA w różnych próbkach dostarczonych przez klientów IBB. Oznaczano również liczbę kopii plazmidu w bakteriach. Wykonano 4611 reakcji, łącznie z opracowaniem metodyki analiz.

W trakcie opracowywania jest metoda fluorescencyjnego oznaczania małych stężeń dwuniciowego DNA i cDNA.

PUBLIKACJE: 4422, 4433, 4461, 2909/A, 2910/A

Pracowni Mikroskopii Konfokalnej i Fluorescencyjnej w roku 2010.

W okresie sprawozdawczym 01.01.10 – 31.12.10, realizowane były cele zgodne z planem funkcjonowania i rozwoju PMKiF, przedstawionym Dyrekcji IBB PAN na początku roku.

1. PMKiF była dostępna dla użytkowników przez cały rok. Mikroskop fluorescencyjny E800 był użytkowany nieodpłatnie przez przeszkolonych użytkowników, natomiast mikroskop konfokalny EZ-C1 TE zgodnie z cennikiem dostępnym na stronie internetowej IBB. W pracowni prowadzone są zeszyty ewidencji czasu eksploatacji obu mikroskopów.
2. W roku 2010 przeprowadzonych zostało 21 szkoleń z obsługi mikroskopu E800 w zakresie mikroskopii optycznej i fluorescencyjnej wraz z możliwościami akwizycji obrazu. Szkolenia prowadzone były w trybie indywidualnym, z naciskiem na poprawność stosowanej techniki i właściwą eksploatację sprzętu PMKiF. W roku 2010 przeprowadzone zostały 3 szkolenia z obsługi mikroskopu konfokalnego, umożliwiając samodzielną pracę kolejnym użytkownikom. Szkolenia były odpłatne zgodnie z cennikiem dostępnym na stronie internetowej IBB.
3. Prowadzona była bieżąca pomoc dla przeszkolonych użytkowników mikroskopu E800.
4. Przeprowadzane były obserwacje i rejestracja obrazu dla osób bez szkoleń, które potrzebowały skorzystać z pracowni.
5. Prowadzono obsługę mikroskopu konfokalnego, akwizycję i archiwizację danych oraz opis oglądanych preparatów każdego z użytkowników.
6. Prowadzony był nadzór oraz bieżąca konserwacja sprzętu mikroskopowego i wyposażenia w PMKiF w celu nieprzerwanej funkcjonalności powierzonej pracowni. Część napraw lub usterek eksploatacyjnych zlecano serwisowi PRECOPTIC, na podstawie zawartej umowy serwisowej.
7. W dniach 30-31 marca, odbyły się warsztaty z mikroskopii sił atomowych. Wykład: *New developments and applications in nanotechnology in terms of life science, nanopatterning and nanoelectronics based on tools like AFM systems (Dr. Andreas Bergner)*; oraz prezentacja praktyczna mikroskopu. Osoby zainteresowane z IBB oraz innych instytutów miały możliwość obserwacji własnych preparatów.
8. W dniach 11-21 października, w pracowni prezentowany był mikroskop konfokalny firmy Zeiss. W tym czasie użytkownicy pracowni mieli możliwość obserwacji własnych preparatów i pomiarów w innym systemie.
9. W roku 2010 w ramach współpracy naukowej z grupą kierowaną przez dr hab. G. Dobrowolską ukazała się poniższa publikacja nr 4455.

PUBLIKACJE: 4455, 2839/A, 2850/A, 2895/A, 2896/A, 2897/A, 2898/A

Pracownia Analiz Mikromacierzy

Zespół: dr hab. Marta Prymakowska-Bosak, dr Roksana Iwanicka-Nowicka, dr Beata Burzyńska, Paweł Kamiński

W roku 2010 w pracowni prowadzone były prace w ramach nawiązanej współpracy naukowej z Uniwersytetem Medycznym w Białymstoku. Prowadzone doświadczenia dotyczyły przede wszystkim oceny ilościowej i jakościowej otrzymanego RNA z próbek ludzkich, a następnie wykonania mikromacierzowej analizy transkryptomu.

Zespół pracowni zaangażowany był 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 Zakładu Biochemii Drobnoustrojów IBB PAN.

Poza działalnością naukową w roku 2010 wykonano zlecenia zewnętrzne:

1. 20 mikromacierzy transkrypcyjnych typu GeneChip Bovine Genome Array dla Instytutu Rozrodu Zwierząt i Badań Żywności PAN w Olsztynie
2. 9 mikromacierzy transkrypcyjnych GeneChip Human Genome U133 plus 2.0 dla Uniwersytetu Medycznego w Lublinie.

Serwis Bakulowirusa

Zespół: dr Ewa Szolajska, mgr Małgorzata Białoskórska

W 2010 roku w pracowni nadprodukowano w komórkach owadzych (system Bac-To-Bac):

1. Białka wirusowe:

- białko podstawy pentonu adenowirusa serotypu 3 (białko typu dzikiego, fuzja z EGFP oraz zmutowane w części N-końcowej)
- białko podstawy pentonu zawierające epitopy białka M1 wirusa grypy
- hemaglutyninę wirusa ptasiej grypy w fuzji z domenami WW

2. Białka ssacze:

- domenę katalityczną kinazy tyrozynowej Jak 2 (fuzja z 6xHis, fuzja z GST)
- czynnik transkrypcyjny STAT5A (fuzja z 6xHis na N-końcu).

Otrzymane rekombinowane białka były wykorzystywane do realizacji tematów statutowych IBB PAN.

Pracownia Hodowli Komórkowych

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

W 2010 w Pracowni kontynuowane były doświadczenia, prowadzone przez Zespoły Badawcze IBB, dotyczące następujących zagadnień:

1. Rola ludzkich homologów białka AlkB w naprawie DNA, modyfikowaniu RNA i stabilności genomu w ludzkich liniach komórkowych (grupa prof. dr hab. Elżbiety Grzesiuk, Zakład Biologii Molekularnej)
2. Rola naprawy DNA i peroksydacja lipidów w stabilności genetycznej oraz w procesach starzenia komórkowego (grupa prof. dr hab. Barbary Tudek, Zakład Biologii Molekularnej)
Analiza CD69 i wybranych cytokin w ludzkich limfocytach CD4⁺ (dr Elżbieta Speina, Zakład Biologii Molekularnej)
3. Badania toksyczności oligomerów peptydu Ab stabilizowanych wiązaniami di-tyrozynowymi. Wpływ wybranych fragmentów peptydu Ab na zależny od receptora RAGE transport peptydu Ab o pełnej długości (Ab1-40) (grupa prof. dr. hab. Michała Dadleza, Zakład Biofizyki)
4. Analiza proteomiczna wewnątrzkomórkowej S-nitrozylacji w warunkach fizjologicznych i patologicznych (grupa dr Aleksandry Wysłouch-Cieszyńskiej, Zakład Biofizyki)
5. Ekspresja białka toksyny Zeta plazmidu pSM19035 w komórkach ssaczych (grupa dr Urszuli Zielenkiewicz, Zakład Biochemii Drobnoustrojów)
6. Zastosowanie wirusopodobnej cząsteczki wektorowej – dodekahedronu adenowirusa jako wektora dla czynników o potencjalnym działaniu terapeutycznym (grupa dr Ewy Szolajskiej, Zakład Biosyntezy Białka)
7. Badanie mechanizmów warunkujących stabilność genetyczną diploidalnych komórek eukariotycznych – analiza zawartości DNA genomowego w komórkach drożdży *Saccharomyces cerevisiae* (dr Adrianna Skoneczna, mgr Małgorzata Alabrudzińska, Pracownia Mutagenezy i Reperacji DNA).

Pracownia Sekwencjonowania DNA i Syntezy Oligonukleotydów

Zespół: dr Robert Gromadka, dr Piotr Dzierzbicki, mgr Beata Babińska, mgr Ewa Kalińska, mgr Małgorzata Filipiak, mgr Jan Gawor, mgr Karolina Citko, mgr Anna Trzemecka

W ramach działalności usługowej dla IBB zsyntetyzowano 5 743 oligonukleotydów oraz zsekwencjonowano na aparatach ABI 3730 i ABI 3730 xl 15 200 matryc DNA, co przy średniej długości odczytu 850bp daje 12 920 000 zasad.

Dodatkowo w ramach projektu PGSC na aparacie Roche GS 20 FLX Titanium zsekwencjonowano 60 baków o łącznej długości 600 mln par zasad oraz genom ziemniaka uzyskując 5,7GB par zasad.

W ramach współpracy na aparacie Roche GS 20 FLX Titanium sekwencjonowano 10 plazmidów uzyskując 46,5 mln par zasad.

Syntezy oligonukleotydów i sekwencjonowanie matryc wykonano dla następujących zakładów IBB:

1. Zakład Genetyki 517 matryc 199 oligonukleotydów
2. Zakład Biochemii Drobnoustrojów 1997 matryc 230 oligonukleotydów
3. Zakład Biosyntezy Białka 281 matryc 190 oligonukleotydów
4. Zakład Biochemii Roślin 420 matryc 472 oligonukleotydów
5. Zakład Biofizyki 295 matryc 180 oligonukleotydów
6. Zakład Biologii Molekularnej 1200 matryc 285 oligonukleotydów
7. Zakład Genetyki UW 8650 matryc 3304 oligonukleotydów
8. Pracownia Mutagenazy i Reperacji DNA 920 matryc 253 oligonukleotydów
9. Pracownia Glikobiologii Grzybów 370 matryc 270 oligonukleotydów
10. Pracownia Sekwencjonowania DNA 425 matryc 290 oligonukleotydów i Syntezy Oligonukleotydów
11. Zakład Biochemii Lipidów 125 matryc 70 oligonukleotydów

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

1. Uniwersytet w Białymstoku
2. Akademia Medyczna w Bydgoszczy
3. Akademia Techniczno Rolnicza, Wydział Rolniczy
4. 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 Sanitarno-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 Kwiaciarstwa 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 KLIK 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 Żywienia
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 Pryszczycy 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 Jóźwicki.

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 jedynie 62% na skutek dwóch poważnych awarii sprzętu a spektrometru 400 MHz – 83%. Pełne zestawienie w załączeniu.

Wykorzystanie spektrometrów NMR w roku 2010:

Kierownik projektu	Instytucja	Czas przyrządu (godz.)	
		400 MHz	500 MHz
Prof. Ryszard Stolarski	Wydział Fizyki, UW	72	---
Prof. Janusz Lewiński	Politechnika Warszawska	---	120
Zlecenia zewnętrzne	Polfa	768	24
Prof. Leszek Królicki	CMDiK Warszawa	528	
Prof. Jan Izdebski	Wydział Chemii, UW	---	24
Prof. Adam Gryff-Keller	PW Wydz. Chem.	192	---
Doc. Jarosław Poznański	IBB PAN	72	---
Dr Adam Mieczkowski	IBB PAN	72	---
Prof. Wojciech Bał	IBB PAN	---	264
Mgr Tomasz Sobieściak	IBB PAN	72	---
Dr Grzegorz Dubin	Biocentrum Kraków	---	1272
badania własne	IBB	3768	2832
nowe techniki, szkolenia		480	24
konserwacje, nalewanie ciekłego helu i azotu		156	150
awarie		1128	720
Udokumentowane wykorzystanie czasu w godzinach		7308	5430
Udokumentowane wykorzystanie czasu w procentach		83%	62%

Środowiskowe Laboratorium Spektrometrii Mas

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

Środowiskowe Laboratorium Spektrometrii Mas prowadzi pomiary mas cząsteczek biologicznych. W ostatnim roku laboratorium znacznie powiększyło swój park maszynowy o nowe spektrometry, zakupione i uruchomione w ramach projektów CEPT i NanoFun.

Laboratorium wykonuje zlecenia użytkowników z IBB oraz spoza Instytutu w zakresie pomiarów mas peptydów, oligonukleotydów, białek a także innych związków. Na podstawie mas fragmentów białek, Laboratorium wykonuje identyfikację składu białkowego zleconych próbek. Najczęściej są to białka separowane w żelach PAGE. W ostatnim roku wykonaliśmy ok. 1800 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. Na przykład wykonano analizę różnicową próbek pochodzących od transgenicznym mysich modeli choroby Alzheimera oraz myszy dzikich w wieku 3 oraz 6 miesięcy i uzyskano zestaw białek różnicujących. Przeprowadzono wstępną analizę funkcjonalną metodami biologii systemów.

Rozpoczęto też analizy proteomiki różnicowej proteomu moczu w chorobach nerek i pęcherza moczowego. Opracowano metodę przygotowania materiału biologicznego i ustalono metodę badania różnicowego grup badanych i kontrolnych. Wykonano badanie różnicowe dla serii próbek uzyskanych od chorych na wielotorbielowatość nerek i nefropatię IgA. Ważnym obszarem działania laboratorium jest tworzenie nowych narzędzi informatycznych do analizy danych MS. W ostatnim roku stworzono program do analizy pomiarów z wymiany proton-deuter. Rozbudowano funkcjonalność wcześniej stworzonych programów Decoy, Diffprot.

Najważniejsze wyniki badawcze:

1. Uzyskanie list białek różnicujących mysie modele choroby Alzheimera
2. Uzyskanie list białek różnicujących próbki proteomu moczu osób chorych na wielotorbielowatość nerek (ADPKD) i nefropatię IgA od próbek kontrolnych,
3. Identyfikacja i lokalizacja modyfikacji potranslacyjnych w kilku białkach (fosforylacja MAF-1, Endos, S-glikozylacja albuminy, metylacja eIF1a, ubikwitynacja histonów, etc.)
4. Nowa ulepszona wersja programu Diffprot – do analizy statystycznej danych proteomiki różnicowej.

PUBLIKACJE: 4393, 4432, 4442, 4455, 4459, 4460, 616/N

Seminaria instytutowe w roku 2010

05.01.2010

Dr hab. Małgorzata Łobocka /Zakład Biochemii Drobnoustrojów/

„Bakteriofagi w terapii zakażeń gronkowcowych - genetyczny punkt widzenia”

12.01.2010

Mgr Elżbieta Lewandowska-Gnatowska /Zakład Biochemii Roślin/

„Wpływ zranienia na zmiany molekularne w liściach jednoliściennych”

19.01.2010

Mgr Małgorzata Różga /Zakład Biofizyki/

„Oddziaływania w układzie peptyd A β , albumina, jony Cu(II). Implikacje dla choroby Alzheimerera”

26.01.2010

Mgr Antonina Naskalska /Zakład Biosyntezy Białka/

„Wykorzystanie dodekahedronu adenowirusa jako platformy do szczepionki przeciw grypie”

02.02.2010

Mgr Agata Jacewicz /Zakład Biologii Molekularnej/

„Charakterystyka mutantu D714A Polimerazy RB69”

09.02.2010

Mgr Jolanta Łukomska /Zakład Biochemii Roślin/

„Wpływ ekspresji wybranych cDNA z *Thlaspi caerulescens* (tobołki alpejskie) na transport i akumulację metali ciężkich w tytoniu”

16.02.2010

Dr Jan Kutner /Zakład Biofizyki/

„Proteomiczna analiza drożdżowych metylotransferaz”

23.02.2010

Dr Iwona Karkusiewicz /Zakład Genetyki/

„Wpływ Maf1, negatywnego regulatora polimerazy III RNA, na procesowanie i stabilność tRNA”

02.03.2010

Mgr Janusz Dębski /Zakład Biofizyki/

„Identyfikacja i lokalizacja modyfikacji potranslacyjnych w białkach”

09.03.2010

Mgr Michał Nowakowski /Środowiskowe Lab. NMR/

„Struktura i dynamika ludzkiego białka S100A1”

16.03.2010

Dr Jacek Nowak /Pracownia Sekwencjonowania DNA i Syntezy Oligo/

„Niekodujące RNA w regulacji rearanżacji genomu *Paramecium*”

23.03.2010

Dr Monika Hejnowicz /Zakład Biochemii Drobnoustrojów/

"Optymalizacja charakterystyki i przygotowania preparatów fagowych do celów terapeutycznych."

30.03.2010

Mgr Anna Gajda /Zakład Genetyki/

„Oddziaływanie konserwowanych ewolucyjnie domen białka Maf1, negatywnego regulatora polimerazy III RNA”

06.04.2010

Mgr Alicja Winczura /Zakład Biologii Molekularnej/

„Regulacja aktywności systemu naprawy DNA przez wycinanie zasad”

08.04.2010

Profesor Armen Trchounian /Yerevan State University, Biophysics Laboratory, Armenia/

“Potassium transport by bacteria and its role in bacterial cell physiology”

13.04.2010

Mgr Damian Graczyk /Zakład Genetyki/

„Rola kinazy CK2 w regulacji transkrypcji z udziałem polimerazy III RNA”

15.04.2010

Prof. Yves Couder /Université Paris 7/

„On the role of mechanical stresses on the regulation of plant growth”

20.04.2010

Mgr Aleksander Chlebowski /Zakład Biofizyki/

„Podjednostki katalityczne ludzkiego egzozomu”

27.04.2010

Dr Jadwiga Szczegielniak /Zakład Biochemii Roślin/

„Udział kinaz białkowych w przekazywaniu sygnałów w kukurydzy”

04.05.2010

Dr Anna Sikora /Zakład Biologii Molekularnej/

„Wybrane procesy beztlenowe: mikrobiologiczna redukcja żelaza(III) oraz fermentacje wodorowe i ich znaczenie biotechnologiczne”

06.05.2010

Prof. Jean-Francois Bach /Uniwersytet René Descartes w Paryżu/

„Gene and environment: the example of immune disorders”

11.05.2010

Mgr Agnieszka Belczyk /Zakład Biofizyki/

„Oczyszczanie białek rekombinowanych z użyciem niklowej metody odcinania etykiet”

17.05.2010

Prof. Hieronim Jakubowski /UMDNJ - New Jersey Medical School, Newark, Instytut Chemii Bioorganicznej/

„The Mechanism and Consequences of Homocysteine Incorporation Into Protein in Humans”

18.05.2010

Mgr Łukasz Jaremko i Mgr Mariusz Jaremko /Środowiskowe Lab. NMR/

„Struktura i dynamika kompleksów let-7 miRNA:lin-41 mRNA z organizmu *C.elegans* badane technikami NMR”

Lista publikacji za 2010 rok

4383

KURANDA K.K., FRANCOIS J., PALAMARCZYK G.

The isoprenoid pathway and transcriptional response to its inhibitors in the yeast *Saccharomyces cerevisiae*.

FEMS Yeast Research (2010) **10**: 14-27

IF 1,789

4384

KACZANOWSKI S., ZIELENKIEWICZ P.

Why similar protein sequences encode similar three-dimensional structures?

Theoretical Chemistry Accounts (2010) **125**: 643-650

IF 2,584

4385

MACIEJEWSKA A.M., RUSZEL K.P., NIEMINUSZCZY J., LEWICKA J.B., SOKOŁOWSKA B., GRZESIUK E., KUŚMIEREK J.T.

Chloroacetaldehyde-induced mutagenesis in *Escherichia coli*: The role of AlkB protein in repair of 3,N⁴-ethenocytosine and 3,N⁴- α -hydroxyethanocytosine.

Mutation Research - Fundamental and Molecular Mechanisms of Mutagenesis (2010) **684**: 24-34

IF 3,556

4386

LANGIE S.A.S., KOWALCZYK P., TUDEK B., ZABIELSKI R., DZIAMAN T., OLÍŃSKI R., van SCHOOTEN F.J., GODSCHALK R.W.L.

The effect of oxidative stress on nucleotide-excision repair in colon tissue of newborn piglets.

Mutation Research - Genetic Toxicology and Environmental Mutagenesis (2010) **695**: 75-80

IF 2,552

4387

FLIS S., GNYSZKA A., FLIS K., SPŁAWIŃSKI J.

MS275 enhances cytotoxicity induced by 5-fluorouracil in the colorectal cancer cells.

European Journal of Pharmacology (2010) **627**: 26-32

IF 2,585

4388

SZCZĘSNY R.J., BOROWSKI Ł.S., BRZEZNIAK L.K., DMOCHOWSKA A., GEWARTOWSKI K., BARTNIK E., STĘPIEŃ P.P.

Human mitochondrial RNA turnover caught *in flagranti*: involvement of hSuv3p helicase in RNA surveillance.

Nucleic Acids Research (2010) **38(1)**: 279-298

IF 7,479

4389

CZARNECKA A.M., KLEMBA A., KRAWCZYK T., ZDROŻNY M., ARNOLD R.S., BARTNIK E., PETROS J.A.

Mitochondrial NADH-dehydrogenase polymorphisms as sporadic breast cancer risk factor.

Oncology Reports (2010) **23**: 531-535

IF 1,588

4390

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

Nicotiana tabacum EIL2 directly regulates expression of at least one tobacco gene induced by sulphur starvation.

Journal of Experimental Botany (2010) **61(3)**: 889-900

IF 4,271

4391

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.

Journal of Physical Chemistry B (2010) **114**: 59-65

IF 3,471

4392

RÓZGA M., BAL W.

The Cu(II)/A β /human serum albumin model of control mechanism for copper-related amyloid neurotoxicity.

Chemical Research in Toxicology (2010) **23**: 298-308

IF 3,740

4393

RÓZGA M., KLONIECKI M., DADLEZ M., BAL W.

A direct determination of the dissociation constant for the Cu(II) complex of amyloid β 1-40 peptide.

Chemical Research in Toxicology (2010) **23**: 336-340

IF 3,740

4394

ŁĘBSKA M., CIESIELSKI A., SZYMONA L., GODECKA L., LEWANDOWSKA-GNATOWSKA E., SZCZEGIELNIAK J., MUSZYŃSKA G.

Phosphorylation of maize eukaryotic translation initiation factor 5A (eIF5A) by casein kinase 2.

Journal of Biological Chemistry (2010) **285**(9): 6217-6226

IF 5,328

4395

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

Lethal and mutagenic properties of MMS-generated DNA lesions in *Escherichia coli* cells deficient in BER and AlkB-directed DNA repair.

Mutagenesis (2010) **25**(2): 139-147

IF 3,541

4396

RUTKOWSKA-WŁODARCZYK I., KIERDASZUK B., WŁODARCZYK J.

Analysis of proton exchange kinetics with time-dependent exchange rate.

Biochimica et Biophysica Acta - Proteins & Proteomics (2010) **1804**(4): 891-898

IF 2,480

4397

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 *Escherichia coli* RNA polymerase σ^{70} subunit.

Proteins: Structure, Function and Bioinformatics (2010) **78**(3): 754-768

IF 3,085

4398

SOBIEŚCIAK T.D., ZIELENKIEWICZ P.

Double selective synthetic approach to the N-functionalized 1,4,7-triazacyclononane derivatives: chelating compounds for controllable protein orientation.

Journal of Organic Chemistry (2010) **75**(6): 2069-2072

IF 4,219

4399

KREŻEL A., KOPERA E., PROTAS A.M., POZNAŃSKI J., WYSŁOUCH-CIESZYŃSKA A., BAL W.
Sequence-specific Ni(II)-dependent peptide bond hydrolysis for protein engineering. Combinatorial library determination of optimal sequence.

Journal of the American Chemical Society (2010) **132(10)**: 3355-3366

IF 8,580

4400

CLARK G., KONOPKA-POSTUPOLSKA D., HENNIG J., ROUX S.

Is annexin 1 a multifunctional protein during stress responses?

Plant Signaling & Behavior (2010) **5(3)**: 1-5

4401

FRĄCZYK T., KUBIŃSKI K., MASŁYK M., CIEŚLA J., HELLMAN U., SHUGAR D., RODE W.

Phosphorylation of thymidylate synthase from various sources by human protein kinase CK2 and its catalytic subunits.

Bioorganic Chemistry (2010) **38**: 124-131

IF 1,588

4402

FRĄCZYK T., RUMAN T., RUT D., DĄBROWSKA-MAŚ E., CIEŚLA J., ZIELIŃSKI Z., SIECZKA K., DEBSKI J., GOŁOS B., WIŃSKA P., WAŁAJTYS-RODE E., SHUGAR D., RODE W.

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

Pteridines (2010) **20**: 137-142

IF 0,379

4403

LEWANDOWSKA M., WAWRZYŃSKA A.K., MONIUSZKO G., ŁUKOMSKA J., ZIENTARA K., PIECHO M., HODUREK P., ZHUKOV I., LISZEWSKA F., NIKIFOROVA V., SIRKO A.

A contribution to identification of novel regulators of plant response to sulfur deficiency: characteristics of a tobacco gene UP9C, its protein product and the effects of UP9C silencing.

Molecular Plant (2010) **3(2)**: 347-360

IF 2,784

4404

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

Recombinant mouse granulocyte-macrophage colony-stimulating factor is glycosylated in transgenic tobacco and maintains its biological activity.

Journal of Interferon & Cytokine Research (2010) **30**: 13-19

IF 1,627

4405

VAN DIJK M. R., VAN SCHAIJK B.C.L., KHAN S.M., VAN DOOREN M.W., RAMESAR J., KACZANOWSKI S., VAN GEMERT G.-J., KROEZE H., STUNNENBERG H.G., ELING W.M., SAUERWEIN R.W., WATERS A.P., JANSE CH.J.

Three members of the 6-cys protein family of *Plasmodium* play a role in gamete fertility.

PLoS Pathogens (2010) **6(4)**: e1000853

IF 8,978

4406

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

Contribution of transcription-coupled DNA repair to MMS-induced mutagenesis in *E.coli* strains deficient in functional AlkB protein.

Mutation Research - Fundamental and Molecular Mechanisms of Mutagenesis (2010) **688**: 19-27

IF 3,556

4407

SPEINA E., DAWUT L., HEDAYATI M., WANG Z.M., MAY A., SCHWENDENER S., JANSČAK P., CROTEAU D.L., BOHR V.A.

Human RECQL5 β stimulates flap endonuclease 1.

Nucleic Acids Research (2010) **38**: 2904-2916

IF 7,479

4408

PUCHTA O., LUBAS M., LIPÍŃSKI K.A., PIĄTKOWSKI J., MAŁECKI M., GOLIK P.

DMR1 (CCM1/YGR150C) of *Saccharomyces cerevisiae* encodes an RNA-binding protein from the pentatricopeptide repeat family required for the maintenance of the mitochondrial 15S ribosomal RNA.

Genetics (2010) **184**: 959-973

IF 3,889

4409

KUROWSKA E., BAL W.

Recent advances in molecular toxicology of cadmium and nickel.

Chapter in: **Advances in Molecular Toxicology**. Ed. J.C. Fishbein, Elsevier 2010 (**4**): 85-126

4410

TOMECKI R., DRAŻKOWSKA K., DZIEMBOWSKI A.

Mechanisms of RNA degradation by the eukaryotic exosome.

ChemBioChem (2010) **11**: 938-945

IF 3,824

4411

CZARNECKA A.M., KRAWCZYK T., ZDROŻNY M., LUBIŃSKI J., ARNOLD R.S., KUKWA W., ŚCIŃSKA A., GOLIK P., BARTNIK E., PETROS J.A.

Mitochondrial NADH-dehydrogenase subunit 3 (ND3) polymorphism (A10398G) and sporadic breast cancer in Poland.

Breast Cancer Research and Treatment (2010) **121**: 511-518

IF 4,696

4412

TOŃSKA K., KODROŃ A., BARTNIK E.

Genotype-phenotype correlations in Leber hereditary optic neuropathy.

Biochimica et Biophysica Acta - Bioenergetics (2010) **1797**: 1119-1123

IF 3,688

4413

MIAZGA A.A., ZIEMKOWSKI P., SIWECKA M.A., LIPNIACKI A., PIASEK A., KULIKOWSKI T.

Synthesis, biological properties and anti-HIV-1 activity of new pyrimidine P₁, P₂-dinucleotides.

Nucleosides Nucleotides and Nucleic Acids (2010) **29**: 438-444

IF 0,768

4414

TUDEK B., WINCZURA A., JANIK J., SIOMEK A., FOKSINSKI M., OLIŃSKI R.

Involvement of oxidatively damaged DNA and repair in cancer development and aging.

American Journal of Translational Research (2010) **2**: 254-284

IF -

4415

ILC G., GIACHIN G., JAREMKO M., JAREMKO Ł., BENETTI F., PLAVEC J., ZHUKOV I., LEGNAME G.

NMR structure of the human prion protein with the pathological Q212P mutation reveals unique structural features.

PLoS One (2010) **5**(7): e11715

IF 4,351

4416

PIELA P., MICHAŁOWSKI T., MILTKO R., SZEWCZYK K., SIKORA R., GRZESIUK E., SIKORA A.
Can a fermentation gas mainly produced by rumen *Isotrichidae* ciliates be a potential source of biohydrogen and a fuel for a chemical fuel cell?

Journal of Microbiology and Biotechnology (2010) **20**(7): 1092-1100

IF 2,062

4417

ŻURAWSKA A., URBAŃSKI J., MATULIENE J., BARANIAK J., KLEJMAN M.P., FILIPEK S.,
MATULIS D., BIEGANOWSKI P.

Mutations that increase both Hsp90 ATPase activity *in vitro* and Hsp90 drug resistance *in vivo*.

Biochimica et Biophysica Acta - Molecular Cell Research (2010) **1803**: 575-583

IF 4,374

4418

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

How to find the fries structures for benzenoid hydrocarbons.

Symmetry (2010) **2**: 1390-1400

4419

WAŚOWICZ M., MILNER-KRAWCZYK M., RADECKA D., GRZELAK K., RADECKA H.

Immunosensor incorporating anti-his (C-term) IgG F(ab`) fragments attached to gold nanorods for detection of his-tagged proteins in culture medium.

Sensors (2010) **10**: 5409-5424

IF 1,573

4420

KOPERA E., KRĘŻEL A., PROTAS A.M., BELCZYK A., BONNA A., WYSŁOUCH-CIESZYŃSKA A.,
POZNAŃSKI J., BAL W.

Sequence-specific Ni(II)-dependent peptide bond hydrolysis for protein engineering: reaction conditions and molecular mechanism.

Inorganic Chemistry (2010) **49**: 6636-6645

IF 4,657

4421

TOMECKI R., KRISTIANSEN M.S., LYKKE-ANDERSEN S., CHLEBOWSKI A., LARSEN K.M.,
SZCZĘSŃY R.J., DRAŻKOWSKA K., PASTULA A., ANDERSEN J.S., STĘPIEŃ P.P., DZIEMBOWSKI
A., JENSEN T. H.

The human core exosome interacts with differentially localized processive RNases: hDIS3 and hDIS3L.

The EMBO Journal (2010) **29**: 2342-2357

IF 8,993

4422

OBTUŁOWICZ T., WINCZURA A., SPEINA E., SWOBODA M., JANIK A., JANOWSKA B., CIEŚLA J.
M., KOWALCZYK P., JAWIEN A., GACKOWSKI D., BANASZKIEWICZ Z., KRASNODĘBSKI I.,
CHABER A., OLIŃSKI R., NAIR J., BARTSCH H., DOUKI T., CADET J., TUDEK B.

Aberrant repair of etheno-DNA adducts in leukocytes and colon tissue of colon cancer patients.

Free Radical Biology & Medicine (2010) **49**(6): 1064-1071

IF 6,081

4423

JUCHIMIUK M., PASIKOWSKA M., ZATORSKA E., LAUDY A.E., SMOLEŃSKA-SYM G.,
PALAMARCZYK G.

Defect in dolichol-dependent glycosylation increases sensitivity of *Saccharomyces cerevisiae* towards anti-fungal drugs.

Yeast (2010) **27**(8): 637-645

IF 1,805

4424

MAYO B., ALEKSANDRZAK-PIEKARCZYK T., FERNANDEZ M., KOWALCZYK M., ALVAREZ-MARTIN P., BARDOWSKI J.K.

Updates in the metabolism of lactic acid bacteria.

Chapter in: **Biotechnology of Lactic Acid Bacteria. Novel Applications**. Ed. F. Mozzi, R.R. Raya, G.M. Vingolo. Wiley-Blackwell 2010, p.3-33

4425

WĄSIK R., ŁEBSKA M., FELCZAK K., POZNAŃSKI J., SHUGAR D.

Relative role of halogen bonds and hydrophobic interactions in inhibition of human protein kinase CK2 α by tetrabromobenzotriazole and some C(5)-substituted analogues.

The Journal of Physical Chemistry B (2010) **114**(32): 10601-10611

IF 3,471

4426

SIWIAK M., ZIELENKIEWICZ P.

A comprehensive, quantitative, and genome-wide model of translation.

PLoS Computational Biology (2010) **6**(7): e1000865

IF 5,759

4427

CANTAGREL V., LEFEBER D.J., NG B.G., GUAN Z., SILHAVY J.L., BIELAS S.L., LEHLE L., HOMBAUER H., ADAMOWICZ M., ŚWIEŻEWSKA E., DE BROUWER A.P., BLUMEL P., SYKUT-CEGIELSKA J., HOULISTON S., ŚWISTUN D., ALI B.R., DOBYNS W.B., BABOVIC-VUKSANOVIC D., BOKHOVEN van H., WEVERS R.A., RAETZ CH.R.H., FREEZE H.H., MORAVA E., AL-GAZALI L., GLEESON J.G.

SRD5A3 is required for converting polyprenol to dolichol and is mutated in a congenital glycosylation disorder.

Cell (2010) **142**(2): 203-217

IF 31,152

4428

MARZĄLEK R., PISKLAK M., JANKOWSKI W., ŁUKASZKIEWICZ J., HORSZTYŃSKI D., WAWER I.

NMR and gas chromatography studies of lyophilized human brain tumors.

Acta Polonicae Pharmaceutica - Drug Research (2010) **67**(2): 129-136

IF 0,347

4429

KAMIEŃSKA-TRELA K., WÓJCIK J.

Applications of spin-spin couplings.

Chapter in: **Nuclear Magnetic Resonance**. Ed. G.A. Webb. RSC Publishing (2010) **39**: 179-226

4430

LIPIŃSKI P., STARZYŃSKI R.R., CANONNE-HERGAUX F., TUDEK B., OLIŃSKI R., KOWALCZYK P., DZIAMAN T., THIBAudeau O., GRALAK M.A., SMUDA E., WOLIŃSKI J., USIŃSKA A., ZABIELSKI R.

Benefits and risks of iron supplementation in anemic neonatal pigs.

American Journal of Pathology (2010) **177**(3): 1233-1243

IF 5,673

4431

TOMECKI R., DZIEMBOWSKI A.

Novel endoribonucleases as central players in various pathways of eukaryotic RNA metabolism.

RNA (2010) **16**: 1692-1724

IF 5,198

4432

BROOKS M.A., GEWARTOWSKI K., MITSIKI E., LÉTOQUART J., PACHE R.A., BILLIER Y., BERTERO M., CORRÉA M., CZARNOCKI-CIECIURA M., DADLEZ M., HENRIOT V., LAZAR N., DELBOS L., LEBERT D., PIWOWARSKI J., ROCHAIX P., BÖTTCHER B., SERRANO L., SÉRAPHIN B., TILBEURGH van H., ALOY P., PERRAKIS A., DZIEMBOWSKI A.

Systematic bioinformatics and experimental validation of yeast complexes reduces the rate of attrition during structural investigations.

Structure (2010) **18**: 1075-1082

IF 5,904

4433

OBTUŁOWICZ T., SWOBODA M., SPEINA E., GACKOWSKI D., ROZALSKI R., SIOMEK A., JANIK J., JANOWSKA B., CIEŚLA J. M., JAWIEN A., BANASZKIEWICZ Z., GUZ J., DZIAMAN T., SZPILA A., OLIŃSKI R., TUDEK B.

Oxidative stress and 8-oxoguanine repair are enhanced in colon adenoma and carcinoma patients.

Mutagenesis (2010) **25**: 463-471

IF 3,541

4434

MUCHA K., FORONCEWICZ B., ZIARKIEWICZ-WRÓBLEWSKA B., KRAWCZYK M., LERUT J., PĄCZEK L.

Post-transplant lymphoproliferative disorder in view of the new WHO classification: a more rational approach to a protean disease?

Nephrology Dialysis Transplantation (2010) **25**(7): 2089-2098

IF 3,306

4435

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

Mutants of the *Saccharomyces cerevisiae* *VPS* genes *CCZ1* and *YPT7* are blocked in different stages of sporulation.

European Journal of Cell Biology (2010) **89**: 780-787

IF 3,314

4436

SROMEK M., CZETWERTYŃSKA M., SKASKO E., ZIELIŃSKA J., CZAPCZAK D., STEFFEN J.
The frequency of selected polymorphic variants of the *RET* gene in patients with medullary thyroid carcinoma and in the general population of central Poland.

Endocrine Pathology (2010) **21**: 178-185

IF 1,417

4437

NAJDA-BERNATOWICZ A., KRAWCZYK M., STANKIEWICZ-DROGOŃ A., BRETNER M., BOGUSZEWSKA-CHACHULSKA A.M.

Studies on the anti-hepatitis C virus activity of newly synthesized tropolone derivatives: Identification of NS3 helicase inhibitors that specifically inhibit subgenomic HCV replication.

Bioorganic & Medicinal Chemistry (2010) **18**: 5129-5136

IF 2,822

4438

LISOWSKI M., JAREMKO Ł., JAREMKO M., MAZUR A., LATAJKA R., MAKOWSKI M.

Effect of the Δ Phe residue configuration on a dipeptide conformation: A combined CD and NMR study.

Biopolymers (2010) **93**(12): 1055-1064

IF 2,605

4439

KLEMB A., KOWALEWSKA M., KUKWA W., TOŃSKA K., SZYBIŃSKA A., MOSSAKOWSKA M., ŚCIŃSKA A., GOLIK P., KOPER K., RADZISZEWSKI J., KUKWA A., CZARNECKA A.M., BARTNIK E.
Mitochondrial genotype in vulvar carcinoma - cuckoo in the nest.

Journal of Biomedical Science (2010) **17**(73): 15

IF 2,01

4440

GÓRKA-NIEĆ W., PERLIŃSKA-LENART U., ZEMBEK P., PALAMARCZYK G., KRUSZEWSKA J.S.
Influence of sorbitol on protein production and glycosylation and cell wall formation in *Trichoderma reesei*.
Fungal Biology [Formerly known as Mycological Research] (2010) **114(10)**: 855-862
IF 2,921

4441

SZCZERBAKOWA A., TARWACKA J., OSKIERA M., JAKUCZUN H., WIELGAT B.
Somatic hybridization between the diploids of *S. x michoacanum* and *S. tuberosum*.
Acta Physiologiae Plantarum (2010) **32**: 867-873
IF 1,232

4442

KUPNIEWSKA-KOZAK A., GOSPODARSKA E., DADLEZ M.
Interwined structured and unstructured regions of exRAGE identified by monitoring hydrogen-deuterium exchange.
Journal of Molecular Biology (2010) **403(1)**: 52-65
IF 3,871

4443

ZIEMIŃSKA E., TOCZYŁOWSKA B., STAFIEJ A., ŁAZAREWICZ J.W.
Low molecular weight thiols reduce thimerosal neurotoxicity *in vitro*: modulation by proteins.
Toxicology (2010) **276**: 154-163
IF 3,241

4444

SOKOŁOWSKA M., PAWLAS K., BAL W.
Effect of common buffers and heterocyclic ligands on the binding of Cu(II) at the multimetal binding site in human serum albumin.
Bioinorganic Chemistry and Applications (2010) **2010**: 725153
IF 1,217

4445

WIŃSKA P., MIAZGA A.A., POZNAŃSKI J., KULIKOWSKI T.
Partial selective inhibition of HIV-1 reverse transcriptase and human DNA polymerases γ and β by thiated 3'-fluorothymidine analogue 5'-triphosphates.
Antiviral Research (2010) **88(2)**: 176-181
IF 3,612

4446

GOUT E., GUTKOWSKA M., TAKAYAMA S., REED J.C., CHROBOCZEK J.
Co-chaperone BAG3 and adenovirus penton base protein partnership.
Journal of Cellular Biochemistry (2010) **111**: 699-708
IF 2,935

4447

GAJDA A.E., TOWPIK J., STEUERWALD U., MÜLLER C.W., LEFEBVRE O., BOGUTA M.
Full repression of RNA polymerase III transcription requires interaction between two domains of its negative regulator MafI.
Journal of Biological Chemistry (2010) **285(46)**: 35719-35727
IF 5,328

4448

PIEKARSKA I., RYTKA J., REMPOŁA B.
Regulation of sporulation in the yeast *Saccharomyces cerevisiae*.
Acta Biochimica Polonica (2010) **57(3)**: 241-250
IF 1,262

4449

CZARNECKA A., KRAWCZYK T., PLAK K., KLEMB A., ZDROŻNY M., ARNOLD R.S., KOFLEB B., GOLIK P., SZYBIŃSKA A., LUBIŃSKI J., MOSSAKOWSKA M., BARTNIK E., PETROS J.A.
Mitochondrial genotype and breast cancer predisposition.

Oncology Reports (2010) **24**: 1521-1534

IF 1,588

4450

TRZEMECKA A., JACEWICZ A., CARVER G.T., DRAKE J.W., BĘBENEK A.

Reversal of a mutator activity by a nearby fidelity-neutral substitution in the RB69 DNA polymerase binding pocket.

Journal of Molecular Biology (2010) **404**: 778-793

IF 3,871

4451

CZERSKA K., SOBCZYŃSKA-TOMASZEWSKA A., SANDS D., NOWAKOWSKA A., BĄK D., WERTHEIM K., POZNAŃSKI J., ZIELEŃSKI J., NOREK A., BAL J.

Prostaglandin-endoperoxide synthase genes COX1 and COX2 - novel modifiers of disease severity in cystic fibrosis patients.

Journal of Applied Genetics (2010) **51(3)**: 323-330

IF 1,324

4452

EMPEL J., HRABAK J., KOZIŃSKA A., BERGEROVA T., URBASKOVA P., KERN-ZDANOWICZ I., GNIADKOWSKI M.

DHA-1-producing *Klebsiella pneumoniae* in a teaching hospital in the Czech Republic.

Microbial Drug Resistance (2010) **16(4)**: 291-5

IF 1,989

4453

PAWŁOWSKI K., MUSZEWSKA A., LENART A., SZCZEPIŃSKA T., GODZIK A., GRYNBERG M.

A widespread peroxiredoxin-like domain present in tumor suppression- and progression-implicated proteins.

BMC Genomics (2010) **11**: 590

IF 3,759

4454

LPIŃSKI K.A., KANIAK-GOLIK A., GOLIK P.

Maintenance and expression of the *S. cerevisiae* mitochondrial genome - from genetics to evolution and systems biology.

Biochimica et Biophysica Acta - Bioenergetics (2010) **1797(6-7)**: 1086-1098

IF 3,688

4455

WAWER I., BUCHOLC M., ASTIER J., ANIELSKA-MAZUR A., DAHAN J., KULIK A., WYSŁOUCH-CIESZYŃSKA A., ZARĘBA-KOZIOŁ M., KRZYWIŃSKA E., DADLEZ M., DOBROWOLSKA G., WENDEHENNE D.

Regulation of *Nicotiana tabacum* osmotic stress-activated protein kinase and its cellular partner GAPDH by nitric oxide in response to salinity.

Biochemical Journal (2010) **429(1)**: 73-83

IF 5,155

4456

MALET H., TOPF M., CLARE D.K., EBERT J., BONNEAU F., BASQUIN J., DRAŻKOWSKA K., TOMECKI R., DZIEMBOWSKI A., CONTI E., SAIBIL H.R., LORENTZEN E.

RNA channelling by the eukaryotic exosome.

EMBO Reports (2010) **11(12)**: 936-942

IF 6,907

4457

WĘGRZYN G., JAKÓBKIEWICZ-BANECKA J., NARAJCZYK M., WIŚNIEWSKI A., PIOTROWSKA E., GABIG-CIMIŃSKA M., KŁOSKA A., SŁOMIŃSKA-WOJEWÓDZKA M., KORZON-BURAKOWSKA A., WĘGRZYN A.

Why are behaviors of children suffering from various neuronopathic types of mucopolysaccharidoses different?

Medical Hypotheses (2010) **75**: 605-609

IF 1,393

4458

WĘGRZYN G., JAKÓBKIEWICZ-BANECKA J., GABIG-CIMIŃSKA M., PIOTROWSKA E., NARAJCZYK M., KŁOSKA A., MALINOWSKA M., DZIEDZIC D., GOŁĘBIEWSKA I., MOSKOT M., WĘGRZYN A.

Genistein: a natural isoflavone with a potential for treatment of genetic diseases.

Biochemical Society Transactions (2010) **38(2)**: 695-701

IF 3,378

4459

KEDRACKA-KROK S., FIC E., JANKOWSKA U., JACIUK M., GRUCA P., PAPP M., KUSMIDER M., SOLICH J., DĘBSKI J., DADLEZ M., DZIEDZICKA-WASYLEWSKA M.

Effect of chronic mild stress and imipramine on the proteome of the rat dentate gyrus.

Journal of Neurochemistry (2010) **113**: 848-859

IF 3,999

4460

MIKULA M., GAJ P., DZWONEK K., RUBEL T., KARZMARSKI J., PAZIEWSKA A., DZWONEK A., BRAGOSZEWSKI P., DADLEZ M., OSTROWSKI J.

Comprehensive analysis of the palindromic motif TCTCGCGAGA: a regulatory element of the *HNRNPK* promoter.

DNA Research (2010) **17**: 245-260

IF 4,917

4461

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 (2010) **32**: 209-220

IF 2,014

4462

BOROWSKI Ł.S., SZCZĘSNY R.J., BRZEZNIAK L.K., STĘPIEŃ P.P.

RNA turnover in human mitochondria: more questions than answers?

Biochimica et Biophysica Acta - Bioenergetics (2010) **1797(6-7)**: 1066-1070

IF 3,688

4463

POZDZIK M., ZAJĄC D., ZASADA I., CZARNOCKI Z., MATYSIAK Z., MAZZATENTA A., POKORSKI M.

Absence of bioactivity of lipid derivatives of serotonin.

European Journal of Medical Research (2010) **15 (Suppl.II)**: 128- 134

IF 1,130

4464

WIŚNIEWSKI Ł., DEPERASIŃSKA I., STASZEWSKA A., STEFANOWICZA P., BERSKI S., LIPKOWSKI P., SZEWCZUKA Z., SZEMIK-HOJNIAK A.

Photophysical properties of dipeptides containing substituted 3-(quinoxalin-6-yl) alanine. Spectroscopic studies and theoretical calculations.

Journal of Physical Chemistry A (2010) **114**: 9405-9412

IF 2,899

4465

WALERYCH D., GUTKOWSKA M., KLEJMAN M.P., WAWRZYNOW B., TRACZ Z., WIECH M., ŻYLICZ M., ŻYLICZ A.

ATP binding to Hsp90 is sufficient for effective chaperoning of p53 protein.

Journal of Biological Chemistry (2010) **285**(42): 32020-32028

IF 5,328

4466

GLINKOWSKA M., ŁOŚ J.M., SZAMBOWSKA A., CZYŻ A., CAŁKIEWICZ J., HERMAN-ANTOSIEWICZ A., WRÓBEL B., WĘGRZYN G., WĘGRZYN A., ŁOŚ M.

Influence of the *Escherichia coli oxyR* gene function on λ prophage maintenance.

Archives of Microbiology (2010) **192**: 673-683

IF 1,927

4467

ŁOŚ J.M., ŁOŚ M., WĘGRZYN A., WĘGRZYN G.

Hydrogen peroxide-mediated induction of the Shiga toxin-converting lambdoid prophage ST2-8624 in *Escherichia coli* 0157: H7.

FEMS Immunology & Medical Microbiology (2010) **58**: 322-329

IF 2,335

4468

PUKÁNCSEK M., BÉKÉSI A., KLEMENT É., HUNYADI-GULYÁS É., MEDZIHRADESKY K. F., KOSIŃSKI J., BUJNICKI J., ALFONSO C., RIVAS G., VÉRTESSY B.G.

Physiological truncation and domain organization of a novel uracil-DNA-degrading factor.

FEBS Journal (2010) **277**: 1245-1295

IF 3,042

4469

GAJDA M. J., TUSZYŃSKA I., KACZOR M., BAKULINA A.Yu., BUJNICKI J.

FILTREST3D: discrimination of structural models using restraints from experimental data.

Bioinformatics (2010) **26**(23): 2986-2987

IF 4,926

4470

SIKORA A., GRZESIUK E.

Reversion of *argE3* to Arg⁺ in *Escherichia coli* AB1157 - an informative bacterial system for mutation detection.

Acta Biochimica Polonica (2010) **57**(4): 479-485

IF 1,262

4471

NADRATOWSKA-WESOŁOWSKA B., SŁOMIŃSKA-WOJEWÓDZKA M., ŁYŻEŃ R., WĘGRZYN A., SZALEWSKA-PAŁASZ A., WĘGRZYN G.

Transcription regulation of the *Escherichia coli pcnB* gene coding for poly(A) polymerase I: roles of ppGpp, DksA and sigma factors.

Molecular Genetics and Genomics (2010) **284**: 289-305

IF 2,579

4472

HARTWIG A., SCHWERDTLE T., BAL W.

Biophysical analysis of the interaction of toxic metal ions and oxidants with the zinc finger domain of XPA. Chapter in: **Methods in Molecular Biology**. Ed. J.P. Mackay, D.J. Segal / Springer Science + Business

Media (2010) **649**: 399-410

ABSTRAKTY 2010

2825/A

KAMIŃSKA J., WIERZBICKI M., MUNIZ M., RIEZMAN H.

The suppression of *lcb1-100* phenotypes by Emp24-the p24 family member in yeast.

Protein & Lipid Function in Secretion and Endocytosis.

8th EMBO/ Annaberg Workshop, Goldegg am See, Austria, 12-17 January 2010

Book of Abstract BS / Poster 28

2826/A

POLKOWSKA-KOWALCZYK L., GOZDEK A., ZHUKOV I., STANKIEWICZ-DROGOŃ A.,

BOGUSZEWSKA-CHACHULSKA A.M., BRETNER M., POZNAŃSKI J.

Binding site of nucleoside base-like inhibitor of HCV helicase by chemical shift mapping.

NMR, a Tool for Biology IX, Paris, France, 25-27 January 2010

Abstract Book BS

2827/A

KACZKA P., POLKOWSKA-KOWALCZYK L., BOLEWSKA K., ZHUKOV I., WIERZCHOWSKI K.L., POZNAŃSKI J.

TFE-induced native-like fold of region 4 of initially unfolded σ^{70} subunit of *E. coli* RNA polymerase.

NMR, a Tool for Biology IX, Paris, France, 25-27 January 2010

Abstract Book BS

2828/A

KUCHARCZYK R., ROMANYUK D., KAMIŃSKA J., ŻOŁĄDEK T.

Involvement of Rsp5 ubiquitin ligase in autophagy in yeast.

Molecular Basis for Biological Membrane Organization and Dynamics, Keystone Symposia on Molecular and Cellular Biology, Snowbird, Utah, USA, 10-15 January 2010

Meeting Abstract Book p.96

2829/A

PODLASKA, A. HAŁAS A., DERKACZ J., McINTYRE J., SKONECZNA A., ŚLEDZIEWSKA-GÓJSKA E.

New mechanisms involved in translesion synthesis in yeast *S. cerevisiae*.

Evolving DNA Polymerases: Chemistry Meets Biology, Monte Verita, Switzerland, 9th-14th May 2010

Book Abstracts. Poster 34 / BS

2830/A

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

CRM1-dependent nuclear export signals OD human cohesin STAG2 expressed in yeast *Saccharomyces cerevisiae*.

XXXVIIIth Annual Conference on Yeasts, Smolenice, Slovakia, 11-14 May 2010

Program and Abstracts p.62

2831/A

CENA A., KURLANDZKA A.

The cohesin Irr1/Scs3 is likely to participate in the initiation of meiosis in *Saccharomyces cerevisiae*.

Chromosome Segregation and Aneuploidy. Royal College of Surgeons, Edinburgh, Great Britain, 19 - 23 June 2010

Abstracts p.90/46

2832/A

TARWACKA J., SZCZERBAKOWA A., WIELGAT B.

Cytological and molecular analysis of interspecific somatic hybrids between *S. tuberosum* and wild *Solanum* species.

Society for Experimental Biology Annual Main Meeting, Prague, 30 June – 3 July 2010

Programme and Abstract Book C6.34 p.272

2833/A

POLKOWSKA-KOWALCZYK L., WIELGAT B., MACIEJEWSKA U.,
Involvement of phospholipase A₂ in *Solanum* species response to elicitor from *Phytophthora infestans*.
Society for Experimental Biology Annual Main Meeting, Prague, 30th June - 3rd July 2010
Programme and Abstract Book C5.25

2834/A

KODROŃ A., TOŃSKA K., KIERDASZUK B. KWIECIŃSKI H., BARTNIK E.
De novo 13042G>A mutation in a patient suspected of mitochondrial disease.
16th European Bioenergetics Conference Organized by the Nencki Institute of Experimental Biology and
Section of Bioenergetics of the Polish Biochemical Society, Warsaw, Poland, 17-22 July 2010
Late Abstracts p.10/18

2835/A

TOŃSKA K., KODROŃ A., BARTNIK E.
Genotype-phenotype correlation in Leber hereditary optic neuropathy.
16th European Bioenergetics Conference Organized by the Nencki Institute of Experimental Biology and
Section of Bioenergetics of the Polish Biochemical Society, Warsaw, Poland, 17-22 July 2010
BBA Abstracts (2010) 1797 4L.1

2836/A

POLKOWSKA-NOWAKOWSKA A., GOZDEK A., ZHUKOV I., NAJDA-BERNATOWICZ A.,
BOGUSZEWSKA-CHACHULSKA A.M., POZNAŃSKI J.
New details of inhibition of HCV helicase by lead compounds derived from benzotriazole.
35th FEBS Congress Molecules of Life, Gothenburg, Sweden, 26 June-1 July 2010
FEBS Abstracts p.108

2837/A

MODZELAN M., KRASZEWSKA E.
Cloning and characterization of a novel Nudix hydrolase encoded by nudC gene from plant pathogen
Pseudomonas syringae pv. tomato str DC 3000.
35th FEBS Congress Molecules of Life, Gothenburg, Sweden, 26 June-1 July 2010
FEBS Abstracts p.111

2838/A

LIPKO A., KRASZEWSKA E.
Study of degradation processes of the AtNUDT7 Nudix regulatory protein from *Arabidopsis thaliana*.
35th FEBS Congress Molecules of Life, Gothenburg, Sweden, 26 June-1 July 2010
FEBS Abstracts p.171

2839/A

OLEJNIK K., BUCHOLC M., ANIELSKA-MAZUR A., KRASZEWSKA E.
The AtNUDT7 Nudix hydrolase from *Arabidopsis thaliana* interacts with two regulatory proteins RACK1A
and 14.3.3.
35th FEBS Congress Molecules of Life, Gothenburg, Sweden, 26 June-1 July 2010
FEBS Abstracts p.176

2840/A

JARMOSZEWICZ K., ŁUKASIAK K., KAMIŃSKA J.
Regulation of the COPI coat dependent trafficking by ubiquitination and phosphorylation in yeast *S. cerevisiae*.
35th FEBS Congress Molecules of Life, Gothenburg, Sweden, 26 June-1 July 2010
FEBS Abstracts p.215

2841/A

KACZKA P., POLKOWSKA-NOWAKOWSKA A., BOLEWSKA K., ZHUKOV I., WIERZCHOWSKI J.,
POZNAŃSKI J.
A native-like fold of region 4 of initially unfolded σ^{70} subunit of *E. coli* RNA polymerase induced by TFE.
35th FEBS Congress Molecules of Life, Gothenburg, Sweden, 26 June-1 July 2010
FEBS Abstracts p.255

2842/A

JAREMKO Ł., JAREMKO M., MUELLER J., EJCHART A., BAYER P., ZHUKOV I.

The structural insight into the cold-adaptation of *CIS/TRANS* isomerisation process in psychrophilic archaea: NMR studies on the pin protein from the archaeon *Canarchaeum symbiosum*.

XXIVth International Conference on Magnetic Resonance in Biological Systems, Cairns, Australian, 22-27 August 2010

Conference Abstracts 251

2843/A

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

The first catalytic half-domain of ubiquitin activating enzyme is not essential for its enzymatic activity-structural and biochemical studies.

XIVth International Conference on Magnetic Resonance in Biological Systems, Cairns, Australian, 22-27 August 2010

Conference Abstracts 252

2844/A

NOWAKOWSKI M., BUDZIŃSKA M., JAREMKO M., JAREMKO Ł., ZDANOWSKI K., BELCZYK A., ZHUKOV I., BIERZYŃSKI A., EJCHART A.

Structure and dynamics of human APO and HOLO S100A1 protein.

XIVth International Conference on Magnetic Resonance in Biological Systems, Cairns, Australian, 22-27 August 2010

Conference Abstracts 346

2845/A

LOZHKO D., JAREMKO Ł., JAREMKO M., ZHUKOV I., KORNELIYUK A.I.

3D structure of EMAP II protein in solution reveals high flexibility and exposure of N-terminal cytokine motif which is partially buried in crystal structure.

Joint EUROMAR and 17th ISMAR Conference, Florence, Italy, 4-9 July 2010

Book of Abstracts P274 / 273

2846/A

BUDZIŃSKA M., NOWAKOWSKI M., ZHUKOV I., BELCZYK A., JAREMKO Ł., JAREMKO M., ZDANOWSKI K., BIERZYŃSKI A., EJCHART A.

Structural changes in human S100A1 protein induced by Cys85Met mutation.

11th Meeting of the European Calcium Society, Warsaw, Poland, 6-9 September 2010

Abstracts p.30/ P4.6

2847/A

LENARČIČ M., ZARĘBA-KOZIOŁ M., ZHUKOVA L., WYSŁOUCH-CIESZYŃSKA A., ZHUKOV I.

Evidence of intracellular S-nitrosylation of S100A1 protein and its influence on three-dimensional structure of human *apo*-S100A protein.

11th Meeting of the European Calcium Society, Warsaw, Poland, 6-9 September 2010

Abstracts p.40 / P4.26

2848/A

NOWAKOWSKI M., BUDZIŃSKA M., JAREMKO M., JAREMKO Ł., ZDANOWSKI K., BELCZYK A., ZHUKOV I., BIERZYŃSKI A., EJCHART A.

Changes in structure and dynamics of human *apo*-S100 protein upon calcium binding.

11th Meeting of the European Calcium Society, Warsaw, Poland 6-9 September 2010

Abstracts p.43 / P4.32

2849/A

JÓŹWIAK A., ŚWIEŻEWSKA E., SKORUPIŃSKA-TUDEK K.

Abiotic stress affects accumulation of polyisoprenoid alcohols and expression of *cis*-Prenyltransferases in *Arabidopsis* roots.

19th International Symposium on Plant Lipids, Cairns, Australia, 11-16 July 2010

Abstracts P 60 / p.48

2850/A

WITEK A., WOJTAS M., RUDZIŃSKA-LANGWALD A., ANIELSKA-MAZUR A., SURMACZ L., ŚWIEŻEWSKA E.

Rab-dependent vesicular traffic in *Arabidopsis thaliana* - role of the Rab escort protein.

51st International Conference of the Bioscience of Lipids (ICBL), Bilbao, Spain, 7-11 September 2010

Chemistry and Physics of Lipids (2010) 163S: S66-S68 Abstracts PO 133

2851/A

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

Structure and dynamics of human APO S100 protein.

VIth Symposium on: Nuclear Magnetic Resonance in Chemistry, Physics and Biological Sciences, Warsaw, Poland 22-24 September 2010

Programme and Book of Abstracts C-9

2852/A

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

Is modification of CYS85 in S100A1 protein responsible for the helix elongation in C-terminal EF-hand motif?

VIth Symposium on: Nuclear Magnetic Resonance in Chemistry, Physics and Biological Sciences, Warsaw, Poland, 22-24 September 2010

Programme and Book of Abstracts P-6

2853/A

JAREMKO Ł., JAREMKO M., CEVEC M., EJCHART A., PLAVEC J.

Structural studies and dynamics of *let-7* miRNA:*lin-41* mRNA complexes.

VIth Symposium on: Nuclear Magnetic Resonance in Chemistry, Physics and Biological Sciences, Warsaw, Poland, 22-24 September 2010

Programme and Book of Abstracts P-17

2854/A

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

Dynamics of cyclodextrins as determined from 13-C nuclear magnetic relaxation.

VIth Symposium on: Nuclear Magnetic Resonance in Chemistry, Physics and Biological Sciences, Warsaw, Poland, 22-24 September 2010

Programme and Book of Abstracts P-41

2855/A

JAREMKO M., JAREMKO Ł., LISOWSKI M., MAZUR A., MAKOWSKI M.

Effect of the Δ Phe residue configuration on a dipeptide conformation: A combined CD and NMR study.

VIth Symposium on: Nuclear Magnetic Resonance in Chemistry, Physics and Biological Sciences, Warsaw, Poland, 22-24 September 2010

Programme and Book of Abstracts P-18

2856/A

GAWARECKA K., CIEPICHAL-GŁODOWSKA E., KACZOROWSKA E., KANIA M., DANIKIEWICZ W., ŚWIEŻEWSKA E.

Studies on the role of prenyl lipids in formation of DNA adducts.

Abstracts of the 45th Meeting of the Polish Biochemical Society, Wisła, Poland, 20-23 September 2010

Acta Biochimica Polonica (2010) vol.57 Supplement 4 / Abstracts p.164 P10.4

2857/A

LANGIE S.A.S., TOMASZEWSKI B., KOWALCZYK P., GODSCHALK R.W.L., van SCHOOTEN F.J., TUDEK B., ZABIELSKI R., MATHERS J.C.

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

XLV Annual Meeting of the Polish Biochemical Society, Wisła, Poland 20-23 September 2010

Acta Biochimica Polonica (2010) vol. 57 Supplement 4 / Abstracts p.166 P10.8

2858/A

PROROK P., SAPARBAEV M.K., TUDEK B.

3, *N*⁴-ethenocytosine is removed from DNA by human apurinic/apyrimidinic site endonuclease (APE1).

XLV Annual Meeting of the Polish Biochemical Society, Wisła, Poland, 20-23 September 2010

Acta Biochimica Polonica (2010) vol.57 Supplement 4 / Abstracts p.175 P10.26

2859/A

TUDEK B., WINCZURA A., MASŁOWSKA K., NAŁĘCZ M., DUDZIŃSKA D.

Modulation of base excision repair by oxidative stress.

Annual Meetings Society for Free Radical Research (SFRR Europe) "Free Radicals and the Environment" and The European Environmental Mutagen Society (EEMS) "Environmental Mutagenesis in the North"

Oslo, Norway, 12-15 and 15-18, Oslo, Norway, September 2010

Programme & Abstracts p.55 / S043

2860/A

RUSZEL K.P., KOWALCZYK P., SOKOŁOWSKA B., MACIEJEWSKA A.M., LANGIE S.A.S., KUŚMIEREK J.T.

AlkB alleviates cytotoxic and mutagenic effect of methylmethane sulfonate (MMS) in M13 phage.

Annual Meetings Society for Free Radical Research (SFRR Europe) "Free Radicals and the Environment",

Oslo, Norway, 12-15 September 2010 and The European Environmental Mutagen Society (EEMS)

"Environmental Mutagenesis in the North" 15-18 September 2010

Programme & Abstracts p.152 / P002

2861/A

MACIEJEWSKA A.M., POLKOWSKA-NOWAKOWSKA A., POZNAŃSKI J., KUŚMIEREK J.T.

Studies on molecular mechanism of AlkB dioxygenase repair activity.

Annual Meetings Society for Free Radical Research (SFRR Europe) "Free Radicals and the Environment",

Oslo, Norway, 12-15 September 2010 and The European Environmental Mutagen Society (EEMS)

"Environmental Mutagenesis in the North" 15-18 September 2010

Programme & Abstracts p.152 / P003

2862/A

KOWALCZYK P., LANGIE S.A.S., TOMASZEWSKI B., GODSCHALK R.W.L., TUDEK B., van SCHOOTEN F.J., ZABIELSKI R., MATHERS J.C.

The effect of early life nutrition on DNA repair and DNA methylation in brain from newborn piglets.

Annual Meetings Society for Free Radical Research (SFRR Europe) "Free Radicals and the Environment",

Oslo, Norway, 12-15 September 2010 and The European Environmental Mutagen Society (EEMS)

"Environmental Mutagenesis in the North" 15-18 September 2010

Programme & Abstracts p.164 / P020

2863/A

RUSZEL K.P., KOWALCZYK P., SOKOŁOWSKA B., MACIEJEWSKA A.M., KUŚMIEREK J.T.

The cytotoxic and mutagenic effect of methylmethane sulfonate in M13 phage replicated in *Escherichia coli* wild and *alkB* strains.

XLV Annual Meeting of the Polish Biochemical Society, Wisła, Poland, 20-23 September 2010

Acta Biochimica Polonica (2010) vol.57 Supplement 4 / Abstracts p.128 P7.24

2864/A

BYSTRANOWSKA D., SITKIEWICZ E.

Detection of dityrosine cross-link in juvenile hormone binding protein.

XLV Annual Meeting of the Polish Biochemical Society, Wisła, Poland, 20-23 September 2010

Acta Biochimica Polonica (2010) vol.57 Supplement 4 / Abstracts p.182 / P.11.1

2865/A

JUCHIMIUK M., ORŁOWSKI J., ERNST J., GAWARECKA K., ŚWIEŻEWSKA E., PALAMARCZYK G.

Dolichol-dependent glycosylation; a prerequisite of *Candida albicans* morphogenesis.

XLV Annual Meeting of the Polish Biochemical Society, Wisła, Poland, 20-23 September 2010

Acta Biochimica Polonica (2010) vol.57 Supplement 4 / Abstracts p.178 / L.11.2

2866/A

WALERYCH D., OLSZEWSKI M.B., GUTKOWSKA M., HELWAK A., ŻYLICZ M., WAWRZYNOW-ŻYLICZ A.

Who guards a guardian of the genome? p53 as the molecular chaperone substrate.

XLV Annual Meeting of the Polish Biochemical Society, Wisła, Poland, 20-23 September 2010

Acta Biochimica Polonica (2010) vol.57 Supplement 4 / Abstracts PL BS

2867/A

MIELECKI D., GOCH G., DĘBSKI J., OŁĘDZKI J., WÓJCIK J., GRZESIUK E.

The trefoil factor2 (TFF2) protein - a hard man with a chink in its armour.

XLV Annual Meeting of the Polish Biochemical Society, Wisła, Poland, 20-23 September 2010

Acta Biochimica Polonica (2010) vol.57 Supplement 4 / Abstracts p.156 / P9.7

2868/A

MIELECKI M., SZURGOT I., MILNER-KRAWCZYK M., DVORNYK A., RADECKA H., RADECKI J., GRZELAK K.

On the way to electrochemical biosensor based analysis of kinase-inhibitor interactions.

XLV Annual Meeting of the Polish Biochemical Society, Wisła, Poland, 20-23 September 2010

Acta Biochimica Polonica (2010) vol.57 Supplement 4 / Abstracts p.65 / P4.19

2869/A

JANKIEWICZ U., WITKOWSKA M., ŁOBOCKA M.B., BIELAWSKI W.

Structural proteins of bacteriophage A5W.

XLV Annual Meeting of the Polish Biochemical Society, Wisła, Poland, 20-23 September 2010

Acta Biochimica Polonica (2010) vol.57 Supplement 4 / Abstracts p.13 / P1.12

2870/A

HENNIG J.

Interakcja patogen roślina - wpływ na ekspresję pojedynczych genów i genomów.

Polski Kongres Genetyki, Lublin, 12-15 września 2010

Abstrakty / Komunikaty ustne p.204 / W.69

2871/A

HENNIG J.

Badania odporności na infekcje PVY z wykorzystaniem roślin ziemniaka jako modelu.

XV Sympozjum Sekcji Wirusologicznej Polskiego Towarzystwa Fitopatologicznego oraz XXXVII

Konferencja Grupy Roboczej Wirusów Roślin Komitetu Ochrony Roślin PAN, Poznań, 9-10 września 2010

Materiały Konferencyjne s.7-8

2872/A

WITEK K., BAEBLER S., PETEK M., SZAJKO K., WORONIECKA K., STRZELCZYK-ŻYTA D.,

POMPE-NOVAK M., GRUDEN K., MARCZEWSKI W., HENNIG J.

Global transcriptomic approach to study the role of the salicylic acid in response of potato to PVY infection.

14th Triennial Meeting of the Virology Section of the European Association for Potato Research (EAPR),

Hamar, Norway, 4-9 July 2010

Focus Bioforsk (2010) 5(5) p.45

2873/A

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

Salicylic acid plays a critical role in *Potato virus Y* spreading in potato plants carrying *Ny-1* gene.

14th Triennial Meeting of the Virology Section of the European Association for Potato Research (EAPR),

Hamar, Norway, 4-9 July 2010

Focus Bioforsk (2010) 5(5) p.59

2874/A

KRWAWICZ J., ŻURAWSKA A., NIEMINUSZCZY J., GRZESIUK E.

Bacterial AlkA glycosylase and AlkB dioxygenase prevent methylation-induced mutagenesis of $\Delta O(AM)8$ phage.

Annual Meetings Society for Free Radical Research (SFRR Europe) "Free Radicals and the Environment"

and The European Environmental Mutagen Society (EEMS) "Environmental Mutagenesis in the North"
Oslo, Norway, 12-15 and 15-18, September 2010

Programme & Abstracts p.157 / P010

2875/A

ARCZEWSKA K., BAUMAIER C., SENGUPTA T., JOHANSEN R.F., BJORAS M., ROGNES T.,
KUŚMIEREK J.T., NILSEN H.

Caenorhabditis elegans NDX-4 is a mutt-type activity enzyme that is required for genomic stability.

Annual Meetings Society for Free Radical Research (SFRR Europe) "Free Radicals and the Environment"
and The European Environmental Mutagen Society (EEMS) "Environmental Mutagenesis in the North"
Oslo, Norway, 12-15 and 15-18, September 2010

Programme & Abstracts p.158 / P011

2876/A

MACIEJEWSKA A.M., NIEMINUSZCZY J., BORN van den E., KROWISZ B., WRONA J., GRZESIUK
E., FALNES P., KUŚMIEREK J.T.

New substrates for AlkB dioxygenase from *Escherichia coli* and other bacteria.

Annual Meetings Society for Free Radical Research (SFRR Europe) "Free Radicals and the Environment"
and The European Environmental Mutagen Society (EEMS) "Environmental Mutagenesis in the North"
Oslo, Norway, 12-15 and 15-18, September 2010

Programme & Abstracts p.159 / P013

2877/A

MIELECKI D., ZUGAJ D., GRZESIUK E.

The subcellular localization of bacterial homologues of AlkB protein in *Arabidopsis thaliana*.

Annual Meetings Society for Free Radical Research (SFRR Europe) "Free Radicals and the Environment"
and The European Environmental Mutagen Society (EEMS) "Environmental Mutagenesis in the North"
Oslo, Norway, 12-15 and 15-18, September 2010

Programme & Abstracts p.286 / P167

2878/A

KRWAWICZ J., TOMCZYK S., GRZESIUK E.

Study on CPG island methylation of AlkBH1-3 genes promoters in healthy human tissues and tumour cell
lines.

Annual Meetings Society for Free Radical Research (SFRR Europe) "Free Radicals and the Environment"
and The European Environmental Mutagen Society (EEMS) "Environmental Mutagenesis in the North"
Oslo, Norway, 12-15 and 15-18, September 2010

Programme & Abstracts p.306 / P194

2879/A

REDKIEWICZ P.A., WIĘSYK A., SIRKO A., GÓRA-SOCHACKA A.

Production of adjuvant - biologically active human IL-2 for oral vaccine in transgenic tobacco plants.

Approaches to modify its proteases stability in the alimentary canal.

The Third International Conference on Modern Vaccines / Adjuvants Formulation Impact on Future
Development, Cannes, France, 13-15 October, 2010

Abstracts Book BS / Poster 103

2880/A

BELCZYK A., KOPERA E., BAL W.

Ni(II)-dependent peptide bond hydrolysis, a novel, inexpensive and highly specific method of affinity tag
removal.

International Conference on Cellular & Molecular Bioengineering, Singapore, 2-4 August 2010

Book of Abstracts C1043 p.144

2881/A

BAL W.

Ni(II)-dependent peptide bond hydrolysis: sequence specificity and reaction mechanism.

International Conference on Cellular & Molecular Bioengineering, Singapore, 2-4 August 2010

Book of Abstracts C1049 p.81

2882/A

KOSAKOWSKI J., KOZIŃSKA A., EMPEL J., HRYNIEWICZ W., ŁOBOCKA M.B.
Plasmids of clinical *Staphylococcus Aureus* isolates from Poland.
International Plasmid Biology Conference, Bariloche, Argentina, 6-12 November 2010
Book of Abstracts p.53

2883/A

DOBRUK-SERKOWSKA A., POŁAWSKA K., KOŁACZ M., ŁOBOCKA M.B.
Involvement of the *Escherichia coli* IHF protein in varying the relative expression levels of P1 plasmid partition genes.
International Plasmid Biology Conference, Bariloche, Argentina, 6-12 November 2010
Book of Abstracts p.22

2884/A

MAIZGA A.A., HAMY F., LOUVEL S., KLIMKAIT T., PIETRUSIEWICZ Z., KULIKOWSKI T.
Synthesis, in vitro anti-HIV-1 activity of thiated derivatives of 2',3'-dideoxy-3'-fluorothymidine, and interaction with recombinant drug resistant HIV-1 reverse transcriptase forms.
Antivirals Congress, Amsterdam, The Netherlands, 7-9 November 2010
Programme Book P1.22

2885/A

WIŃSKA P., MAIZGA A.A., KULIKOWSKI T.
Partial selective inhibition of HIV-1 reverse transcriptase by thiated 3'-fluorothymidine analogues.
Symposium on Nucleic Acid Chemistry, Structure and Interactions, Slovenian NMR Centre, Nova Gorica, Slovenia, 29-31 May 2010
Program and Book of Abstracts p.73

2886/A

POLKOWSKA-NOWAKOWSKA A., NOWAKOWSKI M., MAIZGA A.A., ZIEMKOWSKI P., REMPOŁA B., LIPNIACKI A., PIASEK A., POZNAŃSKI J., KULIKOWSKI T.
In cell ¹⁹F NMR studies of drug transport and metabolism.
Symposium on Nucleic Acid Chemistry, Structure and Interactions, Slovenian NMR Centre, Nova Gorica, Slovenia, 29-31 May 2010
Program and Book of Abstracts p.64

2887/A

GODLEWSKA M., KRASUSKA W., GÓRA M.
Effect of prosequence removal on the human thyroid peroxidase structure and function.
XLV Annual Meeting of the Polish Biochemical Society, Wisła, Poland, 20-23 September 2010
Acta Biochimica Polonia (2010) Suppl. 4 p.197 P14.8

2888/A

SZOŁAJSKA E.
Adenovirus dodecahedron. Production and its potential biomedical applications.
MSS2010 - 4th Monolith Summer School & Symposium. Applications in Biochromatography, Bioconversion and Solid Phase Synthesis. Portorož, Slovenia 29 May - 2 June 2010
Book of Abstracts / L11 p.26

2889/A

LESZCZYŃSKA A., BURZYŃSKA B., WYSOCKA-KAPCIŃSKA M., KILISZEK M., PŁOCHOCKA D., KAMIŃSKA J., RYTKA J., SZKOPIŃSKA A.
Statins change cellular lipid metabolism: yeast as a model organism for investigating the effects of statin treatment.
2nd International Conference on Drug Discovery & Therapy, Dubai, United Arab Emirates, 1-4 February 2010
Abstracts PO 178 / p.228

2890/A

TOŃSKA K., KALISZEWSKA M., KIERDASZUK B. JAMROZIK Z., KAMIŃSKA A., KWIECIŃSKI H., BARTNIK E.

Delecje mitochondrialnego DNA - trudności diagnostyczne i interpretacyjne.

III Polski Kongres Genetyki, Lublin, 12-15 września 2010

Abstrakty W.28 p.26

2891/A

GAWEL M., KIERDASZUK B. ZAJĄCZKOWSKA J., KALISZEWSKA M., TOŃSKA K., JAMROZIK Z., BARTNIK E., KWIECIŃSKI H.

Analiza mitochondrialnego DNA w przypadku encefalomiopatii o mało charakterystycznym przebiegu.

III Polski Kongres Genetyki, Lublin, 12-15 września 2010

Abstrakty P.36 p.46

2892/A

KUCHARCZYK R., GIRAUD M.-F., BRETHES D., SALIN B., VELOURS J., HARAUX F., WYSOCKA-KAPCIŃSKA M., DI RAGO J.-P.

Modeling in yeast the pathogenic T8851C mutation of human mtDNA reveals an ATP synthase with aberrant catalytic properties, defective mitochondrial shaping.

16th European Bioenergetics Conference Warsaw, 17-22 July 2010

EBEC Abstract Book BBA Suppl 1797 (2010) 4P.7 p.51

2893/A

MUSZYŃSKA G., ŁESKA M., SZYMONA L., LEWANDOWSKA-GNATOWSKA E., SZCZEGIELNIAK J. Structure and function of maize CK2 catalytic subunits.

6th International Conference on Protein Kinase CK2. A Symposium of the International Union of Biochemistry and Molecular Biology, Cologne, Germany, 7-10 September 2010

Abstracts p.78

2894/A

SZYMONA L., SZURMAK B., LEWANDOWSKA-GNATOWSKA E., MUSZYŃSKA G., SZCZEGIELNIAK J. Maize calcium dependent protein kinase (ZmCPK11), a positive regulator of wound signaling?

Symposium on Plant Protein Phosphorylation, Columbia, Missouri, USA, 26-28 May 2010

Abstracts Poster 5

2895/A

KRZYWIŃSKA E., BUCHOLC M., CIESIELSKI A., KULIK A., ANIELSKA-MAZUR A., DOBROWOLSKA G. Cellular partners and putative regulators of ABA-independent snRK2s.

Symposium on Plant Protein Phosphorylation, Columbia, Missouri, USA, 26-28 May 2010

Program and Abstracts Poster 13 p.47

2896/A

KULIK A., ANIELSKA-MAZUR A., KOEN E., McLOUGHLIN F., BUCHOLC M., KRZYWIŃSKA E., TESTERINK C., WENDEHENNE D., DOBROWOLSKA G.

Nitric oxide and hydrogen peroxide contribute to snf1-related protein kinases type 2 response to cadmium ions.

3rd Plant NO Club international Meeting, Olomouc, Czech Republic, 15-16 July 2010

Abstracts P.26 p.58

2897/A

KULIK A., ANIELSKA-MAZUR A., KOEN E., ŻMIENKO A., McLOUGHLIN F., BUCHOLC M., KRZYWIŃSKA E., TESTERINK C., WENDEHENNE D., DOBROWOLSKA G.

SNF1-related protein kinases type 2 are involved in plant response to cadmium stress.

6th SPPS PHD Student Conference, Espoo, Finland, 2-5 September 2010

Physiologia Plantarum Abstracts P12

2898/A

BUCHOLC M., CIESIELSKI A., GOCH G., ANIELSKA-MAZUR A., KULIK A., KRZYWIŃSKA E., DOBROWOLSKA G.

Plant specific calcium sensor scs negatively regulates activity of SNRK2 protein kinases.

21st International Conference on Arabidopsis Research, Yokohama, Japan, 6-10 June 2010

Abstracts 03076

2899/A

SZYMONA L., SZURMAK B., LEWANDOWSKA-GNATOWSKA E., MUSZYŃSKA G., SZCZEGIELNIAK J.
Regulation of expression and activity of ZMCPK11 by wounding, touch and components of JA-dependent signal transduction pathway.

21th International Conference on Arabidopsis Research, Yokohama, Japan, 6-10 June 2010

Abstracts 03077 p.96

2900/A

BONNA A., JANICKA-KŁOS A., VALENSIN D., RÓZGA M., PROTAS A.M., VALENSIN G., BAL W.
Influence of intramolecular cation - π interaction on stability constant of Ni(II) - peptide complex.

XI International Symposium on Inorganic Biochemistry, Kudowa Zdrój, Poland, 4-8 September 2010

Book of Abstracts P5

2901/A

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

Influence of intramolecular cation - π interaction on stability constant of Cu(II) - peptide complex.

10th European Biological Inorganic Chemistry Conference, Thessaloniki, Greece, 22-26 June 2010

Program BS

2902/A

JANICKA-KŁOS A., BONNA A., PRAHL A., VALENSIN D., VALENSIN G.

An NMR study of the interaction between the alloferon peptides and the paramagnetic copper ions.

10th European Biological Inorganic Chemistry Conference, Thessaloniki, Greece, 22-26 June 2010

Program BS

2903/A

MUSZEWSKA A., GRYNBERG M.

LTR retrotransposons in fungi.

Eurofung Meeting, Egmond aan Zee, The Netherlands, 18-19 November 2010

Abstracts BS/ p 11

2904/A

TUDEK B.

Base excision repair in cancer and its modulation by oxidative stress.

9th International ISSX Meeting, Istanbul, Turkey, 4-8 September 2010

Program & Abstracts S42

2905/A

BRETNER M., MAKOWSKA M., KUŚ A., BILIŃSKA A.

Design and synthesis of CK2 inhibitors.

6th International Conference on Protein Kinase CK2. A Symposium of the International Union Biochemistry and Molecular Biology, Cologne, Germany, 7-10 September 2010

Abstracts p.24

2906/A

DMOWSKI M., JAGURA-BURDZY G.

Mapping of interactions between partition proteins Delta and Omega of plasmid pSM19035 from *Streptococcus pyogenes*.

International Plasmid Biology Conference, Bariloche, Argentina, 6-12 November 2010

Abstract BS

2907/A

TOMCZYK S., KOWA K., PIWOWARSKI J., GRZESIUK E., KRZAWICZ J.

Comparative research on CpG island methylation of ALKBH1-3 genes promoters in healthy human tissues and tumor cell lines versus ALKBH1-3 proteins level in tumor cell lines and tumor tissues.

XIV th Gliwice Scientific Meetings, Gliwice, Poland, 26-27 November 2010

Abstracts 63 BS

2908/A

KUCHTA K., BARSZCZ D., GRZESIUŁ E., KRWAŁICZ J.

DNA traffic a database of DNA replication, DNA damage and repair pathways with connection to human diseases and drug treatment.

XIVth Gliwice Scientific Meetings, Gliwice, Poland, 26-27 November 2010

Abstracts 33 BS

2909/A

WINCZURA A., SPEINA E., OBTUŁOWICZ T., SWOBODA M., JANIK A., JANOWSKA B., CIEŚLA J. M., KOWALCZYK P., JAWIEN A., GACKOWSKI D., BANASZKIEWICZ Z., KRASNODEBSKI I., CHABER A., OLIŃSKI R., NAIR J., BARTSCH H., DOUKI T., CADET J., TUDEK B.

Aberrant repair of etheno-DNA adducts in leucocytes and colon tissue of colon cancer patients.

XIVth Gliwice Scientific Meetings, Gliwice, Poland, 26-27 November 2010

Abstracts 65 BS

2910/A

SPEINA E., SWOBODA M., JANIK J., JANOWSKA B., CIEŚLA J. M., GACKOWSKI D., KOWALEWSKI J., OLIŃSKI R., TUDEK B.

8-oxoguanine incision activity is impaired in lung tissues of NSCLC patients with the polymorphism of OGG1 and XRCC1 genes.

XIVth Gliwice Scientific Meetings, Gliwice, Poland, 26-27 November 2010

Abstracts 58 BS

2911/A

KANIA M., SKORUPIŃSKA-TUDEK K., WOJTAS M., ŚWIEŻEWSKA E., DANIKIEWICZ W.

Atmospheric pressure photoionization mass spectrometry as the valuable method for identification of polyisoprenoid alcohols in natural samples.

Eukaryotic Lipids. Treasure of Regulatory Information.

FEBS/IUMB Workshop Spetses, Greece, 19-24 June 2010

Poster abstracts 27

2912/A

SOKOŁOWSKA B., JÓŻWIK A.

Pattern recognition approach for analysis of metabolic response to intermittent hypoxia.

XV International Conference Medical Informatics & Technologies, Zakopane, Poland, 21-23 October 2010

Programme 1

2913/A

ZIENTARA K., ŁUKOMSKA J., PIECHO M., MONIUSZKO G., LISZEWSKA F., SIRKO A.

Sulfur deficit affects components involved in protein degradation in tobacco.

8th International Workshop Sulfur Metabolism in Higher Plants, Creswick, Australia, 22-27 November 2010

Abstracts p.27

2914/A

WAWRZYŃSKA A.K., SIRKO A.

Tobacco family of eil transcription factors and its role in plant adjustment to sulfur deficiency stress.

8th International Workshop Sulfur Metabolism in Higher Plants, Creswick, Australia, 22-27 November 2010

Abstract p.28

2915/A

MONIUSZKO G., WAWRZYŃSKA A.K., LEWANDOWSKA M., LASKA-OBERNDORFF A., CRISTESCU S.M., HARENN F.J.M., SIRKO A.

Ethylene involvement in plant response to sulfur deficit.

8th International Workshop Sulfur Metabolism in Higher Plants, Creswick, Australia, 22-27 November 2010

Abstract p.38

2916/A

SPEISER A., KURZYK A., WAWRZYŃSKA A.K., WIRTZ M., SIRKO A., HELL R.

The role of cyclophilin in activation of chloroplast serine acetyltransferase under oxidative stress.

8th International Workshop Sulfur Metabolism in Higher Plants, Creswick, Australia, 22-27 November 2010

Abstract p.73

2917/A

WAWRZYŃSKA A.K., KURZYK A., PŁOCHOCKA D., WIECZOREK G., SPEISER A., WIRTZ M., HELL R., SIRKO A.

Selective deregulation of cysteine synthesis through synthetic polypeptides disturbing SAT-OAS-TL interactions.

8th International Workshop Sulfur Metabolism in Higher Plants, Creswick, Australia, 22-27 November 2010

Abstract p.77

2918/A

REKOSZ-BURLAGA H., GORYLUK-SALMONOWICZ A., ŁOBOCKA M.B.

Biodiversity of endophytic and epiphytic bacteria from the *Bacillus* genus isolated from selected plants.

XI Conference on Molecular Biology in Diagnostics of Infectious Diseases and Biotechnology in honour of Professor Waław Szybalski. SGGW, Warsaw, Poland, 27 November 2010

Abstracts p.114

2919/A

GOLEC P., DĄBROWSKI K., GOZDEK A., HEJNOWICZ M.S., ŁOŚ J.M., WĘGRZYN G., ŁOBOCKA M.B., ŁOŚ M.

A reliable method for storage of tailed phages.

The First International Congress on Viruses of Microbes, Institut Pasteur, Paris, France, 21-25 June 2010

Abstract Book P154

2920/A

RAWA K., ADAMOWICZ-SALACH A., MATYSIAK M., TRZEMECKA A., BURZYŃSKA B.

Analysis of the UGT1A1(TA)₇ promoter polymorphism in polish patients with different types of hereditary haemolytic anemia.

XXXIII World Congress of the International Society of Hematology, Jerusalem, Israel, 10-13 October 2010

Abstract BS

2921/A

KUROWSKA E., BONNA A., JAREMKO Ł., JAREMKO M., NOWAKOWSKI M., EJCHART A., BAL W.

Histatin - 5 a salivary target for allergenic nickel(II).

XII International Congress of Toxicology, Barcelona, Spain, 19-23 July 2010

Toxicology Letters Abstracts 196S (2010) S37-S351/ P307-038

2922/A

BAL W., KUROWSKA E., BONNA A., STASZEWSKA A.

SP-1 transcription factor as a target for nickel toxicity.

XII International Congress of Toxicology, Barcelona, Spain, 19-23 July 2010

Toxicology Letters Abstracts 196S (2010) S37-S351/ P307-039

2923/A

MACIEJEWSKA A.M., NIEMINUSZCZY J., GRZESIUK E., KUŚMIEREK J.T.

Zastosowanie techniki HPLC w badaniach aktywności dioksygenazy AlkB z *Escherichia coli*.

V Konferencja: Analityczne Zastosowania Chromatografii Cieczowej, Warszawa, 14-15 października 2010

Abstrakt BS

2924/A

BISCHOFF N., OLSEN B., RAAF J., BRETNER M., ISSINGER O.G., NIEFIND K.

CK2 α and CK2 α : what makes the difference?

6th International Conference on Protein Kinase CK2. A Symposium of the International Union of Biochemistry and Molecular Biology, Cologne, Germany, 7-10 September 2010

Abstracts p.18

2925/A

BISCHOFF N., BRETNER M., ISSINGER O.G., NIEFIND K.

Inhibitor binding to the ATP-binding pockets of human CK2 α and CK2 α , - a structural comparison.

6th International Conference on Protein Kinase CK2. A Symposium of the International Union of Biochemistry and Molecular Biology, Cologne, Germany, 7-10 September 2010

Abstracts p.20

2926/A

ŁOBOCKA M.B.

Genetyka bakteriofagów gronkowcowych - perspektywy dla fagoterapii.

III Polski Kongres Genetyki, UMCS, Lublin, 12-15 września 2010

Abstrakt W.79 p.229

2927/A

KARKUSIEWICZ I.A., TUROWSKI T., GRACZYK D., HOPPER A.K., CHERNYAKOV I., PHIZICKY E.M., BOGUTA M.

Control of tRNA transcription, processing and stability are linked due to the general regulator, MafI.

7th International Biennial Conference on RNA Polymerase I & III - The Odd Pols'10 Meeting - Warrenton, Virginia, USA, 3-7 June 2010

Abstracts p.14

2928/A

GAJDA A.E., STEUERWALD U., MÜLLER C.W., LEFEBVRE O., BOGUTA M.

Interaction between two structured domain of MafI is necessary for fully repressed tRNA synthesis.

7th International Biennial Conference on RNA Polymerase I & III - The Odd Pols'10 Meeting - Warrenton, Virginia, USA, 3-7 June 2010

Abstracts p.50

2929/A

GRACZYK D., LEFEBVRE O., BOGUTA M.

Casein kinase (CK2) is involved in MafI-dependent RNA polymerase III regulation.

7th International Biennial Conference on RNA Polymerase I & III - The Odd Pols'10 Meeting - Warrenton, Virginia, USA, 3-7 June 2010

Abstracts p.51

2930/A

CHROBOCZEK J.

Adenovirus dodecahedron, universal delivery vector.

The 1st World Congress of Virus and Infections, 1st Annual Inaugurate Symposium of Hepatitis Virus and 3rd Annual World Summit of Antivirals Track 1-12: Nanotechnology and Delivery Technologies for Antivirals, Busan, Korea, 31 July - 3 August 2010

Abstract BS

2931/A

GAGALA U., DĘBSKI J., JANKIEWICZ U., DADLEZ M., ŁOBOCKA M.B.

The structural proteome of bacteriophage P1.

The First International Congress on Viruses of Microbes, Institut Pasteur, Paris, France, 21-25 June 2010

Abstracts P40

2932/A

WIEK I., REMPOŁA B., CHEŁSTOWSKA A.

The universal solvent DMSO (dimethyl sulfoxide) is a potent inhibitor of some chromatin remodeling mutants in yeast *Saccharomyces cerevisiae*.

Yeast Genetics and Molecular Biology Meeting, Vancouver, Canada, 27 July - 1 August 2010

Abstracts / Poster 337B p.157

2933/A

KUCHARCZYK R., ROMANYUK D., KAMIŃSKA J., ŻOŁĄDEK T.

Involvement of Rsp5 ubiquitin ligase in selective and nonselective autophagy.

Yeast Genetics and Molecular Biology Meeting, Vancouver, Canada, 27 July - 1 August 2010

Program and Abstracts/ Poster 134D p.103

2934/A

LUDWICZAK Ż., CHOŁBIŃSKI P., GOURLAY C., ŻOŁĄDEK T.

Study of phosphorylation of Rsp5 ubiquitin ligase by protein kinase.

Yeast Genetics and Molecular Biology Meeting, Vancouver, Canada, 27 July - 1 August 2010

Program and Abstracts / Poster 425E p.181

2935/A

BOGUTA M., KARKUSIEWICZ I.A., GRACZYK D., TUROWSKI T., HOPPER A.K., CHEMYAKOV I., PHIZICKY E.M.

Maf1, repressor of RNA polymerase III, is involved in the control of tRNA transcription, processing and decay.

Gene Transcription in Yeast, San Feliu de Guixols, Spain, 19-24 June 2010

Abstract Book p.39

2936/A

FIJAŁKOWSKA I.J., KRASZEWSKA J., GARBACZ M., JASZCZUR M.

Dpb2p, a noncatalytic subunit of DNA polymerase epsilon, contributes to the fidelity of DNA replication in *Saccharomyces cerevisiae*.

Maintenance of Genome Stability, Antigua, Caribbean, 8-11 March 2010

Program & Abstract Book

P 39/p.108

2937/A

JONCZYK P., RUDZKA J., GRABOWSKA E.

The role of Dpb2p, a subunit of *S. cerevisiae* DNA polymerase epsilon in cell cycle control.

Maintenance of Genome Stability, Antigua, Caribbean, 8-11 March 2010

Program & Abstract Book P 63/ p.133

2938/A

MAKIEŁA-DZBEŃSKA K., JASZCZUR M., JONCZYK P., SCHAAPER R.M., FIJAŁKOWSKA I.J.

Role of *Escherichia coli* DNA polymerase I in chromosomal replication fidelity.

Evolving DNA Polymerases: Chemistry Meets Biology, Monte Verità, Switzerland, 9th-14th May 2010

Book Abstracts Poster 19/p.72

2939/A

FIJAŁKOWSKA I.J.

Nowe elementy replisomu kontrolujące wierność replikacji DNA

III Polski Kongres Genetyki, UMCS, Lublin, 12-15 września 2010

Abstrakt W.83 p.242

2940/A

WĘGRZYN G., JAKÓBKIEWICZ-BANECKA J., GABIG-CIMIŃSKA M., KŁOSKA A., NARAJCZYK M., DZIEDZIC D., MOSKOT M., PIOTROWSKA E., MALINOWSKA M., GOŁĘBIEWSKA I., WĘGRZYN A.

Impairment of glycosaminoglycan synthesis as a therapeutical method in mucopolysaccharide disorders: molecular mechanisms and efficiencies of procedures.

11th International Congress of Mucopolysaccharide, Adelaide, South Australia, 23-26 June 2010

Program and Abstracts BS

2941/A

NEJMAN B., NADRATOWSKA-WESOŁOWSKA B., SZALEWSKA-PALAŚ A., WĘGRZYN A., WĘGRZYN G.

Replication of plasmids derived from Shiga toxin-converting bacteriophages in starved *Escherichia coli*.

International Plasmid Biology Conference, Bariloche, Argentina, 6-12 November 2010

Abstract BS

2942/A

WĘGRZYN G., JAKÓBKIEWICZ-BANECKA J., GABIG-CIMIŃSKA M., MALINOWSKA M., MOSKOT M., WILKINSON F.L., WYNN R.F., WRAITH J.E., BIGGER B.W.

Genistein influences expression of genes coding for enzymes involved in glycosaminoglycan metabolism and corrects behavior in a mouse model of mucopolysaccharidosis type IIIB.

Society for the Study of Inborn Errors of Metabolism, Istanbul, Turkey, 31 August - 3 September 2010

Final Program p.42

2943/A

ALEGRIA A., KOWALCZYK M., MAYO B., BARDOWSKI J.K.

Biodiversity of traditional Polish cheese Oscypek determined by culture-dependent and culture-independent approaches.

22nd International ICFMH Symposium Food Micro 2010, Copenhagen 30 August - 3 September 2010

Final Programme et Abstract Book/ PEA 1.46 p.92

2944/A

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

The biollog plates technique as a tool in studies of *Lactococcus Lactis* mutants.

2nd Florence Conference on Phenotype MicroArray Analysis of Microorganisms, Firenze, Italy, 13-15 September 2010

Programme and Abstracts p.43

2945/A

BELCZYK A., KOPERA E., BAL W.

Ni(II)-dependent peptide bond hydrolysis. A novel, inexpensive and highly specific method of affinity tag removal.

6th Conference on Molecular Mechanisms of Metal Toxicity and Carcinogenesis, Lexington, Kentucky 40507, 14-17 November 2010

Abstract BS

2946/A

KUROWSKA E., BAL W.

Novel targets for nickel toxicity.

6th Conference on Molecular Mechanisms of Metal Toxicity and Carcinogenesis, Lexington, Kentucky 40507, 14-17 November 2010

Abstract BS

2947/A

TOMCZYK-ŻAK K., ZIELENKIEWICZ U., KACZANOWSKI S.

Seasonal stability of microbial population of the rock biofilm ancient gold and arsenic mine.

Biofilms IV Communities Bridging Disciplines 4th International Conference, Winchester, UK, 1-3 September 2010

Conference Handbook/ No 71 p.54

2948/A

PŁAZIŃSKA M.T., KOBYLECKA M., TOCZYŁOWSKA B., JANKOWSKA M., WOJDA M., MĄCZEWSKA J., FRONCZEWSKA-WIENIAWSKA K., KUNIKOWSKA J., KRÓLICKI L.

Profil metaboliczny płynu stawowego w ocenie spektroskopii 1H NMR u chorych z chorobą zwyrodnieniową stawów (OA) i reumatoidalnym zapaleniem stawów (RZS) - ocena przed planowaną radiosynowięktomią.

XII Zjazd Polskiego Towarzystwa Medycyny Nuklearnej, Wrocław, Poland, 8-11 września 2010

Problemy Medycyny Nuklearnej (2010) 24(47) s.34 P26

2949/A

PŁAZIŃSKA M.T., KOBYLECKA M., TOCZYŁOWSKA B., JANKOWSKA M., WOJDA M., MĄCZEWSKA J., FRONCZEWSKA-WIENIAWSKA K., KUNIKOWSKA J., KRÓLICKI L.

Metabolic profile of synovial fluid assessed by 1H NMR spectroscopy in patients with osteoarthritis (OA) and rheumatoid arthritis (RA) reported for 3-phase bone scintigraphy and radiation synovectomy.

Annual Congress of the European Association of Nuclear Medicine, Vienna, Austria, 9-13 October 2010

European Journal of Nuclear Medicine and Molecular Imaging (2010) vol.37 Supplement 2 / Abstracts OP187 p.S231

2950/A

KOTLINSKI M., DADLEZ M., JERZMANOWSKI A.J.

Posttranslational modifications of histone H1 in tobacco (*Nicotiana Thabacum* L.)

XVIII Congress of the Federation of European Societies of Plant Biology (FESPB), Valencia, Spain, 4-9 July 2010

Book of Abstracts / P12-001 p.162

2951/A

BUSZEWICZ D., PALUSIŃSKI A., PRYMAKOWSKA-BOSAK M., JERZMANOWSKI A.J.

The application of peptide pull-down technique for identification of Arabidopsis histone H3-interacting proteins.

XVIII Congress of the Federation of European Societies of Plant Biology (FESPB), Valencia, Spain, 4-9 July 2010

Book of Abstracts / P12-002 p.162

2952/A

SZAMBOWSKA A., PIERECHOD M., WĘGRZYN G., GLINKOWSKA M.

Evidence for direct interactions between *Escherichia coli* RNA polymerase and lambda O protein, a replication initiator.

International Plasmid Biology Conference, Bariloche, Argentina, 6-12 November 2010

Abstract BS

ROZPRAWY HABILITACYJNE 2010

566/N

BURZYŃSKA BEATA

Badania genetycznych uwarunkowań wrodzonych niedokrwistości hemolitycznych.

(The genetic analysis of hereditary haemolytic anaemia.)

Dr. hab. Thesis

Presented June 29, 2010

Research done at the Department of Genetics IBB PAS.

567/N

ŻMIJEWSKI MICHAŁ ALEKSANDER

Rola czynnika uwalniającego kortykotropinę i jego receptora poza układem nerwowym.

(The role of corticotropin - releasing factor and its receptor beyond nervous system.)

Dr. hab. Thesis

Presented March 23, 2010

Research done at the Intercollegiate Faculty of Biotechnology University of Gdańsk - Medical University of Gdańsk and IBB PAS.

568/N

SUJAK AGNIESZKA

Kantaksantyna - silny modyfikator właściwości strukturalnych i dynamicznych błon lipidowych.

(Canthaxanthin - the strong modifier of the structural and dynamics properties of the lipid membranes.)

Dr. hab. Thesis

Presented January 26, 2010

Research done at the University of Life Sciences in Lublin and IBB PAS.

569/N

KRASZEWSKA ELŻBIETA

Roślinne homologu bakteryjnych białek metabolizmu DNA.

(Plant homologues of bacterial proteins involved in DNA metabolism.)

Dr. hab. Thesis

Presented October 19, 2010

Research done at the Department of Plant Biochemistry IBB PAS.

570/N

PAWŁOWSKI PIOTR HENRYK

Mechanokinetyczny model błony komórkowej.

(Mechanokinetic model of cell membrane.)

Dr. hab. Thesis

Presented December 14, 2010

Research done at the Department of Bioinformatics IBB PAS.

PRACE DOKTORSKIE 2010

571/N

ZIEMKOWSKI PRZEMYSŁAW

Synteza i właściwości biologiczne 5'-trytylowanych analogów nukleozydów pirymidynowych, potencjalnych środków przeciwko *Plasmodium falciparum*.

(Synthesis and properties of 5'-tritylated pyrimidine nucleoside analogues, potential drugs against *Plasmodium falciparum*.)

Presented June 15, 2010

Research done at the Laboratory of Antimetabolites IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Tadeusz Kulikowski

[pol]

572/N

NASKALSKA ANTONINA

Zastosowanie wektora białkowego, dodekahedronu adenowirusa jako platformy dla szczepionki przeciw grypie.

(Use of a protein vector, the adenoviral dodecahedron as a delivery platform for influenza vaccine.)

Presented February 23, 2010

Research done at the Department of Protein Biosynthesis IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisor: dr hab. Jadwiga Chroboczek

[pol]

573/N

CENA AGATA

Pleiotropowe efekty semidominującej mutacji *irr1-1* w genie kodującym Irr1p/Scc3p - element kompleksu kohezyjnego chromatyd siostarskich *Saccharomyces cerevisiae*.

(Pleiotropic effects of the semidominant mutation *irr1-1* in the gene encoding Irr1p/Scc3p - the element of the sister chromatid cohesion complex in *Saccharomyces cerevisiae*.)

Presented March 9, 2010

Research done at the Department of Genetics IBB PAS

Ph.D. Thesis Supervisor: dr hab. Anna Kurlandzka

[pol]

574/N

OBARSKA-KOSIŃSKA AGNIESZKA

Modelowanie struktur wielodomenowych systemów restrykcji-modyfikacji typu I, III i IIC z użyciem danych doświadczalnych.

(Structural modeling of multi-domain Type I, III, and IIC restriction-modification systems in combination with experimental data.)

Presented January 2, 2010

Research done at the Laboratory of Bioinformatics and Protein Engineering, IIMCB

Ph.D. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Janusz M. Bujnicki

[pol]

575/N

PAWLAK SEBASTIAN D.

Funkcjonalna analiza i inżynieria nowej specyficzności substratowej endonukleazy restrykcyjnej Bsp6I.

(Functional analysis and engineering of novel specificity of Bsp6I restriction endonuclease.)

Presented April 20, 2010

Research done at the Laboratory of Bioinformatics and Protein Engineering, IIMCB.

Ph.D. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Janusz M. Bujnicki

[pol]

576/N

RUDZKA JUSTYNA

Rola białka Dpb2p, niekatalitycznej podjednostki kompleksu Pol ϵ , w kontroli cyklu komórkowego w drożdżach *Saccharomyces cerevisiae*.

(The involvement of DPb2p protein, a non-catalytic subunit of the Pol ϵ holoenzyme, in the cell cycle control in *Saccharomyces cerevisiae*.)

Presented April 20, 2010

Research done at the Laboratory of Mutagenesis and DNA Repair IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Piotr Jonczyk

[ang]

577/N

CIEPICHAŁ-GŁODOWSKA EWA

Wpływ alkoholi poliizoprenoidowych na właściwości błon lipidowych i charakterystyka produktów utleniania poliizoprenoidów.

(Effecto of polyisoprenoid alcohols on lipid membrane properties and the characterization of polyisoprenoid oxidation products.)

Presented June 15, 2010

Research done at the Department of Lipid Biochemistry IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Ewa Kula-Świeżewska

[ang]

578/N

PIEKARSKA IGA

Ccz1, białko zaangażowane w transport wakuolarny, jest niezbędne w procesie sporulacji u drożdży *Saccharomyces cerevisiae*.

(The vacular sorting protein Ccz1 is essential for sporulation of the yeast *Saccharomyces cerevisiae*.)

Presented May 25, 2010

Research done at the Department of Genetics IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Joanna Rytka

[ang]

579/N

ULATOWSKA MAGDALENA IZABELA

Analiza strukturalna i funkcjonalna poliwalentnego bakteriofaga gronkowcowego A5W.

(Structural and functional analysis of a polyvalent Staphylococcal bacteriophage A5W.)

Presented June 1, 2010

Research done at the Department of Microbial Biochemistry IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisor: dr hab. Małgorzata Łobocka

[pol]

580/N

KACZKA PIOTR

Domena 4 podjednostki σ^{70} z polimerazy RNA *Escherichia coli* w wodnym roztworze trifluoroetanolu - struktura przestrzenna i jej dynamika.

(Domain 4 of σ^{70} subunit of *Escherichia coli* RNA polymerase in trifluoroethanol aqueous solution - three dimensional structure and its dynamics.)

Presented May 25, 2010

Research done at the Department of Biophysics IBB PAS. This work was partially supported by the International Centre for Genetic Engineering and Biotechnology by grant no. CRP/POL08-03

Ph.D. Thesis Supervisor: dr hab. Jarosław Poznański

[ang]

581/N

KOLIŃSKI MICHAŁ

Modelowanie struktur receptorów GPCR i mechanizmów ich aktywacji na przykładzie receptorów opioidowych.

(Modeling of structures of GPCRs and mechanisms of their activation in case of opioid receptors.)

Presented February 2, 2010

Research done at the Laboratory of Biomodelling IIMCB.

Ph.D. Thesis Supervisor: dr hab. Sławomir Filipek

[pol]

582/N

WITEK KAMIL

Analiza odpowiedzi *Solanum tuberosum* na infekcję wirusem ziemniaka Y.

(Analysis of *Solanum tuberosum* response to *Potato virus Y* infection.)

Presented June 14, 2010

Research done at the Laboratory of Plant Pathogenesis IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Jacek Hennig

[ang]

583/N

GÓRECKI ROMAN K.

Charakterystyka plazmidowej puli genów szczepu *Lactococcus lactis* IL594 i jej udziału w ochronie komórki przed czynnikami szkodliwymi.

(Plasmidic gene pool in *Lactococcus lactis* IL594 and its role in host protection.)

Presented June 22, 2010

Research done at the Department of Microbial Biochemistry IBB PAS

Ph.D. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Jacek Bardowski

[pol]

584/N

KORYSZEWSKA-BAGIŃSKA ANNA

Plazmidowa pula genów szczepu *Lactococcus lactis* IL594 i charakterystyka funkcjonalna genów *umuC* i *parAB*.

(Plasmidic gene pool in *Lactococcus lactis* IL594 and functional characterization of *umuC* and *parAB* genes.)

Presented June 22, 2010

Research done at the Department of Microbial Biochemistry IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Jacek Bardowski

[ang]

585/N

SZYMAŃSKA ZUZANNA

Modelowanie matematyczne odpowiedzi komórki na szok termiczny i udziału białek szoku termicznego w rozwoju nowotworów.

(Mathematical modelling of the heat shock response and the involvement of heat shock proteins in cancer development.)

Presented September 28, 2010

Research performed at the Interdisciplinary Centre for Mathematic and Computational Modelling, University of Warsaw.

Ph.D. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Maciej Żylicz, prof. Willi Jaeger

[ang]

586/N

KUSIAK MAGDALENA BARBARA

Molekularna i funkcjonalna analiza genu *parB* z *Pseudomonas aeruginosa*.

(Molecular and structural analysis of *parB* gene of *Pseudomonas aeruginosa*.)

Presented October 5, 2010

Research done at the Department of Microbial Biochemistry IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Grażyna Jagura-Burdzy

[pol]

587/N

PURTA ELŻBIETA

Identyfikacja i charakterystyka nowych enzymów modyfikujących RNA.

(New enzymes involved in RNA modification-identification and characterization.)

Presented October 5, 2010

Research performed at the Laboratory of Bioinformatics and Protein Engineering, IIMCB.

Ph.D. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Janusz M. Bujnicki, prof. dr hab. Andrzej Jerzmanowski.

[pol]

588/N

POLKOWSKA-NOWAKOWSKA AGNIESZKA

Zastosowanie spektroskopii NMR w badaniach potencjalnych leków.

(Application of NMR spectroscopy to the studies of potential drug.)

Presented October 26, 2010

Research done at the Department of Biophysics IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisor: dr hab. Jarosław Poznański

[pol]

589/N

GRACZYK DAMIAN

Rola kinazy CK2 w Maf1-zależnej regulacji polimerazy III RNA.

(Role of CK2 kinase in Maf1-dependent RNA polymerase III regulation.)

Presented October 26, 2010

Research done at the Department of Genetics IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Magdalena Boguta

[ang]

590/N

JACEWICZ AGATA

Rola konserwowanych i niekonserwowanych reszt aminokwasowych domeny spodu dłoni w zachowaniu wierniej replikacji polimerazy DNA faga RB69.

(The role of conserved and non-conserved palm subdomain aminoacids in RB69 DNA polymerase fidelity.)

Presented October 21, 2010

Research done at the Department of Molecular Biology IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisor: dr hab. Anna Bębenek

[pol]

591/N

TRZEMECKA ANNA

Udział reszt aminokwasowych rejonu pętli β domeny egzonukleazy oraz konserwowanych aminokwasów S565 i Y567 centrum aktywnego polimerazy w kształtowaniu wierności replikacji polimerazy DNA faga RB69.

(The impact of exonuclease domain β hairpin loop residues and two active site conserved residues S565 and Y567 on the overall fidelity of phage RB69 DNA polymerase.)

Presented October 21, 2010

Research done at the Department of Molecular Biology IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisor: dr hab. Anna Bębenek

[pol]

592/N

KORZA HENRYK J.

Badania strukturalne i biochemiczne LD-karboksypeptydazy.

(Structural and biochemical studies of LD-carboxypeptidase.)

Presented November 23, 2010

Research done at the International Institute of Molecular and Cell Biology, Max Planck Institute of Molecular Cell Biology and Genetics and IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Matthias Bochtler

[ang]

593/N

GOSPODARSKA EMILIA

Określenie regionu sekwencji peptydu A β specyficznie oddziałującego z receptorem RAGE.

(Identification of the region A β peptide sequence specifically interacting with the RAGE receptor.)

Presented November 30, 2010

Research done at the Department of Biophysics IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Michał Dadlez

[pol]

594/N

BAJOR MAŁGORZATA

S-nitrozylacja jako modyfikacja potranslacyjna białek S100A1 i S100B.

(S-nitrosylation as a posttranslational modification of S100A1 and S100B proteins.)

Presented November 30, 2010

Research done at the Department of Biophysics IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Michał Dadlez

[pol]

595/N

MUSZEWSKA ANNA

Identyfikacja i analiza in silico transpozycjonów w genomach grzybów.

(Computational identification and analysis of transposable elements *in fungi*.)

Presented December 9, 2010

Research done at the Department of Genetics IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Andrzej Paszewski

[ang]

596/N

MAKIEŁA-DZBEŃSKA KAROLINA

Rola polimerazy I DNA w kształtowaniu wierności replikacji chromosomu *Escherichia coli*.

(Role of *Escherichia coli* DNA polymerase I in chromosomal DNA replication fidelity.)

Presented December 7, 2010

Research done at the Laboratory of Mutagenesis and DNA Repair IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Iwona J. Fijałkowska

[pol]

597/N

GAJDA ANNA EWA

Regulacja transkrypcji z udziałem polimerazy III RNA w komórkach *Saccharomyces cerevisiae*: Rola ewolucyjnie konserwowanych domen Maf1, represora polimerazy III RNA.

(Regulation of a gene transcription by RNA Polymerase III in *Saccharomyces cerevisiae*. The role of evolutionarily conserved domains of the Maf1 protein, RNA Polymerase III repressor.)

Presented December 9, 2010

Research performed at the Department of Genetics IBB PAS and CEA/Saclay, Université Paris-Sud 11.

Ph.D. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Magdalena Boguta

[ang]

598/N

KNIŻEWSKI ŁUKASZ

Zastosowanie meta-profilu do wykrywania dalekiej homologii.

(Application of sequence based meta-profiles to distant homology detection.)

Presented December 21, 2010

Research performed at the University of Warsaw (ICM) and IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Piotr Zielenkiewicz

[ang]

599/N

ŁUKOMSKA JOLANTA

Wpływ ekspresji wybranych cDNA z *Thlaspi caerulescens* na akumulację metali ciężkich w tytoniu.

(Impact of expression of the selected cDNAs from *Thlaspi caerulescens* on accumulation of heavy metals in tobacco.)

Presented December 21, 2010

Research done at the Department of Plant Biochemistry IBB PAS.

Ph. D. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Agnieszka Sirko

[pol]

PRACE MAGISTERSKIE 2010

600/N

KOWALEC PAWEŁ

Ekspresja ludzkich kohezyn SA1 i SA2 w *Saccharomyces cerevisiae* i wstępna charakterystyka sygnału lokalizacji jądrowej w SA1.

(Expression of human cohesins SA1 and SA2 in *Saccharomyces cerevisiae* and preliminary characterization of nuclear localization signal in SA1.)

Presented June 8, 2010

Research done at the Department of Genetics IBB PAS and Faculty of Biology of the University of Warsaw.
M.Sc. Thesis Supervisor: dr hab. Jan Fronk, dr hab. Anna Kurlandzka

601/N

PLACHTA MICHAŁ

Analiza interakcji genetycznej EMP24 i GLO3 w drożdżach *Saccharomyces cerevisiae*.

(Analysis of EMP24 and GLO3 genetic interaction in yeast *Saccharomyces cerevisiae*.)

Presented July 26, 2010

Research done at the Department of Genetics IBB PAS and SGGW.

M.Sc. Thesis Supervisor: dr Joanna Kamińska

602/N

SUMIŃSKA MARTYNA

Likwidacja hodowli bakterii fermentacyjnych przez *Williopsis saturnus*.

(Killer activity of *Williopsis saturnus* on the selected consortium of hydrogen producing fermentative bacteria.)

Presented July 28, 2010

Research done at the Department of Molecular Biology IBB PAS and SGGW.

M.Sc. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Mieczysław Błaszczyk, dr Anna Sikora

603/N

NOWAK KINGA

Warunki fizykochemiczne w hodowli ciągłej bakterii produkujących wodór.

(Physical and chemical conditions in a continuous culture of hydrogen producing bacteria.)

Presented July 28, 2010

Research done at the Department of Molecular Biology IBB PAS and SGGW.

M.Sc. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Mieczysław Błaszczyk, dr Anna Sikora

604/N

WIERZBICKI MATEUSZ KRZYSZTOF

Supresja wrażliwości na niskie pH mutantu *lcb1-100* z defektywną palmitoilotransferazą serynową.

(Suppression of low pH sensitivity of the *lcb1-100* mutant with defective serine palmitoyltransferase.)

Presented July 27, 2010

Research done at the Department of Genetics IBB PAS and SGGW.

M.Sc. Thesis Supervisor: dr Joanna Kamińska

605/N

FIGURSKA KATARZYNA

Nadprodukcja białek TFF2 w drożdżach *Pichia pastoris* i ich analiza biochemiczna.

(Overproduction of TFF2 proteins in *Pichia pastoris* expression system and their biochemical analysis.)

Presented July 28, 2010

Research done at the Department of Molecular Biology IBB PAS and SGGW.

M.Sc. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Elżbieta Grzesiuk

606/N

WRONA JOANNA

Udział bakteryjnych homologów dioksygenazy AlkB w naprawie egzocyklicznych uszkodzeń zasad DNA.

(The role of bacterial homologues of AlkB dioxygenase in repair of exocyclic adducts to DNA bases.)

Presented July 5, 2010

Research done at the Maria Curie-Skłodowska University in Lublin and IBB PAS.

M.Sc. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Jarosław Kuśmierek, dr Agnieszka Maciejewska

607/N

KROWISZ BEATA

Udział bakteryjnych dioksygenaz z rodziny AlkB w naprawie egzocyklicznych uszkodzeń DNA.

(The role of bacterial AlkB dioxygenases in repair of exocyclic DNA adducts.)

Presented September 30, 2010

Research done at the SGGW and IBB PAS.

M.Sc. Thesis Supervisor: dr Agnieszka Maciejewska

608/N

MARSZAŁEK DOROTA

Identyfikacja bakterii z rodzaju *Lactococcus* i *Leuconostoc* oraz bakteriofagów w ziarnach kefirowych.

(Identification of bacteria from genus *Lactococcus* and *Leuconostoc* and bacteriophages in kefir grains.)

Presented October 19, 2010

Research done at the Faculty of Chemistry Warsaw University of Technology and IBB PAS.

M.Sc. Thesis Supervisor: dr Magdalena Kowalczyk, prof. dr hab. Danuta Czajkowska

609/N

GRYŁAK ALEKSANDRA MAŁGORZATA

Klonowanie fagowych kaset rekombinacyjnych oraz wstępna ocena ich wpływu na rekombinację homologiczną u *Bacillus subtilis*.

(Cloning of phage recombination cassettes and preliminary functional analysis of their influence on homological recombination in *Bacillus subtilis*.)

Presented October 27, 2010

Research done at the Faculty of Biology UW and IBB PAS.

M.Sc. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Elżbieta K. Jaguszyn-Krynicka, dr Agnieszka K. Szczepankowska

610/N

LI XIUJUAN

Klonowanie wybranych genów litycznych bakteriofagi P7 oraz właściwości lityczne ich produktów.

(Cloning of selected P7 lytic genes, and lytic properties of their products.)

Presented October 4, 2010

Research done at the Faculty of Agriculture and Biology SGGW and IBB PAS.

M.Sc. Thesis Supervisor: dr hab. Małgorzata Łobocka

611/N

GLINKA MICHAŁ

Charakterystyka soku trzustkowego ras prosiąt: Duroc, Pietrain i L990, pod względem aktywności antybakteryjnej i zawartości białek niskocząsteczkowych.

(Porcine breeds Duroc, Pietrain and L990, pancreatic juice characteristics due to its antibacterial activity level and concentration of proteins.)

Presented November 30, 2010

Research done at the Department of Molecular Biology IBB PAS and SGGW.

M.Sc. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Elżbieta Grzesiuk

612/N

LIPKO AGATA

Badania mechanizmów degradacji regulatorowego białka Nudix AtNUDT7 z *Arabidopsis thaliana*.

(Study of degradation processes of the AtNUDT7 Nudix regulatory protein from *Arabidopsis thaliana*.)

Presented January 27, 2010

Research done at the Interfaculty Department of Biotechnology SGGW and IBB PAS.

M.Sc. Thesis Supervisor: dr Elżbieta Kraszewska

613/N

MODZELAN MARTA

Klonowanie genów i charakterystyka białek Nudix z patogenów roślinnych.

(Cloning and characterization of chosen Nudix proteins from plant pathogens.)
Presented February 19, 2010
Research done at the Faculty of Agriculture and Biology SGGW and IBB PAS.
M.Sc. Thesis Supervisor: dr Elżbieta Kraszewska

614/N

KRYŚKIEWICZ KATARZYNA ANNA

Ocena występowania plazmidów w szczepach bakteryjnych wyizolowanych z naturalnego biofilmu naskalnego z kopalni w Złotym Stoku.

(The evaluation of occurrence of plasmids in bacterial strains isolated from natural rock biofilm from the Złoty Stok Gold Mine.)

Presented November 26, 2010

Research done at the Department of Microbial Biochemistry IBB PAS and SGGW.

M.Sc. Thesis Supervisor: dr Urszula Zielenkiewicz

615/N

FORETEK DOMINIKA

Zastosowanie techniki mikromacierzy do określenia wpływu represora *MafI* na transkrypcję z udziałem RNA polimerazy II.

(Genome-wide effect of *MafI* on RNA polymerase II transcription studied by microarray.)

Presented November 26, 2010

Research done at the Department of Genetics IBB PAS and Warsaw University of Technology.

M.Sc. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Magdalena Rakowska-Boguta, dr Joanna Towpik

616/N

TARNOWSKI KRZYSZTOF JACEK

Badania strukturalne receptora RAGE z wykorzystaniem tandemowej spektrometrii mas oraz nowej metody fragmentacji ETD (Electron Transfer Dissociation).

(Structural studies of RAGE using tandem mass spectrometry and new method of fragmentation ETD (Electron Transfer Dissociation).)

Presented July 8, 2010

Research done at the Warsaw University of Technology and IBB PAS.

M.Sc. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Magdalena Rakowska-Boguta, prof. dr hab. Michał Dadlez

MISCELLANEA 2010

175/M

GRYNKIEWICZ G., HENNIG J.

Związki naturalne w farmacji i medycynie. Kwas salicylowy i fenolokwasy.

Standardy Medyczne / Pediatria (2010) **7**: 10-16

176/M

CENA A., KURLANDZKA A.

Kompleks kohezyjny chromatyd siostrzanych u *Eukaryota*.

Postępy Biochemii (2010) **56(1)**: 41-53

177/M

KAMIŃSKA J., HOFFMAN-SOMMER M., PŁACHTA M.

Białka z rodziny p24 - regulatory transportu pęcherzykowego.

Postępy Biochemii (2010) **56(1)**: 75-82

178/M

ŻOCHOWSKA M.

Zastosowania U-Tube™ oraz D-Tube™ w zagęszczaniu białek.

Postępy Biochemii (2010) **56(1)**: 95-97

179/M

SHUGAR D.

Preface. Inhibitors of protein kinases.

Biochimica et Biophysica Acta – Proteins and Proteomics (2010) **1804**: 427-428

180/M

PASZEWSKI A.

Łamanie zasad przyzwoitości a łamanie prawa (rozważania w kontekście nauki).

Nauka (2010) **2**: 19-27

181/M

BUCHOWICZ J.

GMO, głód i biznes.

Nauka (2010) **2**: 77-82

182/M

HEINISH J.J., PALAMARCZYK G.

Introduction to the special issue of *Yeast* on fungal cell wall.

Biology of fungal cell walls-from single proteins to regulatory networks.

Yeast (2010) **27**: 461-463

183/M

MICHALSKA-PARDA A., PANAGIOTOPOULOU H.

CSI w ekologii, czyli jak śledzić, przewidywać i wpływać na losy gatunków.

Biologia w Szkole. Czasopismo dla Nauczycieli (2010) **232(3)**: 5-18

184/M

GROMADKA R.

Wykorzystanie sekwencjonowania nowej generacji do poznania genomu ziemniaka.

Biotechnologia (2010) **4(91)**: 69-75

185/M

NOWAK J.K.

Sekwencjonowanie największego chromosomu *Paramecium tetraurelia* - przykład opracowania metody.

Biotechnologia (2010) **4(91)**: 76-90

186/M

PASZEWSKI A.

Ludzie nauki w polityce.

Nauka (2010) **3**: 100-105

187/A

SOKOŁOWSKA B., JÓŻWIK A.

Pattern recognition approach for analysis of metabolic response to intermittent hypoxia.

Journal of Medical Informatics & Technologies (2010) **15**: 177-183

188/M

SZCZĘSNY R.J.

Badanie funkcji ludzkiej helikazy hSuv3p.

Streszczenie pracy doktorskiej.

Postępy Biochemii (2010) **56(4)**: 353-355

PUBLIKACJE NIE UWZGLĘDNIONE W SPRAWOZDANIU Z 2009 ROKU

4382/3

WALERYCH D., OLSZEWSKI M.B., GUTKOWSKA M., HELWAK A., ŻYLICZ M., ŻYLICZ A.

Hsp70 molecular chaperones are required to support p53 tumor suppressor activity under stress conditions.

Oncogene (2009) **28**: 4284-4294

IF 7,216

4382/4

DĄBROWSKA M., SKONECZNY M., MOSIENIAK G., SIKORA E., RODE W.

Expression of cell cycle checkpoints regulatory genes during methotrexate-induced senescence in human adenocarcinoma cells.

Pteridines (2009) **20**: 143-147

IF 0,379

Informacje o działalności IBB PAN za 2010 rok

opracowane zgodnie z zasadami określonymi decyzją Prezesa PAN

Informacje o działalności placówki PAN w 2010 r.

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
		tytuł	imię 1	imię 2	nazwisko
	Przewodniczący Rady Naukowej	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 roku sprawozdawczym) (w	w tym:						
	monografie	podręczniki	publikacje 1	publikacje 2	prace popularno- naukowe	doniesienia zjazdowe i konferencyjne	inne publikacje
231	0	4	88	11	1	127	0

II.1.1. Wykaz publikacji recenzowanych w czasopiśmie:

liczba ogółem	czasopismo/wydawca monografii	tytuł	autor	rok, tom, strona	punkcja
a) z listy filadelfijskiej	FEMS Yeast Research	The isoprenoid pathway and transcriptional response to its inhibitors in the yeast <i>Saccharomyces cerevisiae</i> .	KURANDA K.K., FRANCOIS J., PALAMARCZYK G.	(2010) 10: 14-27	32
85	Theoretical Chemistry Accounts	Why similar protein sequences encode similar three-dimensional structures?	KACZANOWSKI S., ZIELENKIEWICZ P.	(2010) 125: 643-650	27
	Mutation Research - Fundamental and Molecular Mechanisms of Mutagenesis	Chloroacetaldehyde-induced mutagenesis in <i>Escherichia coli</i> : The role of AlkB protein in repair of 3,N ⁴ -ethenocytosine and 3,N ⁴ -α-hydroxyethanocytosine.	MACIEJEWSKA A.M., RUSZEL K.P., NIEMINUSZCZY J., LEWICKA J.B., SOKOŁOWSKA B., GRZESIUK E., KUSMIEK J.T.	(2010) 684: 24-34	32
	Mutation Research - Genetic Toxicology and Environmental Mutagenesis	The effect of oxidative stress on nucleotide-excision repair in colon tissue of newborn piglets.	LANGIE S.A.S., KOWALCZYK P., TUDEK B., ZABIELSKI R., DZIAMAN T., OLINSKI R., van SCHOOTEN F.J., GODSCHALK R.W.L.	(2010) 695: 75-80	32
	European Journal of Pharmacology	MS275 enhances cytotoxicity induced by 5-fluorouracil in the colorectal cancer cells.	FLIS S., GNYSZKA A., FLIS K., SPLAWINSKI J.	(2010) 627: 26-32	27
	Nucleic Acids Research	Human mitochondrial RNA turnover caught in flagranti: involvement of hSuv3p helicase in RNA surveillance.	SZCZESNY R.J., BOROWSKI L.S., BRZEZNIAK L.K., DMOCHOWSKA A., GEWARTOWSKI K., BARTNIK E., STEPIEN P.P.	(2010) 38(1): 279-298	32
	Oncology Reports	Mitochondrial NADH-dehydrogenase polymorphisms as sporadic breast cancer risk factor.	CZARNECKA A.M., KLEMB A., KRAWCZYK T., ZDROŹNY M., ARNOLD R.S., BARTNIK E., PETROS J.A.	(2010) 23: 531-535	20
	Journal of Experimental Botany	<i>Nicotiana tabacum</i> EIL2 directly regulates expression of at least one tobacco gene induced by sulphur starvation.	WAWRZYŃSKA A.K., LEWANDOWSKA M., SIRKO A.	(2010) 61(3): 889-900	32
	Journal of Physical Chemistry B	Carbon-13 NMR relaxation study of the internal dynamics in cyclodextrins in isotropic solution.	BERNATOWICZ P., RUSZCZYŃSKA BARTNIK K., ECHART A., DODZIUK H., KACZOROWSKA E., UEDA H.	(2010) 114: 59-65	32
	Chemical Research in Toxicology	The Cu(II)/α-human serum albumin model of control mechanism for copper-related amyloid neurotoxicity.	RÓZGA M., BAL W.	(2010) 23: 298-308	32
	Chemical Research in Toxicology	A direct determination of the dissociation constant for the Cu(II) complex of amyloid β 1-40 peptide.	RÓZGA M., KLONIECKI M., DADLEZ M., BAL W.	(2010) 23: 336-340	32
	Journal of Biological Chemistry	Phosphorylation of maize eukaryotic translation initiation factor 5A (eIF5A) by casein kinase 2.	LEBSKA M., CIESIELSKI A., SZYMONA L., GODECKA L., LEWANDOWSKA-GNATOWSKA E., SZCZEGIELNIAK J., MUSZYŃSKA G.	(2010) 285(9): 6217-6226	32
	Mutagenesis	Lethal and mutagenic properties of MMS-generated DNA lesions in <i>Escherichia coli</i> cells deficient in BER and AlkB-directed DNA repair.	SIKORA A., MIELECKI D., CHOJACKA A., NIEMINUSZCZY J., WRZESIŃSKI M., GRZESIUK E.	(2010) 25(2): 139-147	32
	Biochimica et Biophysica Acta - Proteins & Proteomics	Analysis of proton exchange kinetics with time-dependent exchange rate.	RUTKOWSKA-WŁODARCZYK L., KIERDASZUK B., WŁODARCZYK J.	(2010) 1804(4): 891-898	27
	Proteins: Structure, Function and Bioinformatics	Backbone dynamics of TFE-induced native-like fold of region 4 of <i>Escherichia coli</i> RNA polymerase σ ⁷⁰ subunit.	KACZKA P., POLKOWSKA-NOWAKOWSKA A., BOLEWSKA K., ZHUKOV I., POZNAŃSKI J., WIERZCHOWSKI K.L.	(2010) 78(3): 754-768	32
	Journal of Organic Chemistry	Double selective synthetic approach to the N-functionalized 1,4,7-triazacyclononane derivatives: chelating compounds for controllable protein orientation.	SOBIEŚCIAK T.D., ZIELENKIEWICZ P.	(2010) 75(6): 2069-2072	32
	Journal of the American Chemical Society	Sequence-specific Ni(II)-dependent peptide bond hydrolysis for protein engineering. Combinatorial library determination of optimal sequence.	KRZĘŁ A., KOPERA E., PROTAS A.M., POZNAŃSKI J., WYSŁOUCH-CIESZYŃSKA A., BAL W.	(2010) 132(10): 3355-3366	32
	Bioorganic Chemistry	Phosphorylation of thymidylate synthase from various sources by human protein kinase CK2 and its catalytic subunits.	FRĄCZYK T., KUBIŃSKI K., MASLYK M., CIEŚLA J., HELLMAN U., SHUGAR D., RODE W.	(2010) 38: 124-131	27
	Pteridines	Histidine phosphorylation, or tyrosine nitration, affect thymidylate synthase properties.	FRĄCZYK T., RUMAN T., RUT D., DĄBROWSKA-MAŚ E., CIEŚLA J., ZIELIŃSKI Z., SIECZKA K., DĘBSKI J., GOŁOS B., WIŃSKA P., WALAJTYS-RODE E., SHUGAR D., RODE W.	(2010) 20: 137-142	13
	Molecular Plant	A contribution to identification of novel regulators of plant response to sulfur deficiency: characteristics of a tobacco gene UP9C, its protein product and the effects of UP9C silencing.	LEWANDOWSKA M., WAWRZYŃSKA A.K., MONIUSZKO G., LUKOMSKA J., ZIENTARA K., PIECHO M., HODUREK P., ZHUKOV I., LISZEWSKA F., NIKIFOROVA V., SIRKO A.	(2010) 3(2): 347-360	13
	Journal of Interferon & Cytokine Research	Recombinant mouse granulocyte-macrophage colony-stimulating factor is glycosylated in transgenic tobacco and maintains its biological activity.	GÓRA-SOCHACKA A., REDKIEWICZ P.A., NAPIÓRKOWSKA B., GAGANIDZE D., BRODZIK R., SIRKO A.	(2010) 30:13-19	27
	PLoS Pathogens	Three members of the 6-cys protein family of <i>Plasmodium</i> play a role in gamete fertility.	VAN DIJK M.R., VAN SCHAIK B.C.L., KHAN S.M., VAN DOOREN M.W., RAMESAR J., KACZANOWSKI S., VAN GEMERT G.-J., KROEZE H., STUNNENBERG H.G., ELING W.M., SAUERWEIN R.W., WATERS A.P., JANSE C.H.J.	(2010) 6(4): e1000853 (13 p./electronic only)	32
	Mutation Research-Fundamental and Molecular Mechanisms of Mutagenesis	Contribution of transcription-coupled DNA repair to MMS-induced mutagenesis in <i>E. coli</i> strains deficient in functional AlkB protein.	WRZESIŃSKI M., NIEMINUSZCZY J., SIKORA A., MIELECKI D., CHOJACKA A., KOZŁOWSKI M., KRWAŹCZAK J., GRZESIUK E.	(2010) 688: 19-27	32

Nucleic Acids Research	Human RECQL5b stimulates flap endonuclease 1.	SPEINA E., DAWUT L., HEDAYATI M., WANG Z.M., MAY A., SCHWENDENER S., JANSČAK P., CROTEAU D.L., BOHR V.A.	(2010) 38: 2904-2916	32
Genetics	<i>DMR1 (CCM1/YGR150C)</i> of <i>Saccharomyces cerevisiae</i> encodes an RNA-binding protein from the pentatricopeptide repeat family required for the maintenance of the mitochondrial 15S ribosomal RNA.	PUCHTA O., LUBAS M., LIPINSKI K.A., PIĄTKOWSKI J., MAŁECKI M., GOLIK P.	(2010) 184: 959-973	32
ChemBioChem	Mechanisms of RNA degradation by the eukaryotic exosome.	TOMECKI R., DRAŻKOWSKA K., DZIEMBOWSKI A.	(2010) 11: 938-945	32
Breast Cancer Research and Treatment	Mitochondrial NADH-dehydrogenase subunit 3 (ND3) polymorphism (A10398G) and sporadic breast cancer in Poland.	CZARNECKA A.M., KRAWCZYK T., ZDROŹNY M., LUBIŃSKI J., ARNOLD R.S., KUKWA W., ŚCISKA A., GOLIK P., BARTNIK E., PETROS J.A.	(2010) 121: 511-518	32
Biochimica et Biophysica Acta - Bioenergetics	Genotype-phenotype correlations in Leber hereditary optic neuropathy.	TONSKA K., KODROŃ A., BARTNIK E.	(2010) 1797: 1119-1123	32
Nucleosides, Nucleotides and Nucleic Acids	Synthesis, biological properties and anti-HIV-1 activity of new pyrimidine P ₁ , P ₂ -dinucleotides.	MIAZGA A.A., ZIEMKOWSKI P., SIEWICKA M.A., LIPNIAK A., PIASEK A., KULIKOWSKI T.	(2010) 29: 438-444	13
PLoS One	NMR structure of the human prion protein with the pathological Q212P mutation reveals unique structural features.	ILC G., GIACHIN G., JAREMKO M., JAREMKO L., BENETTI F., PLAVEC J., ZHUKOV I., LEGNAME G.	(2010) 5(7): e11715	
Journal of Microbiology and Biotechnology	Can a fermentation gas mainly produced by rumen <i>Isotrichidae</i> ciliates be a potential source of biohydrogen and a fuel for a chemical fuel cell?	PIELA P., MICHAŁOWSKI T., MILITO R., SZEWCHYK K., SIKORA R., GRZESIUŁ E., SIKORA A.	(2010) 20(7): 1092-1100	27
Biochimica et Biophysica Acta - Molecular Cell Research	Mutations that increase both Hsp90 ATPase activity <i>in vitro</i> and Hsp90 drug resistance <i>in vivo</i> .	ZURAWSKA A., URBANSKI J., MATULIENE J., BARANIAK J., KLEJMAN M.P., FILIPEK S., MATULIS D., BIEGANOWSKI P.	(2010) 1803: 575-583	32
Sensors	Immunosensor incorporating anti-his (C-term) IgG F(ab') fragments attached to gold nanorods for detection of his-tagged proteins in culture medium.	WASOWICZ M., MILNER-KRAWCZYK M., RADECKA D., GRZELAK K., RADECKA H.	(2010) 10: 5409-5424	32
Inorganic Chemistry	Sequence-specific Ni(II)-dependent peptide bond hydrolysis for protein engineering: reaction conditions and molecular mechanism.	KOPERA E., KRZEL A., PROTAS A.M., BELCZYK A., BONNA A., WYSŁOUCH-CIESZYŃSKA A., POZNAŃSKI J., BAL W.	(2010) 49: 6636-6645	32
The EMBO Journal	The human core exosome interacts with differentially localized processive RNases: hDIS3 and hDIS3L.	TOMECKI R., KRISTIANSEN M.S., LYRKE-ANDERSEN S., CHLEBOWSKI A., LARSEN K.M., SZCZESNY R.J., DRAŻKOWSKA K., PASTULA A., ANDERSEN J.S., STEPIEN P.P., DZIEMBOWSKI A., JENSEN T. H.	(2010) 29: 2342-2357	32
Free Radical Biology & Medicine	Aberrant repair of etheno-DNA adducts in leukocytes and colon tissue of colon cancer patients.	OBTULOWICZ T., WINCZURA A., SPEINA E., SWOBODA M., JANIK A., JANOWSKA B., CIESŁA J.M., KOWALCZYK P., JAWIEN A., GACKOWSKI D., BANASZKIEWICZ Z., KRASNODĘBSKI I., CHABER A., OLINSKI R., NAIK J., BARTSCH H., DOUKIT T., CADET J., TUDEK B.	(2010) 49(6): 1064-1071	32
Yeast	Defect in dolichol-dependent glycosylation increases sensitivity of <i>Saccharomyces cerevisiae</i> towards anti-fungal drugs.	JACHIMIUK M., PASIKOWSKA M., ZATORSKA E., LAUDY A.E., SMOLEŃSKA-SYM G., PALAMARCZYK G.	(2010) 27(8): 637-645	32
The Journal of Physical Chemistry B	Relative role of halogen bonds and hydrophobic interactions in inhibition of human protein kinase CK2α by tetrabromobenzotriazole and some C(5)-substituted analogues.	WASIK R., LEBSKA M., FELCZAK K., POZNAŃSKI J., SHUGAR D.	(2010) 114(32): 10601-10611	32
PLoS Computational Biology	A comprehensive, quantitative, and genome-wide model of translation.	SIWIAK M., ZIELENKIEWICZ P.	(2010) 6(7): e1000865	32
Cell	<i>SRD5A3</i> is required for converting polyprenol to dolichol and is mutated in a congenital glycosylation disorder.	CANTAGREL V., LEFEBER D.J., NG B.G., GUAN Z., SILHAVY J.L., BIELAS S.L., LEHLE L., HOMBHAUER H., ADAMOWICZ M., ŚWIEŻEWSKA E., DE BROUWER A.P., BLUMEL P., SYKUT-CEGIELSKA J., HOULISTON S., SWISTUN D., ALI B.R., DOBYNS W.B., BABOVIC-VUKSANOVIC D., BOKHOVEN van H., WEVERS R.A., RAETZ CH.R.H., FREEZE H.H., MORAVA E., AL-GAZALI L., GLEESON J.G.	(2010) 142(2): 203-217	40
Acta Polonicae Pharmaceutica - Drug Research	NMR and gas chromatography studies of lyophilized human brain tumors.	MARSZALEK R., PISKLAK M., JANKOWSKI W., LUKASZKIEWICZ J., HORSZTYŃSKI D., WAWER I.	(2010) 67(2): 129-136	9
American Journal of Pathology	Benefits and risks of iron supplementation in anemic neonatal pigs.	LIPINSKI P., STARZYŃSKI R.R., CANONNE-HERGAUX F., TUDEK B., OLINSKI R., KOWALCZYK P., DZIAMAN T., THIBAUDEAU O., GRALAK M.A., SMUDA E., WOLINSKI J., USIŃSKA A., ZABIELSKI R.	(2010) 177 (3): 1233-1243	32
RNA	Novel endoribonucleases as central players in various pathways of eukaryotic RNA metabolism.	TOMECKI R., DZIEMBOWSKI A.	(2010) 16: 1692-1724	32
Structure	Systematic bioinformatics and experimental validation of yeast complexes reduces the rate of attrition during structural investigations.	BROOKS M.A., GEWARTOWSKI K., MITSKI E., LÉTOQUART J., PACHE R.A., BILLER Y., BERTERO M., CORRÉA M., CZARNOCKI-CIECIURA M., DADLEZ M., HENRIOT V., LAZAR N., DELBOS L., LEBERT D., PIWOWARSKI J., ROCHAIX P., BÖTTCHER B., SERRANO L., SÉRAPHIN B., TILBEURGH van H., ALOY P., PERRAKIS A., DZIEMBOWSKI A.	(2010) 18: 1075-1082	32

Mutagenesis	Oxidative stress and 8-oxoguanine repair are enhanced in colon adenoma and carcinoma patients.	OBTULOWICZ T., SWOBODA M., SPEINA E., GACKOWSKI D., ROZALSKI R., SIOMEK A., JANIK J., JANOWSKA B., CIESLA J. M., JAWIEN A., BANASZKIEWICZ Z., GUZ J., DZIAMANT T., SZPIŁA A., OLIŃSKI R., TUDEK B.	(2010) 25: 463-471	32
Nephrology Dialysis Transplantation	Post-transplant lymphoproliferative disorder in view of the new WHO classification: a more rational approach to a protean disease?	MUCHA K., FORONCEWICZ B., ZIARKIEWICZ-WRÓBLEWSKA B., KRAWCZYK M., LERUT J.	(2010) 25(7): 2089-2098	32
European Journal of Cell Biology	Mutants of the <i>Saccharomyces cerevisiae</i> VPS genes <i>CCZ1</i> and <i>YPT7</i> are blocked in different stages of sporulation.	PIEKARSKA I., KUCHARCZYK R., MICKOWSKA B., RYTKA J., REMPOLA B.	(2010) 89: 780-787	27
Endocrine Pathology	The frequency of selected polymorphic variants of the <i>RET</i> gene in patients with medullary thyroid carcinoma and in the general population of central Poland.	SROMEK M., CZETWERTYŃSKA M., SKASKO E., ZIELIŃSKA J., CZAPCZAK D., STEFFEN J.	(2010) 21: 178-185	27
Bioorganic & Medicinal Chemistry	Studies on the anti-hepatitis C virus activity of newly synthesized tropolone derivatives: Identification of NS3 helicase inhibitors that specifically inhibit subgenomic HCV replication.	NAJDA-BERNATOWICZ A., KRAWCZYK M., STANKIEWICZ-DROGÓŃ A., BREITNER M., BOGUSZEWSKA-CHACHULSKA A.M.	(2010) 18: 5129-5136	32
Biopolymers	Effect of the ΔPhe residue configuration on a dipeptide conformation: A combined CD and NMR study.	LISOWSKI M., JAREMKO Ł., JAREMKO M., MAZUR A., LATAJKA R., MAKOWSKI M.	(2010) 93 (12): 1055-1064	27
Journal of Biomedical Science	Mitochondrial genotype in vulvar carcinoma - cuckoo in the nest.	KLEMB A., KOWALEWSKA M., KUKWA W., TOŃSKA K., SZYBIŃSKA A., MOSSAKOWSKA M., ŚCINIŃSKA A., GOLIK P., KOPER K., RADZISZEWSKI J., KUKWA A., CZARNECKA A.M., BARTNIK E.	(2010) 17(73) pp.15 open access	27
Fungal Biology [Formerly known as Mycological Research]	Influence of sorbitol on protein production and glycosylation and cell wall formation in <i>Trichoderma reesei</i> .	GÓRKA-NIEĆ W., PERLIŃSKA-LENART U., ZEMBEK P., PALAMARCZYK G., KRUSZEWSKA J.S.	114(10): 855-862	32
Acta Physiologiae Plantarum	Somatic hybridization between the diploids of <i>S. x michoacanum</i> and <i>S. tuberosum</i> .	SZCZERBAKOWA A., TARWACKA J., OSKIERA M., JAKUCZUN H., WIELGAT B.	(2010) 32: 867-873	20
Journal of Molecular Biology	Interwined structured and unstructured regions of exRAGE identified by monitoring hydrogen-deuterium exchange.	KUPNIEWSKA-KOZAK A., GOSPODARSKA E., DADLEZ M.	(2010) 403(1): 52-65	32
Toxicology	Low molecular weight thiols reduce thimerosal neurotoxicity <i>in vitro</i> : modulation by proteins.	ZIEMIŃSKA E., TOCZYŁOWSKA B., STAFIEJ A., ŁAZAREWICZ J.W.	(2010) 276: 154-163	32
Bioinorganic Chemistry and Applications	Effect of common buffers and heterocyclic ligands on the binding of Cu(II) at the multimetal binding site in human serum albumin.	SOKOŁOWSKA M., PAWLAS K., BAL W.	(2010) Article ID 725153, 7 pp.	20
Antiviral Research	Partial selective inhibition of HIV-1 reverse transcriptase and human DNA polymerases γ and β by thiated 3'-fluorothymidine analogue 5'-triphosphates.	WIŃSKA P., MIAZGA A.A., POZNAŃSKI J., KULIKOWSKI T.	(2010) 88(2): 176-181	32
Journal of Cellular Biochemistry	Co-chaperone BAG3 and adenovirus penton base protein partnership.	GOUT E., GUTKOWSKA M., TAKAYAMA S., REED J.C., CHROBOCZEK J.	(2010) 111: 699-708	27
Journal of Biological Chemistry	Full repression of RNA polymerase III transcription requires interaction between two domains of its negative regulator MafI.	GAJDA A.E., TOWPIK J., STEURWALD U., MÜLLER C.W., LEFEBVRE O., BOGUTA M.	(2010) 285(46): 35719-35727	32
Acta Biochimica Polonica	Regulation of sporulation in the yeast <i>Saccharomyces cerevisiae</i> .	PIEKARSKA I., RYTKA J., REMPOLA B.	(2010) 57(3): 241-250	20
Oncology Reports	Mitochondrial genotype and breast cancer predisposition.	CZARNECKA A., KRAWCZYK T., PLAK K., KLEMB A., ZDROŹNY M., ARNOLD R.S., KOFLER B., GOLIK P., SZYBIŃSKA A., LUBIŃSKI J., MOSSAKOWSKA M., BARTNIK E., PETROS J.A.	(2010) 24: 1521-1534	20
Journal of Molecular Biology	Reversal of a mutator activity by a nearby fidelity-neutral substitution in the RB69 DNA polymerase binding pocket.	TRZEMECKA A., JACEWICZ A., CARVER G.T., DRAKE J.W., BĘBENEK A.	(2010) 404: 778-793	32
Journal of Applied Genetics	Prostaglandin-endoperoxide synthase genes COX1 and COX2 - novel modifiers of disease severity in cystic fibrosis patients.	CZERSKA K., SOBCZYŃSKA-TOMASZEWSKA A., SANDS D., NOWAKOWSKA A., BAK D., WERTHEIM K., POZNAŃSKI J., ZIELEŃSKI J., NOREK A., BAL J.	(2010) 51(3): 323-330	20
Microbial Drug Resistance	DHA-1-producing <i>Klebsiella pneumoniae</i> in a teaching hospital in the Czech Republic.	EMPEL J., HRABAK J., KOZIŃSKA A., BERGEROVA T., URBASKOVA P., KERN-ZDANOWICZ I., GNIADKOWSKI M.	(2010) 16(4): 291-5	20
BMC Genomics	A widespread peroxiredoxin-like domain present in tumor suppression- and progression-implicated proteins.	PAWŁOWSKI K., MUSZEWSKA A., LENART A., SZCZEPIŃSKA T., GODZIK A., GRYNBERG M.	(2010) 11: 590 open access 18 pp.	32
Biochimica et Biophysica Acta - Bioenergetics	Maintenance and expression of the <i>S. cerevisiae</i> mitochondrial genome - from genetics to evolution and systems biology.	LIPIŃSKI K.A., KANIAK-GOLIK A., GOLIK P.	(2010) 1797(6-7): 1086-1098	32
Biochemical Journal	Regulation of <i>Nicotiana tabacum</i> osmotic stress-activated protein kinase and its cellular partner GAPDH by nitric oxide in response to salinity.	WAWER I., BUCHOLC M., ASTIER J., ANIELSKA-MAZUR A., DAHAN J., KULIK A., WYSLOUCH-CIESZYŃSKA A., ZAREBA-KOZIOL M., KRZYWIŃSKA E., DADLEZ M., DOBROWOLSKA G., WENDEHENNE D.	(2010) 429(1): 73-83	32
EMBO Reports	RNA channelling by the eukaryotic exosome.	MALET H., TOPF M., CLARE D.K., EBERT J., BONNEAU F., BASQUIN J., DRAZKOWSKA K., TOMECKI R., DZIEMBOWSKI A., CONTI E., SAIBIL H.R., LORENTZEN E.	(2010) 11(12): 936 - 942	32

	Medical Hypotheses	Why are behaviors of children suffering from various neuronopathic types of mucopolysaccharidoses different?	WĘGRZYN G., JAKÓBKIEWICZ-BANECKA J., NARAJCZYK M., WIŚNIEWSKI A., PIOTROWSKA E., GABIG-CIMINSKA M., KŁOSKA A., SŁOMIŃSKA-WOJEWÓDZKA M., KORZON-BURAKOWSKA A., WĘGRZYN A.	(2010) 75: 605-609	20
	Biochemical Society Transactions	Genistein: a natural isoflavone with a potential for treatment of genetic diseases.	WĘGRZYN G., JAKÓBKIEWICZ-BANECKA J., GABIG-CIMINSKA M., PIOTROWSKA E., NARAJCZYK M., KŁOSKA A., MALINOWSKA M., DZIEDZIC D., GOŁĘBIEWSKA I., MOSKOT M., WĘGRZYN A.	(2010) 38(2): 695-701	27
	Journal of Neurochemistry	Effect of chronic mild stress and imipramine on the proteome of the rat dentate gyrus.	KEDRACKA-KROK S., FIC E., JANKOWSKA U., JACIUK M., GRUCA P., PAPP M., KUSMIDER M., SOLICH J., DEBSKI J., DADLEZ M., DZIEDZICKA-WASYLEWSKA M.	(2010) 113: 848-859	32
	DNA Research	Comprehensive analysis of the palindromic motif TCTCGCGAGA: a regulatory element of the <i>HNRNPK</i> promoter.	MIKULA M., GAJ P., DZWONEK K., RUBEL T., KARCZMARSKI J., PAZIEWSKA A., DZWONEK A., BRAGOSZEWSKI P., DADLEZ M., OSTROWSKI J.	(2010) 17: 245-260	27
	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., WALAJTYS-RODE E.	(2010) 32: 209-220	27
	Biochimica et Biophysica Acta - Bioenergetics	RNA turnover in human mitochondria: more questions than answers?	BOROWSKI L. S., SZCZESNY R. J., BRZEZNIAK L. K., STEPIEN P. P.	(2010) 1797(6-7): 1066-1070	32
	European Journal of Medical Research	Absence of bioactivity of lipid derivatives of serotonin.	POZDZIK M., ZAJĄC D., ZASADA I., CZARNOCKI Z., MATYSIAK M., MAZZATENTA A., POKORSKI M.	(2010) 15 (Suppl.II): 128-134	13
	Journal of Physical Chemistry A	Photophysical properties of dipeptides containing substituted 3-(quinoxalin-6-yl) alanine. Spectroscopic studies and theoretical calculations.	WIŚNIEWSKI L., DEPERASIŃSKA I., STASZEWSKA A., STEFANOWICZA P., BERSKI S., LIPKOWSKI P., SZEWCZUKA Z., SZEMIK-HOJNIAK A.	(2010) 114: 9405-9412	32
	Journal of Biological Chemistry	ATP binding to Hsp90 is sufficient for effective chaperoning of p53 protein.	WALERYCH D., GUTKOWSKA M., KLEJMAN M. P., WAWRZYNOW B., TRACZ Z., WIECH M., ZYLICZ M., ZYLICZ A.	(2010) 285(42): 32020-32028	32
	Archives of Microbiology	Influence of the <i>Escherichia coli</i> <i>oxyR</i> gene function on λ prophage maintenance.	GLINKOWSKA M., ŁOŚ J. M., SZAMBOWSKA A., CZYZ A., CAŁKIEWICZ J., HERMAN-ANTOSIEWICZ A., WRÓBEL B., WĘGRZYN G., WĘGRZYN A., ŁOŚ M.	(2010) 192: 673-683	20
	FEEMS Immunology & Medical Microbiology	Hydrogen peroxide-mediated induction of the Shiga toxin-converting lambdoid prophage ST2-8624 in <i>Escherichia coli</i> 0157: H7.	ŁOŚ J. M., ŁOŚ M., WĘGRZYN A., WĘGRZYN G.	(2010) 58: 322-329	27
	FEBS Journal	Physiological truncation and domain organization of a novel uracil-DNA-degrading factor.	PUKÁNCŠIK M., BÉKÉSI A., KLEMENT É., HUNYADI-GULYÁS É., MEDZIHRAŠZKY K. F., KOSINSKI J., BUNICKI J., ALFONSO C., RIVAS G., VÉRTESY B. G.	(2010) 277: 1245-1295	27
	Bioinformatics	FILREST3D: discrimination of structural models using restraints from experimental data.	GAJDA M. J., TUSZYŃSKA I., KACZOR M., BAKULINA A. Yu., BUNICKI J.	(2010) 26(23): 2986-2987	32
	Acta Biochimica Polonica	Reversion of <i>argE3</i> to Arg ⁺ in <i>Escherichia coli</i> AB1157 - an informative bacterial system for mutation detection.	SIKORA A., GRZESIUK E.	(2010) 57(4): 479-485	20
	Molecular Genetics and Genomics	Transcription regulation of the <i>Escherichia coli</i> <i>pcnB</i> gene coding for poly(A) polymerase I: roles of ppGpp, DksA and sigma factors.	NADRATOWSKA-WESOŁOWSKA B., SŁOMIŃSKA-WOJEWÓDZKA M., LYZEN R., WĘGRZYN A., SZALEWSKA-PALASZ A., WĘGRZYN G.	(2010) 284: 289-305	27
	Biochimica et Biophysica Acta – Proteins and Proteomics	Preface. Inhibitors of protein kinases.	SHUGAR D.	(2010) 1804: 427-428	27
	Yeast	Introduction to the special issue of <i>Yeast</i> on fungal cell wall. Biology of fungal cell walls-from single proteins to regulatory networks.	HEINISH J. J., PALAMARCZYK G.	(2010) 27: 461-463	32
b) zagranicznych	Plant Signaling & Behavior	Is annexin 1 a multifunctional protein during stress responses?	CLARK G., KONOPKA-POSTUPOŁSKA D., HENNIG J., ROUX S.	(2010) 5(3): 1-5	2
3	American Journal of Translational Research	Involvement of oxidatively damaged DNA and repair in cancer development and aging.	TUDEK B., WINCZURA A., JANIK J., SIOMEK A., FOKSINSKI M., OLIŃSKI R.	(2010) 2: 254-284	
	Symmetry	How to find the fries structures for benzenoid hydrocarbons.	CIESIELSKI A., KRYGOWSKI T. M., CYRAŃSKI M. K.	(2010) 2: 1390-1400	
c) polskich o zasięgu co najmniej krajowym	Standardy Medyczne / Pediatria	Związki naturalne w farmacji i medycynie. Kwas salicylowy i fenolokwas.	GRYNKIEWICZ G., HENNIG J.	(2010) 7: 10-16	6
11	Postępy Biochemii	Kompleks kohezyjny chromatyd siostrzanyc w <i>Eukaryota</i> .	CENA A., KURLANDZKA A.	(2010) 56(1): 41-53	6
	Postępy Biochemii	Białka z rodziny p24 - regulatory transportu pęcherzykowego.	KAMIŃSKA J., HOFFMAN-SOMMER M., PLACHTA M.	(2010) 56(1): 75-82	6
	Postępy Biochemii	Zastosowania U-Tube™ oraz D-Tube™ w zageszczaniu białek.	ZOCHOWSKA M.	(2010) 56(1): 95-97	6
	Nauka	Łamanie zasad przyzwoitości a łamanie prawa (rozważania w kontekście nauki).	PASZEWSKI A.	(2010) 2: 19-27	9
	Nauka	GMO, głód i biznes.	BUCHOWICZ J.	(2010) 2: 77-82	9
	Biotechnologia	Wykorzystanie sekwencjonowania nowej generacji do poznania genomu ziemniaka.	GROMADKA R.	(2010) 4(91): 69-75	6
	Biotechnologia	Sekwencjonowanie największego chromosomu <i>Paramecium tetraurelia</i> - przykład opracowania metody.	NOWAK J. K.	(2010) 4(91): 76-90	6
	Nauka	Ludzie nauki w polityce.	PASZEWSKI A.	(2010) 3: 100-105	9
	Journal of Medical Informatics & Technologies	Pattern recognition approach for analysis of metabolic response to intermittent hypoxia.	SOKOŁOWSKA B., JÓZWIK A.	(2010) 15: 177-183	6
	Postępy Biochemii	Badanie funkcji ludzkiej helikazy hSuv3p. Streszczenie pracy doktorskiej.	SZCZESNY R. J.	(2010) 56(4): 353-355	6
d) polskich o zasięgu lokalnym	Biologia w Szkole. Czasopismo dla Nauczycieli	CSI w ekologii, czyli jak śledzić, przewidywać i wpływać na losy	MICHAŁSKA-PARDA A., PANAGIOTOPOULOU H.	(2010) 232(3): 5-18	

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
0					polski
c) autorstwo rozdziału w monografii lub podręczniku w jęz. obcym	Elsevier	Recent advances in molecular toxicology of cadmium and nickel. Chapter in: Advances in Molecular Toxicology.	KUROWSKA E., BAL W.	2010 4: 85-126	angielski
4	Wiley-Blackwell	Updates in the metabolism of lactic acid bacteria. Chapter in: Biotechnology of Lactic Acid Bacteria. Novel Applications.	MAYO B., ALEKSANDRZAK- PIEKARCZYK T., FERNANDEZ M., KOWALCZYK M., ALVAREZ- MARTIN P., BARDOWSKI J.K.	(2010) p. 3-33	angielski
	RSC Publishing	Nuclear Magnetic Resonance. Applications of spin-spin couplings. Chapter in: Nuclear Magnetic Resonance.	KAMIENSKA-TRELA K., WÓJCIK J.	(2010) 39: 179-226	angielski
	Springer Science + Business Media	Biophysical analysis of the interaction of toxic metal ions and oxidants with the zinc finger domain of XPA. Chapter in: Methods in Molecular Biology.	HARTWIG A., SCHWERTLE T., BAL W.	(2010) 649: 399-410	angielski
d) autorstwo rozdziału w monografii lub podręczniku w jęz. polskim					polski
0					polski
0					polski
e) redakcja monografii lub podręcznika					
0					

II. Aktywność naukowa placówki

II.2. Realizowane projekty badawcze

II.2.1. realizowane w ramach działalności statutowej placówki		Tytuł projektu	Kierownik projektu				okres realizacji		Koszt projektu
			Tytuł	Imię 1	Imię 2	Nazwisko	rok pocz.	rok końc.	
Ogółem 19	Zastosowanie nowej metody hydrolizy wiązania peptydowego z udziałem jonów Ni(II) do oczyszczania białek tiolowych	mgr	Agnieszka			Belczyk	2010	2010	6 000 zł
	Analiza sieci interakcji białek związanych z przejściem kompleksu replikacyjnego przez uszkodzenie DNA w <i>Saccharomyces cerevisiae</i>	mgr	Joanna			Derkacz	2010	2010	6 000 zł
	Wpływ Dpb2p, niekatalitycznej podjednostki polimerazy ε (Pol ε), na aktywność i procesywność Pol ε – analiza <i>in vitro</i>	mgr	Marta			Garbacz	2010	2010	6 000 zł
	Badanie interakcji efektorów HopQ1-1 z białkami 14-3-3 i MAP kinazami	mgr	Fabian			Giska	2010	2010	8 000 zł
	Charakterystyka i analiza funkcjonalna białek o potencjalnej roli w procesie segregacji chromosomów <i>Pseudomonas aeruginosa</i> , oddziaływujących z białkami ParA/ParB	mgr	Krzysztof			Głabski	2010	2010	6 000 zł
	Udział białka Pol32, niekatalitycznej podjednostki Pol δ (delta), w kształtowaniu wierności replikacji chromosomalnego DNA	mgr	Ewa			Grabowska	2010	2010	6 000 zł
	Regulacja transportu pęcherzykowego zależnego od płaszcza COPI u drożdży <i>S. cerevisiae</i> - fosforylacja i ubikwitynacja białka Sec27, podjednostki kompleksu COPI	mgr	Katarzyna			Jarmoszewicz	2010	2010	6 000 zł
	Badanie fosforylacji ligazy ubikwitynowej Rsp5 przez kinazę białkową A	mgr	Żaneta			Jastrzębska	2010	2010	6 000 zł
	Wpływ stresu środowiskowego na ekspresję genów kodujących cis-prenyltransferazy w korzeniach <i>Arabidopsis thaliana</i>	mgr	Adam			Jóźwiak	2010	2010	6 000 zł
	Globalne zmiany ekspresji genów w mutantcie <i>Candida albicans</i> z obniżoną aktywnością cis-prenyltransferazy	mgr	Mateusz			Juchimiuk	2010	2010	6 000 zł
	Ustalenie stęchiometrii i parametrów strukturalnych wiązania jonów niklu(II) i cynku(II) do histatyny 5 i jej N końcowego decapeptydu	mgr	Ewa			Kurowska	2010	2010	6 000 zł

II.2.2. własne (granty)	Tytuł projektu		Kierownik projektu			okres realizacji rok pocz.	rok końc.	Koszt projektu	
	Tytuł	Imię 1	Imię 2	Nazwisko					
	Regulacja procesu asymilacji siarki u <i>Burholderia cenocepacia</i> .		prof. dr hab.	Monika		Hryniewicz	2007	2010	221 000 zł
	Wykorzystanie bakterii mlekowych jako bioreaktorów do syntezy neuropeptydów i wywoływania tolerancji pokarmowej u szczurów z EAE.		prof. dr hab.	Jacek		Bardowski	2007	2010	28 500 zł
	Regulacja transkrypcji tRNA u drożdży <i>Saccharomyces cerevisiae</i> .		prof. dr hab.	Magdalena		Boguta	2007	2010	310 000 zł
	Potencjał reperacyjny genomu mitochondrialnego a długowieczność niedzielących się komórek drożdży <i>Saccharomyces cerevisiae</i> .		prof. dr hab.	Zygmunt		Cieśla	2007	2010	250 000 zł
	Synteza pochodnych 4,5,6-tribromo-7-metylobenzotriazolu jako potencjalnych inhibitorów kinazy kazeinowej II (CK2) oraz badanie ich aktywności biologicznej		mgr	Małgorzata		Makowska	2010	2010	6 000 zł
	Repertuar elementów mobilnych w genomach grzybów, analiza ewolucyjna		mgr	Anna		Muszevska	2010	2010	6 000 zł
	Badanie wpływu tia genetycznego na transport i metabolizm 5-FU w komórkach szczepu W303 <i>Saccharomyces cerevisiae</i> za pomocą spektroskopii 19F NMR		mgr	Agnieszka		Polkowska-Nowakowska	2010	2010	6 000 zł
	Przesiewowe badania optymalizacyjne sekwencji aktywnej w hydrolizie niklowej wiązania peptydowego z użyciem bibliotek chemicznych		mgr	Anna		Protas	2010	2010	8 000 zł
Analiza molekularna i funkcjonalna systemu koniugacyjnego plazmidu RA3 z grupy IncU		mgr	Jolanta		Szarlak	2010	2010	6 000 zł	
Analiza sygnałów eksportu z jądra komórkowego (NES) ludzkiej kohezyny SA2/STAG2 w heterologicznym systemie <i>Saccharomyces cerevisiae</i>		mgr	Leszek		Tamowski	2010	2010	6 000 zł	
Konstrukcja i wykorzystanie klonu infekcyjnego PVY-GFP dla badania odporności typu krańcowego oraz reakcji nadwrażliwości u Zienniaaka jadalnego (<i>Solanum tuberosum</i> spp. <i>tuberosum</i> L.)		mgr	Karolina		Woroniecka	2010	2010	6 000 zł	
Rola kompleksu GINS w kształtowaniu wierności procesu replikacji DNA w <i>Saccharomyces cerevisiae</i>		mgr	Urszula		Wrońska	2010	2010	6 000 zł	

Oddziaływanie terminalnego białka wirusa Y ziemniaka, VPg, ze składnikami komórek gospodarza.	dr hab.	Jadwiga		Chroboczek	2007	2010	390 000 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 zł
Poszukiwanie i charakterystyka genów zaangażowanych w procesy płciowe u orzęska <i>Paramecium tetraurelia</i> .	dr	Robert		Gromadka	2007	2010	300 000 zł
Mechanizm regulacji transportu jądrowo-cytoplazmatycznego tRNA przez ligazę ubikwintynową Rsp5 u drożdży.	prof. dr hab.	Teresa		Żołądek	2007	2010	285 000 zł
Badanie wierności replikacji mutantów polimerazy DNA taga RB69.	dr	Anna		Bębenek	2007	2010	300 000 zł
Badanie wpływu inaktywacji genów regulatorowych <i>ccpA</i> i <i>yebF</i> oraz nabycia genów zlokalizowanych na plazmidzie <i>pIL7</i> na funkcje metaboliczne <i>Lactococcus lactis</i> w globalnym podejściu proteomicznym.	dr	Magdalena		Kowalczyk	2007	2010	350 000 zł
S-nitrozylacja białek oraz fosforylacja zależna od kinazy <i>Cdk5</i> - badania proteomiczne frakcji synaprosomalnej myszy transgenicznnych będących modelem choroby Alzheimera.	prof. dr hab.	Michał		Dadlez	2007	2010	463 000 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.	dr hab.	Grażyna		Dobrowolska	2007	2010	325 000 zł
Badanie nowych zależności w sieci połączeń funkcjonalnych białek w krwince czerwonej.	dr	Marcin		Grynberg	2007	2010	120 000 zł
Identyfikacja systemów metabolicznych kodowanych na 7 plazmidach w komórkach <i>Lactococcus lactis</i> IL594.	dr	Marcin		Grynberg	2007	2010	253 000 zł
Charakterystyka funkcji i oddziaływań białek systemu dsb Epsilonproteobacteria (<i>Campylobacter jejuni</i> , <i>Campylobacter coli</i> , <i>Campylobacter lari</i> i <i>Helicobacter puloni</i>).	prof. dr hab.	Michał		Dadlez	2008	2010	29 500 zł

Szlaki naprawy uszkodzeń DNA indukowanych przez produkt peroksydacji lipidów yrans-4-hydroksy-2-nonenal i ich rola w stabilności genomu i procesach starzenia.	prof. dr hab.	Barbara		Tudek	2008	2011	360 000 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 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 zł
Badania szlaków sygnałowych w różnych typach interakcji genotypów Solanum z <i>Phytophthora infestans</i> .	dr	Lidia		Polkowska-Kowalczyk	2008	2011	297 400 zł
Analiza polimorfizmu genetycznego certy (<i>Vimba vimba</i>) w związku z programem restytucji tego gatunku.	dr	Anna		Stanković	2008	2010	230 000 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 zł
Analiza funkcjonalna produktów genów At1g11780, At3g14160 i At5g01780 <i>Arabidopsis thaliana</i> – homologów strukturalnych bakteryjnego białka AlkB.	prof. dr hab.	Elżbieta		Grzebiuk	2008	2011	256 400 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 zł
Rola białka Nudix AINUDT7 w odpowiedzi roślin na stres.	dr hab.	Elżbieta		Kraszewska	2008	2011	330 800 zł
Badanie szlaków sygnałowych zranienia z udziałem ZmCPK11 u kukurydzy.	dr	Jadwiga		Szczegielniak	2008	2011	250 000 zł
Odpowiedź obronna a program rozwojowy roślin - badanie roli białka SGT1 w przeciwstawnej regulacji tych procesów.	dr	Magdalena		Krzymowska	2008	2011	299 000 zł
Strukturalna analiza N-końcowego obszaru białka Dis3 (Rip44) odpowiedzialnego za nową endonukleolityczną aktywność głównej rybonukleazy organizmów eukariotycznych, kompleksu egzozomu.	dr	Igor		Zhukov	2009	2012	494 000 zł

Analiza funkcjonalna ludzkiego kompleksu egzozomu będącego podstawą egzorybonukleazą organizmów eukariotycznych.	dr	Rafał		Tomecki	2009	2011	400 000 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 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 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 zł
Zastosowanie narzędzi genomiki funkcjonalnej w celu charakteryzacji różnych form odporności ziemniaka (<i>Solanum tuberosum</i> L.) na infekcję wirusa PVY.	prof. dr hab.	Jacek		Hennig	2009	2012	468 000 zł
Struktura i funkcja genu kodującego ZmCPK11.	prof. dr hab.	Grażyna		Muszyńska	2009	2012	267 000 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 zł
Udział kompleksu GINS w kontroli wierności replikacji DNA	prof. dr hab.	Piotr		Jonczyk	2009	2012	300 000 zł
Analiza funkcjonalna regionów centromerowych oraz zakresu partycyjnego plazmidu pSM19035.	dr	Michał		Dmowski	2009	2012	325 000 zł
Polizoprenoidy - biosynteza oraz rola produktów ich utleniania	prof. dr hab.	Ewa		Świeżewska	2009	2012	320 000 zł
Rola histonu H1 w zależnym od polycomb mechanizmie pamięci komórkowej	dr	Szymon		Świeżewski	2009	2012	406 500 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 zł
Koordynacja transkrypcji dojrzewania i kontroli eukariotycznych t RNA	dr	Joanna		Towpik	2009	2012	420 000 zł

Peptydowe chelatory kompetycyjne jako narzędzie dla opisu oddziaływań jonu Cu(II) z peptydem Ab. Poszukiwania nowych mechanizmów molekularnych kontroli toksyczności w chorobie Alzheimera	prof. dr hab.	Wojciech		Bal	2010	2012	292 500 zł
Modyfikacje chromatyny odpowiedzialne za zmiany ekspresji genów u roślin w warunkach adaptacji do stresu	dr hab.	Marta		Prymakowska-Bosak	2010	2013	670 000 zł
Biologia pączki ropy błękitnej – analiza transkryptomyczna mutantów par <i>Pseudomonas aeruginosa</i>	dr	Aneta		Bartosik	2010	2013	369 200 zł
Identyfikacja sygnałów importu i eksportu do/z jądra kohezyn SA1 i SA2 człowieka w warunkach ekspresji heterologicznej w <i>Saccharomyces cerevisiae</i> i w hodowlach komórek ludzkich	dr hab.	Anna		Kurlandzka	2010	2013	300 000 zł
Glikozylacja białek <i>Candida albicans</i> : wpływ na powstawanie form wirulentnych i wrażliwość na czynniki zewnętrzne	prof. dr hab.	Grażyna		Palamarczyk	2010		350 000 zł
Mitochondrialna rekombinacja homologiczna w komórkach <i>Saccharomyces cerevisiae</i> : charakterystyka zaangażowanych genów i rola w stabilizacji genomu mitochondrialnego	dr	Aneta		Kaniak-Golik	2010	2013	300 000 zł
Donosowa szczepionka przeciwgrypowa dla zwierząt	dr hab.	Jadwiga		Chroboczek	2010	2013	550 000 zł
Wpływ fosforylacji białka SGT1 na odpowiedź roślin na infekcje	prof. dr hab.	Jacek		Hennig	2010	2012	50 000 zł
Mechanizmy regulacji struktury chromatyny w modelowej roślinie <i>Arabidopsis thaliana</i>	dr	Jan		Brzeski	2010	2013	419 900 zł
Rola niekodujących RNA podczas ustanawiania czasu spoczynkowego nasion	dr	Szymon		Świeżewski	2010	2013	390 000 zł
Kompleksowa analiza proteomiczna maszyneryi komórkowej służącej do degradacji RNA u kręgowców.	dr hab.	Andrzej		Dziembowski	2010	2013	727 832 zł
<i>Saccharomyces cerevisiae</i> jako modelowy organizm do badania biochemicznych i molekularnych efektów mutacji w syntazie ATP zidentyfikowanych w komórkach nowotworowych	dr	Róża		Kucharczyk	2010	2013	361 400 zł

II.2.3. promotorskie		Analiza strukturalna procesu ubikwitinacji na przykładzie kompleksu domeny katalitycznej enzymu E1 z ubikwitiną metodą spektroskopii NMR	dr	Igor		Zhukov	2010		188 500 zł
		Wykonanie analiz mikrobiologicznych	prof. dr hab.	Jacek		Bardowski	2010	2011	35 000 zł
		Badanie roli kompleksu remodelującego chromatynę typu SWI/SNF w regulacji odpowiedzi <i>Arabidopsis thaliana</i> na stres środowiskowy.	dr	Tomasz		Sarnowski	2010	2013	470 000 zł
		Analiza wierności syntezy holoenzymu polimerazy DNA epsilon - badania <i>in vitro</i> wpływu niekatalitycznej, drożdżowej podjednostki Dpb2p	prof. dr hab.	Iwona		Fijałkowska	2010	2013	448 500 zł
		Udział polimerazy DNA epsilon w kontroli prowadzającego przebiegu cyklu komórkowego w drożdżach <i>Saccharomyces cerevisiae</i>	prof. dr hab.	Piotr		Jonczyk	2010	2013	295 750 zł
		Analiza funkcjonalna eukariotycznych homologów bakteryjnych białka AlkB w kurzych limfocytach linii DT40	dr	Jadwiga		Nieminuszcz	2010	2013	358 800 zł
	Ogółem								
	16								

III.2.4. zamawiane	Tytuł projektu	Tytuł	Kierownik projektu			Imię 1	Imię 2	Nazwisko	okres realizacji		Koszt projektu
									rok pocz.	rok końc.	
Ogółem 15	Udział polimerazy DNA eta (Pol n) w mutagenizie spontanicznej drożdży <i>Saccharomyces cerevisiae</i>	prof. dr hab.	Piotr			Jonczyk			2009	2011	49 800 zł
	Wirusowe białko VPg. badania strukturalne i funkcjonalne.	dr hab.	Jadwiga			Chroboczek			2009	2011	50 000 zł
	Identyfikacja miejsca wiązania peptydu AB40 w cząsteczce albumy (HSA)	mgr	Małgorzata			Różga			2010		50 000 zł
	Badanie dynamiki białka S100A1 i jego glutationylowanej pochodnej metodą magnetycznej relaksacji jądrowej	prof. dr hab.	Andrzej			Ejchart			2010	2011	50 000 zł
	Badanie wpływu inhibitorów szlaku mewalonowego na komórkę przy użyciu drożdży <i>Saccharomyces cerevisiae</i>	prof. dr hab.	Joanna			Rytka			2010	2012	50 000 zł
	Molekulame mechanizmy regulacji struktury chromatinu u <i>Arabidopsis</i> - rola histonu H1 i ATPaz z rodziny SNF2	prof. dr hab.	Andrzej			Jerzmanowski			2010	2011	50 000 zł
	Udział deacetylaz histonowych w modulacji stanu chromatinu w <i>Arabidopsis thaliana</i>	prof. dr hab.	Andrzej			Jerzmanowski			2010	2012	50 000 zł
	Analiza bioróżności grupy <i>Actinobacteria</i> biofilmu naskalnego z kopalni złota w Złotym Stoku	prof. dr hab.	Jacek			Bardowski			2010	2011	50 000 zł
	Badania <i>in vivo</i> udziału drożdżowej podjednostki Dpb2p. polimerazy DNA epsilon, w kontroli wierności replikacji DNA - spektrum mutagenyzy	prof. dr hab.	Iwona			Fijałkowska			2010	2013	50 040 zł
	Zastosowanie współczesnej genomiki funkcjonalnej i bioinformatyki do charakteryzacji i tworzenia modeli procesów biologicznych o istotnym znaczeniu w medycynie i rolnictwie.	dr hab.	Marta			Prymakowska-Bosak			2006	2010	100 000 zł
	Zastosowanie współczesnej genomiki funkcjonalnej i bioinformatyki do charakteryzacji i tworzenia modeli procesów biologicznych o istotnym znaczeniu w medycynie i rolnictwie.	dr hab.	Marta			Prymakowska-Bosak			2006	2010	987 000 zł
	Analizy proteomiczne frakcji białek jądrowych komórek T 87 <i>Arabidopsis thaliana</i> z wykorzystaniem Spektrometrii Mas.	prof. dr hab.	Michał			Dadlez			2006	2010	565 000 zł
	Analiza bioinformatyczna proteomu jądrowego <i>Arabidopsis thaliana</i> .	prof. dr hab.	Piotr			Zielenkiewicz			2006	2010	260 000 zł
	Rola prenylacji białek i lipidów prenylowych w transporcie pęcherzykowym w roślin.	dr	Liliana			Surmacz			2006	2011	240 000 zł

II.2.5. strukturalne	Tytuł projektu		Kierownik projektu				okres realizacji		Koszt projektu	
			Tytuł	Imię 1	Imię 2	Nazwisko	rok pocz.	rok.konfc.		
	Nowa metoda oczyszczania białek rekombinowanych.		prof. dr hab.	Wojciech		Bal	2008	2011	1 226 000 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 zł	
	0									
	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 zł
	Dynamika zmian cytoskieletu w komórkach szparkowych <i>Arabidopsis thaliana</i> w odpowiedzi na bodźce środowiska.		dr	Małgorzata			Lichocka	2007	2010	240 000 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 zł
	Ruchome elementy genetyczne bakterii - analiza molekularna i wykorzystanie do konstrukcji narzędzi dla przemysłu biotechnologicznego.		dr hab.	Małgorzata			Łobocka	2007	2010	2 198 950 zł
	Ruchome elementy genetyczne bakterii - analiza molekularna i wykorzystanie do konstrukcji narzędzi dla przemysłu biotechnologicznego.		prof. dr hab.	Grażyna			Jagura-Burdzy	2007	2010	1 343 800 zł
	Ruchome elementy genetyczne bakterii - analiza molekularna i wykorzystanie do konstrukcji narzędzi dla przemysłu biotechnologicznego.		prof. dr hab.	Jacek			Bardowski	2007	2010	629 200 zł
	Ruchome elementy genetyczne bakterii - analiza molekularna i wykorzystanie do konstrukcji narzędzi dla przemysłu biotechnologicznego.		prof. dr hab.	Piotr			Zielenkiewicz	2007	2010	191 100 zł
Ruchome elementy genetyczne bakterii - analiza molekularna i wykorzystanie do konstrukcji narzędzi dla przemysłu biotechnologicznego.		dr	Urszula			Zielenkiewicz	2007	2010	192 400 zł	
Ruchome elementy genetyczne bakterii - analiza molekularna i wykorzystanie do konstrukcji narzędzi dla przemysłu biotechnologicznego.		dr	Iza			Kern-Zdanowicz	2007	2010	577 850 zł	
Ruchome elementy genetyczne bakterii - analiza molekularna i wykorzystanie do konstrukcji narzędzi dla przemysłu biotechnologicznego.		dr	Maria			Bretner	2007	2010	390 200 zł	

II.2.6. rozwojowe	Tytuł projektu	Kierownik projektu	Imię 1	Imię 2	Nazwisko	okres realizacji rok pocz.	rok końc.	Koszt projektu
Ogółem	Nowe narzędzia do analizy danych spektrometrii mas w zastosowaniu do diagnostyki medycznej.	prof. dr hab.	Michał		Dadlez	2007	2010	1 400 000 zł
	PhD Programme in Molecular Biology: Studies of nucleic acids and proteins - from basic to applied research	mgr	Aleksandra		Chojnacka	2010	2010	15 483 zł
	Tools and mechanisms for biotechnology, toxicology and supramolecular chemistry	prof. dr hab.	Wojciech		Bal	2010	2014	2 947 333 zł
	RNA metabolism	dr hab.	Andrzej		Dziembowski	2009	2013	2 184 000 zł
	Macromolecular assemblies involved in	prof. dr hab.	Wojciech		Bal	2008	2013	27 159 673 zł
	Krajowe Laboratorium Multidyscyplinarne Nanomateriałów Funkcjonalnych	prof. dr hab.	Michał		Dadlez	2009	2013	5 528 000 zł
	Metagenomy jako źródło nowoczesnych narzędzi biotechnologicznych służących do bioremediacji i biotransformacji	dr hab.	Andrzej		Dziembowski	2009	2014	13 094 141 zł
	Elektrochemiczne bioczuJNIKI do detekcji aktywacji receptorów RAGE – narzędzia taniej teranostyki	prof. dr hab.	Wojciech		Bal	2009	2013	2 201 619 zł
	Platforma informatyczna baz danych dla efektywnego wykorzystania wyników prac badawczych	prof. dr hab.	Piotr		Zielenkiewicz	2010	2012	160 000 zł
	Opracowanie metody wykrywania markerów wskazujących na predyspozycję do rozwoju insulinooporności	dr hab.	Marta		Prymakowska-Bosak	2009	2013	3 760 040 zł
	Biocentrum Ochota - infrastruktura informatyczna dla rozwoju strategicznych kierunków biologii i medycyny	prof. dr hab.	Piotr		Zielenkiewicz	2009	2013	6 266 449 zł
	Inżynierowanie szczepów <i>Trichoderma</i> o wzmocnionych właściwościach biokontrolnych	doc.	Joanna		Kruszewska	2009	2012	3 153 855 zł
	Zastosowanie pochodnych polilizoprenoidów jako nośników leków i regulatorów.	prof. dr hab.	Ewa		Świeżewska	2010	2014	5 000 000 zł
	Optymalizacja charakterystyki i przygotowania preparatów fagowych do celów terapeutycznych.	dr hab.	Małgorzata		Łobocka	2008	2012	6 576 000 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 zł

3	Badania systemowe czynników genetycznych choroby wieńcowej	dr hab.	Beata		Burzyńska	2009	2012	3 860 000 zł
II.2.7. specjalne	Opracowanie metod: profilowania metabolicznego i ilościowego oznaczania w materiale klinicznym panelu leków immunosupresyjnych oraz oceny ryzyka podania pacjentowi azatiopryny	prof. dr hab.	Michał		Dadlez	2010	2013	2 772 000 zł
	Tytuł projektu	Tytuł	Imię 1	Imię 2	Nazwisko	okres realizacji rok pocz.	okres realizacji rok końc.	Koszt projektu
	Ogółem 1	Narodowy Program Poznania Genomu Ziemiaka	prof. dr hab.	Włodzimierz	Zagórski - Ostoja	2006	2010	6 600 000 zł
	II.2.8. celowe	Tytuł projektu	Tytuł	Imię 1	Nazwisko	okres realizacji rok pocz.	okres realizacji rok końc.	Koszt projektu
	Ogółem 0							
II.2.9. celowe zamawiane	Tytuł projektu	Tytuł	Imię 1	Imię 2	Nazwisko	okres realizacji rok pocz.	okres realizacji rok końc.	Koszt projektu
	Ogółem 0							
	II.2.10.	Tytuł projektu	Tytuł	Imię 1	Nazwisko	okres realizacji rok pocz.	okres realizacji rok końc.	Koszt projektu
	Badania udziału ubikwintynacji zależnej od ligaz Rsp5 i Nedd4 w procesie autofagocytozy u drożdży <i>S. cerevisiae</i> , modelowego organizmu eukariotycznego.	prof. dr hab.	Teresa		Żołądek	2007	2010	417 457 zł
	Oddziaływania domen SH3 w komórkach drożdży <i>Saccharomyces cerevisiae</i> .	prof. dr hab.	Joanna		Rytka	2008	2011	1 045 467 zł
SPUB-y międzynarodowe (tzw. SPUB-M) finansowane przez KBN	Otrzymanie i identyfikacja nowych inhibitorów odwrotnej transkryptazy HIV skierowanych przeciwko szczepom HIV opornym wobec leków przeciwko HIV/AIDS	prof. dr hab.	Tadeusz		Kulikowski	2007	2010	807 247 zł
	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 zł
	Rola kinaz SNRK2 (SNF1-related protein kinases 2) w regulacji wrażliwości roślin na stres deficytu wody i zasolenia	doc.	Grażyna		Dobrowolska	2009	2012	724 100 zł
	Biologia systemów <i>Mycobacterium tuberculosis</i>	dr hab.	Andrzej		Dziembowski	2010	2013	779 621 zł
	Analiza genetyki populacyjnej pasożytów <i>P. falciparum</i>	dr	Szymon		Kaczanowski	2010	2013	411 144 zł
II.2.11. finansowane przez inne poza KBN podmioty/Instytucje krajowe np. zlecane placówce bezpośrednio	Tytuł projektu	Tytuł	Imię 1	Imię 2	Nazwisko	okres realizacji rok pocz.	okres realizacji rok końc.	Koszt projektu

przez resorty	Ogółem		prof. dr hab.	Elżbieta		Grzesiuk	2008	2010	1 400 000 zł
	1		Kierownik projektu				okres realizacji		Koszt projektu
			Tytuł	Imię 1	Imię 2	Nazwisko	rok pocz.	rok.końc.	
II.2.12. finansowane przez podmioty/instytucje zagraniczne (np. ramowe Programy UE; programy NATO)	Tytuł projektu		prof. dr hab.	Teresa		Żoładek	2006	2010	695 763,00 zł
	Signal Transduction by Ubiquitination, a Matter of Location		prof. dr hab.	Joanna		Rytko	2007	2011	696 978,00 zł
	Evolution of the protein-interaction Networks: the SH3 network in Yeast.		prof. dr hab.	Tadeusz		Kulikowski	2007	2009	1 345 413,00 zł
	Preparation and identification of new HIV reverse transcriptase inhibitors targeted against HIV strains resistant to anti-HIV/AIDS drugs.		dr	Jarosław		Poznański	2009	2011	175 000,00 zł
	TFE as the 3D-fold inducer. Application for domain 4 of <i>E. coli RNAP</i> Σ70.		dr	Tomasz		Sarnowski	2010	2013	180 000 zł
II.2.13. przyznane w ramach programu KBN "Iuventus"	Tytuł projektu		Kierownik projektu				okres realizacji		Koszt projektu
			Tytuł	Imię 1	Imię 2	Nazwisko	rok pocz.	rok.końc.	
	Identyfikacja i charakterystyka czynników zaangażowanych w syntezę niekodujących RNA biorących udział w regulacji rearanżacji genomu <i>Paramecium tetraurelia</i>		dr	Jacek		Nowak	2010	2011	150 000 zł
	Poszukiwanie nowych RNAz w metabolizmie mitochondrialnym <i>Saccharomyces cerevisiae</i>		mgr	Olga		Puchta	2010	2011	100 000 zł
	Biogeneza kryptycznych niekodujących RNA u <i>Arabidopsis thaliana</i>		dr	Szymon		Świeżewski	2010	2011	200 000 zł
Ogółem	Wysokoprępowolnowe analizy podstawowych ścieżek degradacji RNA w komórkach ludzkich ze szczególnym uwzględnieniem substratów kompleksu egzozomu.		dr	Rafał		Tomecki	2010	2011	200 000 zł
	Cyklonukleozydy pinydynamowe jako dogodne substraty do syntezy skondensowanych układów heterocyklicznych o potencjalnym działaniu przeciwlękowym, przeciwdepresyjnym oraz przeciwdrgawkowym		dr	Adam		Mieczkowski	2010	2011	200 000 zł
	7								

Razem wszystkie 132	Wieloskalowy system selekcji celów i projektowanie inhibitorów <i>in silico</i>						dr	Paweł	Siedlecki	2010	2011	100 000 zł

II.2.10. Wybrane 3 najważniejsze wyniki badań projektów zrealizowanych i rozliczonych w roku sprawozdawczym (na każdy opis - maks. 500 znaków ze spacjami)

1	Projekt MNISW nr umowy 0144/B/P01/2007/33 Dr hab. Anna Bębenek "Badanie wierności replikacji mutantów polimerazy DNA faga RB69." Poznanie struktury krystalograficznej apoenzymu mutantu polimerazy DNA faga RB69. Wykazanie, że obecność mutacji D714A zaburza geometrię aminokwasów uczestniczących w wiązaniu Mg ²⁺ , niezbędnych do katalizy.
2	Projekt MNIWS nr umowy 1640/B/P01/2008/35 Prof. dr hab. Małgorzata Boguta "Rola kinazy CK2 w regulacji aktywności Maf1, represora transkrypcji tRNA u drożdży." Białko Maf1 oprócz hamowania polimerazy III RNA, pełni także rolę w dojrzewaniu i stabilności tRNA. Inaktywacja Maf1 prowadzi do akumulacji zarówno pierwotnych transkryptów tRNA jak i zawierających introny. Z kolei nadekspresja Maf1 stabilizuje niewłaściwie zmodyfikowane tRNA, które normalnie zostały by skierowane do degradacji. Wykazano, że aktywność biologiczna Maf1 regulowana jest przez mechanizm fosforylacji i defosforylacji. W fosforylacji Maf1 bierze udział wysoce konserwowana kinaza CK2. Fosforylacja Maf1 przez CK2 jest kluczowa dla aktywacji polimerazy III RNA.
3	Projekt MNISW nr umowy 47/PGS/2006/01 Narodowy Program Poznania Genomu Ziemiaka Poznanie sekwencji genomu polskiej odmiany ziemniaka DH Kuba 48/6.

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
-			
-			

b) Uzyskane prawa ochronne na wzory użytkowe

tytuł	data decyzji	nr świadectwa	kraj
-			
-			

c) Wykaz wdrożeń - udokumentowanych i wykorzystanych poza jednostką wyników badań naukowych i prac rozwojowych prowadzonych w jednostce

tytuł przedsięwzięcia	słowa kluczowe	jednostka wdrażająca	forma prawna przekazanania wyników prac B+R	wycena wartości przekazanych wyników badań	opis efektów praktycznych, gospodarczych lub społecznych, uzyskanych poza jednostką
-					
-					
-					

d) Liczba sprzedanych licencji, know-how itp.

w tym:	liczba ogółem
– o opłacie licencyjnej powyżej 1 mln zł	0
– o opłacie licencyjnej od 500 tys. zł do 1 mln zł	0
– o opłacie licencyjnej poniżej 500 tys. zł	0

II. Aktywność naukowa placówki

II.4. Kształcenie (rozwoj) kadr naukowych

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

profesora (nadany przez Prezydenta RP)	
imię 1	imię 2
-	-
-	-

doktora habilitowanego			
imię 1	imię 2	nazwisko	tytuły prac habilitacyjnych
Beata		Burzyńska	Badania genetycznych uwarunkowań wrodzonych niedokrwistości hemolitycznych
Elżbieta	Katarzyna	Kraszewska	Roślinne homologi bakteryjnych białek metabolizmu DNA
Piotr	Henryk	Pawłowski	Mechanokinetyczny model błony komórkowej

doktora			
imię 1	imię 2	nazwisko	tytuły prac doktorskich
Magdalena	Izabela	Ulatowska	Analiza strukturalna i funkcjonalna poliwalentnego bakteriofaga gronkowcowego A5W
Kamil	Józef	Witek	Analiza odpowiedzi Solanum tuberosum na infekcję wirusa ziemniaczanego Y
Przemysław		Ziembkowski	Synteza i właściwości biologiczne 5-trytylowanych analogów nukleozydów pirymidynowych, potencjalnych środków przeciwnowotworowych
Agnieszka		Sujak	Kantaksantyna - silny modyfikator właściwości strukturalnych i dynamicznych błon lipidowych.
Michał	Aleksander	Żmijewski	Rola czynnika uwalniającego kortykotropinę i jego receptora poza układem nerwowym.
Ewa		Ciepichat-Głodowska	Wpływ alkoholu polizoprenoidowych na właściwości błon lipidowych i charakterystyka produktów utleniania polizoprenoidów
Anna	Małgorzata	Trzemecka	Udział reszt aminokwasowych rejonu pętliβ domeny egzonukleazy oraz konserwowanych aminokwasów S565 i Y567 centrum aktywnego polimerazy DNA faga RB69 w kształtowaniu wierności replikacji

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

doktora habilitowanego	doktora
0	6

II.4.3. Studia doktoranckie

liczba uczestników ogółem	w tym: przyjęci w roku sprawozdawczym	liczba uczestników pobierających stypendia ogółem	w tym: przyznanych przez placówkę PAN prowadzącą Studium	w tym: liczba uczestników pobierających stypendium Prezesa PAN
138	43	135	0	0

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
Antonina		Naskalska	Zastosowanie wektora białkowego dodekahedronu adenowirusa jako platformy dla szczepionki przeciw-grypowej	biochemia
Agata		Cena	Pleiotropowe efekty semidominującej mutacji <i>irr1-1</i> w genie kodującym <i>Irr1</i> /Scs3p- element kompleksu kohezyjnego chromatyd siostranych <i>Saccharomyces cerevisiae</i>	biochemia
Justyna	Oliwia	Rudzka	Wpływ białka Dpb2, niekatalitycznej podjednostki holoenzymu Pole, na kontrolę cyklu komórkowego w drożdżach <i>Saccharomyces cerevisiae</i>	biochemia
Iga	Karina	Piekarska	Ccz1, białko zaangażowane w transport wakuolarny, jest niezbędne w procesie sporulacji u drożdży <i>Saccharomyces cerevisiae</i>	biochemia
Piotr		Kaczka	Domena 4 podjednostki σ^{70} z polimerazy RNA <i>Escherichia coli</i> w wodnym roztworze trifluoroetanolu - struktura przestrzenna i jej dynamika	biochemia
Roman	Krzysztof	Górecki	Charakterystyka plazmidowej puli genów szczepu <i>Lactococcus lactis</i> IL594 i jej udziału w ochronie komórki przed szkodliwymi czynnikami	biochemia
Anna		Koryszewska-Bagińska	Plazmidowa pula genów szczepu <i>Lactococcus lactis</i> IL594 i charakterystyka funkcjonalna genów <i>umuC</i> i <i>parAB</i>	biochemia
Magdalena	Barbara	Kusiak	Molekularna i funkcjonalna analiza genu <i>parB</i> z <i>Pseudomonas aeruginosa</i>	biochemia
Agata		Jacewicz	Rola konserwowanych i niekonserwowanych reszt aminokwasowych domeny spodu dłoni w zachowaniu wierności replikacji polimerazy DBA faga RB69	biochemia
Agnieszka		Polkowska - Nowakowska	Zastosowanie spektrometrii NMR w badaniach potencjalnych leków	biochemia
Damian	Jan	Graczyk	Rola kinazy CK2 w Maf1-zależnej regulacji RNA polimerazy III	biochemia
Emilia		Gospodarska	Określenie regionu sekwencji peptydu A β specyficznie oddziałującego z receptorem RAGE	biochemia
Małgorzata	Agnieszka	Bajor	S-nitrozylacja jako modyfikacja potranslacyjna białek S100A1 i S100B	biochemia
Karolina		Makiela-Dzbeńska	Rola polimerazy I DNA w kształtowaniu wierności replikacji chromosomu <i>Escherichia coli</i>	biochemia
Anna	Ewa	Gajda	Regulacja transkrypcji z udziałem polimerazy III RNA w komórkach <i>Saccharomyces cerevisiae</i> : Rola ewolucyjnie konserwowanych domen Maf1, represora polimerazy III RNA	biochemia
Anna		Muszevska	Identyfikacja i analiza <i>in silico</i> transpozonów w genomach grzybów	biochemia

II.4.4. Uczestnicy innych form kształcenia (magistranci, praktykanci, stażyści)
- z wyszczególnieniem poszczególnych form kształcenia
w tym, przyjęci w roku sprawozdawczym:

ogółem
161

forma kształcenia	liczba
magistranci	75
praktykanci	74
stażyści	12
inni	19

II.4.5. Opieka nad studentami

liczba studentów odbywających praktyki ogółem	ogółem	prace magisterskie	
		w uczelniach macierzystych	w placówkach PAN
74	49	23	26

II. Aktywność naukowa placówki

II.5. Aktywność wydawnicza:

II.5.1. Własne wydawnictwa placówki w roku sprawozdawczym

tabela A

ogółem		w tym:						
liczba tytułów	nakład (liczba egzemplarzy)	publikacje zwarte:		publikacje ciągłe:		w tym: czasopisma		
		liczba tytułów	nakład (liczba egzemplarzy)	liczba tytułów	nakład (liczba egzemplarzy)	liczba tytułów	nakład (liczba egzemplarzy)	pozostałe:
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	Imię 1	Imię 2	Nazwisko	temat	nazwa zjazdu lub konferencji	kraj
dr hab.	Maria		Bretnar	Design and synthesis of CK2 inhibitors	6th International Conference on Protein kinase CK2	Kolonia, Niemcy
dr hab.	Jadwiga		Chroboczek	Dodekahedron adenowirusa jako platforma szczepionkowa	BIT's 1st World Congress of Virus and Infections-2010	Korea Południowa
dr	Ewa		Szolańska	Dodekahedron adenowirusowy – wektor transferu	Monolith Summer School and Symposium	Słowenia
prof. dr hab.	Grażyna	Anna	Muszyńska	Structure and function of maize CK2 catalytic subunits	6th International Conference on Protein Kinase CK2	Niemcy
prof. dr hab.	Bernard		Wielgat	Reakcje obronne roślin - szanse ziemniaka w walce z <i>Phytophthora infestans</i>	Polskie Towarzystwo Fitopatologiczne	Polska
prof. dr hab.	Grażyna		Palamarczyk	Rola glikozylacji w morfogenezie <i>C. albicans</i>	Glycomarkers for disease	Polska
prof. dr hab.	Magdalena		Boguta	Mad1, repressor of Polymerase III, is involved in control of tRNA transcription	Gene transcription in yeast, EMBO Conference	Hiszpania
prof. dr hab.	Magdalena		Boguta	Control of tRNA transcription, processing and Stability are Linked due to the General Regulator, Mad1	Conference on RNA Polymerases I & III	USA
prof. dr hab.	Iwona		Fijałkowska	Nowe elementy replisomu kontrolujące wierność replikacji DNA	III Polski Kongres Genetyki Lublin	Polska
dr hab.	Magdalena		Gabig-Cimińska	Genistein influences expression of genes coding for enzymes involved in glycosaminoglycan metabolism and corrects behavior in a mouse model of mucopolysaccharidosis	Society for the Study of Inborn Errors of Metabolism Annual Symposium	Turcja
dr hab.	Alcja		Węgrzyn	Impairment of glycosaminoglycan synthesis as a therapeutic method in mucopolysaccharide disorders: molecular mechanisms and efficiencies of procedures	11th International Symposium on Mucopolysaccharide and Related Diseases	Australia
dr hab.	Alcja		Węgrzyn	Replication of plasmids derived from Shiga toxin-converting bacteriophages in starved <i>Escherichia coli</i>	International Plasmid Biology Conference	Argentyna
dr	Anna		Szambowska	Evidence for direct interactions between <i>Escherichia coli</i> RNA polymerase and	International Plasmid Biology Conference	Argentyna
dr hab.	Małgorzata	Barbara	Łobocka	Involvement of the <i>Escherichia coli</i> IHF protein in varying the relative expression levels of P1 plasmid partition genes	International Plasmid Biology Conference 2010	Argentyna
dr hab.	Małgorzata	Barbara	Łobocka	Genetyka bakteriofagów gronkowcowych - perspektywy dla fagoterapii	Polski Kongres Genetyczny 2010	Polska

prof. dr hab.	Jacek	Hennig	Interakcja patogen roslina - wpływ na ekspresję pojedynczych genów i genomów.	Polski Kongres Genetyki	Polska
prof. dr hab.	Jacek	Hennig	Badania odporności na infekcje PVY z wykorzystaniem roślin ziemniaka jako modelu.	XV Sympozjum Sekcji Wirusologicznej Polskiego Towarzystwa Fitopatologicznego	Polska
dr	Kamil	Witek	Global transcriptomic approach to study the role of the salicylic acid in response of potato to PVY infection	14th Triennial Meeting of the Virology Section, EAPR-2010	Norwegia
prof. dr hab.	Barbara	Tudek	Cockayne syndrome group B protein is engaged in processing of DNA adducts of lipid peroxidation product <i>trans</i> -4-hydroxy-2-nonenal	EU-US workshop on Nucleotide	Słowacja
prof. dr hab.	Barbara	Tudek	Base excision repair in cancer and its modulation by oxidative stress	9th International ISSX Meeting	Turcja
prof. dr hab.	Barbara	Tudek	Modulation of base excision repair by oxidative stress	Annual Meetings Society for Free Radical Research (SFRR)	Norwegia
prof. dr hab.	Barbara	Tudek	Alternative repair pathways of DNA damage induced by lipid peroxidation	XLV Annual Meeting of the Polish Biochemical Society	Polska
prof. dr hab.	Grazyna	Jagura-Burdzy	Global regulatory network of broad-host range RA3 plasmid of IncU	International Plasmid Biology Conference 2010	Argentyna
prof. dr hab.	Andrzej	Jerzmanowski	Kompleksy typu SWI/SNF przebudowujące chromatynę w <i>Arabidopsis</i> modulują szlak sygnałowy Giberelin poprzez bezpośrednie oddziaływanie z białkami DELLA	LV Zjazd Polskiego Towarzystwa Botanicznego Warszawa 2010	Polska
prof. dr hab.	Wojciech	Bal	Ni(II)-dependent peptide bond hydrolysis. Sequence specificity and reaction mechanism.	The 2nd International Conference on Cellular & Molecular Bioengineering	Singapur
prof. dr hab.	Wojciech	Bal	Novel targets for nickel toxicity	The 6th Conference on Molecular Mechanisms of Metal Toxicity and Carcinogenesis	USA
dr	Anna	Wawrzynska	Tobacco family of EIL transcription factors and its role in plant adjustment to sulfur deficiency stress.	8th International Workshop on Sulfur Metabolism in Higher Plants; Sulfur Metabolism in Plants: Mechanisms and Application to Food Security and responses to Climate Change	Australia
mgr	Katarzyna	Zientara-Ryfter	Sulfur deficit affects components involved in protein degradation in tobacco.	8th International Workshop on Sulfur Metabolism in Higher Plants; Sulfur Metabolism in Plants: Mechanisms and Application to Food Security and responses to Climate Change	Australia

mgr	Grzegorz		Moniuszko	Ethylene involvement in plant response to sulfur deficit	8th International Workshop on Sulfur Metabolism in Higher Plants; Sulfur Metabolism in Plants: Mechanisms and Application to Food Security and responses to Climate Change	Australia
dr hab.	Andrzej		Dziembowski	RNA pathways toward the catalytic centres of the exosome complex	RNA Quality Control (EMBO workshop)	Austria
dr hab.	Andrzej		Dziembowski	RNA pathways toward the catalytic centres of the exosome complex	EURASNET Interdisciplinary Focus Meeting: Frontiers in Structural Biology of RNAs & RNPs	Polska
dr	Rafał		Tomecki	Biochemical activities of human Dis3 orthologs	RNAQuality workshop for PhD students and Postdocs	Francja
mgr	Karolina		Drażkowska	RNA pathways towards the catalytic centres of exosome complex	RNAQuality workshop for PhD students and Postdocs	Francja
mgr	Michał		Tubas	Identification of novel RNA degradation pathways in human cells	RNAQuality workshop for PhD students and Postdocs	Francja

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	Nazwisko			
prof. dr hab.	Ewa	Świeżewska	Biosynthesis and putative biological role of polyisoprenoid lipids in plants	N.D. Zelinsky Institute of Organic Chemistry, Russian Academy of Sciences	Rosja
prof. dr hab.	Ewa	Świeżewska	Geranylgeranylation of plant Rab proteins	Shemyakin - Ovchinnikov Institute of Bioorganic Chemistry of the Russian Academy of Sciences	Rosja
dr	Kamil	Witek	Salicylic acid plays a critical role in Potato virus Y spreading in potato plant carrying Ny-1 gene.	The Sainsbury Laboratory	Anglia
prof. dr hab.	Wojciech	Bal	Metal-dependent peptide bond hydrolysis: chemical mechanisms, biological significance and biotechnological applications	National Cancer Institute at Frederick	USA

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
Rosja	N.D. Zelinsky Institute of Organic Chemistry, Russian Academy of Sciences	umowa o współpracy dwustronnej	2010-2011
Francja	prof. Olivier Lefebvre	Międzynarodowe Projekty Doktoranckie (MPD)	2010-1014
Unia Europejska	Ger strous-coordinator	Ubieregulators MCRTN-CT-2006-034555	2007-2010
USA	Anita Hopper, Ohio State University	Międzynarodowe Projekty Doktoranckie (MPD)	2010-2014
Czechy	Institute of Experimental Botany AS CR, Praha;	MEB 051026; 8070/2010	2010-2011
Słowenia	The National Institute of Biology - Dr Maruša Pompe Novak	Umowa o współpracy w dziedzinie nauki i techniki między Rządem Rzeczypospolitej Polskiej a Rządem Republiki Słowenii z dnia 23. 05. 1996	2010-2011
Niemcy	Max Planck Institute for Plant Breeding Research - Dr. Jane	Letter of intent to collaborate on PhD thesis project	2010-2014
Hiszpania	Centre for Genomic Regulation, Barcelona - koordynator Luis Serrano	Evolution of protein-interaction networks:the SH3 network in yeast species	04.2007 - 03.2011
Francja	Uniwersytet Orleański	Agreement for an international supervision of PhD Thesis	10.2010-09.2013
Francja	CNRS, IGR, Villejuif	Międzynarodowe Projekty Doktoranckie (MPD)	08.2010 – 07.2014
Francja	CNRS, IGR, Villejuif	research agreement	10.2008-10.2011

Norwegia	University of Oslo	umowa konsorcyjna	07.2008 - 12.2010
Norwegia	Institute of Microbiology, Rikshospitalet HF	umowa konsorcyjna	07.2008 - 12.2010
Francja	Centre de Genetique Moleculaire CNRS	GDRE "Paramecium Genome Dynamics and Evolution	01.2010-12.2013
Hiszpania	CRG	Umowa Konsorcyjna	04.2010-04.2014

II. 7.2. Zagraniczne instytucje naukowe, z którymi placówka współpracuje w sposób ciągły bez zawartego porozumienia.

liczba ogółem: 59

II. 7.3. Tematy realizowane we współpracy z zagranicą:

liczba tematów: 48

II. 7.4. Uzyskane rezultaty współpracy:

np.: wspólne publikacje, patenty, nowe metody badawcze i technologie
W roku sprawozdawczym we współpracy: opublikowano 14 publikacje; kolejnych 2 przyjęto do druku bądź są w przygotowaniu.

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
-													
-													

II.8.2. Działalność naukowa:

liczba opublikowanych (łącznie) prac:

wybrane ważniejsze wyniki (3)
-
-
-

działalność dydaktyczna
-

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

-

II. Aktywność naukowa placówki

II.9. Działalność dydaktyczna

II.9.1. Działalność dydaktyczna placówki (wg zamieszczonej tabeli):

wyszczególnienie	zajęcia ze studentami (wykłady, ćwiczenia, seminaria, itp.)		wykłady (inne, poza zajęciami ze studentami)	
	liczba osób prowadzących	liczba godzin	liczba osób prowadzących	liczba godzin
1. W kraju	5	270	1	60
a) uczelnie wyższe:	2			
- indywidualna	5	286	1	8
- na podstawie umowy	11	90	1	60
- pozostałe	3	160	5	160
b) inne	1	8		
2. Za granicą				

II. Aktywność naukowa placówek

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
-					
-					
-					
-					
-					
-					

II. Aktywność naukowa placówki

II.11. Działalność zaplecza naukowego o charakterze ogólnodowodowskowym tym:

II. 11.1. Biblioteki, z tego:

komputerowe katalogi biblioteczne	komputerowe bazy danych	
HORIZON		
bibliograficzne bazy danych	z podziałem na abstraktowe	pełne teksty
	Web of Knowledge, Medlaine, PubMed	American Chemical Society, Cell Press, Oxford, Wiley- Blackwell Licencje krajowe:Elsevier, Springer, Nature, Science, czasopisma z przetargu u agenta ABE Marketing

- zasoby

liczba nabytków	rodzaj
52	książek
38	tytułów czasopism drukowanych

- udostępnianie zbiorów

liczba korzystających	524
-----------------------	-----

II. 11.2. Muzea, wystawy, kolekcje specjalistyczne i eksponaty, banki zasobów genetycznych in.

- eksponaty, kolekcje:

rodzaj nabytków
Centralna kolekcja szczepów IBB gromadzi: plazmidy, szczepy bakteryjne, drożdże, organizmy transgeniczne (8.361 w sieci). 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 (Bakteriofagi oraz Izolanty Środowiskowe). W 2010 roku zasoby kolekcji „COLIBB” wzrosły do: 3010 szczepów bakteryjnych, 3798 szczepów drożdżowych i 2050 plazmidów. W przygotowaniu do zdeponowania jest 190 szczepów drożdżowych, 175 szczepów bakteryjnych, 30 plazmidów. 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 wchodzi szczepy (bakterie i grzyby) izolowane ze środowisk naturalnych. Wymienione szczepy poddawane są dokładnej analizie mającej na celu ich charakterystykę. Wymienione szczepy poddawane są dokładnej analizie mającej na celu ich charakterystykę. Wymienione szczepy poddawane są dokładnej analizie mającej na celu ich charakterystykę. 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 Baumannie</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 rhamnosus</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. Gatunek drożdży zdeponowany w kolekcji: <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.

III.151

Działalność zaplecza naukowego

II. 11.3. Laboratoria, stacje diagnostyczne, obserwatoria, prace terapeutyczne itp.:

- usługi i świadczenia (pomiary, 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, systemy jakości:

-
-
-

II. Aktywność naukowa placówki

II. 12. Nagrody, wyróżnienia naukowe uzyskane przez pracowników PAN w roku sprawozdawczym

II.12.1. Nagrody krajowe i zagraniczne przyznane za działalność naukową

nazwa / rodzaj nagrody	za co przyznane	przez kogo	komu
Nagroda za publikację	za pracę: "Yeast prion [PSI ⁺] lowers the levels of mitochondrial prohibitins."	Rada Naukowa IBB	Damian Graczyk, Joanna Towpik Magdalena Boguta, Michał Dadlez, Jarosław Poznański
Nagroda Ministra Nauki i Szkolnictwa Wyższego	za cykl publikacji dotyczący mechanizmów ekspresji genów toksyn Shiga w komórkach <i>Escherichia coli</i>	Minister Nauki i Szkolnictwa Wyższego	Alicja Węgrzyn
Nagroda Polskiego Towarzystwa Genetycznego	za najlepszy cykl publikacji oryginalnych wydanych w latach 2007-2010	Polskie Towarzystwo Genetyczne	Alicja Węgrzyn, Anna Szambowska
ePosters.net best poster	poster na konferencji Mass Spectrometry Europe we Florencji: "Sequence Specific Nickel2 Dependent Peptide Bount Hydrolysis for Protein Engineering Combinatorial Library Determination of Optimal Sequences"	ePosters.net	mgr inż. Anna Maria Protas
Nagroda Premiera za Rozprawę Habilitacyjną	za rozprawę habilitacyjną	Premier Rzeczypospolitej Polskiej	Andrzej Dziembowski
Nagroda Polskiego Towarzystwa Biochemicznego	za najlepszą pracę doktorską z biochemii obronioną w 2009 r.	PTBioch	Roman Szczęsny
START "Stypendia krajowe dla młodych uczonych"	Stypendia krajowe dla młodych uczonych	Fundacja na Rzecz Nauki Polskiej	Roman Szczęsny

II.12.2. Nagrody i wyróżnienia przyznane za praktyczne zastosowanie wyników B+R

nazwa / rodzaj nagrody	za co przyznane	przez kogo	komu
-			
-			
-			

III. Zatrudnienie

III.1. Zatrudnienie wg stanu na 31 XII roku sprawozdawczego- (w Jednostce PAN jako głównym miejscu pracy)

Uwaga: wartości w kolumnach "ogółem w osobach" oraz "razem" zliczane są automatycznie.

ogółem w osobach	pracownicy naukowí					pozostali pracownicy
	razem	profesorowie	w tym: czł. PAN	docenci	adiunkci	asystenci
192	125	34	2	9	31	51
						67

ogółem: 192 , w tym:

III.1.1. Zatrudnienie w działalności B+R (razem/w tym kobiety)

a) w przeliczeniu na pełny wymiar czasu pracy

ogółem	w tym ze stopniem naukowym:					pozostali z wykształceniem:	
	profesora	doktora hab.			doktora	wyższym	średnim
		w tym: członkowie PAN					
175,225/116,54	24,925/12,9	0,66/0	12,18/8,18	85,82/58/16		43/31	9,3/6,3
							0/0

b) w przeliczeniu na ekwiwalenty EPC ¹⁾

ogółem	w tym ze stopniem naukowym:					pozostali z wykształceniem:	
	profesora	doktora hab.			doktora	wyższym	średnim
		w tym: członkowie PAN					
130,03/86	14,43/6,9	0,6/0	7,2/4,6	66,8/44/6		34,1/24,8	7,5/5,1
							0/0

III.1.2. Zatrudnienie poza działalnością B+R (razem/w tym kobiety) - (w przeliczeniu na pełny wymiar czasu pracy):

ogółem: 249,9901/171,52

III.2. Zatrudnienie średnioroczne w przeliczeniu na pełne etaty:

ogółem: 245,9
w tym naukowych: 113,93

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 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	Fax	WWW	inne
Pawińskiego	5a	+48228237189	cebmb@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 Miedycyny Doświadczalnej i Klinicznej PAN 2. Instytut Farmakologii PAN 3. Instytut Fizyki Jądrowej PAN im. H. Niewodniczańskiego 4. Wojskowy Instytut Medycyny 5. Instytut Biochemii i Biologii 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 Biologii 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 Biocybetyki 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. Dział w oparciu o wspólną platformę wymiany informacji umożliwiająca 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 wciągnęły większość 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 organizminalny 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 Roslin 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 Górnolaskie, 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

		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 w Olsztynie 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
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	

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. Instytut Biochemii i Biofizyki 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. Instytut Biochemii Biofizyki PAN 3. Instytut Informatyki UMK 4. IChF PAN
POL - OPENSREEN	biochemia	1. Instytut Biologii Medycznej PAN 2. Instytut Biochemii i Biofizyki PAN 3. Instytut Chemii Bioorganicznej PAN 4. Instytut Farmakologii PAN 5. Instytut Farmaceutyczny PAN 6. Centrum Badań Molekularnych i Makromolekularnych PAN
Konsorcjum CBFPE	biologia	1. Instytut Biochemii Biofizyki PAN 2. Instytut Systematyki i Ewolucji Zwierząt PAN 3. Instytut Nauk Geologicznych PAN 4. Uniwersytet Wrocławski PAN 5. Uniwersytet Warszawski