

INSTYTUT BIOCHEMII I BIOFIZYKI

Polskiej Akademii Nauk

ul. Pawińskiego 5A
02-106 Warszawa

SPRAWOZDANIE Z DZIAŁALNOŚCI
za 2011 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-Ostoja	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-Ostoja	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	
prof. nadzw. 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. Śledziewska-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 mutageny i reperacja adduktów cyklicznych	
prof. dr hab. J. Kuśmerek	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 Doktoranckie 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 niskopięowego 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 hab. 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 hab. 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 hab. M. Prymakowska-Bosak	I.51
Temat nr 62: Synteza białek biologicznie czynnych w heterologicznych systemach ekspresyjnych	
prof. nadzw. 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	
dr A. Anielska-Mazur, dr M. Lichocka	I.61
Pracownia Analiz Mikromacierzy	
dr hab. 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.68

Środowiskowe Laboratorium Magnetycznego Rezonansu Jądrowego	
prof. dr hab. A Ejchart.....	I.69
Środowiskowe Laboratorium Spektrometrii Mas	
prof. dr hab. M. Dadlez	I.70
Lista seminariów instytutowych	I.71-I.74
Lista publikacji.....	II
Artykuły.....	II.75-II.90
Abstrakty	II.91-II.120
Prace doktorskie	II.121-II.123
Prace magisterskie	II.124-II.127
Miscellanea.....	II.128
Publikacje, abstraktu, miscellanea za rok 2010, które nie znalazły się w ubiegłorocznym sprawozdaniu	II. 129
Inne ważne informacje o działalności IBB PAN	III
Podstawowe dane	III.130
Publikacje placówki.....	III.131-III. 142
Realizowane projekty badawcze.....	III. 143-III.148
Wybrane wyniki badań	III.148
Działalność placówki o charakterze innowacyjnym, aplikacyjnym	III.149
Kształcenie (rozwój) kadr naukowych	III.150-III.151
Aktywność wydawnicza	III.152
Upowszechnianie i promocja osiągnięć naukowych	III.153-III.155
Współpraca naukowa z zagranicą.....	III.156-III.157
Międzynarodowe centra naukowe	III.158
Działalność dydaktyczna	III.159
Udział placówki w organizacji krajowego życia naukowego	III.160
Działalność zaplecza naukowego o charakterze ogólno-środowiskowym	III.161
Nagrody, wyróżnienia naukowe uzyskane przez pracowników PAN w roku sprawozdawczym	III.162
Zatrudnienie.....	III.163
Centra doskonałości, sieci i konsorcja naukowe	III.164-III.168

**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 (do 31.01.2011)

prof. dr hab. Andrzej Jerzmanowski (od 01.02.2011)

Instytut Biochemii i Biofizyki PAN ma uprawnienia do nadawania stopni doktora i doktora habilitowanego nauk biologicznych w zakresie biologii, biochemii i biofizyki.

NAKŁADY NA DZIAŁALNOŚĆ IBB PAN w 2011 r.:

Przyznane dotacje	49.133.698,68
<i>w tym:</i>	
Działalność statutowa	20.099.771,00
Projekty badawcze MNiSW (granty)	6.514.235,00
Projekty UE (VI i VII ramowy)	1.606.325,79
SPB-M	1.507.389,00
Projekty zamawiane	0,00
Fundusze strukturalne	15.735.097,89
Program specjalny	53.620,00
Programy rozwojowe	2.333.892,00
Wspólna sieć naukowa	0,00
Pozostałe projekty badawcze	491.750,00
Dotacja celowa dla młodych naukowców	761.618,00
Restrukturyzacja	30.000,00
Inwestycja aparaturowa	0,00
Modernizacja instytutu	0,00
Inne	7.946.867,67
<i>w tym:</i>	
Działalność gospodarcza	1.180.087,08
Sprzedaż usług naukowych	2.385.778,55
Konferencje i HORIZON	835.719,52
Działalność finansowa	555.144,88
Pozostałe	2.990.137,64

ŁĄCZNIE: 57.080.566,35

PUBLIKACJE IBB PAN w 2011 r.:

• podręczniki/monografie lub ich rozdziały	5
• publikacje ukazujące się w czasopismach recenzowanych o zasięgu międzynarodowym	111
• publikacje ukazujące się w naukowych czasopismach krajowych	5
• prace popularno-naukowe	0
• doniesienie zjazdowe i konferencyjne	216
• inne publikacje	1
OGÓŁEM:	336

Sprawozdanie merytoryczne
z działalności statutowej
za 2011 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 Ramendra K. Singh
(do 09.02.2011), prof. dr hab. David Shugar

Rozpoczęto badania nad nowymi prolekami 2',3'-dideoksy-didehydrotymidyny (D4T) przeciwko HIV/AIDS. W celu zwiększenia penetracji do komórek zsyntetyzowano szereg lipofilowych 5'-O-mirystoilowanych pochodnych D4T z różnymi podstawnikami na końcu łańcucha mirystynowego (Br, MeO, EtS, EtSCH₂, N₃ i CH₃). Związki te ulegają rozszczepieniu w komórce do związków macierzystych, działających jako dwufunkcyjne inhibitory odwrotnej transkryptazy HIV i N-mirystoil Co:A-proteino-N-mirystoilotransferazy. Aktywność przeciwwirusową (EC₅₀ i EC₉₀) wyznaczono w liniach komórkowych CEM-T4 i MT4 (współpraca z zespołem dr. Andrzeja Piaska z NCZP, Warszawa), uzyskując EC₅₀ 0,06-0,22 μM, a EC₉₀ 0,14-1,1 μM (dla stawudyny 0,08 i 1,1 μM). Zakończono i opublikowano syntezę i badanie właściwości biologicznych serii tionowanych pochodnych FLT, które wykazały niską cytotoksyczność i silną aktywność *in vitro* wobec szczepu dzikiego HIV-1 i szczepów lekoopornych. Ich 5'-trifosforany inhibowały warianty odwrotnej transkryptazy z mutantów HIV-1. S⁴FLTMP i FLTMP można uznać za potencjalne środki przeciwko HIV/AIDS. Zakończono i opublikowano syntezę i badanie modyfikowanych 5'-trytylonukleozydów jako inhibitorów dUTPazy *Plasmodium falciparum*, potencjalnych leków przeciwko malarii. Na podstawie oddziaływań z dUTPazą i z pasożytem, przeprowadzono analizę SAR, wykazując, że wariacje strukturalne grupy 5'-trytylowej i podstawników 3'-rybozy nie wpływają na aktywność analogów, natomiast nie jest tolerowana modyfikacja zasady uracylowej. Opublikowano obszerny przegląd dotyczący zastosowań Poissona-Boltzmann modelu solwatacji ciągłej do analizy zależnych od pH elektrostatycznych właściwości białek, takich, jak ich stabilność, przejścia konformacyjne, oddziaływania z innymi biomolekułami, jak również zależność od pH procesów katalizy enzymatycznej. Problemy te są rozpatrywane z perspektywy wpływu protonacji na mechanizmy molekularne procesów biologicznych zachodzących w żywych komórkach.

Najważniejszy wynik badawczy:

Wykryto 2 związki o aktywności przeciwko HIV wyższej niż aktywność stawudyny.

PUBLIKACJE: 4499, 4533, 4536, 3092/A

Temat nr 1.1: Nowe związki o działaniu przeciwwirusowym i przeciwnowotworowym

Zespół: prof. nadzw. dr hab. Maria Bretner, mgr Andzelika Najda-Bernatowicz,
mgr Małgorzata Makowska, mgr Romualda Wąsik

W oparciu o dane literaturowe projektujemy i syntetyzujemy nowe związki – modyfikowane związki heterocykliczne, o właściwościach przeciwwirusowych i/lub przeciwnowotworowych. Celem działania naszych związków jest helikaza wirusa zapalenia wątroby typu C (HCV) oraz/lub kinaza kazeinowa CK2, której podwyższoną ekspresję/aktywność stwierdzono w licznej grupie chorób nowotworowych.

Opracowaliśmy metodę syntezy nowych analogów benzotriazolu i benzimidazolu z podstawnikami w pierścieniu triazolowym lub imidazolowym, między innymi 3-(4,5,6,7-tetrabromo-1H-benzimidazol-1-yl)propano-1,2-diolu; amidu 3-(4,5,6,7-tetrabromo-1H-benzimidazolo-1-yl) propionowego; 3-(5,6,7-tribromo-4-metylo-1H-benzotriazolo-1-yl)propan-1-olu; 1-(4,5,6,7-tetrabromo-2H-benzotriazolo)-propan-2-onu.

Zbadaliśmy wpływ syntetyzowanych związków na aktywność podjednostki katalitycznej α kinazy CK2. Kontynuując badania nad potencjalnymi inhibitorami helikazy HCV opracowaliśmy metody syntezy nowych analogów tropolonu m.inn.: 3,5,7-tri (p-fluorofenylo- piperazyno- metyleno) tropolonu, 3,5,7- tri (p-chlorofenylo- piperazyno- metyleno) tropolonu.

Najważniejszy wynik badawczy:

Opracowanie metod syntezy i oczyszczania nowych pochodnych benzotriazolu i tropolonu.

PUBLIKACJE: 4489, 4503, 4537, 4574, 624/N

Temat nr 5: Regulacja ekspresji genowej, synteza i struktura białek

Temat nr 5.1: Terminalne białko wirusa ziemniaka Y.

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

Opierając się na doniesieniach o lokalizacji potywirusowych białek VPg we frakcjach błonowych zainfekowanych komórek roślinnych, podjęto próbę zbadania oddziaływania białka VPg oraz peptydów-VPg z lipidami wchodzącymi w skład błon komórkowych, przy użyciu lipidów umieszczonych na membranie Lipid StripsTM (Echelon). Okazało się, że VPg oddziałuje silnie z sulfatydem (glikosfingolipid), natomiast peptydy pVPg1 i pVPg5 oddziałują z sulfatydem i kardiolipiną (glicerofosfolipid), podczas gdy pVPg1 oddziałuje również z fosforanem inozytolu (glicerofosfolipid).

Dla scharakteryzowania potencjalnych partnerów komórkowych białka VPg przygotowano ekstrakty białkowe z komórek liści tytoniu oraz z ludzkich komórek rakowych HeLa, które użyto w testach oddziaływania z białkiem VPg będącym w fuzji z tagiem GST. Uzyskane kompleksy oczyszczono na złożu glutationowym, potem frakcjonowano w żelu poliakrylamidowym, a następnie przekazano je do analizy metodą spektrometrii mas. Pozwoliło to na zidentyfikowanie trzech ludzkich białek: MTHSP75, HSP70 oraz prekursora GRP78, które przypuszczalnie oddziałują z VPg wirusa Y ziemniaka. Białka te należą do grupy białek szoku cieplnego.

Dla dokładnego poznania domeny eIF(iso)4E oddziałującej z białkiem VPg wirusa PVY, podjęliśmy próbę sklonowania oraz nadprodukcowania w systemie bakteryjnym białka fuzyjnego FP1. Białko to zaprojektowano tak, że w części N-końcowej znajduje się peptyd pVPg4, w części C-końcowej eIF(iso)4E, natomiast w części centralnej umiejscowiono peptyd łącznikowy, który dzięki swojej półsztywnej strukturze wymuszałby na pVPg4 i eIF(iso)4E taką konformację, by białka te podczas procesu składania ustawiły się „naprzeciw siebie”.

Najważniejszy wynik badawczy:

Badania wykazały, że białka VPg wirusa PVY oraz pochodzące z niego peptydy oddziałują z lipidami zaliczanymi do grupy glikosfingolipidów oraz glicerofosfolipidów. Przypuszcza się, że biologiczna rola tej interakcji ułatwia transport białek wirusa lub jego RNA przez dwuwarstwą lipidową lub też indukuje lub reguluje zmiany w błonach komórkowych w celu utworzenia odpowiedniego środowiska do replikacji wirusów.

PUBLIKACJA: 4552

Temat nr 5.2: Badania nad strukturą i funkcją białek owadzych

Zespół: dr hab. Krystyna Grzelak, dr Angela Dwornik (do 02.2011)

Kontynuowano badania nad rekombinowanym białkiem SPI2 (silk protein inhibitor) – silnym inhibitorem proteaz serynowych. Za pomocą techniki NMR określona została struktura przestrzenna dwóch mutantów rSPI, zawierających mutacje punktowe w miejscu aktywnym P1: zamiana Thr→Ala i Thr→Tyr. Badania te mają na celu uzyskanie inhibitora, który zachowując wysoką aktywność wobec bakteryjnych i grzybowych proteaz będzie jednocześnie silnie hamował inne proteazy np. chymotrypsynę.

Poznana została również struktura krystalograficzna rSPI2 (grupa prof. M. Jaskólskiego, Wydział Chemii, UAM). Wyniki dotyczące struktury białka zostaną opublikowane.

Najważniejszy wynik badawczy:

Określenie struktury krystalograficznej rSPI2.

PUBLIKACJA: 4522

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 wektorem zbudowanym z 12 kopii białka odpowiedzialnego za wnikanie wirusa do komórek gospodarza. Dd penetrując komórki oddziałuje z proteoglikanami siarczanu heparanu oraz integrynami α_v – receptorami znajdującymi się w znacznej ilości, odpowiednio na powierzchni hepatocytów i naczyń krwionośnych odżywiających guzy złośliwe. Powinowactwo to wskazuje na potencjalny tropizm Dd do nowotworów wątroby.

Wykazaliśmy już na przykładzie bleomycyny, że przyłączenie do dodekahedronu umożliwia 100-krotne obniżenie dawki leku. W 2011 roku prowadziliśmy badania dotyczące wykorzystania wektora do dostarczenia dwóch inhibitorów proliferacji komórkowej do raka wątrobowokomórkowego (ang. *hepatocellular carcinoma*, HCC). Przygotowaliśmy dwa rodzaje koniugatów: 1) z doxorubicyną (Dd-dox) lekiem skutecznym w terapii HCC, ale wywołującym szkodliwe działania uboczne, oraz 2) z analogiem m7G kapu (Dd-kap) – potencjalnym czynnikiem terapeutycznym o działaniu antagonistycznym w stosunku do onkogenu – czynnika inicjacji translacji eIF4E. Syntetyczne analogi kapu nie były dotychczas użyte jako inhibitory kap-zależnej translacji w celu zapobiegania podwyższonej ekspresji białek w hodowlach komórkowych lub *in vivo*, ze względu na to, że podobnie jak inne nukleotydy, nie są zdolne do penetracji błon biologicznych.

Wykazaliśmy, że koniugaty Dd-dox i Dd-kap wydajnie wnikają do komórek w hodowli, wywołując zahamowanie proliferacji w hodowlach komórek HeLa oraz komórek nowotworów wątroby – ludzkich HCC PLC/PRF/5 i szczurzych MH3924. Pozytywne wyniki testów funkcjonalności koniugatów *in vitro* były podstawą do rozpoczęcia badań *in vivo*. Aktualnie prowadzimy doświadczenia w szczurzym modelu HCC realizowane we współpracy z kierowanym przez prof. J-F Dufur'a Zakładem Farmakologii Klinicznej Uniwersytetu w Bernie (Szwajcaria).

Najważniejszy wynik badawczy:

Przyłączone kowalencyjnie do dodekahedronu analogi kapu mogą być dostarczane do komórek nowotworowych w hodowli oraz do guzów w zwierzęcym modelu nowotworu, co stwarza nowe możliwości badawcze oraz aplikacyjne.

PUBLIKACJE: 4551, 3094/A

Temat nr 6: Sekwencjonowanie genomów wybranych szczepów wiroidów i wirusów roślinnych oraz ich detekcja

Temat nr 6.1: Molekularne podstawy infekcji wiroidowej

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

Kontynuowano badania zmienności genomu wiroida wrzecionowatości bulw ziemniaka PSTVd w zależności od temperatury i czasu infekcji. Rośliny pomidora odmiany Rutgers zakażono dwoma wariantami sekwencyjnymi, ostrym (PSTVd-S23) i łagodnym (PSTVd-M), oraz wygenerowanymi *in vitro* bankami mutantów domeny P (PSTVd-PM1) i domeny TL (PSTVd-TL). Doświadczenie zostało przeprowadzone w dwóch wariantach temperaturowych (21⁰C i 28⁰C), aby śledzić presję selekcyjną. W celu monitorowania zmienności populacji w trakcie rozwoju infekcji, próbki liści pobierano po trzech, sześciu i ośmiu tygodniach od zakażenia. Po wyizolowaniu totalnego RNA z roślin uzyskano produkty RT-PCR z wykorzystaniem specyficznych starterów komplementarnych do silnie konserwowanego regionu PSTVd tzw. CCR. Przy użyciu sekwenatora genomowego GS FLX Titanium firmy Roche przeprowadzono masowe sekwencjonowanie większości przygotowanych preparatów. Uzyskano około 40 000 odczytów dla jednej próbki. Po otrzymaniu wszystkich odczytów przeprowadzona zostanie analiza porównawcza sekwencji genomu wiroidów uzyskanych w poszczególnych eksperymentach uwzględniających różną temperaturę i czas od infekcji.

Najważniejszy wynik badawczy:

Przeprowadzono masowe sekwencjonowanie populacji wiroida w celu charakterystyki jej struktury i zmienności w roślinnym gospodarzu w zależności od temperatury i czasu infekcji.

PUBLIKACJA: 4488

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 Małgorzata Gutkowska-Stronkowska, mgr Katarzyna Gawarecka, techn. Józefina Hertel, dr Wiesław Jankowski, mgr Adam Jóźwiak, mgr Agata Lipko, mgr Joanna Siedlecka, dr Karolina Skorupińska-Tudek, dr Liliana Surmacz, magistrantki (do 30.06.2011): Magdalena Hardej, Anna Leja, Magdalena Płes, studenci PW (od 01.10.2011): Marta Wnuk (magistrantka), Katarzyna Rojkowska (inżynierantka), Dawid Kapica (inżynierant)

Badano wpływ stresu osmotycznego na udział szlaków MVA i MEP w biosyntezie dolicholi w korzeniach *Arabidopsis* (wsp. dr Konrad Zdanowski). Ustalono metodykę oceny profilu lipidów izoprenoidowych w roślinach rzodkiewnika hodowanych w warunkach hydroponicznych i na pożywce stałej, rozpoczęto badania nad wpływ inhibitorów szlaku MVA i MEP na ten profil.

Badano produkty oksydacji modelowych izoprenoidów (citronellol) tlenem singletowym w warunkach naświetlania i w ciemności (wsp. prof. Z. Czarnocki, UW).

Kontynuowano badania nad mutantem insercyjnym *A. thaliana* z obniżoną aktywnością RabGGTazy (wstawka w genie kodującym REP), wykazano obecność w roślinach *rep-1* i *rep-2* skróconych peptydów REP, badano fenotyp mutantów – obserwowano zmiany dystrybucji barwnika FM1-43 i zwiększona akumulację skrobi (wsp. dr M. Lichocka).

Zbadano profil ekspresji 10 genów kodujący *cis*-prenylotransferazy (synteza łańcucha poliizoprenoidowego) rzodkiewnika, sklonowano *AtCPT6* i wstępnie scharakteryzowano jego produkt białkowy.

Badano wpływ APrenoli (jodki prenylotrimetyloamoniowe) na wielkość liposomów metodą korelacyjnej spektroskopii fotonowej. Kontynuowano badania nad APrenolami – przygotowano kolejne porcje czystych prenoli (wsp. prof. prof. W. Danikiewicz, M. Chmielewski, IChO; Z. Madeja UJ; M. Małecki, COI; E. Kompanowska-Jeziarska, IMDiK).

Opracowano technologię preparatyki poliizoprenoidów minimalizującą generowanie toksycznych odpadów (recykling rozpuszczalników). Kontynuowano działalność Kolekcji Poliprenoli – udostępniono preparaty poliizoprenoidowe kilkunastu grupom badawczym.

Najważniejszy wynik badawczy:

Opisanie tkankowo-specyficznej ekspresji *ATCPT*; powiązanie fenotypu mutantów *rep-1* i *rep-2* z obecnością skróconych peptydów REP.

PUBLIKACJE: 4502, 4510, 4524, 4527, 4567, 2958/A, 2959/A, 2960/A, 2961/A, 2962/A, 2963/A, 2977/A, 2978/A, 3032/A, 3033/A, 3034/A, 3035/A, 3036/A, 3037/A, 3038/A, 3039/A, 3040/A, 3051/A, 3062/A, 3063/A, 3068/A, 629/N, 630/N, 634/N

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

Zespół: prof. dr hab. Grażyna Muszyńska, dr Jadwiga Szczegielniak, mgr Lidia Borkiewicz (doktorantka) mgr Elżbieta Lewandowska-Gnatowska (do 30.06.2011),

W okresie sprawozdawczym badana była rola fizjologiczna kukurydzianej kinazy ZmCPK11. Wykorzystaliśmy w tym celu rośliny transgeniczne *Arabidopsis thaliana* produkujące tę kinazę ze znacznikiem c-Myc. Badania obejmowały poszukiwanie białek oddziaływujących i substratów komórkowych ZmCPK11 oraz analizę roślin transgenicznych. Białka immunoprecypitowano przy użyciu przeciwciał skierowanych przeciwko c-Myc. Wytracone wraz c-Myc-ZmCPK11 białka identyfikowano przy użyciu spektrometrii mas. Do dalszych badań wytypowano białka oddziaływujące z ZmCPK11 wykazujące aktywność ATP-azy, endonukleazy, kinazy białkowej, oksydoreduktazy NADPH i hydrolazy. Interesującym było wykazanie, że niektóre białka oddziaływujące z ZmCPK11 posiadają właściwości wiązania RNA, DNA i jonów metali.

ZmCPK11 jest aktywowana w odpowiedzi na zranienie, dotyk, stres zimna, stres ciepła, zasolenie i stres oksydacyjny. Ponadto, w zastosowanym układzie doświadczalnym (*A. thaliana* produkujące c-Myc-ZmCPK11), ZmCPK11 jest pozytywnym regulatorem genów markerowych zranienia (*PDF 1.2*, *VSP2*, *JR3*, *WR3*) i genów markerowych zimna (*CBF1*, *CBL1*, *ZAT10*). Powyższe wyniki świadczą o tym, że ZmCPK11 jest wielofunkcyjnym enzymem, który pełni istotną rolę w powiązaniach pomiędzy szlakami przekazywania sygnałów w odpowiedzi na różne stresy abiotyczne.

Najważniejszy wynik badawczy:

ZmCPK11 jest aktywowana w odpowiedzi na wiele stresów abiotycznych. *ZmCPK11* jest pozytywnym regulatorem genów markerowych zranienia i zimna.

PUBLIKACJE: 4503, 4519, 4538, 3076/A, 3101/A, 3102/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 Urszula Maciejewska (do 01.04.2011)

W okresie sprawozdawczym przeprowadzano próby krzyżowania wstecznego celem wprowadzenia cech odporności na *Phytophthora infestans* (*P. inf.*) z mieszańców somatycznych do ziemniaka uprawnego i uzyskania generatywnego potomstwa. Rośliny uzyskane z krzyżowania pyłkiem *Solanum tuberosum* odm. Gracja różnych mieszańców somatycznych *S. nigrum* (+) *S. tuberosum* (NT) i *S. villosum* (+) *S. tuberosum* (VT) nie zawiązywały nasion. Natomiast rośliny otrzymane z krzyżowania mieszańców VT1, VT1b i VT5 pyłkiem *S. tuberosum* DG03-232 oraz odm. Felka Bona zawiązywały jagody z niewielką ilością 2-3 nasion, które nie kiełkowały. Te obiecujące próby wymagają dalszych powtórzeń.

Kontynuowano badania indukcji przez *P. inf.* szeregu reakcji obronnych w formach rodzicielskich *Solanum* i ich mieszańcach somatycznych. Stwierdzono, że gatunki odporne, w porównaniu z wrażliwymi, charakteryzowały się niższym poziomem syntezy reaktywnych form tlenu (RFT). Mieszańce o pełnej odporności na *P. inf.*, uzyskane z *S. nigrum* L. (+) *S. tuberosum* klon ZEL-1136 (NT), *S. villosum* (+) *S. tuberosum* klon DG 81-68 (VT) i *S. scabrum* (+) *S. tuberosum* H-8105 (ST) posiadały niski poziom syntezy RFT zbliżony do ich dzikich form. Dane te sugerują, że mechanizmy odporności funkcjonujące w dzikich gatunkach są przekazywane do ich mieszańców somatycznych. Przeprowadzono również badania aktywności kinaz białkowych MAP i poziomu ich transkryptu w trzech genotypach *Solanum*, różniących się typem i poziomem odporności na ten patogen: *S. nigrum* var. *gigantea*, *S. tuberosum* cv Bzura i klon H-8105. Wykazano indukcję aktywności kinaz po podaniu elicytora z *P. inf.* W liściach zarówno *S. nigrum* var. *gigantea* i *S. tuberosum* cv Bzura aktywność kinaz osiągała najwyższy poziom po dłuższym czasie inkubacji liści z elicytorem (do 24 godz.). Natomiast w dotychczas przeprowadzonych badaniach transkryptu kinaz MAP nie wykazano istotnego wzrostu jego poziomu po podaniu elicytora. Uzyskane dane wskazują na zróżnicowaną, zależną od poziomu odporności, aktywację sygnałną indukowaną w roślinie przez *P. infestans*.

Najważniejszy wynik badawczy:

Wykazano zależną od poziomu odporności *Solanum*, aktywację RFT i kinaz indukowaną przez *P. infestans*.

PUBLIKACJE: 4535, 4544, 2954/A, 2955/A, 3055/A, 3056/A, 3076/A, 3105/A, 190/M,
191/M

Temat nr 18: Molekularne regulacje syntezy glikokoniugatów w komórkach drożdży

Zespół: prof. dr hab. Grażyna Palamarczyk, dr Anna Janik, mgr Monika Pasikowska (doktorantka), mgr Mateusz Juchimiuk (doktorant), mgr Monika Niewiadomska (doktorantka od 10.2011)

Tematyka badawcza koncentruje się na identyfikacji genów i białek zaangażowanych w procesy dolicholo-zależnych glikozylacji białek w patogennych drożdżach *Candida albicans*. Ten ludzki patogen u zdrowych osobników występuje jako niegroźny organizm saprofityczny. Stanowi natomiast poważne zagrożenie dla pacjentów z ograniczoną odpornością immunologiczną. Charakterystyczną cechą biologii *C. albicans* jest zdolność do tworzenia różnych form morfologicznych takich jak formy drożdżowe, przypominające drożdże *S. cerevisiae* oraz formy strzępkowe (hyphae, czy pseudohyphae) ułatwiające kolonizację atakowanego organizmu.

W poprzednim okresie sprawozdawczym wykazaliśmy, że ograniczenie syntezy dolicholu na skutek zmniejszenia aktywności *cis*-prenylotransferazy (*cis*PT), katalizującej syntezę prekursora dolicholu (dwufosforanu poliprenolu, PolPP) prowadzi do zaburzeń morfogenezy *C. albicans* polegających na utracie zdolności tworzenia form strzępkowych. Obserwowano też zmiany w integralności ściany komórkowej, oraz podwyższoną wrażliwość mutantów na niektóre czynniki zewnętrzne. Kontynuując rozpoczęte badania zajęliśmy się identyfikacją genów i białek zaangażowanych w redukcję PolPP do dwufosforanu dolicholu (DolPP). Delecja obu kopii genu *CaDFG10*, ortologa genu *DFG10* *S. cerevisiae*, kodującego białko zaangażowane w biosyntezę dolicholu, nie powodowała zmian fenotypowych *C. albicans* ani zmian w ilości syntetyzowanych w komórce alkoholi poli-*cis* prenolowych. Natomiast analiza HPLC powstających związków wykazała, że w porównaniu ze szczepem dzikim 60% stanowią formy niezredukowane. Można więc wnioskować, że białko Dfg 10 nie jest jedynym białkiem *C. albicans* katalizującym redukcję PolPP do DolPP. Kolejne zidentyfikowane białka w szlaku glikozylacji w *C. albicans* to Dpm1, Dpm2 i Dpm3, zaangażowane w biosyntezę DolPMan, będącej donorem mannozy w reakcjach N- i O glikozylacji oraz syntezy kotwicy GPI. Ograniczenie syntezy DolMan powoduje, podobne jak w przypadku ograniczenia syntezy PolPP, zmiany fenotypowe.

Najważniejszy wynik badawczy:

Wykazanie, że syntaza DolMan *C. albicans*, przeciwnie niż homolog tego białka z blisko spokrewnionych drożdży piekarskich *S. cerevisiae*, ma budowę podjednostkową.

PUBLIKACJE: 3155/A, 3161/A

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

Zespół: prof. nadzw. dr hab. Joanna Kruszewska, dr Urszula Perlińska-Lenart, dr Sebastian Piłsyk, dr Wioletta Górka-Nieć, mgr inż. Patrycja Zembek (doktorantka), mgr Sebastian Graczyk

Grzyby nitkowate z rodzaju *Trichoderma* są masowo używane w biotechnologii do produkcji białek własnych i obcych a także w rolnictwie do biokontroli zakażeń grzybami patogennymi dla roślin. W naszej pracowni stwierdziliśmy związek między procesem O-glikozylacji i wydzielaniem 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, jaki i one same są tematem zgłoszenia patentowego nr P393021.

Kontynuujemy proces analizy funkcjonalnej genu *rer2* z *T. reesei*. Udało się otrzymać mutant drożdżowego *S. cerevisiae* $\Delta srt1$, $\Delta rer2/rer2Tr$. Mutant ten będzie analizowany pod względem poziomu ekspresji genu *rer2Tr*. Zamierzamy także wyizolować frakcję dolicholową i sprawdzić czy drożdże wyprodukują dolichole typu drożdżowego czy trichodermowego. Ponieważ panuje pogląd, że rodzaj produkowanych dolicholi zależy od enzymu, a nie od organizmu to będziemy mogli zweryfikować tą tezę.

Ponadto, kontynuujemy charakterystykę szczepów *T. atroviride*, w których dokonaliśmy modyfikacji szlaku mewalonowego.

Badamy również poziom ekspresji i funkcje genu *Asta* w zasiedlaniu roślin przez patogenne *Fusarium*.

Zakończyliśmy publikacją w Fungal Biology prace nad wyciszaniem genu *pmt1* w *T. reesei*. Opublikowaliśmy w Biological Chemistry wyniki klonowania i analizę funkcjonalną genów *dpm2* i *dpm3* z *Trichoderma*. Prace nad ulepszeniem biokontrolnych właściwości *T. atroviride* poprzez nadekspresję genu *DPM1* zakończyliśmy zgłoszeniem patentowym oraz publikacją w Mol. Plant-Microb. Interaction.

Najważniejsze wyniki badawcze:

1. Uzyskanie szczepów *T. atroviride* niosących modyfikację szlaku mewalonowego. Pierwsze analizy wykazują korzystne biokontrolne cechy transformantów.
2. Uzyskanie szczepu drożdżowego *S. cerevisiae* $\Delta srt1$, $\Delta rer2/rer2Tr$, dzięki czemu rozwiniemy dalsze badania nad produkcją dolicholi trichodermowych w drożdżach.

PUBLIKACJE: 4479, 4515, 4550, 3133/A, 3134/A

Zgłoszenie patentowe: P393021

Temat nr 20: Genetyka i biologia molekularna grzybów
Temat 20.1: Regulacja biosyntezy tRNA u drożdży *S. cerevisiae*

Zespół: prof. dr hab. Magdalena Boguta, dr Iwona Karkusiewicz, dr Małgorzata Cieśla, dr Damian Graczyk, mgr Ewa Morawiec, mgr Dominika Foretek, mgr Barbara Sierpień

Białko Maf1 pośredniczy w hamowaniu polimerazy III RNA (Pol III) w odpowiedzi na niekorzystne warunki wzrostu. Nasze poprzednie wyniki wskazywały, że aktywność Maf1 jest kontrolowana przez fosforylację i regulację lokalizacji komórkowej, przy czym fosforylacja jest mechanizmem nadrzędnym. W poszukiwaniu kinaz, dla których Maf1 byłby substratem, przyjęto jako wskazówkę opublikowane dane o udziale kinazy CK2 w regulacji inicjacji transkrypcji z udziałem Pol III. Używając termowrażliwego mutantu *ck2* drożdży oraz układu doświadczalnego wymuszającego zmianę fosforylacji Maf1 pod wpływem zmiany źródła węgla w pożywce, wykazano wpływ aktywności CK2 na poziom fosforylacji Maf1. Oczyszczono następnie kinazę CK2 z drożdży i ufosforylowano drożdżowe rekombinowane białko Maf1, wykazując, że Maf1 jest substratem CK2 *in vitro*. Miejsca fosforylacji Maf1 przez CK2 zidentyfikowano metodą spektrometrii mas, a następnie inaktywowano te miejsca przeprowadzając mutagenezę genu *MAF1*. Inaktywacja siedmiu miejsc znacznie obniżyła poziom fosforylacji Maf1, co potwierdziło fosforylację Maf1 przez CK2 *in vivo*. Wykorzystując metodę immunoprecypitacji chromatyny (ChIP) badano następnie czy asocjacja Maf1 z wybranymi genami tRNA zmienia się w zależności od aktywności CK2 i metabolizmu drożdży. Obserwowano zwiększenie oddziaływania Maf1 z chromatyną w obecności inhibitora CK2 oraz podczas wzrostu na pożywce z niefermentowalnym źródłem węgla. Stwierdzono również, że aktywacji Pol III po przeniesieniu drożdży z pożywki z glukozą przeciwdziała inhibitor CK2, czyli CK2 reguluje aktywność Pol III poprzez fosforylację Maf1. Rzeczywiście w szczepie pozbawionym genu *MAF1* obserwowano aktywną transkrypcję z udziałem Pol III bez względu na obecności inhibitora CK2. Stosując metodę ChIP zbadano również wpływ Maf1 na asocjację podjednostki katalitycznej CK2 z chromatyną i stwierdzono, że asocjacja ta wzrasta w szczepie pozbawionym genu *MAF1*. Na podstawie powyższych wyników zaproponowano model, według którego Maf1 kontroluje, z udziałem CK2, każdy cykl transkrypcyjny Pol III, w zależności od warunków zewnętrznych umożliwiając lub blokując kolejną rundę transkrypcji na etapie reinicjacji.

Najważniejszy wynik badawczy:

Maf1 jest substratem CK2 i wraz z CK2 kontroluje aktywność Pol III na chromatynie.

PUBLIKACJE: 4503, 4359, 4545, 2928/A, 2929/A, 2980A, 2982/A, 2986/A, 2999/A, 3028/A, 3029/A, 3030/A, 641/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 Wysocka- Kapcińska, mgr Anna Kabala, mgr Ilona Więk

Upřednio skonstruowane szczepy drożdży niosące mutacje w genie *ATP6*, kodującym podjednostkę mitochondrialnej syntazy ATP, wykorzystano w badaniach wpływu mutacji na wydajność oddechową komórek, syntezę białek mitochondrialnych i wydajność syntezy ATP.

Podjęto badania nad identyfikacją białek tworzących megakanal powodujący zwiększoną przepuszczalność błony mitochondrialnej. Skład kompleksu tworzącego ten kanal nie jest znany. Funkcjonowanie kanału ma istotne znaczenie dla przebiegu procesów komórkowych, zwłaszcza w procesie apoptozy.

W dalszym ciągu zajmowano się białkiem Swc4, stanowiącym wspólną podjednostkę dwóch kompleksów regulujących strukturę chromatyny: NuA4 oraz SWR1. Wykazano, że szczepy niosące delecję genu *SWC4* lub mutację *swc4-24*, prowadzącą do utraty C-końcowego fragmentu białka Swc4 wykazały znaczny stopień poliplodyzacji.

Kontynuując temat stabilności genomu komórek *S. cerevisiae*, szczepy delecyjne wybrane w wykonanych poprzednio całogenomowych testach przesiewowych, charakteryzowano dokładniej w indywidualnych analizach fenotypowych. Zastosowano technikę fluorescencyjnego sortowania komórek (FACS) do oceny zawartości DNA w komórce i wychwycenia jego zaburzeń. Zastosowano technikę elektroforezy pulsacyjnej chromosomów drożdżowych do oceny integralności chromatyny, stopnia jej destrukcji i zdolności do naprawy przez poszczególne szczepy delecyjne.

Prowadzona jest współpraca z innymi zespołami IBB PAN w całogenomowych projektach analizy transkryptomu komórek organizmów modelowych

Najważniejszy wynik badawczy:

Wykazanie, że gen *SWC4* jest niezbędny do utrzymania stabilności genetycznej drożdży *Saccharomyces cerevisiae*.

PUBLIKACJE: 4528, 4526, 4553, 4554, 2965/A, 3001/A, 3011/A, 3014/A, 3018/A, 3019/A, 3021/A, 3022/A, 3031/A, 3042/A, 3067/A

Temat nr 20.3: Genetyczna kontrola szlaków metabolizmu siarkowego u grzybów

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

Zakończono badania nad mutacjami dominującymi zmieniającymi białko METR *Aspergillus nidulans* i opublikowano wyniki.

Zanalizowano transkryptomy i proteomy mutantów *cysB*, *sconB* i *sconC* w porównaniu do szczepu dzikiego. Stwierdzono, że podwyższona jest transkrypcja genów związanych z reakcjami na stres oraz ekspresja genów syntezy cukrów mających działanie osmoprotekcyjne. Również zawartość cukrów trehalozy, mannozy i arabitolu w konidiach mutantów jest zwiększona, co stwierdzono oznaczając ich ilość metodą HPLC.

W ramach badań bioinformatycznych przeprowadzono następujące badania: analiza rodziny toksyn z grupy aerolizyn, występowanie transpozonów typu LTR u grzybów, szczegółowe analizy występowania różnych elementów ruchomych w genomach wybranych grzybów, analiza sekwencji palców cynkowych jako potencjalnych celów toksyczności niklu i analiza filogenetycznego profilu białek krwinki czerwonej.

Najważniejszy wynik badawczy:

Zaburzenia metabolizmu siarkowego powodowane mutacjami aktywują odpowiedź komórek na stres.

PUBLIKACJE: 4231, 4496, 4525, 4532, 4542, 4543, 4566, 4583, 2969/A, 2973/A, 3015/A,
3116/A, 3120/A, 3122/A, 3125/A

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

Zespół: prof. dr hab. Teresa Żołądek, dr Joanna Kamińska, mgr Daria Romanyuk (do 30.09.2011), mgr Katarzyna Jarmoszewicz, mgr Żaneta Jastrzębska, mgr Anna Domańska, dr Róża Kucharczyk (współpraca)

Ligaza ubikwitynowa Rsp5 bierze udział w endocytozie białek oraz w regulacji organizacji cytoszkieletu aktynowego u drożdży. Nasze badania genetyczne wskazywały, że ligaza Rsp5 może być zaangażowana również w proces autofagii. Zbadaliśmy więc jej udział w selektywnej autofagii: transporcie z cytoplazmy do wakuoli (ang. *Cvt*, *cytoplasm-to-vacuole pathway*), peksofagii i rybofagii. Transport drogą Cvt monitorowany dojrzewaniem prekursora aminopeptidazy I (preApe1) był w warunkach wzrostu opóźniony w mutantach *rsp5* wrażliwych na temperaturę i w mutancie pozbawionym genu *RSP5* (*rsp5Δ*). Natomiast był on normalny w warunkach głodzenia. Podobnie jak mutanty z zaburzonym składaniem cytoszkieletu aktynowego (np. *arp2-1*), mutant *rsp5-1* wykazywał defekt transportu białka błonowego Atg9 do struktury preautofagosomalnej (PAS), miejsca formowania autofagosomów. Wskazuje to, że Rsp5 może oddziaływać na drogę Cvt przez szkielet aktynowy. Wykazaliśmy również, że ligaza Rsp5 jest zaangażowana w mono- i di-ubikwitynację białka Atg19, receptora preApe1. Zmiana ubikwitynacji receptora Atg19 w mutantach *rsp5* powodowała zmniejszenie wiązania Atg19 do preApe1. Transport Atg9 do PAS oraz powstanie kompleksu Atg19-preApe1 są niezbędne do formowania PAS. Dlatego zbadaliśmy częstość powstawania struktur punktowych znakowanych GFP-Atg8, które jest markerem PAS, używając mikroskopu fluorescencyjnego. W szczepach mutantów *rsp5-1* i *rsp5-19* obserwowano zmniejszoną częstość formowania PAS (odpowiednio 13% i 14%) w porównaniu ze szczepem typu dzikiego (20%). W szczepie *rsp5-1* hodowanym na pożywkę z kwasem olejowym w celu indukcji peroksysomów i następnie przeniesionym na pożywkę z glukozą obserwowano spowolnioną peksofagię, mierzoną tempem degradacji oksydazy acetylo-CoA. Nie obserwowano defektu rybofagii monitorowanej tempem degradacji białka rybosomalnego HA-Rpl28 w komórkach *rsp5* hodowanych w warunkach wzrostu, a następnie poddanych głodzeniu azotowemu.

Najważniejszy wynik badawczy:

Ligaza ubikwitynowa Rsp5 jest zaangażowana w selektywną autofagię preApe1 (drogą Cvt) przez wpływ na cytoszkielet aktynowy, transport Atg9 oraz ubikwityncję receptora Atg19.

PUBLIKACJE: 4528, 4532, 4534, 2988/A, 3001/A, 3014/A, 3015/A, 3027/A, 625/N

Temat nr 21: Regulacja metabolizmu siarkowego u bakterii

Zespół: prof. dr hab. Monika Hryniewicz, dr Anna Łochowska (do 30.01.2011),
mgr Anna Modelewska (do 25.01.2011), dr Roksana Iwanicka-Nowicka (współpraca)

Zakończono badania nad genetyczną regulacją procesów asymilacji siarki z różnych źródeł przez bakterie gatunku *Burkholderia cenocepacia* (szczep 715j, izolowany od pacjenta z mukowiscydozą). Zidentyfikowano funkcje dwóch głównych regulatorów transkrypcyjnych, CysB_{Bc} i SsuR_{Bc}, kontrolujących ekspresję kilkudziesięciu genów związanych z metabolizmem siarkowym. Scharakteryzowano warunki i poziomy ekspresji genów należących do regulonów CysB_{Bc} i SsuR_{Bc}. Zidentyfikowano obszary wiązania białek-regulatorów transkrypcyjnych w regionach promotorowo-regulatorowych genów docelowych.

Przeprowadzono porównawczą analizę transkryptomu *Escherichia coli* (z zastosowaniem metody mikromacierzy Affymetrix) w zależności od funkcji/dysfunkcji regulatora transkrypcyjnego CysB. Wstępna analiza wyników eksperymentu ujawniła po raz pierwszy rolę CysB jako globalnego czynnika transkrypcyjnego wpływającego w znacznym stopniu na metabolizm komórki poprzez aktywację lub represję dużej liczby genów i/lub operonów poza genami związanymi z metabolizmem siarkowym (znanymi wcześniej).

Najważniejszy wynik badawczy:

Oszacowanie zakresu funkcji regulatora transkrypcyjnego CysB w globalnej ekspresji genów *E. coli*.

PUBLIKACJA: 4512

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

Zespół: prof. dr hab. Iwona Fijałkowska, prof. dr hab. Piotr Jonczyk, dr Małgorzata Jaszczur (staż zagraniczny USA), dr Krzysztof Flis (staż zagraniczny USA), dr Karolina Makiela-Dzbeńska, dr Katarzyna Grabowski (od 06.2011), mgr Joanna Kraszewska, mgr Urszula Wrońska, mgr Marta Garbacz, mgr Ewa Grabowska, mgr Anna Zawada, mgr Katarzyna Masłowska, mgr Milena Denkiewicz (od 10.2011)

W 2011 roku pracownia kontynuowała badania dotyczące udziału niekatalitycznych podjednostek polimeraz DNA w kontroli wierności replikacji DNA, a w szczególności roli niekatalitycznej podjednostki holoenzymu polimerazy epsilon – Dpb2p w kontroli wierności syntezy DNA. W poprzednich latach wykazaliśmy w badaniach *in vivo*, że podjednostka Dpb2p jest istotna w prowadzeniu wiernej replikacji DNA i dla zachowania stabilności materiału genetycznego. Analizując spektrum mutagenyzy w szczepach typu dzikiego oraz w szczepach niosących zmutowaną podjednostkę Dpb2 i nieposiadających aktywnej polimerazy zeta DNA (Pol ζ) wykazaliśmy, że mutacja w podjednostce Dpb2p zmienia prawidłową selekcję zasad prowadzoną przez Pol ϵ , a ponadto umożliwia częstszy udział mutagennej polimerazy zeta, zwiększając również na tej drodze, obserwowany w komórkach drożdżowych fenotyp mutatorowy. Komplementując analizy *in vivo*, zbadaliśmy *in vitro*, czy i w jakim stopniu podjednostka Dpb2p wpływa na wierność syntezy prowadzonej przez Pol ϵ , czyli np. na prawidłową selekcję zasad. Analiza wierności syntezy DNA wykazała, że uszkodzenie podjednostki Dpb2 zmienia wierność syntezy DNA. Nie zaobserwowano istotnych zmian w wydajności przyłączania się holoenzymu typu dzikiego (Pol ϵ) i jego zmutowanych form (Dpb2-103 Pol ϵ) do dsDNA. Porównanie dotychczas otrzymanych danych *in vivo*, z nowymi wynikami *in vitro* pozwolą nam pełniej scharakteryzować fizjologiczną rolę niekatalitycznej podjednostki Dpb2p.

Najważniejszy wynik badawczy:

Wykazaliśmy, że mutacja w niekatalitycznej podjednostce Dpb2, wchodzącej w skład polimerazy epsilon DNA, zarówno *in vivo* jak i *in vitro* wpływa na wierność procesu replikacji DNA. Analiza spektrum mutagenyzy potwierdziła zwiększony udział mutagennej polimerazy zeta w replikacji w komórkach z uszkodzoną podjednostką Dpb2.

PUBLIKACJE: 4474, 4516, 2983/A, 3023/A, 3044/A, 3135/A, 3136/A, 3137/A, 644/N

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

Zespół: prof. dr hab. Zygmunt Cieśla, dr Aneta Kaniak-Golik, mgr Ewa Styczeń-Bińkowska

Badania mechanizmów odpowiedzialnych 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 stymulującym homologiczną rekombinację mitochondrialną. Wykazano także, że efekt ten jest uzależniony od funkcji mitochondrialnej nukleazy Nuc1, która jest zaangażowana także w proces apoptozy komórek drożdżowych. Ponieważ okazało się, że supresja przez Msh1p wzmożonej mutagenyzy mitochondrialnej w warunkach stresu oksydacyjnego jest również zależna od aktywności nukleazy Nuc1, wyniki te wskazują na istotny udział rekombinacji homologicznej w reperacji oksydacyjnych uszkodzeń mtDNA. Epistatyczna analiza podwójnych mutantów z defektami genów zaangażowanych w utrzymanie stabilności genomu mitochondrialnego, *MSH1*, *NUC1* i *RAD27*, kodującego nukleazę specyficzną dla struktur „flap”, wykazała, że Msh1p współdziałając z nukleazą Nuc1 funkcjonuje na innej ścieżce niż Rad27p w naprawie uszkodzeń mtDNA. Innym aspektem badań jest udział kompleksu MRX, odgrywającego kluczową rolę w naprawie podwójnych pęknięć jądrowego DNA, w utrzymaniu stabilności genomu mitochondrialnego. Stwierdzono, że delecja genu *RAD50* lub genu *XRS2*, kodujących komponenty tego kompleksu, prowadzi do obniżenia częstości spontanicznej rekombinacji mitochondrialnej w obrębie genu *ARG8^m*. Jednocześnie stwierdzono, że mutanty *rad50Δ* i *xrs2Δ* są nadzwyczaj podatne na powstawania rearanżacji mtDNA wywołanych działaniem antymycyny, która indukuje generację reaktywnych form tlenu (ROS) i obniża poziom komórkowego ATP w komórkach rosnących na niefermentowalnych źródłach węgla. Wyniki te potwierdzają istotną rolę rekombinacji w naprawie uszkodzeń oksydacyjnych i w utrzymaniu integralności genomu mitochondrialnego drożdży.

Najważniejszy wynik badawczy:

Udokumentowanie udziału rekombinacji w naprawie uszkodzeń oksydacyjnych genomu mitochondrialnego komórek drożdży.

PUBLIKACJE: 2956/A, 3020/A

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 w USA), dr Agnieszka Podlaska, mgr Małgorzata Alabrudzińska, mgr Izabela Brózda, mgr Kamil Król, mgr Michał Płachta

Pośród komórkowych procesów tolerancji uszkodzeń DNA, których funkcjonowaniem zajmuje się nasz zespół, istotną rolę pełni proces określany skrótem TLS, odpowiadający za syntezę DNA poprzez uszkodzenia. Polimeraza eta (Pol eta) jest uniwersalnie występującym enzymem odpowiedzialnym za ten proces. Defekt tego enzymu u człowieka powoduje predyspozycję rakową *xeroderma pigmentosum-variant*. Ilość polimerazy eta w komórkach podlega ścisłej regulacji gdyż zarówno zmniejszenie jej ilości jak i nadmiar prowadzą do wzrostu poziomu mutacji spontanicznych i indukowanych. Wcześniejsze badania nasze i innych pokazały, że ilość polimerazy eta w komórkach *S. cerevisiae* zależy od białka Rad6. Rad6 jest enzymem koniugującym ubikwitynę zaangażowanym w szereg różnych procesów komórkowych. Wyniki naszych tegorocznych badań wykazują, że efekt Rad6 na poziom Pol eta związany jest z aktywnością ligazy ubikwitynowej Bre1 i brak Bre1 w komórce powoduje 5-krotne obniżenie ilości Pol eta. Stwierdziliśmy także, że efekt ten jest zależny od ubikwitynacji przez kompleks Rad6/Bre1 Lizyny¹²³ w histonie H2B sugerując, że przemodelowanie (*remodeling*) chromatyny może pełnić istotną rolę w regulacji TLS.

Wykorzystując technikę mikromacierzy „molekularnych kodów kreskowych”, oraz bibliotekę izogenicznych szczepów delecyjnych wszystkich genów drożdży *Saccharomyces cerevisiae* do wskazania szczepów nadwrażliwych na działanie zeocyny (radiomimetyku wywołującego uszkodzenia DNA, głównie dwuniciowe pęknięcia DNA), oraz na nadekspresję endonukleaz doprowadziły do identyfikacji grupy genów uczestniczących w odpowiedzi komórki na stres genotoksyczny spowodowany pęknięciami DNA. W testach indywidualnych przeprowadzonych w celu weryfikacji danych cało-genomowych otrzymano: 85% zgodność dla testu wrażliwości na zeocynę i 75% zgodność w teście nadwrażliwości komórek na działanie endonukleaz. W efekcie wyodrębniono odpowiednio 156 i 164 geny nadwrażliwe na różne sposoby indukowania pęknięć DNA w komórkach drożdżowych. 25 genów zostało wskazanych w obydwu doświadczeniach przesiewowych. To ich analizą zajmiemy się przede wszystkim w toku dalszych badań. Wewnętrzną kontrolę potwierdzającą prawidłowość eksperymentów genomicznych stanowi fakt, że wśród wskazanych w nich genów znajduje się kilkadziesiąt takich, których zaangażowanie w ochronę genomu przed skutkami pęknięć DNA udokumentowano. W wyniku naszych badań udało się również wskazać wiele nowych genów, których dotychczas nie łączono z tym procesem, w tym 33 o całkowicie nieznanej funkcji.

Najważniejsze wyniki badawcze:

1. Wyniki sugerują rolę modyfikacji histonów w kontroli syntezy DNA poprzez uszkodzenia matrycy.
2. Identyfikacja nowych genów zaangażowanych w ochronę genomu przed skutkami pęknięć DNA.

PUBLIKACJE: 4507, 4554, 3009/A, 3017/A, 3018/A, 3019/A, 3020/A, 3021/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*), opracowano alternatywny system doświadczalny oparty na obserwacji mikroskopowej komórek bakterii. Plazmid, którego stabilność jest badana, oprócz genów δ i ω , niesie gen kodujący białko zielonej fluorescencji – GFP. W hodowlach *B. subtilis* wyniki badań stabilności plazmidów prowadzone metodą szalkową i mikroskopową są zgodne. Umożliwia to przeprowadzenie badań stabilności plazmidów w hodowlach różnych paciorkowców.

Analizowano replikon plazmidów pochodzących z klinicznych szczepów *Enterobacteriaceae*, głównie z *Klebsiella pneumoniae*, które nie zostały przyporządkowane do żadnej z 18 rodzin replikonów identyfikowanych metodą opartą o PCR (PBRT- PCR-Based Replicon Typing). Zidentyfikowano trzy plazmidy o replikonach typu *repB_{pK245}* zaliczanych obecnie do grupy IncR, różniące się liczbą iteronów. Co więcej, sekwencje nukleotydowe tych plazmidów zlokalizowane poniżej iteronów są do siebie podobne. Ustalono sekwencję nukleotydową kolejnego replikonu – wykazuje podobieństwo do *repA2_{pKPN3}*. Zaprojektowano specyficzne startery umożliwiające identyfikację tego replikonu metodą PBRT i dzięki nim, replikon *repA2_{pKPN3}* zidentyfikowano w trzech kolejnych plazmidach.

Najważniejszy wynik badawczy:

W szczepach klinicznych *Enterobacteriaceae* zidentyfikowano replikony klasyfikowane jako IncR (*repB_{pK245}*) oraz *repA2_{pKPN3}*. Zaproponowane startery rozszerzają zakres stosowania metody PBRT.

PUBLIKACJE: 4500, 636/N

Temat nr 28: Chemiczne podstawy mutagenyzy i reperacja adduktów cyklicznych

Zespół: prof. dr hab. Jarosław Kuśmierek, dr Agnieszka Maciejewska, dr Beata Sokołowska (do 09.2011), mgr Karol Ruszel (doktorant)

Mechanizm działania białka AlkB. Kontynuowano biochemiczne i *in silico* badania mechanizmu naprawy adduktów egzocyklicznych przez dioksygenazę AlkB (patrz sprawozdanie 2010; współpraca: dr hab. J. Poznański, dr A. Polkowska-Nowakowska – Zakład Biofizyki IBB PAN). Zależności czasowe naprawy 3,N⁴- α -hydroksyetano- i 3,N⁴- α -hydroksypropanocytozyny są dwuwykładnicze co wskazuje, że stereoizomery składające się na racemiczne mieszaniny badanych adduktów są naprawiane z różną wydajnością. Modelowanie molekularne tych adduktów związanych w centrum aktywnym AlkB pozwoliło na ocenę udziału możliwych stanów konformacyjnych badanych ligandów w reakcji enzymatycznej. Manuskrypt “Repair of exocyclic DNA adducts by *Escherichia coli* AlkB dioxygenase – substrate specificity and molecular mechanism of action” wysłano do *Nucleic Acids Research*.

Naprawa 1,N⁶- α -hydroksypropanoadeniny przez białko AlkB. Rozpoczęto badania nad naprawą przez białko AlkB tego adduktu akroleiny do adeniny.

Specyficzność substratowa białka AlkB badana w systemie faga M13. Kontynuowano 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 mutagenyzy 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 mutagenyzy. Dodatkowo, przedstawiono zastosowanie metod rozpoznawania obrazów w kilku przypadkach interpretacji wyników badań biomedycznych (współpraca: dr hab. A. Jóźwik – IBiB PAN).

Najważniejszy wynik badawczy:

Badania nad mechanizmem działania dioksygenazy AlkB.

PUBLIKACJE: 4485, 4497, 4509, 4556, 4562, 4563, 3096/A, 3097/A, 3098/A, 3099/A, 3142/A

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

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

Metodą Real Time PCR przeprowadzono analizę stabilności mRNA genów kodujących kluczowe białka regulacyjne w procesie odpowiedzi antyoksydacyjnej w szczepie z delecją genu *rrmA*. Zbadano ekspresję genów kodujących czynniki transkrypcyjne: *SRR*A, *ATF*A i *NAP*A. Wykazano, że w warunkach stresu oksydacyjnego stabilność transkryptów *srrA*, *napA* i *atfA* nie zależy od produktu genu *rrmA*. Wykazano również, że w warunkach stresu oksydacyjnego delecja genu *rrmA* wpływa na obniżenie stabilności mRNA czynnika translacyjnego eIF5A oraz syntazy deoksyhypozykowej, niezbędnej do modyfikacji tego czynnika. Zmodyfikowany czynnik eIF5A odgrywa istotną rolę w procesie elongacji translacji w warunkach stresu oksydacyjnego. Uzyskane wyniki wskazują, że białko RRMA jest specyficznym regulatorem stabilności transkryptów w warunkach stresu oksydacyjnego.

Uzyskano szczep *Aspergillus nidulans* wyrażający białko RRMA w fuzji z GFP. Wykazano, że RRMA jest zlokalizowane w cytoplazmie. Wykorzystując ten sam szczep wyizolowano kompleksy, w skład których wchodzi białko RRMA. Składniki tych kompleksów zostaną zidentyfikowane przy pomocy spektrometrii mas. Praca opisująca uzyskane wyniki jest w przygotowaniu – we współpracy z Markiem Caddickiem z University of Liverpool.

Zakończono i wysłano do druku pracę “The GATA factors AREA and AREB together with the co-repressor NMRA, negatively regulate arginine catabolism in *Aspergillus nidulans* in response to nitrogen and carbon source”.

Jeden z uzyskanych u *A. nidulans* supresorów prolinowych okazał się być homologiem niezwykle silnie konserwowanego genu, występującego od archebakterii po człowieka, kodującego białko wchodzące w skład kompleksu KEOPS. Kompleksowi temu przypisuje się rozmaite funkcje, m.in. utrzymywanie stabilności genomu i struktury chromatyny. Przeprowadzono porównanie transkryptomów szczepu *suDpro* i szczepu dzikiego. Zidentyfikowano kilkanaście genów, których ekspresja jest podwyższona lub obniżona szczepie *suDpro*. Przygotowywana jest publikacja opisująca właściwości genu *suDpro* charakteryzująca procesy w których uczestniczy białko SUDPRO.

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

Zespół: prof. dr hab. Piotr P. Stepień, prof. dr hab. Ewa Bartnik, dr Aleksandra Dmochowska, dr Roman Szczesny, mgr Łukasz Borowski, mgr Lien Dybczyńska

Badania koncentrowały się na analizie funkcji ludzkiej helikazy hSUV3p kodowanej przez jądrowy gen SUPV3L1 (SUV3), który jest ortologiem helikazy SUV3 z *Saccharomyces cerevisiae* oraz na procesach obróbki mitochondrialnych transkryptów.

Ludzkie białko SUV3 zostało poddane krystalizacji i analizie dyfrakcji w promieniach X, dodatkowo analizowano kryształy SUV3 w kompleksie z pięcionukleotydowym RNA oraz z niehydrolizowalnym analogiem ATP: AMPPNP. Analiza krystalograficzna ujawniła strukturę domenową zasadniczo typową dla helikaz z grupy SF2, jednak dodatkowo wykryto kilka cech unikalnych, sugerujących, że białko SUV3 stanowi oddzielną podgrupę helikaz SF2 [4569].

Udowodniono, że obróbka ludzkich mitochondrialnych transkryptów wymaga udziału białka ELAC2, kodowanego przez genom jądrowy. Białko ELAC2 jest endonukleazą i funkcjonuje jako tRNAza Z, która jest odpowiedzialna za cięcie prekursorów mitochondrialnych od strony końca 3'. Odkrycie funkcji genu ELAC2 stanowi istotny krok w poznaniu regulacji ekspresji genomu mitochondrialnego przez białka kodowane jądrowo [4570].

Badania nad nowymi interaktorami helikazy SUV3 udowodniły, że poza mitochondriami znajduje się ona także w jądrze komórkowym, co było sugerowane przez nas uprzednio. Za pomocą technik ko-immunoprecypitacji udowodniono interakcje SUV3 z dwoma białkami jądrowymi: białkiem replikacyjnym A (RPA), oraz endonukleazą flap 1 (FEN1). Badania biochemiczne *in vitro* wykazały, że białko RPA hamuje aktywność SUV3 w stosunku do substratów w formie widełek. Białko FEN1 pełni ważne funkcje w naprawie DNA, utrzymaniu telomerów i jest związane z kancerogenezą. Odkrycie to sugeruje udział SUV3 w utrzymaniu integralności jądrowego DNA [4568].

PUBLIKACJE: 4568, 4569, 4570

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, prof. dr hab. Monika Hryniewicz

Na studiach doktoranckich (SD) w IBB PAN zarejestrowano 127 osób, w tym 94. w IBB PAN, 29 w Międzynarodowym Instytucie Biologii Molekularnej i Komórkowej (MIBMiK) oraz 4 osoby w programie Wellcome FNP na SGGW. Pierwszorzeczni uczestnicy SD (17 osób) zostali przyjęci w wyniku trójstopniowego egzaminu wstępnego, do którego przystąpiło 27 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, w studiach doktoranckich w IBB PAN uczestniczy 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.

Stopień doktora w roku 2011 otrzymało 12-tu doktorantów.

Działalność dydaktyczna: W roku sprawozdawczym IBB PAN zorganizował następujące cykle wykładów:

Metal ions in biological systems *prof. dr hab. Wojciech Bal*

Mikrobiologia w biotechnologii *koordynator: prof. dr hab. Małgorzata Łobocka*

Genetyka człowieka *prof. dr hab. Ewa Bartnik*

Metale w medycynie – wybrane zagadnienia *dr Arkadiusz Bonna*

Doktoranci mieli również możliwość uczestniczenia w cyklach wykładów organizowanych w innych instytutach Biocentrum Ochota. 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 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 28 pełnych prac naukowych oraz 107 komunikatów lub plakatów przedstawionych na zjazdach krajowych i zagranicznych. Piętnastu doktorantów otrzymało dodatkowe finansowanie z funduszy SD (6 tys. zł) w ramach konkursu na projekty badawcze (mini granty) pisane wg wzorów projektów finansowanych przez Ministerstwo Nauki. 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.

Finanse: W roku sprawozdawczym SBM/Studium Doktoranckie otrzymało, w ramach finansowania działalności budżetowej 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. 43-ech doktorantów IBB PAN otrzymuje finansowanie z projektów badawczych, m.in. z programów współfinansowanych przez Unię Europejską w ramach Europejskiego Funduszu Społecznego i Europejskiego Funduszu Rozwoju Regionalnego, takich jak: Bio&Technology Innovations Platform, TEAM. Trzy osoby realizują swoje prace doktorskie w ramach programu „Doctorat en Cotutelle”.

Temat nr 32.1: Działalność Pracowni Biologii Molekularnej (afiliowanej przy UG)
Regulacja ekspresji genów i innych procesów związanych z funkcjami
DNA w komórkach bakteryjnych

Zespół: prof. nadzw. dr hab. Alicja Węgrzyn, prof. nadzw. dr hab. Magdalena Gabig-Cimińska, dr Piotr Golec, dr Anna Szambowska

Wcześniejsze badania molekularnych mechanizmów regulacji replikacji DNA, prowadzone na modelu replikonu bakteriofaga lambda, doprowadziły do wykazania kluczowej roli procesu transkrypcji przebiegającego w rejonie *origin* w regulacji częstości inicjacji replikacji DNA. W toku naszych badań wykazaliśmy po raz pierwszy bezpośrednie oddziaływania pomiędzy polimerazą RNA kodowaną w genomie *Escherichia coli*, a białkiem inicjatorowym replikacji DNA bakteriofaga lambda – produktem genu *O*. Wyniki te rzucają nowe światło na mechanizm stymulacji inicjacji replikacji DNA przez transkrypcję.

Prace nad regulacją replikacji plazmidów pochodzących od bakteriofagów lambdoidalnych niosących geny toksyn Shiga wykazały, że replikony te, mimo znacznego podobieństwa do plazmidów lambda, wykazują istotne różnice w kontroli replikacji. Szczegółne znacznie mogą mieć różnice w regulacji inicjacji replikacji w warunkach niedoboru aminokwasów oraz w wymaganiach w stosunku do białek kodowanych w genomie gospodarza.

Rezultaty naszych badań nad genetyczną kontrolą rozwoju bakteriofaga T4 w komórkach *E. coli* doprowadziły nas do wniosku, że w warunkach głodzenia komórek gospodarza możliwe jest wyróżnienie dwóch subpopulacji bakteriofagów. Subpopulacje te różnią się w zakresie zdolności do infekowania głodzonych komórek gospodarza. Zidentyfikowaliśmy geny faga, których funkcje są niezbędne do powstania tych dwóch subpopulacji fagowych. Wydaje się, że zjawisko to może mieć znaczenie adaptacyjne do ekstremalnych warunków środowiskowych.

Najważniejsze wyniki badawcze:

1. Wykazanie bezpośredniego oddziaływania polimerazy RNA *Escherichia coli* z inicjatorem replikacji DNA bakteriofaga λ , białkiem λO .
2. Wykrycie subpopulacji bakteriofaga T4 w głodzonych hodowlach *Escherichia coli*.

PUBLIKACJE: 4473, 4476, 4487, 4501, 4565, 4581, 3074/A, 3103/A, 3104/A, 3117/A,
3124/A, 3128/A, 3164/A3165/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, mgr Marta Małuszek (doktorantka), mgr Zuzanna Tracz-Gaszewska (doktorantka), mgr Magdalena Pruszek (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. Większość z tych mutacji jest typu zmiany sensu kodonu. Tworzący się produkt białkowy o zmienionym jednym aminokwasie powoduje nabywanie przez komórkę nowych cech (gain-of-function) wspomagających nie tylko rozwój nowotworów lecz także stymulujących przerzutowanie. W poszukiwaniu mechanizmu działania zmutowanych *TP53* jako onkogenów wykazaliśmy, że ekspresja *TP53 R175H* powoduje zahamowanie aktywności transkrypcyjnej białek należących do rodziny p53, mianowicie p63 oraz p73. Wzrastająca ekspresja *TP53 R175H* hamuje – zależną od p63 i p73 ekspresję po-apoptotycznego genu *BAX*. Co ciekawe, efekt ten jest niwelowany przez ekspresję genu kodującego białko szoku termicznego – HSP70. Mutacja dominująca w genie *HSP70 R71S* (produkt genu nie wiąże ATP) jest nie aktywna w tej reakcji.

PUBLIKACJE: 3166/A, 3167/A, 3168/A, 3169/A

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

Zespół: prof. nadzw. dr hab. Małgorzata Łobocka, mgr Kamil Dąbrowski, mgr Aleksandra Głowacka, mgr Agnieszka Gozdek, dr Monika Hejnowicz, dr Jarosław Kosakowski, mgr Magdalena Witkowska

Stabilne dziedziczenie niskokopiowych plazmidów bakteryjnych przez komórki potomne powstające z komórki macierzystej po podziale, wymaga aktywnej segregacji (partycji) nowo zreplikowanych kopii plazmidu. W praktyce proces ten przypomina mitozę w tym, że po replikacji, zlokalizowane w centrum komórki macierzystej kopie plazmidu są aktywnie przemieszczane do rejonów odpowiadających przyszłym centrom komórek potomnych. Zależy on od obecności w cząsteczce plazmidu działającej w układzie *cis* sekwencji DNA, zwanej *parS*, oraz dwóch białek plazmidowych: ParA i ParB. Chociaż homologiczne geny partycyjne wykryto w genomach wielu plazmidów, mechanizm ich działania nie został w pełni poznany. System partycji plazmidu-profaga P1 jest dogodnym systemem modelowym do badania reakcji partycyjnych. Poznanie mechanizmu partycji pozwoli na stabilizację heterologicznych plazmidów wykorzystywanych w przemyśle do produkcji rekombinowanych białek. W ramach kontynuacji badań nad systemem partycji plazmidu P1 sprawdzano wpływ białka ParB na lokalizację heterologicznych plazmidów niosących *parS*. Wyniki różniły się istotnie w przypadku wysokokopiowego i niskokopiowego plazmidu. O ile w pierwszym przypadku nie stwierdzono wpływu ParB na wewnątrzkomórkową lokalizację plazmidu, o tyle w drugim przypadku oddziaływanie ParB z *parS* zaburzało w istotny sposób tą lokalizację. Wywoływane przez ParB zaburzenia lokalizacji heterologicznych, niskokopiowych plazmidów niosących *parS* P1, można zatem uznać za kolejny z poznanych czynników powodujących destabilizację takich plazmidów.

W ramach prac podsumowujących wyniki badań nad organizacją genomu gronkowcowego bakteriofaga A5W finansowanych poprzednio z dotacji na działania sieci „Biologia i Biotechnologia Bakteriofagów” przygotowano główną część manuskryptu dotyczącego charakterystyki strukturalnej i funkcjonalnej tego faga.

Najważniejszy wynik badawczy:

Wykazanie wpływu białka ParB P1 na wewnątrzkomórkową lokalizację niskokopiowego plazmidu niosącego centromer plazmidowy P1, *parS*.

PUBLIKACJE: 4487, 4573, 643/N, 647/N

Temat nr 34: Udział struktur chromatynowych w regulacji transkrypcji genów

Zespół: prof. dr hab. Andrzej Jerzmanowski, dr hab. Marta Prymakowska-Bosak, dr Tomasz Sarnowski, mgr Joanna Halibart-Puzio, mgr Daniel Buszewicz, mgr Maciej Lirski, mgr Małgorzata Tybor

Wykazano, że u roślin (*Arabidopsis thaliana*) kompleksy SWI/SNF przebudowujące chromatynę z udziałem ATP stanowią kluczowe ogniwo w ścieżce sygnalizacji hormonalnej giberelin. Odgrywają one w tym systemie podwójną rolę: 1) są celem degradacji proteasomowej zależnej od stężenia białek DELLA, głównych represorów wzrostu u roślin, i 2) uczestniczą wraz z białkami DELLA w pozytywnej regulacji kluczowych genów homeostazy giberelinowej *GA3ox1* i *SCL3*, tworząc w ten sposób pętlę ujemnego sprzężenia zwrotnego umożliwiającą utrzymanie równowagi między represją i indukcją wzrostu.

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* ma kluczowe znaczenie dla funkcjonowania programu ograniczania wzrostu w warunkach suszy.

Najważniejszy wynik badawczy:

Wykazanie udziału proteolizy białek kompleksu SWI/SNF w mechanizmie hamowania wzrostu u roślin zależnym od białek DELLA.

PUBLIKACJA: 2984/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 dotyczyły wydajnej produkcji dwóch ssaczych cytokin, hIL-2 (ludzka interleukina 2) oraz mGM-CSF (mysi GM-CSF) w transgenicznym tytoniu *Nicotiana tabacum* cv LABurley 21. W celu zwiększenia zarówno wydajności produkcji jak i oczyszczania rekombinowanych cytokin zaprojektowano nowe konstrukty pozwalające na uzyskanie hIL-2 oraz GM-CSF w fuzji z ELP. Ten elastyno-podobny polipeptyd składa się z wielokrotnych powtórzeń pentametu (VPGXG)_n (X – dowolny aminokwas, oprócz proliny, n=5-160). Białka zawierające ELP powyżej temperatury przejścia fazowego tworzą nierozpuszczalne agregaty, które przy obniżaniu temperatury rozpuszczają się (ang. *inverse transition cycling*). Wybrane przez nas ELP to trzydzieści razy powtórzona sekwencja pentameru VPGVG. Do uzyskania konstruktów do transformacji roślin wykorzystano wektory z serii ImpactVector 1.1, 1.2 i 1.3 zawierające promotor i terminator genu *RbcS*, kodującego małą podjednostkę karboksylazy 1,5 bisfosforybulazy (RUBISCO) oraz sekwencje kierujące rekombinowane białka na drogę sekrecyjną, do ER lub cytoplazmy. W wyprodukowanym białku fuzyjnym cytokina znajdująca się na jego N końcu jest oddzielona od ELP etykietami C-myc i His oraz miejscem rozpoznawanym przez trombinę. Uzyskano transformanty roślinne i potwierdzono w nich obecność rekombinowanych białek fuzyjnych. Rozpoczęto analizę wydajności produkcji rekombinowanych fuzyjnych białek cytokin. Pierwsze wyniki wskazują, że najniższy poziom produkcji występuje w przypadku akumulacji białka w cytoplazmie.

Najważniejszy wynik badawczy:

Uzyskano produkcję w tytoniu *Nicotiana tabacum* rekombinowanych białek dwóch cytokin hIL-2 oraz mGM-CSF w fuzji z elastyno-podobnym polipeptydem ELP.

PUBLIKACJE: 4518, 637/N, 3154/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 Marlena Siwiak, mgr Arkadiusz Gładki, mgr Paweł Kamiński, mgr Norbert Odolczyk, mgr Maciej Wójcikowski

Badano wpływ kolejkovania rybosomów na wydajność translacji. Opracowano metodę, pozwalającą na wyznaczenie podatności sekwencji mRNA na kolejkovanie rybosomów. Pokazano, że istnieje ujemna korelacja podatności na kolejkovanie z liczbą produkowanych białek. Przeprowadzono analizę parametrów związanych z kolejkovaniem w kontekście innych parametrów translacji.

Kontynuowano projekt związany z poszukiwaniem potencjalnych celów antybiotykowych przeciwko patogenom bakteryjnym. Otrzymane wyniki pozwalają wysunąć hipotezę że tempo presji selekcyjnej jest atrakcyjnym parametrem, pomocnym w przewidywaniu i ewaluacji potencjalnych celów antybiotykowych przeciwko patogenom bakteryjnym.

Analizowano zjawisko dominacji genetycznej w kontekście interakcji genetycznych. Rozszerzono badania do czterech organizmów modelowych (*S. cerevisiae*, *S. pombe*, *D. melanogaster*, *H. sapiens*). Otrzymane wyniki pozwalają wysunąć hipotezę że tylko mutacje dominujące typu „loss-of-function” mają więcej interakcji genetycznych niż mutacje recesywne.

We współpracy z Instytutem Sadownictwa w Skierniewicach opracowano metodę analizy ewolucyjnej genów kapsydowych wirusa ASPV.

Podjęto prace nad systemem do analizy sekwencji promotorowych genów z wykorzystaniem narzędzi genomiki porównawczej. Efektem tych prac jest funkcjonalny serwis PROMISS analizujący promotory genów *Arabidopsis thaliana* i *Zea mays*.

Zebrano dane doświadczalne i opracowano model ewolucji interaktomu będący uogólnieniem wcześniejszej wersji modelu dwu-eksponencjalnego.

PUBLIKACJA: 4557

Międzynarodowe zgłoszenie patentowe: PCT/PL2011/000060

Temat nr 37: Mechanizmy kontrolujące proces patogenezy komórek roślinnych

Zespół: prof. dr hab. Jacek Hennig, dr Dorota Konopka-Postupolska, mgr inż. Karolina Morgiewicz, mgr inż. Wojciech Rymaszewski, mgr inż. Michał Szalonek, (doktoranci IBB PAN)

Kontynuowaliśmy analizy molekularne odpowiedzi roślin ziemniaka jadalnego (*Solanum tuberosum* spp. *tuberosum* L.) na infekcję wirusem Y ziemniaka (Potato Virus Y, PVY). Wśród kilku opisanych typów odporności na infekcje PVY, reakcja nadwrażliwości (ang. *Hypersensitive Response*, HR) i reakcja krańcowej odporności (ang. *Extreme Resistance*, ER) wydają się mieć szczególnie duże znaczenie dla hodowli i uprawy ziemniaka. Naszym głównym celem było uzyskanie danych na temat globalnych zmian zachodzących w poziomie ekspresji genów podczas odpowiedzi ER czy HR. Do wykonania globalnej analizy transkrypcji, po infekcji PVY, wykorzystaliśmy mikromacierze opracowane na bazie platformy firmy Agilent przez konsorcjum POCI (Potato Oligo Chip Initiative). W celu lepszego zrozumienia obu mechanizmów odporności zostały uzyskane, na drodze krzyżówek, rośliny mieszańcowe posiadające różne allele genów *Ry* czy *Ny*, to jest genów, których ekspresja wydaje się być krytyczna dla obu typów odporności. Doświadczenia przeprowadzone na roślinach mieszańcowych umożliwiły sprawdzenie wzajemnych zależności między produktami genów, warunkującymi oba typy odporności. Stwierdziliśmy, że allel *Ry-f_{sto}* jest epistatyczny w stosunku do allelu *Ny-1*, a reakcja typu ER maskuje odpowiedź typu HR. Ponadto, wykonaliśmy doświadczenia na małych skrawkach liści genotypu *Ry-f_{sto}*, infekowanych PVY, co pozwoliło wyeliminować tzw. efekt rozcieńczenia komórek odpowiadających na infekcję przez te, w których reakcja nie zachodzi. Umożliwiło to precyzyjne zbadanie ekspresji wybranych genów markerowych w odpowiedzi typu ER po infekcji PVY.

Najważniejszy wynik badawczy:

Opracowano oryginalną metodę izolacji RNA z mikro skrawków (<1mm²) pobranych z liści, umożliwiającą ilościową analizę ekspresji wybranych genów, a także określenia koncentracji RNA wirusa ziemniaka Y.

PUBLIKACJE: 4541, 4571, 3109/A, 3148/A, 3149/A, 3151/A, 3153/A

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

Zespół: dr Bożenna Rempoła

Kontynuowano badania prowadzone we współpracy z dr hab. Anną Szkopińską (temat nr 45) dotyczące funkcji drożdżowego białka Nus1, któremu przypisuje się cechy prenyltransferazy. Delecja genu *NUS1* jest letalna, jednak jego rola w komórce nie jest znana.

Podjęto próbę identyfikacji białek oddziałujących z Nus1p przy zastosowaniu drożdżowego systemu dwuhybrydowego i banku genów *S. cerevisiae*. W żadnym z 35 wyizolowanych wstępnie klonów nie została potwierdzona interakcja z Nus1p.

Skonstruowano również plazmid pYES-NUS1-GFP, w którym ekspresja genu *NUS1* w fuzji z GFP kontrolowana jest przez regulowany promotor galaktozowy. Wykazano funkcjonalność białka Nus1 oraz jego zróżnicowaną lokalizację komórkową w zależności od fazy wzrostu. Wyciszenie ekspresji genu *NUS1* po wprowadzeniu plazmidu pYES-NUS1-GFP do szczepu *nus1Δ* wykazało, że śladowa ekspresja *NUS1* jest wystarczająca dla przeżycia mutantu *nus1Δ*.

Wcześniej otrzymane wstępne wyniki wskazują, że Nus1p może syntetyzować prenole o długości zbliżonej do tych syntetyzowanych przez Rer2p. W celu jednoznacznego ustalenia zdolności Nus1p do syntetyzowania prenoli skonstruowano szczep z delecją genu *RER2* do którego wprowadzono gen *NUS1* pod promotorem glaktozowym (pYES-NUS-GFP), umożliwiającym regulowanie poziomu ekspresji *NUS1*. Doświadczenia są w toku.

Najważniejszy wynik badawczy:

Skonstruowanie narzędzia do weryfikacji aktywności cis-prenyltransferazowej białka Nus1.

PUBLIKACJE: 2964/A, 3012/A, 3091/A, 642/N

Temat nr 39: Badanie polimorfizmu mitochondrialnego DNA w populacji polskiej

Zespół: prof. dr hab. Ewa Bartnik

Przebadano 50. pacjentów z encefalomiopatiami mitochondrialnymi z podejrzeniem zmian w mitochondrialnym DNA. Znaleziono 15 delecji w mitochondrialnym DNA, z czego w 5. przypadkach delecje miały charakter wielokrotny.

Badania dziedzicznej neuropatii wzrokowej Lebera objęły 31 analiz pacjentów, wykryto 2 mutacje w pozycji 11778 u członków rodzin wcześniej badanych pacjentów i jedną rzadką mutację w pozycji 3635 u probanta.

Analizę haplogrup mitochondrialnego DNA u pacjentów z dziedziczną neuropatią wzrokową Lebera przeprowadzono 16. pacjentów z mutacjami powodującymi LHON (u trzech pacjentów była to mutacja 3460G>A, u jednego mutacja 14484T>G, u 12 pacjentów mutacja 11778G>A). W analizowanej próbie, wśród pacjentów mających mutację 11778G>A, z równą częstością wynoszącą 25% pojawiły się haplogrupy: H, U i J oraz z częstością ok. 8,3% haplogrupy T, V i I. Dwie próbki udało się zaklasyfikować do rzadko występujących w populacji wschodnioeuropejskiej haplogrupy V (częstość występowania 3%) i I (częstość występowania 2%), według danych z bazy danych MITOMAP. Analiza polimorfizmów pętli D we wszystkich przypadkach potwierdziła uzyskany wcześniej wzór trawienia restrykcyjnego.

PUBLIKACJA: 4481

Temat nr 41: Oksydacyjne uszkodzenia DNA

Zespół: prof. dr hab. Barbara Tudek, prof. dr hab Celina Janion, dr Elżbieta Speina, dr Alicja Winczura, dr Beata Janowska (do 06.2011), mgr Paulina Prorok (od 1.11.2010 do 31.10.2012 w IGR, Villejuif, France), mgr Hubert Ludwiczak, mgr Dorota Dziuban, mgr Artur Biela (doktorat polsko-francuski, w IBB PAN 4 miesiące, Uniwersytet Orleański, Francja), mgr Jolanta Czerwińska (od 1.10.2011)

Stres oksydacyjny i peroksydacja lipidów (LPO) generuje powstawanie promutagennych aldehydów wiążących się do kwasów nukleinowych i białek. Kontynuując badania nad szlakami naprawy adduktów *trans*-4-hydrokso-2-nonenalu (HNE) do DNA zaobserwowaliśmy, że kurze komórki DT40 z wyłączonymi helikazami WRN, BLM, FANCM, FANCI, a także innymi genami niedokrwistości Fanconiego, FANCD2 i FANCC są nadwrażliwe na HNE. HNE hamuje proliferację komórek BLM^{-/-} i WRN^{-/-}. W liniach tych obserwuje się zaburzenia cyklu komórkowego z aktywacją punktów kontrolnych fazy G2 i wczesnej fazy S. Sugeruje to, że helikazy BLM i WRN są niezbędne w fazie G2/M i wczesnej fazie S do procesowania adduktów HNE-DNA, które blokują replikację. Badania *in vitro* pokazały, że HNE hamuje aktywność helikazową i egzonukleazową białka WRN.

Badaliśmy również LPO i wydajność naprawy DNA w wątrobie, mózgu i nerkach przedwcześnie starzejących się myszy *Ercc1*^{-/-} z wyłączonym systemem naprawy przez wycinanie nukleotydów. W wątrobach tych myszy zaobserwowano powyższy poziom adduktów HNE do białek, co sugeruje zwiększoną peroksydację lipidów. Większość etapów naprawy oksydacyjnych uszkodzeń DNA typu BER nie była zmieniona w wątrobie i nerkach myszy *Ercc1*^{-/-} z wyjątkiem ligacji, której szybkość była obniżona.

Nowo podjętym zagadnieniem jest krystalografia enzymów naprawy DNA w celu zbadania specyficzności substratowych i mechanizmu działania. Wykazano, że 2-tioksantyna hamuje aktywność glikozylazy Fpg z *Lactococcus lactis* poprzez wiązanie z Cys palca cynkowego i usunięcie jonów Zn²⁺.

Najważniejszy wynik badawczy:

Hamowanie aktywności glikozylazy Fpg przez 2-tioksantynę wynika z inaktywacji palca cynkowego enzymu poprzez wiązanie się z resztą Cys.

PUBLIKACJE: 4506, 3047/A, 3069/A, 3070/A, 3071/A, 3082/A, 3093/A, 3095/A, 3107/A, 3111/A, 3118/A, 3144/A, 3145/A, 3146/A, 3147/A, 3148/A, 196/M, 623/N, 626/N

Temat nr 42: Mutacje indukowane i adaptacyjne

Zespół: prof. dr hab. Elżbieta Grzesiuk, dr Anna Sikora, dr Joanna Krwawicz, dr Jadwiga Nieminuszczy (staż podoktorski, Oxford), dr Michał Wrzesiński, mgr Damian Mielecki, mgr Aleksandra Chojnacka, mgr Jan Piwowarski, mgr Dorota Zugaj (od 09.2011)

Zespół kontynuuje prace nad mechanizmami działania białek ALKBH, homologów białka AlkB *E.coli* i ich znaczeniem w ochronie komórki przed czynnikami alkilującymi. Badania są prowadzone na sinicach, *Arabidopsis thaliana* i nowotworach ludzkich. Stosując metody bioinformatyczne opisaliśmy 1943 sekwencje homologów AlkB i odkryliśmy osiem nowych podrodzin dioksygenaz AlkB. Specyficzność poszczególnych homologów w stosunku do czynników alkilacyjnych MMS i CAA została potwierdzona *in vivo*; u sinic poprzez badanie przeżywalności fagów M13 i MS2 w testach komplementacji, a u *A.thaliana* poprzez subkomórkową lokalizację białek ALKBH. Praca opisująca te wyniki pt “Novel AlkB dioxygenases – alternative models for *in silico* and *in vivo* studies” autorzy: Mielecki D, Zugaj, Muszewska, Piwowarski, Chojnacka, Mielecki M, Nieminuszczy, Grynberg, Grzesiuk, została zaakceptowana do publikacji w PLoS One.

Rozpoczęliśmy badania nad ludzkimi homologami białka AlkB, w szczególności ALKBH 1 i FTO.

Zakończono analizę metagenomiczną hodowli ciągłej wyselekcjonowanych zespołów bakterii fermentacji wodorowych na podłożu z melasą metodą 454-pyroseqwencjonowania oraz opisano optymalne warunki dla produkcji wodoru panujące w bioreaktorze. Dokonano ciekawej obserwacji, że obecność w konsorcjum bakteryjnym bakterii heterofermentacji mlekowej zwiększa wydajność produkcji wodoru.

Na podstawie sekwencji genu *gyrB* stwierdzono, że opisane wcześniej izolaty *Shewanella* POL1 i POL2 są nowym, słodkowodnym gatunkiem z rodzaju *Shewanella*.

Najważniejsze wyniki badawcze:

1. Znalezienie 1943 nowych sekwencji AlkB i odkrycie ośmiu nowych podrodzin dioksygenaz AlkB.
2. Postawienie hipotezy, że obecność w konsorcjum bakteryjnym bakterii heterofermentacji mlekowej zwiększa wydajność produkcji wodoru.
3. Wykrycie nowego gatunku z rodzaju *Shewanella*.

PUBLIKACJE: 4475, 4504, 4530, 195/M, 2995/A, 2971/A, 2972/A, 2973/A, 2974/A, 3026/A, 3045/A, 3046/A, 3066/A, 3084/A, 3085/A, 3086/A, 619/N, 619/N

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

Zespół: prof. dr hab. Grażyna Jagura-Burdzy, dr Aneta Bartosik, mgr Krzysztof Głabski, mgr Paulina Kuchta, mgr Aleksandra Markowska, mgr Jolanta Szarlak, mgr Marta Ludwiczak

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. Analiza molekularna modułu replikacyjnego plazmidu RA3 wykazała regulację procesu replikacji i liczby kopii minireplikonu przez transkrypt *mRNArepX* i polipetyd RepX, jak również wykazała udział aktywacji transkrypcyjnej w funkcjonowaniu *oriV*. Analiza modułu koniugacyjnego sugeruje nowy mechanizm inicjacji procesu koniugacyjnego, odmienny od analizowanych dotychczas plazmidów. Relaksaza Nic nie wymaga obecności białka pomocniczego MobC do aktywacji *origin* transferu koniugacyjnego *oriT*.

Drugi kierunek naszych badań dotyczy wyjaśnienia mechanizmu działania chromosomalnych przedstawicieli rodzin białek partycyjnych ParA i ParB w *Pseudomonas aeruginosa*. Dotychczasowe badania wykazały plejotropowy charakter mutantów *par* *P. aeruginosa*. Analiza transkryptomów szczepu dzikiego PAO1161 i mutantów *parB* i *parA* wykazała, że regulatorowy efekt braku ParB jest znacznie większy niż braku ParA. Białko ParB wiąże się potencjalnie w 10 miejscach (sekwencje *parS*) w genomie *P. aeruginosa*. Uzyskaliśmy zestaw mutantów chromosomalnych pozbawionych pojedynczych miejsc *parS* lub w kombinacjach wielokrotnych ($\Delta 8$). Analiza fenotypowa, która poprzedza planowaną analizę transkryptomiczną wykazała istotną rolę sekwencji *parS2* w pobliżu *oriC*.

Najważniejsze wyniki badawcze:

1. Relaksaza Nic z RA3 rozpoznaje *oriT* samodzielnie, bez udziału białka pomocniczego, jak to ma miejsce w innych systemach koniugacyjnych plazmidów typu BHR.
2. Analiza transkryptomiczna wskazuje na zróżnicowaną funkcję białek Par w *P. aeruginosa* co oznacza, że działają nie tylko w kompleksie ParA-ParB ale i indywidualnie.
3. Analiza mutacyjna wskazuje na *parS2* w obrębie domeny *oriC* jako najistotniejsze miejsce wiązania ParB w genomie *P. aeruginosa*.

PUBLIKACJE: 4498, 4500, 4521, 2997/A, 3072/A

Zgłoszenie patentowe: P396645

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 Mariusz Jaremko (studium doktoranckie), mgr Łukasz Jaremko (MISDoMP)

Zastosowanie NMR do wyznaczania struktury i dynamiki białek.

Prowadzone są prace nad strukturą i dynamiką wiążącego jony wapnia ludzkiego białka S100A1 i jego mutantów i modyfikacji w formach *apo* i *holo*. We współpracy z Uniwersytetem w Duisburgu-Essen prowadzone są badania struktury i dynamiki niskotemperaturowej parwuliny CsPin z archeonu *Cenarchaeum symbiosum*.

Modelowe badania analogów tryptofanu.

Kontynuowano prace eksperymentalne autoasocjacji 1-metyloindolu jako związku modelowego pozwalającego zrozumieć oddziaływania tryptofanu w białkach membranowych. Autoasocjacja 1-metyloindolu została dodatkowo potwierdzona przez pomiary NMR współczynnika dyfuzji w funkcji stężenia. Zakończono część eksperymentalną badań obejmującą różne metody NMR oraz badania IR i momentu dipolowego. Na ukończeniu są obliczenia *ab initio* ukierunkowane na odtworzenie teoretyczne zmierzonych efektów spektroskopowych.

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:

Wykazanie przydatności magnetycznej relaksacji jądrowej do wyznaczania niektórych parametrów strukturalnych w białkach (publikacja w przygotowaniu).

PUBLIKACJE: 4482, 4483, 4493, 4495, 4502, 4505, 4511, 4520, 4546, 4564, 2963/A,
3003/A, 3004/A, 3005/A, 3006/A, 3007/A, 3008/A, 3049/A, 3050/A, 3052/A,
3053/A, 3054/A, 3065/A, 3073/A, 3084/A

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

Zespół: dr hab. Anna Szkopińska, dr Barbara Kłudkiewicz

Do modelowanego organizmu, drożdża *Saccharomyces cerevisiae* z delecją obu genów kodujących 3-hydroxy-3-metyloglutarylo-CoA reduktazę wprowadzono na plazmidach drożdżowy gen HMGR1, HMGR2 lub ludzką hHMGR. W otrzymanych mutantach badano wpływ fluwa-, rosuwa-, simwa- i atorwastatyny na poziom syntezy intermediatów sterolowych i ergosterolu. We wszystkich badanych szczepach nastąpił spadek poziomu syntezy steroli oraz konwersja intermediatów sterolowych w ergosterol. Mutanty zawierające ludzką hHMGR i drożdżową HMGR1 reagowały podobnie na podane statyny. Wśród statyn najmniej zmiany w stosunku do próby kontrolnej powodowała simwastatyna największe zaś rosuwastatyna. Współpraca z dr B. Burzyńską temat 55.

Podjęto próbę identyfikacji białek oddziałujących z Nus1p przy zastosowaniu drożdżowego systemu dwuhybrydowego i banku genów *S. cerevisiae*. W żadnym z 35 wyizolowanych wstępnie klonów nie została potwierdzona interakcja z Nus1p.

Skonstruowano plazmid pYES-NUS1-GFP, w którym ekspresja genu *NUS1* w fuzji z GFP kontrolowana jest przez regulowany promotor galaktozowy. Potwierdzono funkcjonalność białka Nus1 oraz jego zróżnicowaną lokalizację komórkową w fazie logarytmicznej i stacjonarnej. Wyciszenie ekspresji genu *NUS1* po wprowadzeniu plazmidu pYES-NUS1-GFP do szczepu *nus1Δ* wykazało, że śladowa ekspresja *NUS1* jest wystarczająca dla utrzymania żywotności mutantu *nus1Δ*.

Wcześniej otrzymane wstępne wyniki wskazują, że Nus1p może syntetyzować prenole o długości zbliżonej do tych syntetyzowanych przez Rer2p. W celu jednoznacznego ustalenia zdolności Nus1p do syntetyzowania prenoli skonstruowano szczep z delecją genu *RER2*, do którego wprowadzono gen *NUS1* pod promotorem galaktozowym, umożliwiającym regulowanie poziomu ekspresji *NUS1*. Współpraca z dr B. Rempolą temat 38.

Najważniejsze wyniki badawcze:

1. Ustalenie, że simwastatyna spośród 4 testowanych statyn powoduje najmniej zmiany w syntezie steroli.
2. Skonstruowanie narzędzia do weryfikacji aktywności cis-prenyltransferazowej białka Nus1.

PUBLIKACJE: 2964, 3012, 4585, 3091/A

Temat nr 47: Modelowanie struktury i funkcji białek

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

Ubikwitynowa ligaza Rsp5 z *Saccharomyces cerevisiae* jest regulatorem wielu procesów komórkowych. Poszukiwano, czy białko to zawiera sygnały eksportu z jądra (NES). Znalezione potencjalny NES i wykazano na podstawie porównania sekwencji białek z wielu organizmów, że jest on zachowawczy. Ligaza Rsp5 posiada domenową budowę: C2-WW-HECT, wiążącą lipidy, wiążącą białka oraz domenę katalityczną. Znane są struktury krystalograficzne domen HECT, homologicznych do drożdżowej Rsp5. Zbudowano model przestrzenny domeny HECT białka Rsp5 i pokazano, że fragment zawierający NES jest położony na łączniku między dwiema subdomenami domeny HECT.

ParB z *Pseudomonas aeruginosa* należy do dużej rodziny białek partycjonujących plazmidy. Dokładna segregacja genomów jest istotna dla stabilności genetycznej. Białka typu ParB zawierają dwie domeny: N-terminalną z motywami HTH wiążącymi DNA, oraz C-terminalną, tzw. domenę dimeryzacyjną. Na podstawie znanych struktur krystalograficznych otrzymano dwa modele N-terminalnej domeny. Pozwoliło to na zaprojektowanie mutantów, które nie były w stanie prawidłowo rozprzestrzeniać się na DNA, jak również pokazać rolę domeny N-terminalnej w procesie oligomeryzacji.

Podjęto pracę nad wielkoskalowym systemem dokowania molekularnego oraz jego wykorzystaniem do projektowania inhibitorów enzymów odpowiedzialnych za proces metylacji DNA. Efektem prac jest system automatyzujący proces dokowania i oceny oraz system bazodanowy pozwalający na szybki dostęp i obróbkę danych konformacyjnych związków chemicznych.

W posiadanej bazie związków-kotwic określono *in silico* wpływ poszczególnych podstawników na przewidywane powinowactwo do białka ParA z plazmidu P1 (struktura 3EZ2). W tym celu stosowano techniki QSAR 3D zaimplementowane w oprogramowaniu firmy Tripos Inc. Ponieważ nie są znane eksperymentalne aktywności związków, wykorzystano teoretyczne wartości różnych funkcji oceniających. Otrzymano model o korelacji cech i podstawników na poziomie 0,6 co pozwala zaklasyfikować go jako dobry. Na tej podstawie określono teoretycznie, które grupy funkcyjne spełniają rolę stabilizatorów wiązania ligand-receptor (w szczególności oddziaływania elektrostatyczne), a które mogą być podmienione bez istotnego wpływu na komplementarność ligand-receptor.

PUBLIKACJE: 4521, 4528, 4585, 2966/A, 3001/A, 3014/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. W świetle ostatnich doniesień głównym czynnikiem odpowiedzialnym za powstawanie i rozwój choroby Alzheimera wydają się być oligomery peptydu A β . Od kilku lat badamy czynniki stabilizujące strukturę oligomerów peptydu A β stosując spektrometrię mobilności jonów sprzężoną ze spektrometrią mas. Scharakteryzowaliśmy własności oligomeryzacyjne serii punktowych mutantów. Badania te wykazały na przykład, że mostek solny D₂₃-K₂₈ jest istotny dla stabilizacji formy zamkniętej oligomerów.

W ostatnim roku prowadziliśmy też badania kompleksu peptydu A β z receptorem RAGE. Część pozakomórkowa receptora RAGE jest odpowiedzialna za wiązanie szeregu ligandów, powodując propagację prozapalnej aktywacji genów w wielu stanach patologicznych. Wiedza o jego strukturze jest więc ważna dla zrozumienia mechanizmu aktywacji receptora i tworzenia inhibitorów o potencjale terapeutycznym. W roku 2011 prace skupiały się na testowaniu hipotezy wiążącej transdukcję sygnału z oligomeryzacją receptora. Aby stworzyć model dimerycznej formy receptora (dim-RAGE) wykorzystaliśmy reakcję tworzenia mostka dityrozynowego. Mostek taki został utworzony między dwiema tyrozynami umieszczonymi na końcu C receptora. Następnie, stosując metodę pomiarów kinetyk wymiany wodoru deuter sprzężonej ze spektrometrią mas, pokazaliśmy stabilizację regionu linkerowego C1-C2. Uzyskany wynik wspiera hipotezę, według której wiązanie ligandu wymusza oligomeryzację receptora i stabilizację jego struktury, umożliwiając przekazanie sygnału.

Mostek di-tyrozyny może również być odpowiedzialny za obecność neurotoksycznych oligomerów peptydu A β stabilnych w SDS. Formy oligomeryczne ustabilizowane mostkiem di-Tyr zostały wygenerowane, obecnie badamy konsekwencje strukturalne tworzenia takich form oligomerycznych peptydu A β , ponieważ informacje literaturowe wskazują, że formy te mogą należeć do najbardziej neurotoksycznych form peptydu A β .

Najważniejsze wyniki badawcze:

1. Stworzenie oligomerycznych form zewnątrzkomórkowej części receptora RAGE i wykazanie stabilizacji regionu łącznikowego C1-C2 w tych formach.
2. Określenie roli mostka D₂₃-K₂₈ w stabilizacji form zamkniętych oligomerów peptydu A β .
3. Pokazanie blokowania internalizacji peptydu A β 1-40 do komórek śródbłónka przez peptyd A β 16-23 zbudowany z aminokwasów D.

PUBLIKACJE: 4468, 4575, 622/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 Joanna Radziwiłł-Bieńkowska, mgr Joanna Życka-Krzesińska, mgr Joanna Żylińska

Badania sprzężonego katabolizmu celobiozy i laktozy u *Lactococcus lactis* zaowocowały odkryciem, że system transportujący te cukry, składający się z białek CelB, PtcA i PtcB, podlega ścisłej kontroli przez białko regulatorowe CcpA, ale dla pełnej indukcji ekspresji genu *celB* wymagana jest obecność w środowisku celobiozy. Wykazano także, iż efektywność kontroli ekspresji genów katabolizmu cukrów zależy od stopnia konserwowania sekwencji *cre*, które je poprzedzają. Zaobserwowano również, że w przypadku 100% konserwacji sekwencji *cre* białko CcpA hamuje silnie ekspresję takich genów nawet w warunkach nie reprimujących. Ponadto stwierdzono, że białko YebF nie tylko jest zaangażowane w katabolizm laktozy, ale również w katabolizm celobiozy, ponieważ mutant *yebF* nie jest zdolny do wzrostu w obecności celobiozy, jako jedyne źródła węgla. Z uwagi na fakt, że YebF wykazuje podobieństwo sekwencji aminokwasowej do białek wiążących fosfocukry z rodziny RpiR i zawiera motyw HTH charakterystyczny dla białek wiążących DNA, postawiono hipotezę, że białko YebF jest regulatorem asymilacji celobiozy u *L. lactis*. Uzyskane wyniki pozwoliły rozbudować model katabolizmu laktozy i celobiozy u *L. lactis*, w którym białka CcpA i YebF pełnią role regulacyjne.

Wydajny rozwój bakterii mlekowych w różnych środowiskach podlega zakłóceniom spowodowanym infekcjami bakteriofagami. Kontynuując badania nad biologią bakteriofagów wykazaliśmy, że modelowy bakteriofag bIL67 zawiera w swoim genomie homolog genów kodujących białka wiążące jednoniciowy DNA, tzw. SSBP. Jednak w odróżnieniu od innych fagów, *ssb* występujący w genomach bakteriofagów wirulentnych dla laktokoków został nabyty na drodze horyzontalnego transferu genów (HGT) od *Archea*, a nie od ich bakteryjnych gospodarzy.

Najważniejsze wyniki badawcze:

1. Białko YebF jest regulatorem asymilacji celobiozy u *L. lactis* i wraz z białkiem CcpA kontroluje ekspresję genów zaangażowanych w katabolizm laktozy i celobiozy.
2. Gen *ssb* z wirulentnych fagów laktokokowych jest unikatowym przykładem HGT pomiędzy *Archea* i wirusami bakteryjnymi.

PUBLIKACJE: 4480, 4525, 4547, 4584, 2957/A, 2968/A, 2969/A, 2970/A, 2992/A, 3043/A, 3162/A

Temat nr 50: Przewodzenie sygnału stresu osmotycznego w roślinach

Zespół: prof. nadzw. dr hab. Grażyna Dobrowolska, dr Maria Bucholc, mgr Anna Kulik, mgr Ewa Krzywińska, mgr Justyna Maszkowska, mgr Katarzyna Szymańska

Prowadzone w roku 2011 badania były kontynuacją badań mających na celu poznanie funkcji kinaz z rodziny SnRK2 (SNF1-related kinase 2).

Nasze wcześniejsze badania wykazały, że stres indukowany jonami kadmu powoduje aktywację kinaz SnRK2 niezależnych od ABA; kinazy NtOSAK w komórkach tytoniu BY-2 oraz jej najbliższych homologów, kinaz SnRK2.4 i SnRK2.10, w komórkach *Arabidopsis thaliana*. Analizując fenotyp mutantów *snrk2.4* i *snrk2.10* wykazano, że badane kinazy są negatywnymi regulatorami tolerancji jonów kadmu przez rośliny. Badania mechanizmu regulacji wrażliwości roślin na Cd^{2+} poprzez kinazy SnRK2 wskazywały, że kinazy te regulują akumulację reaktywnych form tlenu w korzeniach roślin traktowanych solami kadmu oraz ekspresję genów, których produkty mają kluczowy udział w zapewnieniu roślinie homeostazy żelaza.

W 2011 r. badano udział kinaz SnRK2 w odpowiedzi roślin na deficyt i nadmiar jonów żelaza. W warunkach kontrolnych, w liściach mutantów *snrk2.4* i *snrk2.10* obserwowano zwiększoną ekspresję genów kodujących ferrytyny 1, 3 i 4 oraz syntazę nikotianaminy 4, natomiast w korzeniach, genów kodujących białka zaangażowane w pobieranie jonów żelaza z podłoża (*IRT1*, *FRO2* i *FIT1*). Wykazano, że kinaza NtOSAK jest aktywowana w komórkach tytoniu BY-2 potraktowanych dużymi stężeniami soli żelaza oraz, że do aktywacji tej niezbędny jest tlenek azotu. Testy fizjologiczne przeprowadzone na mutantach inercyjnych kinaz *snrk2.4* i *snrk2.10* oraz roślinach typu dzikiego wykazały w teście przyrostu korzeni na długość, że siewki mutantów charakteryzują się zwiększoną odpornością na niedobór żelaza w pożywce; ich korzenie były dłuższe niż roślin typu dzikiego. Natomiast obserwacje powstawania chloroz na liściach na skutek deficytu żelaza wykazały, że te same mutanty w przypadku roślin dorosłych, charakteryzują się zwiększoną wrażliwością na ten stres. Badania nasze wskazują, że kinazy SnRK2 najprawdopodobniej regulują homeostazę żelaza w roślinie poprzez regulację kilku różnych procesów, m.in. pobieranie i akumulację jonów tego metalu.

Najważniejszy wynik badawczy:

Kinazy SnRK2 regulują odpowiedź roślin na stres wywołany niedoborem lub nadmiarem jonów żelaza w podłożu.

PUBLIKACJE: 4478, 4538, 2985/A, 3147/A

Temat nr 51: Strukturalne i funkcjonalne konsekwencje modyfikacji potranslacyjnych białek

Zespół: dr Aleksandra Wysłouch-Cieszyńska, dr Monika Zaręba-Kozioł, Liliya Zhukova

W roku 2010 kontynuowaliśmy prace nad proteomiczną analizą zmian endogennej S-nitrozylacji białek w synaptosomach uzyskiwanych z mózgów myszy transgenicznym noszących zmutowane geny preseniliny 1 lub ludzkiego białka APP, które są uznanymi modelami choroby Alzheimera (AD). We współpracy z dr. Maciejem Lalowskim (University of Helsinki, Finlandia) została przeprowadzona analiza bioinformatyczna, której celem było zrozumienie sieci powiązań funkcjonalnych dla eksperymentalnie zidentyfikowanych przez nas, endogennie S-nitrozylowanych białek i peptydów. Wskazała ona, że S-nitrozylacja jest szeroko obecną modyfikacją białek, która dotyka białek zaangażowanych we wszystkie ważne procesy synaptyczne. Analiza wskazała również, że pod wpływem nadprodukcji peptydu A β w neuronach myszy następuje różnicowa S-nitrozylacja białek zaangażowanych m.in. w procesy wydłużania neurytów oraz procesów związanych z dostarczaniem energii np. glikolizy. Projekt był realizowany we współpracy z prof. M. Dadlezem (IBB), prof. J. Kuźnickim (IIMCB), dr. hab. C. Żekanowskim (CMDiK) oraz Fredem van Leuven (Leuven University, Belgia).

W ramach projektu badającego wpływ S-nitrozylacji białek S100 (współpraca z dr Igorem Zhukovem, Slovenian NMR Center) zaproponowano molekularny mechanizm wpływu S-nitrozylacji podrodziny białek S100 na wiązanie przez nie jonów metali oraz oddziaływanie z białkami docelowymi. Polega on na sieci powiązań łańcuchów bocznych aminokwasów aromatycznych i hydrofobowych z modyfikowanym tiolem cysteiny.

Najważniejszy wynik badawczy:

Zaproponowanie molekularnego mechanizmu wpływu S-nitrozylacji na zmiany struktury i funkcji podrodziny białek S100 posiadających w sekwencji zachowaną ewolucyjnie resztę cysteiny (praca wysłana do druku). Wskazanie S-nitrozylacji jako ważnego elementu w sieci regulacji aktywności białek synaptosomalnych.

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

Zespół: dr hab. Elżbieta Kraszewska, prof. dr hab. Jerzy Buchowicz, mgr Marta Modzelan (doktorantka), mgr Martyna Kujawa (doktorantka), Radosław Borowski (magistrant)

Kontynuujemy badania grupy białek Nudix w bakteryjnym patogenie roślinnym *Pseudomonas syringae* pv tomato DC3000. Po przeprowadzeniu analiz *in silico* do dalszych badań wybraliśmy białka PSPTO1462, PSPTO2670 oraz PSPTO4181 ponieważ wymienione polipeptydy mogą wchodzić w interakcje z ważnymi regulatorami komórkowymi w tym z czynnikami transkrypcyjnymi. Białka PSPTO1462, PSPTO2670 Nudix w fuzji ze znacznikami zostały wyprodukowane w komórkach *Escherichia coli*, a następnie oczyszczane metodą chromatografii powinowactwa. Oczyszczone produkty posłużyły do badań biochemicznych. Ustalono, że białko PSPTO1462 preferencyjnie katalizuje hydrolizę dwu-adenozyno tetrafosforanów (Ap₄A), które w komórkach bakteryjnych pełnią funkcje alarmonów. Natomiast białko PSPTO2670 jest aktywne wobec FAD.

Zaawansowane są badania białka PSPTO2720 (NudC) także z *P. syringae*. Analiza fenotypowa mutantów *nudC* wykazała, że brak tego białka w znaczącym stopniu upośledza wzrost (przy niezmienionym czasie generacji), oraz ruchliwość komórek bakteryjnych typu swimming i swarming. Wstępne wyniki z analiz typu pull-down wskazują na możliwość tworzenia się kompleksów pomiędzy białkiem NudC, a zależnym od TonB receptorem błonowym. Obserwacja ta wskazuje na możliwy udział NudC w aktywnym transporcie żelaza.

Stosując technikę ilościowego RT-PCR ustalono, że ekspresja genu *nudC* ma charakter konstytutywny, chociaż jej poziom jest bardzo niski.

Najważniejsze wyniki badawcze:

1. Białko NudC z *P. syringae* jest niezbędne dla prawidłowego wzrostu oraz ruchliwości komórek bakteryjnych.
2. Białko NudC tworzy kompleksy z zależnym od TonB receptorem błonowym.

PUBLIKACJA: 3072/A

Temat nr 54: Mechanizmy molekularne działania jonów metali czynnych biologicznie

Zespół: prof. dr hab. Wojciech Bał, dr Arkadiusz Bonna, dr Tomasz Frączyk, dr Grażyna Goch, dr Agnieszka Polkowska-Nowakowska, dr Małgorzata Różga, dr Anna Maria Protas, mgr Hanieh Hosseinejad Ariani, mgr Agnieszka Belczyk, mgr Ewa Kurowska, mgr Katarzyna Piątek, mgr Aleksandra Witkiewicz-Kucharczyk, mgr Izabela Zawisza, mgr Wojciech Goch, mgr Ewa Podobas (doktoranci)

W roku 2011 kontynuowaliśmy prace nad udoskonaleniem i rozwinięciem opracowanej przez nas w poprzednich latach metody odcinania etykiety powinowactwa w reakcji białka rekombinowanego z jonami Ni(II). Efektem tych prac było opublikowanie artykułu, przedstawiającego rozszerzenie zakresu peptydów hydrolizujących o peptydy cysteinowe [4477]. Dalsze wyniki, przedstawione w rozprawie doktorskiej Anny Marii Protas [620/N]), zostaną opublikowane w r. 2012. W ramach badań mechanizmów molekularnych kancerogenezy opublikowaliśmy rozdział na temat aspektów chemicznych genotoksyczności jonów metali w książce *Metal Ions in Life Sciences* (współpraca z dr. hab. Kazimierzem S. Kasprzakiem, NIH, USA) [4494]. W ramach badań eksperymentalnych toksykologii niklu opublikowaliśmy dwa artykuły. W jednym z nich zbadaliśmy wiązanie jonu Ni(II) do histatyny 5 [4523], a w drugim wykazaliśmy podatność palców cynkowych typu C2H2 na hydrolizę niklową [4543]. Kontynuowaliśmy badania oddziaływań jonów Cu(II) z peptydem Aβ40 (praca doktorska Małgorzaty Różga [627/N]). Zbadaliśmy również dane literaturowe na temat zależności między strukturą kompleksów miedziowych i niklowych peptydów histydynowych i pokrojem ich widm CD [praca magisterska, Danuta Knap, PW, 646/A]. Wraz z prof. G. Dobrowolską opublikowaliśmy artykuł na temat właściwości konformacyjnych i wiązania jonów wapniowych do białka SCS [4478], a z prof. M. Dadlezem artykuł dotyczący oddziaływania peptydu Aβ i jego skróconych form z domeną V białka RAGE [4575]. We współpracy z prof. E. Grzesiuk badaliśmy właściwości konformacyjne białka TFF2 (manuskrypt w przygotowaniu), a wspólnie z prof. A. Bierzyńskim kontynuowaliśmy badania oddziaływań białka S100A1 z peptydami (manuskrypt w przygotowaniu).

Najważniejszy wynik badawczy:

Odkrycie podatności palców cynkowych na hydrolizę niklową [4543].

PUBLIKACJE: 4477, 4478, 4494, 4523, 4543, 4575, 646/A, 620/N, 627/N

Temat nr 55: Analiza genetyczna podstaw wybranych chorób dziedzicznych

Zespół: dr hab. Beata Burzyńska, dr Monika Góra, mgr Agata Leszczyńska, mgr Monika Niewiadomska, mgr Agata Maciejak, mgr Dorota Tułacz (doktorantki)

Czynniki ryzyka niewydolności serca (m.in. wielkość zawału, cukrzyca) tylko częściowo tłumaczą, dlaczego u jednych pacjentów dochodzi do dekompensacji lewej komory, podczas gdy u innych, pomimo pozawałowego uszkodzenia, funkcjonuje ona w miarę prawidłowo. Celem naszego projektu jest wyznaczenie czynników genetycznych sprzyjających procesowi pozawałowej przebudowy lewej komory mięśnia sercowego.

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, 7 dobie i w 2 miesiącu po operacji, umożliwiła wytypowanie genów o zmienionej ekspresji w komórkach serca i PBMC w grupie zwierząt z zawałami w porównaniu do grupy kontrolnej. Analiza funkcjonalna wykazała istnienie potencjalnych biomarkerów martwicy serca (SERCA2a, RyR2, MMP14, RGS18, czy białka transportującego Slc16a6) – genów o zmienionej ekspresji zarówno w tkance mięśnia sercowego jak i w komórkach krwi obwodowej.

W drugiej części projektu, zostały pobrane próbki krwi od pacjentów z zawałem serca z uniesieniem odcinka ST (STEMI), leczonych pierwotną angioplastyką wieńcową. Analiza macierzowa została wykonana na materiale pobranym w 4 punktach czasowych (1 doba po wystąpieniu zawału, 3-5 doba, 1 miesiąc i 6 miesięcy). Wstępnie przeanalizowano wyniki macierzowe porównując ekspresje genów po wystąpieniu zawałów do ekspresji w pozostałych punktach czasowych. Najbardziej zmienia się ekspresja genów szlaków metabolicznych dotyczących PPAR, interleukiny 10 i 6 oraz receptora glikokortykosteroidów i LXR/RXR.

Najważniejsze wyniki badawcze:

1. Model eksperymentalnego zawału u szczura może być wykorzystany do wybrania potencjalnych biomarkerów niewydolności serca.
2. Zawał serca powoduje szereg zmian w ekspresji genów w leukocytach pacjentów.

PUBLIKACJE: 4585, 3080/A, 3088/A, 3089/A, 3100/A, 194/M, 189M

Temat nr 56: Genomika *Paramecium tetraurelia*

Zespół: dr Robert Gromadka, dr Jacek Nowak, mgr Kamila Maliszewska, 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 45 000 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 rearanzacji 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 autogamii (procesu płciowego).

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

Prowadzono badania nad genami rodziny TFIIS, charakteryzującymi się wysoką homologią do czynnika transkrypcyjnego TFIIS, jednego ze składników kompleksu DNA zależnej polimerazy RNA typu II. W *P. tetraurelia* opisano 6 genów z tej rodziny: TFIIS1a/c, TFIIS2a/b, TFIIS3, TFIIS4. Prowadzono również badania nad innymi genami, których produkty są związane z transkrypcją (ASR1a/b/c/d/, PAP102, PC4, SPT1602, SSRP102, SPT502, SPT6a).

Najważniejszy wynik badawczy:

Wstępne wyniki uzyskane dla genów TFIIS4 i Spt502, których ekspresja jest niezbędna podczas autogamii wskazują na ich istotną rolę w rearanzacjach genomu.

PUBLIKACJE: 4490, 3158/A, 3159/A, 3160/A

Temat nr 57: Mechanizmy wierności replikacji DNA

Zespół: dr Anna Bębenek, mgr Izabela Ziuzia (doktorantka)

Polimeraza DNA faga RB69 jest modelowym enzymem dla badania wierności replikacji. Jest to polimeraza replikacyjna odpowiedzialna za wierną replikację genomowego DNA faga RB69. W bieżącym roku kontynuowano badania nad udziałem reszt aminokwasowych w kształtowaniu wierności replikacji polimerazy DNA faga RB69. Reszta aminokwasowa – W574, polimerazy bakteriofaga RB69 oddziałuje z 5' końcem matrycy i ogranicza dostęp zasadom matrycy znajdującym się od strony 5' do centrum aktywnego polimerazy. W celu określenia roli tej reszty aminokwasowej w kontroli wierności replikacji W574 został zamieniony na fenyloalaninę (F) oraz alaninę (A). Następnie określono wpływ tych mutacji na poziom wierności replikacji *in vivo* w teście rewersji w genie *rII* oraz mutagenезy wyprzedzającej w genie *rI*.

Nasze badania *in vivo* prowadzone są w układzie heterologicznym, w którym określamy wierność replikacji DNA prowadzonej przez mutanty polimerazy RB69 w komórkach *E. coli* zainfekowanych fagiem T4 z niefunkcjonalną polimerazą DNA. W tym roku rozpoczęliśmy nowe badania dotyczące oddziaływania pomiędzy polimerazą DNA faga RB69, a prymazą gp61 faga T4. Badania takie jak do tej pory nie były prowadzone. Wstępne doświadczenia z użyciem metody izotermicznego miareczkowania kalorymetrycznego (ITC) potwierdziły istnienie takich oddziaływań. W celu kontynuowania badań oczyściliśmy białka polimerazy RB69 oraz prymazy gp61. Poza miareczkowaniem kalorymetrycznym nasze badania przy współpracy z dr. hab. Jarosławem Poznańskim zostały rozszerzone o pomiary dichroizmu kołowego (CD) oraz fluorescencji. W tej chwili ustalamy warunki przeprowadzania tych pomiarów.

Najważniejszy wynik badawczy:

Reszta aminokwasowa W574 nie pełni istotnej funkcji w kształtowaniu wierności replikacji polimerazy DNA faga RB69.

PUBLIKACJA: 3150/A

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

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

Z biofilmu naskalnego z nieczynnej kopalni złota i arsenu w Złotym Stoku wyizolowano w poprzednim roku sprawozdawczym kilkadziesiąt szczepów z grupy *Actinobacteria*. Szczepy tego typu posiadają bardzo duży potencjał metaboliczny, dzięki czemu łatwo przystosowują się do życia w różnych warunkach. Ich ogromne możliwości produkowania enzymów zewnątrzkomórkowych i wtórnych metabolitów są często wykorzystywane w biotechnologii.

Wykonano wstępną analizę właściwości metabolicznych 27. wyhodowanych z biofilmu promieniowców. Dla każdego szczepu określono optymalne warunki wzrostu: zakres temperatury, tempo podziałów i zapotrzebowanie na tlen. Do ogólnej charakterystyki potencjału enzymatycznego szczepów zastosowano komercyjne zestawy API ZYM. Z pośród 19 testowanych, nie odnotowano jedynie aktywności 2 enzymów: α -galaktozydazy i β -glukuronidazy.

Mikroorganizmy zbadano pod kątem wrażliwości na 10 antybiotyków często stosowanych w terapiach u ludzi i zwierząt, a także jako dodatek dla pasz zwierzęcych. Zaobserwowano powszechny brak wrażliwości badanych szczepów na większość testowanych antybiotyków. Badano również aktywność przeciwbakteryjną wyhodowanych z biofilmu naskalnego promieniowców; trzy spośród testowanych (*Frigoribacterium* sp., *Nocardia* sp., *Streptomyces luridiscabiei*) wykazują właściwości antibakteryjne.

Sprawdzono także, za pomocą różnych technik, obecność plazmidów w badanych szczepach. Elektroforeza w polu pulsacyjnym (PFGE) wykazała występowanie dużych plazmidów w 10. badanych szczepach.

Najważniejszy wynik badawczy:

Zidentyfikowanie wśród szczepów wyhodowanych z biofilmu trzech promieniowców hamujących wzrost innych bakterii oraz jednej bakterii γ -*Proteobacteria* odpornej na 1M arsenian sodu.

PUBLIKACJE: 4504, 4530, 2975/A, 3138/A, 3139/A, 193/M

Temat nr 60: Mechanizmy podziałów komórkowych

Zespół: dr hab. Anna Kurlandzka, mgr Leszek Tarnowski, mgr Piotr Kowalec

Kontynuowano badania elementów kompleksu kohezyjnego chromatyd siostrzanych. Białka tworzące ten kompleks (w tym Irr1p w drożdżach) są zachowane w trakcie ewolucji i niezbędne do życia. Prowadzono badania w dwóch kierunkach: (1) kontynuowano prace nad jądrowo-cytoplazmatycznym transportem kohezyn ludzkich SA1 i SA2 – ortologów drożdżowej kohezyny Irr1p, oraz (2) charakteryzowano nowo zidentyfikowane białko drożdżowe oddziałujące z kohezyną Irr1p.

W komórkach ssaków weryfikowano sygnały lokalizacji jądrowej (NLS) w kohezynach SA1 i SA2, które uprzednio zidentyfikowano w układzie heterologicznym drożdży. Stwierdzono, że za import jądrowy SA2 odpowiedzialna jest większa liczba sygnałów niż ma to miejsce w drożdżach, sprawdzano kolejne sekwencje NLS pojedynczo i w kombinacjach. Wytypowano kombinację dwóch sygnałów potrzebnych do jądrowej lokalizacji SA2 u ssaków. Potwierdzono, że w kohezynie SA1 ten sam NLS funkcjonuje w drożdżach i komórkach ssaków.

Zidentyfikowano (w systemie dwuhybrydowym) nowe białko oddziałujące z C-końcem kohezyny Irr1p. Białko to nie miało dotychczas przyporządkowanej funkcji. Stwierdzono, że poza oddziaływaniem z kohezyną, prawdopodobnie bierze ono także udział w metabolizmie glutationu.

Najważniejszy wynik badawczy:

Wykazano, że za import do jądra kohezyn SA1 i SA2 odpowiadają różne sekwencje kierujące; import SA2 wymaga co najmniej dwóch sekwencji sygnałowych.

PUBLIKACJE: 2990/A, 3010/A, 3042/A

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

Zespół: dr hab. Marta Prymakowska-Bosak, prof. dr hab. Andrzej Jerzmanowski, dr Roksana Iwanicka-Nowicka, mgr Anna Fogtman, mgr Maciej Kotliński, mgr Daniel Buszewicz

Doświadczenia wykonane w 2011 roku skoncentrowane były na identyfikacji genów szybkiej odpowiedzi na stres chłodu u roślin. Jako obiekt badawczy w wykonywanych eksperymentach wybrano linię komórkową T87 *Arabidopsis thaliana*. Otrzymane dane po analizie transkryptomicznej były bardzo dobrej jakości co pozwoliło na przeprowadzenie właściwej analizy bioinformatycznej. Wykonano porównanie otrzymanych wyników oraz danych uzyskanych w poprzednim roku polegających na analizie transkryptomu tej samej linii T87 *Arabidopsis* w stresie zasolenia. Pozwoliło to na wytypowanie nowych genów stanowiących część wspólną odpowiedzi komórek roślinnych na oba rodzaje stresu.

We współpracy z zespołem kierowanym przez prof. dr hab. Jerzego Tiuryna z Wydziału Matematyki UW, oraz z grupą kierowaną przez prof. dr hab. Marka Cieplaka opracowano sieci genowe wskazujące na zależności pomiędzy genami regulowanymi w odpowiedzi na badane stresy. Wytypowano geny kluczowe dla odpowiedzi komórek roślinnych na stresy abiotyczne. Obecnie kontynuowane są prace mające na celu charakterystykę fenotypową mutantów *Arabidopsis* w tych genach, ze zwróceniem szczególnej uwagi na reakcje badanych mutantów na różnego rodzaju stresy. Przeprowadzono także analizę molekularną kilku regulowanych w odpowiedzi na stres genów, która wskazała, że ich regulacja następuje na poziomie procesu transkrypcji.

Drugim elementem badań była identyfikacja białek specyficznie oddziałujących z modyfikowanym i niemodyfikowanym histonem H3, istotnym w regulacji transkrypcji genów. Ustalono, że deacetylazy histonowe z rodziny HD2 – białka istotne w odpowiedzi roślin na różnego rodzaju stresy środowiskowe oddziałują z N-końcem histonu H3. Prowadzona jest charakterystyka fenotypu mutantu jednej z deacetylaz tej rodziny, oraz badania *in vitro* oddziaływań rekombinowanych białek tej rodziny z białkami chromatyny.

Najważniejsze wyniki badawcze:

1. Wytypowanie do dalszych badań kluczowych genów o istotnym znaczeniu dla odpowiedzi komórek roślin na stresy abiotyczne.
2. Identyfikacja białek z rodziny deacetylaz histonowych HD2 oddziałujących z niemodyfikowanym histonem H3.

PUBLIKACJA: 4585

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

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

Kontynuowano badania nad nietypowymi serynowymi kinazami RIO. Podobnie jak kinazy tyrozynowe JAK (ang. *Janus kinases*) mogą one stanowić cel terapii przeciwnowotworowych. Jak dotąd brak jest danych dotyczących inhibitorów tej grupy enzymów. Z badań prowadzonych metodami projektowania molekularnego wynika, że pochodne kwasu kawowego mogą być potencjalnymi inhibitorami kinaz RIO.

Wykazano, że dwa spośród dwunastu badanych pochodnych kwasu kawowego efektywnie hamują aktywność kinazy Rio1 z *Archaeoglobus fulgidus*. Wyniki badań pozwalają na określenie istotnych grup funkcyjnych w cząsteczce inhibitora, co może być bardzo pomocne przy projektowaniu nowych potencjalnych inhibitorów kinaz RIO.

Rozpoczęto również badania nad ludzkimi kinazami RIO: Rio1, Rio2 i Rio3. Opracowana została (nieopisana jak dotąd) procedura otrzymywania i oczyszczania tych kinaz.

Kontynuowano również badania nad rekombinowaną hemaglutyniną (rHA) wirusa grypy A1 H5N1. Otrzymana w drożdżowym systemie ekspresyjnym i oczyszczona do homogenności rHA okazała się antygenem silnie immunogennym.

Rozpoczęto również badania nad otrzymaniem w systemie drożdżowym hemaglutyniny wirusa grypy H1N1.

Najważniejszy wynik badawczy:

Identyfikacja inhibitorów kinazy Rio1 z *Archaeoglobus fulgidus*.

PUBLIKACJE: 3083/A, 639/N

Temat nr 63: Dodekahedron adenowirusa jako platforma szczepionkowa

Zespół: prof. dr hab. Włodzimierz Zagórski-Ostoja, dr hab. Jadwiga Chroboczek, dr Ewa Szolajska, mgr Inga Szurgot (doktorantka), mgr Natalia Derewońko (doktorantka), mgr Małgorzata Podsiadła-Białoskórska

Kontynuowano badania nad przygotowaniem szczepionki przeciw grypowej, w której obok rutynowo stosowanej hemaglutyniny wywołującej powstawanie przeciwciał neutralizujących wykorzystywane jest wewnętrzne białko wirusa – M1, które przede wszystkim indukuje odporność komórkową. Platformą dostarczającą oba antygeny jest cząsteczka wirusopodobna – dodekahedron adenowirusa (Dd). W przypadku antygeny M1 nie wykorzystujemy białka pełnej długości, a jedynie jego immunogennie dominujące peptydy, które wprowadzono do struktury nośnika – Dd. Wcześniej stwierdziliśmy, że umieszczenie w określonych pozycjach białka podstawy pentonu sekwencji kodujących te epitopy nie zaburzyło procesu składania cząsteczek nośnika w trakcie jego biosyntezy w komórkach owadów (system bakulowirusa).

W roku 2011 prowadziliśmy badania funkcjonalności opracowanych preparatów. Na wstępie przy użyciu mikroskopii konfokalnej stwierdziliśmy, że Dd zmodyfikowany przez wprowadzenie 18 aminokwasowej sekwencji peptydu M1 bardzo wydajnie penetruje do ludzkich mieloidalnych komórek dendrytycznych (MDC) w hodowli. Kolejny etap badań został przeprowadzony we współpracy z Laboratorium Immunoterapii i Immunobiologii Nowotworów (Uniwersytet Joseph Fourier w Grenoble). Wykazaliśmy, że dodekahedron niosący epitop M1 jest przetwarzany przez MDC, a następnie poprawnie prezentowany specyficznym limfocytom T, uprzednio uczulonym na stosowany epitop w trakcie hodowli *in vitro*. Istotnym potwierdzeniem skuteczności opracowywanej szczepionki w wywołaniu odpowiedzi komórkowej są również wyniki doświadczeń imitujących sytuację *in vivo*. Eksperymenty te zostały przeprowadzone z użyciem całkowitej puli jednojądrzastych komórek krwi obwodowej pobranych od zdrowych dawców. Również w tym przypadku Dd był skutecznie wychwytywany przez komórki dendrytyczne, a prezentowany antygen był rozpoznawany przez obecne w krwi dawców cytotoksyczne limfocyty specyficzne dla wirusowego białka M1. Tak jak każdy w populacji dawcy Ci mieli wcześniejszy kontakt z wirusem grypy. Powyższe wyniki są podstawą do rozpoczęcia kolejnego etapu badań jakim będą doświadczenia w modelu zwierzęcym zakażenia wirusem grypy.

Najważniejszy wniosek badawczy:

Epitop białka M1 umieszczony w strukturze dodekahedronu jest właściwie prezentowany przez komórki dendrytyczne i wywołuje komórkową odpowiedź immunologiczną *in vitro*.

PUBLIKACJE: 4508

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

Zespół: dr Magdalena Krzymowska, mgr Fabian Giska, mgr Rafał Hoser, mgr Marcin Piechocki, mgr inż. Marek Żureczak (doktoranci)

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 ujawniła w sekwencji HopQ1 motywy charakterystyczne dla hydrolaz nukleozydów, rozcinających wiązanie glikozydowe między zasadą a rybozą. W dotychczasowych eksperymentach nie udało nam się jednak wykazać aktywności enzymatycznej rekombinowanego białka HopQ1, wobec szeregu testowanych potencjalnych substratów. Stąd przyjęliśmy hipotezę, że HopQ1 stawałoby się aktywne dopiero na terenie komórki gospodarza, np. na skutek specyficznych dla *Eukaryota* modyfikacji bądź oddziaływania ze specyficznym czynnikiem. Celem znalezienia potencjalnych partnerów interakcji, przeprowadziliśmy ekspresję przejściową HopQ1, z dołączoną etykietką STREPII, w liściach *Nicotiana benthamiana*. Doświadczenie to wykazało, że HopQ1 ulega specyficznej fosforylacji w komórkach roślinnych oraz współoczyzcza się z roślinnymi białkami z rodziny 14-3-3. Pojedyncze podstawienie aminokwasowe w kanonicznym motywie wiązania białek 14-3-3, uniemożliwia tworzenie kompleksu. Znacznie obniża też poziom zmutowanego białka HopQ1 w komórce roślinnej, nie mając wpływu na jego stabilność w komórkach *P. syringae*. Ponadto, mutacja ta zmienia lokalizację subkomórkową HopQ1 z cytoplazmatycznej, typowej dla białka dzikiego typu, na jądrową.

Najważniejszy wynik badawczy:

Oddziaływanie efektora HopQ1 z *Pseudomonas syringae* pv. *phaseolicola* z roślinnymi białkami z rodziny 14-3-3, wpływa na lokalizację subkomórkową oraz stabilność HopQ1.

PUBLIKACJE: 3109/A, 3148/A, 3149/A

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

Zespół: dr hab. Jarosław Poznański

Stabilność domeny σ^{70}_4 polimerazy RNA *E. coli* w wodnym roztworze TFE. Wyznaczona została niskorozdzielcza struktura domeny σ^{70}_4 w 30% TFE. Publikacja w przygotowaniu. Zaprojektowane zostały 4 warianty skrócenia białka, dla polepszenia rozpuszczalności sklonowane razem z sekwencją białka SUMO. Dla jednej z modyfikacji udało się odciąć sekwencję liderową, ale białko wykazuje bardzo ograniczoną rozpuszczalność. Miareczkowanie TFE wykazało, zgodnie z założeniem, wzrost zawartości struktur drugorzędowych w stosunku do poprzednio analizowanego wariantu białka. Dla zwiększenia rozpuszczalności zaprojektowane zostały 4 nowe warianty.

Molekularne podstawy aktywności AlkB. Badania prowadzone we współpracy z prof. J. Kuśmierkiem i dr A. Maciejewską. Symulacje mechaniki i dynamiki molekularnej pozwoliły na wytłumaczenie obserwowanej eksperymentalnie specyficzności substratowej. Publikacja wysyłana do NAR.

Wpływ modyfikacji białek S100 z jonami Ca. Współpraca z dr A. Wysłouch-Cieszyńską. Interpretacja danych ITC. Wdrażam nowe analityczne modele stechiometrycznego wiązania więcej niż 3 jonów. Publikacja wysłana do JBC.

Wpływ modyfikacji peptydu AB na kinetykę jego agregacji i topologię powstających agregatów. Współpraca z prof. M. Dadlezem. Modelowanie molekularne pozwoliło na identyfikację dwóch rozdzielnych strukturalnie form oligomerycznych. Publikacja + szereg nowych danych.

Benzotriazolowe inhibitory kinazy CK2 α . Współpraca z prof. D. Shugarem. Metodą MD przeanalizowano znaczną ilość kompleksów ligandów z enzymem. Prace pozwoliły na powiązanie prostych własności związków z inhibicją enzymu. Kolejna publikacja w przygotowaniu.

Zastosowanie spektroskopii ^{19}F NMR w badaniu szlaków metabolicznych. Dane zebrane przez praktykantkę z UW (Katarzyna Wnęk) zostaną w przyszłości opublikowane.

Najważniejsze wyniki badawcze:

1. TFE może ustabilizować strukturę białka natywnie rozwiniętego.
2. Wiązanie substratów przez AlkB jest sterowane elektrostatycznie.
3. Dane MS wskazują, że już na wczesnych etapach agregacji peptydu Ab występuje rozdział na ścieżki amyloidową i nieamyloidową.

PUBLIKACJE: 4486, 4543, 2098/A, 2964/A, 3012/A, 3113/A, 3127/A, 3142/A

Temat nr 66: Metodyka sekwencjonowań genomowych

Zespół: prof. dr hab. Włodzimierz Zagórski-Ostoja, dr Robert Gromadka, dr Piotr Dzierzbicki, mgr Beata Babińska, mgr Karolina Citko, mgr Małgorzata Filipiak, mgr Jan Gawor, mgr Ewa Kalińska, mgr Helena Kossowska, mgr Anna Trzemecka (od 09.2011)

Zostały zakończone prace nad sekwencjonowaniem DNA totalnego z ziemniaka monoploidalnego diploida klonu DM1-3 516R44 i polskiej odmiany DH Kuba 48/6 w ramach międzynarodowego Konsorcjum Sekwencjonowania Ziemniaka (Potato Genome Sequencing Consortium – PGSC). Wyniki zostały opublikowane w Nature.

Łącznie wykonano sekwencjonowanie na 5 regionach odmianę 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 z sekwencjonowano genomy i plazmidy z różnych organizmów jak również DNA antyczne. Wykonano sekwencjonowanie 11 plazmidów o łącznej długości ponad 1.5 Mb, genomu *Paracoccus aminophilus* JCM7686 (konsensus o długości 3,613 Mb), i odczytano łącznie ponad 680 milionów par zasad dla 6 różnych genomów bakteryjnych (*Psychrobacter* 43B, *Polaromonas vacuolata* 253CE, *Lactobacillus casei* szczep 900 i 908, *Lactobacillus paracasei* 919, *S. aureus* 18,6).

Najważniejszy wynik badawczy:

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

PUBLIKACJE: 4529, 3157/A, 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 Milagros Collados Rodriguez (od 07.2011)

Wiodącym tematem w naszej grupie jest identyfikacja czynników, które w warunkach deficytu siarki kontrolują transkrypcję genów oraz sprecyzowanie ścieżki sygnałnej i ogólnej koordynacji odpowiedzi roślin na niedobór siarki. Wyniki tych prac ułatwią możliwość manipulacji metabolizmem roślinnym w celu efektywniejszego wykorzystania przez nie związków odżywczych (mikro- i makroelementy). W tym okresie sprawozdawczym nadal badaliśmy rolę małych, specyficznych dla roślin białek o nieznannej funkcji z rodziny UP9/LSU. Obecnie skłaniamy się ku hipotezie, że białka te podczas głodzenia siarkowego, mogą wpływać na poziom i/lub efekty działania hormonów roślinnych, zwłaszcza etylenu. Inne nasze badania wskazują, że etylen może uczestniczyć także w ścieżce sygnałnej wiodącej do aktywacji transkrypcyjnej w warunkach głodzenia siarkowego z udziałem czynników transkrypcyjnych należących do rodziny białek EIL.

Kompleks syntazy cysteinowej pełni ważną rolę w utrzymywaniu homeostazy metabolizmu siarkowego roślin. Funkcja ta może być modyfikowana poprzez białka, które z kompleksem oddziałują. Przy pomocy drożdżowego systemu dwu-hybrydowego zidentyfikowano dwa białka o nieznannej funkcji (prawdopodobnie czynniki transkrypcyjne) oddziałujące z podjednostką kompleksu, białkiem SAT5 z *Arabidopsis*. Oddziaływanie jednego z nich (SCL-11) zostało potwierdzone *in vivo* przy pomocy techniki BiFC.

Wykazaliśmy ponadto, że jednym z istotnych elementów odpowiedzi roślin na głodzenie siarkowe jest indukcja szlaku specyficznej degradacji białek w procesie autofagii. Badane przez nas białko JOKA2, jeden z partnerów białka UP9, jest homologiem ludzkiego białka p62 będącego selektywnym receptorem autofagii, co jest pośrednim dowodem na występowanie w roślinach procesu selektywnej autofagii.

Najważniejszy wynik badawczy:

Wykazanie, że białko JOKA2 jest receptorem selektywnej autofagii w roślinach, a zatem proces ten zachodzi w komórkach roślinnych. Wykazanie, że białko SCL-11 może mieć wpływ na regulację homeostazy siarki w roślinach *Arabidopsis* poprzez oddziaływanie z kompleksem syntazy cysteinowej.

PUBLIKACJE: 4540, 4572, 2965/A, 2966/A, 2967/A, 3078/A, 3079/A, 3080/A, 3081/A, 3152/A, 599/N

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

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

Białka PPR (pentatricopeptide repeat) stanowią najliczniejszą rodzinę białek wiążących RNA. Znajdowane są u wszystkich Eukaryota, jednak najliczniej występują u roślin wyższych, gdzie są największą rodziną paralogiczną kodowaną w genomach takich, jak genom *Arabidopsis* czy ryżu. Białka PPR lokalizują się w mitochondriach i chloroplastach, ich funkcje są najczęściej związane z posttranskrypcyjnymi etapami ekspresji genów organellarnych. W przeciwieństwie do roślin, genomy zwierząt i grzybów kodują nieliczne znane białka PPR (u drożdży *S. cerevisiae* dotychczas zidentyfikowano 3). Ich identyfikacja może jednak być utrudniona przez to, że wzorzec motywu PPR oparty jest na bazach danych, w których dominują sekwencje roślinne. W naszej grupie stworzyliśmy profile motywów PPR kodowanych przez genomy drożdży (15 gatunków) i posługując się opracowanym w tym celu iteracyjnym algorytmem wykorzystującym łańcuchy Markova (SCIPHER – Supervised Clustering-based Iterative Phylogenetic Hidden Markov Model algorithm for the Evaluation of tandem Repeat motif families) zidentyfikowaliśmy liczne białka, które zaliczają się do tej rodziny, zwiększając ich liczbę około 5 razy (14 białek u *S. cerevisiae*, podobnie w innych gatunkach drożdży). Zaobserwowaliśmy przy tym, że białka PPR należą do najszybciej ewoluujących sekwencji u drożdży. Analizując fenotypy pojedynczych i podwójnych podstawień w sekwencji białka Dmr1 należącego do rodziny PPR sformułowaliśmy hipotezę, że za szybką ewolucję tej rodziny mogą odpowiadać kooperatywne interakcje genetyczne pomiędzy poszczególnymi powtórzeniami (pseudorewersje) [4548].

Badano także filogenezę białek mitochondrialnych u grzybów nitkowatych [4549].

Najważniejsze wyniki badawcze:

1. Stworzenie wyczerpującej bazy białek z motywami PPR kodowanych przez genomy drożdży.
2. Stworzenie modelu ewolucji przez pseudorewersję w rodzinie białek PPR.

PUBLIKACJE: 4548, 4549

Temat nr 69: Metabolizm RNA u Eukaryota

Zespół: dr hab. Andrzej Dziembowski, dr Rafał Tomecki, dr Seweryn Mroczek, dr Kamil Gewartowski, dr Leszek Lipiński, dr Daniel Laubitz, dr Przemysław Płociński, dr Roman Szczęsny, dr Adam Sobczak, mgr Aleksander Chlebowski (doktorant UW), mgr Kinga Orłowska (doktorant UW), mgr Karolina Drażkowska (doktorant UW), mgr Aleksandra Siwaszek (doktorant), mgr Jacek Miłek (doktorant), mgr Paweł Krawczyk (doktorant), mgr Michał Lubas (doktorant), mgr Marta Ukleja (doktorant), Mariusz Czarnocki (doktorant UW), mgr Katarzyna Kowalska (technik naukowy), mgr Krystian Stoduś (technik naukowy), mgr Dorota Jurczak (technik naukowy), mgr Kamila Kłosowska (technik naukowy)

W roku 2011 prowadzono szereg prac badawczych:

Analiza głównej rybonukleazy organizmów eukariotycznych kompleksu egzozomu. We współpracy z laboratorium Prof. Torbena Jensen'a (AAarhus, Dania) zidentyfikowaliśmy nowy kompleks białkowy będący aktywatorem jądrowej formy ludzkiego egzozomu [4558]. Kontynuowane są prace dotyczące drożdżowego egzozomu. Rozpoczęliśmy analizy roślinnego egzozomu oraz roli ludzkiej podjednostki Dis3 w patogenezie szpiczaków.

Analiza kompleksu THO/TREX uczestniczącego w biogenezie mRNA. Kontynuowane są analizy strukturalne i biochemiczne tego kompleksu. Manuskrypt opisujący nasze wyniki został wysłany do czasopisma EMBO Journal i po bardzo dobrych recenzjach poddany rewizji.

Analiza proteomiczna białek uczestniczących w degradacji RNA u kręgowców. Kontynuujemy prace mające na celu dogłębną analizę kompleksów białkowych zaangażowanych w metabolizm RNA przy użyciu limfoidalnej linii komórkowej DT40 pochodzącej z kurczaków.

Analiza metyltransferaz z Sacchromyces cerevisiae. We współpracy z laboratorium dr. Krzysztofa Ginalskiego prowadzimy analizę funkcji drożdżowych metyltransferaz [4559].

Analiza proteomiczna kompleksów białkowych Mycobacterium. Prowadzimy proteomiczną analizę kompleksów białkowych Mycobacterium przy użyciu niepatogennego szczepu BCG.

Analiza metagenomiczna gleb skażonych pestycydami. Kontynuujemy analizy metagenomiczne bakterii glebowych.

Najważniejszy wynik badawczy:

Identyfikacja nowego kompleksu białkowego aktywującego kompleks egzozomu w jądrze komórek ludzkich.

PUBLIKACJE: 4558, 4559, 4580

Laboratorium Analiz Modyfikacji Genetycznych

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

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

(i) Laboratorium uczestniczyło w dwóch międzylaboratoryjnych badaniach sprawności jakościowej i ilościowej detekcji GMO organizowanych przez Instytut Materiałów Referencyjnych i Pomiarów UE w Centrum Badań Połączonych, Geel, Belgia.

(ii) Wykonano usługi pomiaru ilościowego mRNA w różnych próbkach dostarczonych przez klientów IBB oraz zewnętrznych. Oznaczano również liczbę kopii genów w materiale dostarczonym przez klientów. Wykonano 7202 reakcje, łącznie z opracowaniem metodyki analiz i projektowaniem starterów.

PUBLIKACJE: 4506, 3082/A, 3093/A, 3095/A

Pracownia Mikroskopii Konfokalnej i Fluorescencyjnej

Zespół: dr Małgorzata Lichocka, dr Anna Anielska-Mazur

W okresie sprawozdawczym 01.01.11–31.12.11, działalność PMKiF przebiegała zgodnie z założeniami statutowymi.

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.

Mikroskop fluorescencyjny Nikon E-800 wykorzystano w wymiarze 488. godz. do samodzielnej pracy przez użytkowników, którzy przeszli szkolenie z obsługi mikroskopu fluorescencyjnego.

Przeprowadzono szkolenie w trybie indywidualnym kolejnych 12 osób.

Użytkownicy mikroskopu fluorescencyjnego wykonali analizy obrazu mikroskopowego w oparciu o oprogramowanie dostępne w Pracowni.

Mikroskop konfokalny Nikon C1 wykorzystano w wymiarze 543 godz. w tym:

- 104,5 godz przez samodzielnych użytkowników po szkoleniu (25zł za godz.)
- 118 godz w ramach usług mikroskopowych PMKiF (40zł za godz.)
- 320,5 godz w ramach współpracy naukowej z Pracownią Patogenezy Roślin, uczestnictwa w realizacji projektu dr Doroty Konopki-Postupolskiej (2011-2014) NN301567540 „Interakcje aneksyny 1 z błonami komórkowymi: zachowanie integralności komórki i modulacja sygnału wewnątrzkomórkowego” oraz zespołem prof. nadzew. dr hab. Grażyny Dobrowolskiej

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.

PUBLIKACJE: 4478, 4534, 4575, 2953/A, 2985/A, 3147/A

Pracownia Analiz Mikromacierzy

Zespół: dr hab. Marta Prymakowska-Bosak, dr Roksana Iwanicka-Nowicka, dr hab. Beata Burzyńska, dr Monika Góra, mgr Maciej Kotliński, mgr Anna Fogtman, mgr Paweł Kamiński

W 2011 roku w Pracowni Analiz Mikromacierzy kontynuowano realizację projektu w ramach współpracy naukowej z Uniwersytetem Medycznym w Białymstoku pt.: „Opracowanie metody wykrywania markerów wskazujących na predyspozycje do rozwoju insulinooporności”. W ramach projektu wykonano **150** mikromacierzy typu Gene Chip Human Genome U133 Plus 2.0, oraz przeprowadzono analizę bioinformatyczną uzyskanych wyników przy użyciu oprogramowania Partek Genomics Suite i Ingenuity.

W ramach projektu kierowanego przez dr hab. Beatę Burzyńską pt. „Analiza genetyczna podstaw wybranych chorób dziedzicznych” wykonano **200** analiz mikromacierzowych z wykorzystaniem macierzy typu GeneChip Human Gene 1.0 ST Array oraz **80** analiz z użyciem macierzy GeneChip Rat Gene 1.0 ST Array.

Zespół pracowni zaangażowany był w realizację tematów statutowych: „Dynamika transkryptomu w normie i stresie” oraz „Udział struktur chromatynowych w regulacji transkrypcji genów”. W zakresie tych tematów wykonano **24** mikromacierze typu AGRONOMICS.

Dodatkowo w roku 2011 przeprowadzono analizy mikromacierzowe dla dwóch grup badawczych IBB PAN. Dla grupy kierowanej przez prof. dr hab. Grażynę Jagurę-Burdzy wykonano **18** mikromacierzy transkryptomicznych dla *Pseudomonas aeruginosa*, oraz dla grupy kierowanej przez prof. dr hab. Monikę Hryniewicz **12** mikromacierzy transkryptomicznych dla *E. coli*.

W sumie w 2011 roku w Pracowni Analiz Mikromacierzy UW/IBB PAN wykonano **484** analizy mikromacierzowe.

Serwis Bakoluwirusa

Zespół: dr Ewa Szolajska, mgr Małgorzata Podsiadła-Białoskórska

W 2011 roku w pracowni nadprodukowano w komórkach owadzych (system Bac-To-Bac):

1. Białka ssacze:

- domenę katalityczną kinazy tyrozynowej Jak 2 (fuzja z 6xHis, fuzja z GST)
- kinazę atypową RIO1 (fuzja z 6xHis)
- kinazę atypową RIO3 (fuzja z 6xHis)

2. Białka wirusowe:

- białko podstawy pentonu adenowirusa zawierające epitopy białka M1 wirusa grypy
- hemaglutyninę wirusa ptasiej grypy w fuzji z domenami WW
- hemaglutyninę wirusa ptasiej grypy w fuzji z N-końcowym fragmentem białka włókna adenowirusa.

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 2011 roku w Pracowni kontynuowane były doświadczenia, prowadzone przez Zespoły Badawcze IBB PAN, dotyczące następujących zagadnień:

1. Rola naprawy DNA i peroksydacja lipidów w stabilności genetycznej oraz w procesach starzenia komórkowego (grupa prof. dr hab. Barbary Tudek, Zakład Biologii Molekularnej).
2. 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).
3. Lokalizacja subkomórkowa homologów AlkB *Arabidopsis thaliana* (grupa prof. dr hab. Elżbiety Grzesiuk, Zakład Biologii Molekularnej).
4. Badania wpływu peptydu AB1-40 i jego krótkiego fragmentu AB16-23 na szlaki sygnałowe zależne od receptora RAGE w liniach komórkowych Nb2a i bEnd.3 (grupa prof. dr hab. Michała Dadleza, Zakład Biofizyki).
5. Analiza proteomiczna wewnątrzkomórkowej S-nitrozylacji w warunkach fizjologicznych i patologicznych (grupa dr Aleksandry Wysłouch-Cieszyńskiej, Zakład Biofizyki).
6. Ekspresja białka toksyny Zeta plazmidu pSM19035 w komórkach ssaczych (grupa dr Urszuli Zielenkiewicz, Zakład Biochemii Drobnoustrojów).
7. Zastosowanie wirusopodobnej cząsteczki wektorowej – dodekahedronu adenowirusa jako wektora dla czynników o potencjalnym działaniu terapeutycznym (grupa dr Ewy Szolajskiej, Zakład Biosyntezy Białka).
8. Badanie mechanizmów warunkujących stabilność genetyczną diploidalnych komórek eukariotycznych – analiza zawartości DNA genomowego w komórkach drożdży *Saccharomyces cerevisiae* (dr Adrianna Skoneczna, Pracownia Mutagenezy i Reperacji DNA).
9. Analiza zmian cyklu komórkowego, potencjału wewnętrznej błony mitochondrialnej oraz indukcji apoptozy za pomocą cytometru przepływowego z użyciem komórek HeLa oraz 293 (grupa prof. Andrzeja Dziembowskiego, Zakład Biofizyki oraz grupa prof. Piotra Stępnia Instytut Biotechnologii i Genetyki UW).
10. Analiza porównawcza poziomu wybranych białek w komórkach DT40 z wykorzystaniem cytometru przepływowego (grupa prof. Andrzeja Dziembowskiego, Zakład Biofizyki).

Pracownia Sekwencjonowania DNA i Syntezy Oligonukleotydów

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

W ramach działalności usługowej dla IBB PAN zsyntetyzowano 5 405 oligonukleotydów oraz zsekwencjonowano na aparatach ABI 3730 i ABI 3730 xl 18 909 matryc DNA, co przy średniej długości odczytu 850bp daje 16 072 650 zasad.

Dodatkowo dla IBB PAN na aparacie Roche GS FLX Titanium zsekwencjonowano 3 genomy bakteryjne o łącznej długości 300 mln par zasad, oraz w ramach współpracy zsekwencjonowano 4 genomy bakteryjne i 2 plazmidy uzyskując 450 mln par zasad, oraz zsekwencjonowano 40 próbek środowiskowych o łącznej długości 2,4 GB par zasad.

Syntezy oligonukleotydów i sekwencjonowanie matryc wykonano dla następujących zakładów IBB PAN:

1. Zakład Genetyki	621 matryc	178 oligonukleotydów
2. Zakład Biochemii Drobnoustrojów	743 matryc	251 oligonukleotydów
3. Zakład Biosyntezy Białka	430 matryc	210 oligonukleotydów
4. Zakład Biochemii Roślin	667 matryc	299 oligonukleotydów
5. Zakład Biofizyki	376 matryc	120 oligonukleotydów
6. Zakład Biologii Molekularnej	789 matryc	315 oligonukleotydów
7. Zakład Genetyki UW	12 570 matryc	3 000 oligonukleotydów
8. Pracownia Mutagenyzy i Reperacji DNA	1 575 matryc	293 oligonukleotydów
9. Pracownia Glikobiologii Grzybów	370 matryc	270 oligonukleotydów
10. Pracownia Sekwencjonowania DNA i Syntezy Oligonukleotydów	589 matryc	380 oligonukleotydów
11. Zakład Biochemii Lipidów	179 matryc	89 oligonukleotydów

Oprócz zamówień z Instytutu Biochemii i Biofizyki PAN 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 w Warszawie
92. Centralne Laboratorium Surowic i Szczepionek
93. Centrum Medyczne Kształcenia Podyplomowego w Warszawie
94. Centrum Onkologii-Instytut im Marii Skłodowskiej-Curie
95. Fundacja na Rzecz Chorych z Chorobami Krwi
96. Instytut Badań DNA Sp. z o.o.
97. Instytut Badawczy Leśnictwa
98. Instytut Biologii Doświadczalnej im. M. Nenckiego
99. Instytut Biotechnologii i Antybiotyków
100. Instytut Centrum Medycyny Doświadczalnej i Klinicznej PAN
101. Instytut Chemii i Techniki Jądrowej
101. Instytut Gruźlicy i Chorób Płuc
102. Instytut Hematologii i Transfuzjologii
103. Instytut Kardiologii
104. Instytut Leków
105. Instytut Matki i Dziecka
106. Instytut Parazytologii PAN
107. Instytut Reumatologiczny
108. Instytut Żywności i Żywnienia
109. Jednostka Wojskowa NR 4111
110. Krzysztof Kucharczyk – Techniki Elektroforetyczne
111. Labgen
112. Międzynarodowy Instytut Biologii Molekularnej i Komórkowej
113. Medigen
114. Muzeum i Instytut Zoologii PAN
115. Ogród Botaniczny – Centrum Zachowania Różnorodności Biologicznej PAN

116. Państwowy Zakład Higieny, Instytut Naukowo-Badawczy
117. Polskie Towarzystwo Kardiologiczne
118. Politechnika Warszawska, Międzywydziałowe Centrum Biotechnologii
119. SGGW AR, Wydziały o adresie ul. Nowoursynowska 159 i 166
120. SGGW AR, Katedra Botaniki
121. SGGW AR Katedra Parazytologii i Chorób Inwazyjnych
122. Uniwersytet Warszawski
123. Wojskowy Instytut Higieny i Epidemiologii w Warszawie
124. Wojewódzki Szpital Zakaźny SPZOZ, Warszawa
125. Wojskowy Instytut Medycyny
126. Zakład Biologii Antarktyki PAN
127. Akademia Medyczna we Wrocławiu
128. Akademia Rolnicza
129. Genet Reserch Sp. z o.o.
130. Laboratorium Diagnostyki Molekularne Sp. z o.o.
131. Instytut Immunologii i Terapii i Doświadczalnej PAN
132. Uniwersytet Wrocławski
133. Państwowy Instytut Weterynaryjny – Zakład Pruszczycy w Zduńskiej Woli
134. Instytut Biotechnologii i Ochrony Środowiska Uniwersytet Zielonogórski
135. Liga Ochrony Przyrody Zarząd Okręgu w Zielonej Górze
136. Centrum Badań DNA Sp. z o.o.
137. BioTe21, Warszawa
138. Laboratorium Badań Genetycznych Sp. z o.o. Lublin
139. Akademia Wychowania Fizycznego w Katowicach
140. Instytut Sportu, Zakład Badań Antydopingowych, Warszawa
141. Instytut Biocybernetyki i Inżynierii Biomedycznej PAN
142. Politechnika Lubelska
143. Indywidualna Specjalistyczna Praktyka Lekarska – Wojciech Jóźwicki

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 Mariusz Jaremko (studium doktoranckie), mgr Łukasz Jaremko (MISDoMP)

Zgodnie ze swymi zadaniami statutowymi w Laboratorium wykonywano pomiary widm NMR dla zespołów naukowych IBB PAN oraz 9 laboratoriów spoza instytutu. Wykorzystanie czasu pracy spektrometru 500 MHz wynosiło 83%, a spektrometru 400 MHz – 75%. Pełne zestawienie w załączeniu.

Wykorzystanie spektrometrów NMR w roku 2011

Kierownik projektu	Instytucja	Czas przyrządu (godz.)	
		400 MHz	500 MHz
Dr J. Jemielity	Wydział Fizyki, UW	66	---
Zajęcia ze studentami	Wydział Fizyki, UW	168	768
Prof. A. Sprzyński	Politechnika Warszawska, Zakład Chemii Fizycznej	336	---
Prof. A. Kański	WUM, Kat. Anestezjologii	600	---
Prof. P. Albrecht	CMDiK PAN	600	---
Dr hab. S. Motowidło	UG, Wydz. Chem.	192	504
Dr hab. J. Brasuń	Uniw. Med. Wrocław, Wydz. Farmacji	---	408
Dr hab. P. Stefanowicz	Uniwersytet Wrocławski, Wydz. Chemii	---	264
Doc. J. Poznański	IBB PAN	120	48
Dr A. Mieczkowski	IBB PAN	192	---
Prof. W. Bał	IBB PAN	96	264
Prof. E. Świeżewska	IBB PAN	336	24
Dr G. Dubin	Biocentrum Kraków	---	336
badania własne	IBB PAN	3456	4536
nowe techniki, szkolenia		216	---
konserwacje, nalewanie ciekłego helu i azotu		160	160
Awarie		---	---
Udokumentowane wykorzystanie czasu w godzinach		6538	7312
Udokumentowane wykorzystanie czasu w procentach		75%	83%

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 Włodzimierz Tszysznicki, mgr Agnieszka Borkowska, mgr Emilia Pawłowska, mgr Marta Tkaczyk, mgr Agata Malinowska, mgr Janusz Dębski, mgr Michał Kistowski

Laboratorium prowadzi pomiary mas cząsteczek biologicznych, wykonując 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 analizy składu białkowego zleconych próbek. W roku 2011 wykonano 4 607 analiz mas cząsteczkowych i 2 669 analiz składu białkowego próbek zleczanych przez użytkowników spoza Laboratorium. W ostatnim roku Laboratorium rozszerzyło zakres wykonywanych analiz o pomiary ilościowe związków niskocząsteczkowych. Mogą to być na przykład pomiary ilościowe leków w płynach ustrojowych. Aby wyniki tych oznaczeń mogły być uznawane w praktyce klinicznej Laboratorium utworzyło w roku 2011 Pracownię Oznaczania Leków i Metabolitów, zarejestrowaną w ewidencji Krajowej Izby Diagnostów Laboratoryjnych. Pracownia ta wykonała 896 pomiarów ilościowych, na przykład leków immunosupresyjnych w osoczu krwi pacjentów, czy tworzonych przez firmę biotechnologiczną Celon-Pharma leków przeciwcukrzycowych w osoczu krwi zwierząt laboratoryjnych. Laboratorium współuczestniczy w wielu projektach badawczych o różnorodnej tematyce odzwierciedlającej uniwersalne możliwości proteomiki. W 2011 roku zakończono szereg projektów globalnych analiz proteomicznych, na przykład synaptoproteomu mysich modeli choroby Alzheimera (łącznie z nitrozo- i fosfoproteomem), proteomu tkanki guza jelita grubego, moczu chorych na nefropatię IgA, etc. Istotnym polem działania Laboratorium jest też zastosowanie spektrometrii mas w badaniach strukturalnych białek. Laboratorium prowadzi szkolenia użytkowników w dziedzinie interpretacji wyników analiz spektrometrii mas.

Najważniejsze wyniki badawcze:

1. Określenie zależnych od wieku zmian w synaptoproteomie i nitrozoproteomie mysich modeli choroby Alzheimera.
2. Uzyskanie list białek różnicujących próbki proteomu moczu w różnych grupach wiekowych osób zdrowych.
3. Identyfikacja i lokalizacja modyfikacji potranslacyjnych w wielu białkach (fosforylacja CENP-C, laminy-D, di-Tyrozyna i glikozylacja w białku JHBP, etc.).
4. Identyfikacja partnerów białkowych kinazy PKC β , heterodimeru FLASH/Lsm11, etc.
5. Wdrożenie pomiarów mobilności jonów i wymiany proton-deuter w badaniach strukturalnych białek (receptor RAGE, peptyd A β , keratyna 8 i 18).

PUBLIKACJE: 4491, 4503, 4517, 4522, 4555, 4578, 4579, 621/N

Seminaria IBB PAN w 2011 roku

04.01.2011

Mgr Monika Pasikowska /Pracownia Glikobiologii Grzybów, IBB PAN/

„Poszukiwanie funkcji białka *Saccharomyces cerevisiae* Rot1 w procesie glikozylacji”

11.01.2011

Mgr Joanna Kraszevska /Pracownia Mutagenyzy i Reperacji DNA, IBB PAN/

„Udział polimeraz DNA o niskiej wierności w replikacji chromosomowego DNA w drożdżach *Saccharomyces cerevisiae*”

18.01.2011

Prof. dr hab. Maciej Kozak, /Zakład Fizyki Makromolekularnej UAM, Poznań/

„Metody określania struktury niskorozdzielczej białek i kwasów nukleinowych w roztworze z wykorzystaniem rozpraszania promieniowania rentgenowskiego”.

Dr hab. Jacek Gapiński, /Zakład Biofizyki Molekularnej UAM, Poznań/

„Spektroskopia korelacji fluorescencji jako wygodne narzędzie do badania oddziaływań cząsteczek biologicznych”

25.01.2011

Dr Tomasz Sarnowski /Zakład Biosyntezy Białka, IBB PAN/

„Kompleksy SWI/SNF u *Arabidopsis*: czy rośliny mogą pomóc w zrozumieniu współdziałania wzrostu, różnicowania i metabolizmu u człowieka”

08.02.2011

Mgr Anna Protas /Zakład Biofizyki, IBB PAN/

„Nowe kierunki badań w metalozależnej hydrolizie wiązania peptydowego”

15.02.2011

Mgr Katarzyna Zientara-Rytter /Zakład Biochemii Roślin, IBB PAN/

„Autofagia w roślinach”

18.02.2011

Dr Dominique Gagliardi /Instytut de Biologie Moléculaire des Plantes du CNRS, Université de Strasbourg/

„Polyadenylation-assisted RNA degradation in *Arabidopsis*”

22.02.2011

Mgr Agata Malinowska /Zakład Biofizyki, IBB PAN/

„Globalna proteomiczna analiza ilościowa synaptosomów mysich modeli choroby Alzheimera”

01.03.2011

Mgr Małgorzata Alabrudzińska /Pracownia Mutagenyzy i Reperacji DNA, IBB PAN/

„Zastosowanie technologii mikromacierzowej do identyfikacji genów drożdży *Saccharomyces cerevisiae* odpowiedzialnych za stabilność genomu.”

08.03.2011

Mgr Karolina Tomczyk-Żak /Zakład Biochemii Drobnoustrojów, IBB PAN/

„Analiza metagenomiczna zespołu bakterii biofilmu naskalnego z kopalni w Złotym Stoku”

15.03.2011

Prof. Józef Bujarski /Northern Illinois University, USA/

„Mechanizmy rekombinacji genetycznej u wirusów o genomie RNA, na przykładzie wirusa mozaiki stokłosy”

18.03.2011

Dr Michał Malewicz /Ludwig Institute for Cancer Research Ltd, Sztokholm Branch Nobel Karolinska Institute, Sztokholm Szwecja/

„Czynniki transkrypcyjne bezpośrednio regulujące naprawę DNA – implikacje dla mechanizmów nowotworzeni i procesów starzenia w mózgu”

22.03.2011

Mgr Monika Budzińska /Środowiskowe Lab. Rezonansu Magnetycznego – NMR/

„Wpływ wiązania jonów wapnia oraz modyfikacji Cys85 na konformację i dynamikę ludzkiego białka S100A1”

29.03.2011

Mgr Monika Żochowska /Zakład Biosyntezy Białka, IBB PAN/

„Badania funkcjonalne nad dodekahedronem adenowirusa”

05.04.2011

Dr. Bertrand Séraphin /Institute of Genetics and Molecular and Cellular Biology CNRS Illkirch CEDEX, France/

„Functional and structural insights into mechanisms of mRNA translation and decay”

05.04.2011

Mgr Fabian Giska /Pracownia Patogenezy Roślin, IBB PAN/

„Zakłócanie przebiegu reakcji obronnej roślin przez efekторы TTSS z *Pseudomonas syringae*”

07.04.2011

Dr Piotr Mieczkowski /Dept.of Genetics, School of Medicine, Chapel Hill, USA/

„Nowe technologie masowego sekwencjonowania DNA i ich zastosowania w badaniach genomów organizmów modelowych i człowieka”

12.04.2011

Mgr Izabela Wojtal /Zakład Biosyntezy Białka, IBB PAN/

„Wirusowe białko VPg, badania strukturalne i funkcjonalne”

19.04.2011

Dr Anna Szkopińska /Zakład Biochemii Lipidów, IBB PAN/

„Ciała lipidowe, synteza poliprenoli i niezbędne do życia białko Nus1 o nieznanej funkcji. Co je łączy?”

10.05.2011

Mgr Agata Leszczyńska /Zakład Genetyki, IBB PAN/

„Badanie wpływu inhibitorów szlaku mewalonowego na komórkę przy użyciu drożdży *Saccharomyces cerevisiae*.”

17.05.2011

Mgr Patrycja Redkiewicz /Zakład Biosyntezy Białka, IBB PAN/

„Produkcja rekombinowanych cytokin w roślinach”

17.05.2011

Dr Andreas Houben /Chromosome Structure and Function Leibniz Institute of Plant Genetics and Crop Plant Research, Niemcy/

„Histone phosphorylation – A dynamic affair”

24.05.2011

Mgr Grzegorz Moniuszko /Zakład Biochemii Roślin, IBB PAN/

„Udział etylenu w odpowiedzi roślin na stres głodzenia siarkowego”

31.05.2011

Mgr Damian Mielecki /Zakład Biologii Molekularnej, IBB PAN/
„Udział białka AlkB w naprawie uszkodzeń alkilacyjnych w DNA”

07.06.2011

Mgr Marcin Mielecki /Zakład Biosyntezy Białka, IBB PAN/
„Inhibitory kinaz atypowych”

21.06.2011

Dr Jarosław Kosakowski /Zakład Biochemii Drobnoustrojów, IBB PAN/
„Poszukiwanie nowych plazmidów z *Staphylococcus aureus*”

22.06.2011

Prof. Milos Djuran /Uniwersytet w Kragujevacu w Serbii/
„Gold(III) complexes with amino acids and peptides”

28.06.2011

Mgr Ewa Krzywińska /Zakład Biochemii Roślin, IBB PAN/
„Białkowe regulatory kinaz SnRK2”

08.07.2011

Prof. Thomas Petes / Duke University Medical School, Durham, USA/
„Shuffling of the genetic deck by mitotic recombination”

08.07.2011

Aimone Porri /Max Planck Institute for Plant Breeding Research, Kolonia, Niemcy/
„The role of Gibberellins in control of flowering time of *Arabidopsis thaliana* in response to photoperiod”

28.07.2011

Dr Jinyong Hu, /Max-Planck Institute for Plant Breeding Research, Kolonia, Niemcy/
„Adaptive values of non-coding RNAs in *Arabidopsis thaliana*”

03.08.2011

Prof. Csaba Koncz /Max Planck Institute for Plant Breeding Research, Kolonia, Niemcy/
„An insight into regulatory roles of RNA polymerase II CTD-kinases and spliceosome-activating complex in *Arabidopsis*”

12.09.2011

Dr Daniel Mietchen /Friedrich Schiller University of Jena Wikimedia Foundation/
„Collaborative platforms for doing science in the open”

19.09.2011

Prof. Ian D. Hickson /Department of Cellular and Molecular Medicine, University of Copenhagen, Panum Institute/
„Genomic instability and cancer: lessons from analysis of Bloom's syndrome”

20.09.2011

Dr Vasily Ogryzko /DR2 INSERM, CNRS UMR 8126, Institute Gustav Roussy, Villejuif, France/
„PUB-MS - a mass-spectrometry based method to monitor protein-protein proximity *in vivo*”

04.10.2011

Dr Seweryn Mroczek /Zakład Biofizyki, IBB PAN/
„Gen C16orf57 (hUSB1), zmutowany we wrodzonej dyskeratozie, poikilodermii z neutropenią i syndromie Rothmunda-Thomsona, koduje czynnik biogenezy U6 snRNA”

11.10.2011

Prof. Matthias Bochtler /IBB PAN/MIBMiK/

„CG methylation and depletion”

18.10.2011

Mgr Tomasz Turowski /Zakład Genetyki, IBB PAN/

„Kontrola stabilności tRNA u drożdży”

25.10.2011

Dr Leszek Lipiński /Zakład Biofizyki, IBB PAN/

„Poszukiwanie nowych aktywności enzymatycznych z wykorzystaniem metagenomiki”

08.11.2011

Dr hab. Iwona Wojda /Uniwersytet Marii Curie-Skłodowskiej, Lublin/

„Ewolucja i rola szlaków kinaz białkowych MAP w zdrowiu i chorobie”

15.11.2011

Mgr Radosław Jaźwiec /Pracownia Spektrometrii Mas, IBB PAN/

„Oznaczania ilościowe leków w płynach ustrojowych metodą tandemowej spektrometrii mas”

22.11.2011

Mgr Mateusz Juchimiuk /Pracownia Glikobiologii Grzybów, IBB PAN/

„Dolicholozależna glikozylacja białek a morfogeneza *Candida albicans*”

29.11.2011

Dr Małgorzata Gutkowska /Zakład Biochemii Lipidów, IBB PAN/

„Izoformy Rab Geranylogeranylotransferazy u *Arabidopsis thaliana*”

06.12.2011

Mgr Ewa Sitkiewicz /Zakład Biofizyki, IBB PAN/

„Mostek di-Tyrozyny w oligomeryzacji peptydu A β ”

13.12.2011

Dr Szymon Kaczanowski /Zakład Bioinformatyki, IBB PAN/

„Ewolucja apoptozy pierwotniaków pasożytniczych”

Lista publikacji za 2011 rok

ARTYKUŁY 2011

4473

SZAMBOWSKA A., PIERECHOD M., WĘGRZYN G., GLINKOWSKA M.
Coupling of transcription and replication machineries in λ DNA replication initiation: evidence for direct interaction of *Escherichia coli* RNA polymerase and the λ O protein.
Nucleic Acids Research (2011) **39(1)**: 168-177
IF 7.836

4474

GAWĘŁ D., JONCZYK P., FIJAŁKOWSKA I.J., SCHAAPER R.M.
dnaX36 mutator of *Escherichia coli*: effect of the τ subunit of the DNA polymerase III holoenzyme on chromosomal DNA replication fidelity.
Journal of Bacteriology (2011) **193(1)**: 296-300
IF 3.726

4475

MILANOWSKA K., KRZAWICZ J., PAPAŁ G., KOSIŃSKI J., POLESZAK K., LESIAK J., OSIŃSKA E., ROTHER K., BUJNICKI J.M.
REPAIRtoire – a database of DNA repair pathways.
Nucleic Acids Research (2011) **39(1)**: D788-D792
IF 7.836

4476

NEJMAN B., NADRATOWSKA-WESOŁOWSKA B., SZALEWSKA-PAŁASZ A., WĘGRZYN A., WĘGRZYN G.
Replication of plasmids derived from Shiga toxin-converting bacteriophages in starved *Escherichia coli*.
Microbiology-SGM (2011) **157**: 220-233
IF 2.957

4477

PROTAS A.M., BONNA A., KOPERA E., BAL W.
Selective peptide bond hydrolysis of cysteine peptides in the presence of Ni(II) ions.
Journal of Inorganic Biochemistry (2011) **105(1)**:10-16
IF 3.317

4478

BUCHOLC M., CIESIELSKI A., GOCH G., ANIELSKA-MAZUR A., KULIK A., KRZYWIŃSKA E., DOBROWOLSKA G.
SNF1-related protein kinases 2 are negatively regulated by a plant-specific calcium sensor.
Journal of Biological Chemistry (2011) **286(5)**: 3429-41
IF 5.328

4479

GÓRKA-NIEĆ W., KANIA A., PERLIŃSKA-LENART U., SMOLEŃSKA-SYM G., PALAMARCZYK G., KRUSZEWSKA J.S.
Integration of additional copies of *Trichoderma reesei* gene encoding protein O-mannosyltransferase I result in a decrease of the enzyme activity and alteration of cell wall composition.
Fungal Biology former title: **Mycological Research** (2011) **155**: 124-132
IF 2.259

4480

ALEKSANDRZAK-PIEKARCZYK T., POLAK J., JEZIERSKA B., RENAULT P., BARDOWSKI J.K.
Genetic characterization of the CcpA-dependent, cellobiose-specific PTS system comprising CelB,
PtcB and PtcA that transports lactose in *Lactococcus lactis* IL1403.

International Journal of Food Microbiology (2011) **145**: 186-194

IF 3.143

4481

CZARNECKA A., BARTNIK E.

The role of the mitochondrial genome in ageing and carcinogenesis.

Journal of Aging Research (2011) Article ID 136435, 10 pages

doi:10.4061/2011/136435

IF-

4482

JAREMKO Ł., JAREMKO M., ELFAKI I., MUELLER J.W., EJCHART A., BAYER P., ZHUKOV I.
Structure and dynamics of the first archaeal parvulin reveal a new functionally important loop in
parvulin-type prolyl isomerases.

Journal of Biological Chemistry (2011) **286(8)**: 6554-6565

IF 5.328

4483

KAPCZYŃSKA K., STEFANOWICZ P., JAREMKO Ł., JAREMKO M., KLUCZYK A.
The efficient synthesis of isotopically labeled peptide-derived Amadori products and their
characterization.

Amino Acids (2011) **40(3)**: 923-932

IF 4.106

4484

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

Defining rules of aromaticity: a unified approach to the Hückel, Clar and Randić concepts.

Physical Chemistry Chemical Physics (2011) **13**: 3737-3747

IF 3.453

4485

JÓŹWIK A., SOKOŁOWSKA B., NIEBROJ-DOBOSZ I., JANIK P., KWIECIŃSKI H.

Extraction of biomedical traits for patients with Amyotrophic Lateral Sclerosis using parallel and
hierarchical classifiers.

International Journal of Biometrics (2011) **3(1)**: 85-94

IF-

4486

KŁONIECKI M., JABŁONOWSKA A.M., POZNAŃSKI J., LANGRIDGE J., HUGHES CH.,
CAMPUZANO I., GILES K., DADLEZ M.

Ion mobility separation coupled with MS detects two structural states of Alzheimer's disease A β 1-40
peptide oligomers.

Journal of Molecular Biology (2011) **407**: 110-124

IF 4.008

4487

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

A reliable method for storage of tailed phages.

Journal of Microbiological Methods (2011) **84**: 486-489

IF 2.018

4488

WIĘSYK A., CANDRESSE T., ZAGÓRSKI-OSTOJA W., GÓRA-SOCHACKA A.

Use of randomly mutagenized genomic cDNA banks of potato spindle tuber viroid to screen for viable versions of the viroid genome.

Journal of General Virology (2011) **92**: 457-466

IF 3.568

4489

KRAMEROV A.A., GOLUB A.G., BDZHOLA V.G., YARMOLUK S.M., AHMED K., BRETNER M., LJUBIMOV A.V.

Treatment of cultured human astrocytes and vascular endothelial cells with protein kinase CK2 inhibitors induces early changes in cell shape and cytoskeleton.

Molecular and Cellular Biochemistry (2011) **349**: 125-137

IF 2.168

4490

NOWAK J.K., GROMADKA R., JUSZCZUK M., JERKA-DZIADOSZ M., MALISZEWSKA K., MUCCHIELLI M.H., GOUT J.F., ARNAIZ O., AGIER N., TANG T., AGGERBECK L., COHEN J., DELACROIX H., SPERLING L., HERBERT CH., ZAGULSKI M., BETERMIER M.

A functional study of genes essential for autogamy and nuclear reorganization in *Paramecium*.

Eukaryotic Cell (2011) **10(3)**: 363-372

IF 3.395

4491

PRZEWŁOKA M.R., VENKEI Z., BOLANOS-GARCIA V.M., DĘBSKI J., DADLEZ M., GLOVER D.M.

CENP-C is a structural platform for kinetochore assembly.

Current Biology (2011) **21**: 399-405

IF 10.025

4492

STRANZL G.R., SANTELLI E., BANKSTON L.A., LA CLAIR C., BOBKOV A., SCHWARZENBACHER R., GODZIK A., PEREGO M., GRYNBERG M., LIDDINGTON R.C.

Structural insights into inhibition of *Bacillus anthracis* sporulation by a novel class of non-heme globin sensor domains.

Journal of Biological Chemistry (2001) **286(10)**: 8448-8458

IF 5.328

4493

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

Zn(II) complexes of glutathione disulfide: structural basis of elevated stabilities.

Inorganic Chemistry (2011) **50**: 72-85

IF 4.325

4494

BAL W., PROTAS A.M., KASPRZAK K.S.

Genotoxicity of metal ions: chemical insights.

Chapter in: **Metal Ions in Life Sciences**. Ed. A. Siegel, H. Siegel, R.K.O. Siegel. Royal Society of Chemistry 2011, v.8 p.319-373

4495

KAMIEŃSKA-TRELA K., WÓJCIK J.

Applications of spin-spin couplings.

Chapter in: **Nuclear Magnetic Resonance**. Ed. G.A. Webb. RSC Publishing (2011) 40: 162-204

4496

BRZYWCZY J., KACPRZAK M., PASZEWSKI A.

Novel mutations reveal two important regions in *Aspergillus nidulans* transcriptional activator MetR.

Fungal Genetics and Biology (2011) **48**: 104-112

IF 3.333

4497

ARCZEWSKA K., BAUMAIER C., KASSAHUN H., SENGUPTA T., BJORAS M., KUŚMIEREK J.T., NILSEN H.

Caenorhabditis elegans NDX-4 is a MutT-type enzyme that contributes to genomic stability.

DNA Repair (2011) **10**: 176-187

IF 4.293

4498

KULIŃSKA A., CAO Y., MACIOSZEK M., HAYES F., JAGURA-BURDZY G.

The centromere site of the segregation cassette of broad-host-range plasmid RA3 is located at the border of the maintenance and conjugative transfer modules.

Applied and Environmental Microbiology (2011) **77**(7): 2414-2427

IF 3.778

4499

RUDA G.F., NGUYEN C., ZIEMKOWSKI P., FELCZAK K., KASINATHAN G., MUSSO-BUENDIA A., SUND C., ZHOU X.X., KAISER M., RUIZ-PERÉZ L.M., BRUN R., KULIKOWSKI T., JOHANSSON N.G., GONZÁLEZ-PACANOWSKA D., GILBERT I.H.

Modified 5'-trityl nucleosides as inhibitors of *Plasmodium falciparum* dUTPase.

ChemMedChem (2011) **6**(2): 309-20

IF 3.306

4500

DMOWSKI M., JAGURA-BURDZY G.

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

Microbiology-SGM (2011) **157**: 1009-1020

IF 2.957

4501

GOLEC P., WICZK A., ŁOŚ J.M., KONOPA G., WĘGRZYN G., ŁOŚ M.

Persistence of bacteriophage T4 in a starved *Escherichia coli* culture: evidence for the presence of phage subpopulations.

Journal of General Virology (2011) **92**: 997-1003

IF 3.568

4502

ŚWIEŻEWSKA E., WÓJCIK J.

NMR of carbohydrates, lipids and membranes.

Chapter in: **Nuclear Magnetic Resonance**. Ed. G.A. Webb. RSC Publishing (2011) 40: 344-390

4503

GRACZYK D., DĘBSKI J., MUSZYŃSKA G., BRETNER M., LEFEBVRE O., BOGUTA M.

Casein kinase II-mediated phosphorylation of general repressor MafI triggers RNA polymerase III activation.

PNAS-Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America (2011)

108(12): 4926-4931

IF 9.771

4504

SIKORA A., WÓJTOWICZ-SIEŃKO J., PIELA P., ZIELENKIEWICZ U., TOMCZYK-ŻAK K., CHOJNACKA A., SIKORA R., KOWALCZYK P., GRZESIUK E., BŁASZCZYK M.

Selection of bacteria capable of dissimilatory reduction of Fe(III) from a long-term continuous culture on molasses and their use in a microbial fuel cell.

Journal of Microbiology and Biotechnology (2011) **21(3)**: 305-316

IF 1.224

4505

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

Solution NMR structure and dynamics of human apo-S100A1 protein.

Journal of Structural Biology (2011) **174**: 391-399

IF 3.497

4506

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

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

Mutation Research / Fundamental and Molecular Mechanisms of Mutagenesis (2011) **709-710**: 21-21

IF 3.204

4507

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

The roles of PCNA SUMOylation, Mms2-Ubc13 and Rad5 in translesion DNA synthesis in *Saccharomyces cerevisiae*.

Molecular Microbiology (2011) **80(3)**: 786-797

IF 4.819

4508

URBAS L., JARC B.L., BARUT M., ŻOCHOWSKA M., CHROBOCZEK J., PIHLAR B., SZOŁAJSKA E.

Purification of recombinant adenovirus type 3 dodecahedral virus-like particles for biomedical applications using short monolithic columns.

Journal of Chromatography A (2011) **1218(17)**: 2451-2459

IF 4.194

4509

MACIEJEWSKA A.M., SOKOŁOWSKA B., NOWICKI A., KUŚMIEREK J.T.

The role of AlkB protein in repair of 1,N⁶-ethenoadenine in *Escherichia coli* cells.

Mutagenesis (2011) **26(3)**: 401-406

IF 3.983

4510

SURMACZ L., ŚWIEŻEWSKA E.

Polyisoprenoids – secondary metabolites or physiologically important superlipids?

Biochemical and Biophysical Research Communications (2011) **407(4)**: 627-32

IF 2.595

4511

RUSZCZYŃSKA-BARTNIK K., MACIEJCZYK M., STOLARSKI R.

Dynamical insight into *Caenorhabditis elegans* eIF4E recognition specificity for mono- and trimethylated structures of mRNA 5' cap.

Journal of Molecular Modeling (2011) **17**(4): 727-737

IF 1.871

4512

ŁOCHOWSKA A., IWANICKA-NOWICKA R., ZIELAK A., MODELEWSKA A., THOMAS M.S., HRYNIEWICZ M.M.

Regulation of sulfur assimilation pathways in *Burkholderia cenocepacia* through control of genes by the SsuR transcription factor.

Journal of Bacteriology (2011) **193**(8): 1843-1853

IF 3.726

4513

KACZANOWSKI S., SAJID M., REECE SARAH E.

Evolution of apoptosis-like programmed cell death in unicellular protozoan parasites.

Parasites & Vectors (2011) **4**: 44 (8 pages)

doi: 10.1186/1756-3305-4-44

IF 2.130

4514

LEWAK S.

Metabolic control of embryonic dormancy in apple seed: seven decades of research.

Acta Physiologiae Plantarum (2011) **33**: 1-24

IF 1.344

4515

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

Cloning and functional analysis of the dpm2 and dpm3 genes from *Trichoderma reesei* expressed in a *Saccharomyces cerevisiae* dpm1Δ mutant strain.

Biological Chemistry (2011) **392**: 517-527

IF 3.603

4516

MAKIEŁA-DZBEŃSKA K., JONCZYK P., SCHAAPER R.M., FIJAŁKOWSKA I.J.

Proofreading deficiency of Pol I increases the levels of spontaneous rpoB mutations in *E. coli*.

Mutation Research – Fundamental and Molecular Mechanisms of Mutagenesis (2011) **712**: 28-32

IF 3.204

4517

MIKULA M., RUBEL T., KACZMARSKI J., GORYCA K., DADLEZ M., OSTROWSKI J.

Integrating proteomic and transcriptomic high-throughput surveys for search of new biomarkers of colon tumors.

Functional & Integrative Genomics (2011) **11**: 215-224

IF 3.397

4518

SIRKO A., VANĚK T., GÓRA-SOCHACKA A., REDKIEWICZ P.A.

Recombinant cytokines from plants.

International Journal of Molecular Sciences (2011) **12**: 3536-3552

IF 2.279

4519

LEWANDOWSKA-GNATOWSKA E., JOHNSTON M.L, ANTOINE W., SZCZEGIELNIAK J., MUSZYŃSKA G., MIERNYK J.A.

Using multiplex-staining to study changes in the maize leaf phosphoproteome in response to mechanical wounding.

Phytochemistry (2011) **72**: 1285-1292

IF 3.150

4520

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

Cyclic enkephalin-deltorphin hybrids containing a carbonyl bridge: structure and opioid activity.

Acta Biochimica Polonica (2011) **58(2)**: 225-230

IF 1.234

4521

KUSIAK M.B., GAPCZYŃSKA A., PŁOCHOCKA D., THOMAS CH.M., JAGURA-BURDZY G.

Binding and spreading of ParB on DNA determine its biological function in *Pseudomonas aeruginosa*.

Journal of Bacteriology (2011) **193(13)**: 3342-3355

IF 3.726

4522

WINIARSKA B., DVORNYK A., DĘBSKI J., GRZELAK K., BYSTRANOWSKA D., ZALEWSKA M., DADLEZ M., OŻYHAR A., KOCHMAN M.

N-linked glycosylation of *G. mellonella* juvenile hormone binding protein – Comparison of recombinant mutants expressed in *P. pastoris* cells with native protein.

Biochimica et Biophysica Acta – Proteins & Proteomics (2011) **1814(5)**: 610-621

IF 2.773

4523

KUROWSKA E., BONNA A., GOCH G., BAL W.

Salivary histatin-5, a physiologically relevant ligand for Ni(II) ions.

Journal of Inorganic Biochemistry (2011) **105(9)**: 1220-1225

IF 3.317

4524

CIEPICHAŁ-GŁODOWSKA E., JEMIOŁA-RZEMIŃSKA M., HERTEL J., ŚWIEŻEWSKA E., STRZAŁKA K.

Configuration of polyisoprenoids affects the permeability and thermotropic properties of phospholipid/polyisoprenoid model membranes.

Chemistry and Physics of Lipids (2011) **164**: 300-306

IF 2.861

4525

GÓRECKI R.K., KORYSZEWSKA-BAGIŃSKA A., GOŁĘBIEWSKI M., ŻYLIŃSKA J., GRYNBERG M., BARDOWSKI J.K.

Adaptative potential of the *Lactococcus lactis* IL594 strain encoded in its 7 plasmids.

PLoS One (2011) **6(7)**: e22238 [12 p.] (electronic only)

IF 4.411

4526

COUPLAN E., AIYAR R.S., KUCHARCZYK R., KABALA A., EZKURDIA N., GAGNEUR J., St. ONGE R.P., SALIN B., SOUBIGOU F., LE CANN M., STEINMETZ L.M., DI RAGO J.-P., BLONDEL M.

A yeast-based assay identifies drugs active against human mitochondrial disorders.

PNAS – Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America (2011) **108**(29): 11989-11994

IF 9.771

4527

ZHANG J., ANGALA S.K., PRAMANIK P.K., LI K., CRICK D.C., LIAV A., JÓŹWIAK A., ŚWIEŻEWSKA E., JACKSON M., CHATTERJEE D.

Reconstruction of Functional Mycobacterial Arabinosyltransferase AftC Proteoliposome and Assessment of Decaprenylphosphorylarabinose Analogues as Arabinofuranosyl Donors.

ACS Chemical Biology (2011) **6**: 819-828

IF 5.698

4528

CHOŁBIŃSKI P., JASTRZĘBSKA Ż., WYSOCKA-KAPCIŃSKA M., PŁOCHOCKA D., GÓRNICKA A., HOPPER A.K., ŻOŁĄDEK T.

Yeast ubiquitin ligase Rsp5 contains nuclear localization and export signals.

European Journal of Cell Biology (2011) **90**(10): 834-843

IF 3.630

4529

XU X., PAN S., CHENG S., ZHANG B. MU D., NI P., ZHANG G., YANG S., LI R., WANG J., ORJEDA G., GUZMAN F., TORRES M., LOZANO R., PONCE O., MARTINEZ D., DE LA CRUZ G., CHAKRABARTI S.K., PATIL V.U., SKRYABIN K.G., KUZNETSOV B., RAVIN N.V., KOLGANOVA T.V., BELETSKY A.V., MARDANOV A.V., DI GENOVA A., BOLSER D.M., MARTIN D.M., LI G., YANG Y., KUANG H., HU Q., XIONG X., BISHOP G.J., SAGREDO B., MEJIA N., ZAGÓRSKI-OSTOJA W., GROMADKA R., GAWOR J., SZCZĘSNY P., HUANG S., ZHANG Z., LIANG CH., HE J., LI Y., HE Y., XU J., ZHANG Y., XIE B., DU Y., QU D., BONIERBALE M., GHISLAIN M., DEL ROSARIO HERRERA M., GIULIANO G., PIETRELLA M., PERROTTA G., FACELLA P., O'BRIEN K., FEINGOLD S., BARREIRO L.E., MASSA G.A., DIAMBRA L., WHITTY B.R., VAILLANCOURT B., LIN H., MASSA A.N., GEOFFROY M., LUNDBACK S., DELLAPENNA D., BUELL C.R., SHARMA S.K., MARSHALL D.F., WAUGH R., BRYAN G.J., DESTEFANIS M., NAGY I., MILBOURNE D., THOMSON S.J., FIERIS M., JACOBS J.M.E., NIELSEN K.L., SØNDERKÆR M., IOVENE M., TORRES G.A., JIANG J., VEILLEUX R.E., BACHEM CH.W.B., BOER DE J.M., BORM T., KLOOMSTERMAN B., VAN ECK H., DATEMA E., TE LINTEL HEKKERT B., GOVERSE A., HAM VAN R.C.H.J., VISSER R.G.F.

Genome sequence and analysis of the tuber crop potato.

Nature (2011) **475**(7355): 189-195

IF 36.101

4530

CHOJNACKA A., BŁASZCZYK M., SZCZĘSNY P., NOWAK K., SUMIŃSKA M., TOMCZYK-ŻAK K., ZIELENKIEWICZ U., SIKORA A.

Comparative analysis of hydrogen-producing bacterial biofilms and granular sludge formed in continuous cultures of fermentative bacteria.

Bioresource Technology (2011) **102**: 10057-10064

IF 4.365

4531

SZCZĘŚNY P., IACOVACHE I., MUSZEWSKA A., GINALSKI K., GOOT van der F.G., GRYNBERG M.

Extending the aerolysin family: from bacteria to vertebrates.

PLoS ONE (2011) **6(6)**: e20349

IF 4.411

4532

ROMANYUK D., POLAK A., MALESZEWSKA A., SIENKO M., GRYNBERG M., ŻOŁĄDEK T.
Human hAtg2A protein expressed in yeast is recruited to preautophagosomal structure but does not complement autophagy defects of atg2Δ strain.

Acta Biochimica Polonica (2011) **58(3)**: 365-374

IF 1.234

4533

ANTOSIEWICZ J.M., SHUGAR D.

Poisson-Boltzmann continuum-solvation models: applications to pH-dependent properties of biomolecules.

Molecular BioSystems (2011) **7**: 2923-2949

IF 3.825

4534

KAMIŃSKA J., SPIESS M., STAWIECKA-MIROTA M., MONKAITYTE R., HAGUENAUER-TSAPIS R., URBAN-GRIMAL D., WINSOR B., ŻOŁĄDEK T.

Yeast Rsp5 ubiquitin ligase affects the actin cytoskeleton *in vivo* and *in vitro*.

European Journal of Cell Biology (2011) **90**: 1016-1028

IF 3.630

4535

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

Involvement of phospholipase A₂ in the response of *Solanum* species to an elicitor from *Phytophthora infestans*.

Acta Physiologiae Plantarum (2011) **33**: 2521-2531

IF 1.344

4536

MIAZGA A.A., HAMY F., LOUVEL S., KLIMKAIT T., PIETRUSIEWICZ Z., KURZYŃSKA-KOKORNIAK A., FIGLEROWICZ M., WIŃSKA P., KULIKOWSKI T.

Thiated derivatives of 2',3'-dideoxy-3'-fluorothymidine: Synthesis, *in vitro* anti-HIV-1 activity and interaction with recombinant drug resistant HIV-1 reverse transcriptase forms.

Antiviral Research (2011) **92**: 57-63

IF 4.439

4537

MAKOWSKA M., ŁUKOWSKA-CHOJNACKA E., WIŃSKA P., KUŚ A., BILIŃSKA A., BRETNER M.

Design and synthesis of CK2 inhibitors.

Molecular and Cellular Biochemistry (2011) **356**: 91-96

IF 2.168

4538

KLIMECKA M.M., SZCZEGIELNIAK J., GODECKA L., LEWANDOWSKA-GNATOWSKA E., DOBROWOLSKA G., MUSZYŃSKA G.,
Regulation of wound-responsive calcium-dependent protein kinase from maize (ZmCPK11) by phosphatidic acid.

Acta Biochimica Polonica (2011) 58(4): 589-595

IF 1.234

4539

BOGUTA M., GRACZYK D.

RNA polymerase III under control: repression and de-repression.

Trends in Biochemical Sciences (2011) 36(9): 451-456

IF 10.364

4540

ZIENTARA-RYTTER K., ŁUKOMSKA J., MONIUSZKO G., GWOZDECKI R., SUROWIECKI P., LEWANDOWSKA M., LISZEWSKA F., WAWRZYŃSKA A.K., SIRKO A.

Identification and functional analysis of Joka2, a tobacco member of the family of selective autophagy cargo receptors.

Autophagy (2011) 7(10): 1145-1158

IF 6.643

4541

MAASSEN A., HENNIG J.

Effect of *Medicago sativa* *Mhb1* gene expression on defense response of *Arabidopsis thaliana* plants.

Acta Biochimica Polonica (2011) 58(3): 427-432

IF 1.234

4542

DESJARDINS CH. A., CHAMPION M.D., HOLDER J.W., MUSZEWSKA A., GOLDBERG J., BAILÃO A.M., BRIGIDO M.M., DA SILVA FERREIRA M.E., GARCIA A.M., GRYNBERG M., GUJJA S., HEIMAN D.I., HENN M.R., KODIRA CH.D., LEON-NARVAEZ H., LONGO L.V.G., MA L.-J., MALAVAZI I., MATSUO A.L., MORAIS F.V., PEREIRA MARISTELA, RODRIGUEZ-BRITO S., SAKTHIKUMAR S., SALEM-IZACC S.M., SYKES S.M., TEIXEIRA M.M. VALLEJO M.C., WALTER M.E.M.T., YANDAVA CH., YOUNG S., ZENG Q., ZUCKER J., FELIPE M.S., GOLDMAN G., HAAS B.J., McEWEN J.G., NINO-VEGA G., PUCCIA R., SAN-BLAS G., DE ALMEIDA SOARES C.M., BIRREN B.W., CUOMO CH.A.

Comparative Genomic Analysis of Human Fungal Pathogens Causing Paracoccidioidomycosis.

PLoS Genetics (2011) 7(10): e1002345

IF 9.543

4543

KUROWSKA E., SASIN-KUROWSKA J., BONNA A., GRYNBERG M., POZNAŃSKI J., KNIŻEWSKI Ł., GINALSKI K., BAL W.

The C2H2 zinc finger transcription factors are likely targets for Ni_(II) toxicity.

Metallomics (2011) 3: 1227-1231

IF 3.592

4544

SZCZERBAKOWA A., TARWACKA J., ŚLIWIŃSKA E., WIELGAT B.

Nuclear DNA content and chromosome number in somatic hybrid allopolyploids of *Solanum*.

Plant Cell, Tissue and Organ Culture (2011) 106: 373-380

IF 1.243

4545

KARKUSIEWICZ I.A., TUROWSKI T., GRACZYK D., TOWPIK J., DHUNGEL N., HOPPER A.K., BOGUTA M.

MafI protein, repressor of RNA polymerase III, indirectly affects tRNA processing.

Journal of Biological Chemistry (2011) **286**(45): 39478-39488

IF 5.328

4546

SAMOJŁOWICZ C., BIENIEK M., PAZIO A., MAKAL A., WOŹNIAK K., POATER A., CAVALLO L., WÓJCIK J., ZDANOWSKI K., GRELA K.

The Doping Effect of Fluorinated Aromatic Solvents on the Rate of Ruthenium-Catalysed Olefin Metathesis.

Chemistry – a European Journal (2011) **17**: 12981-12993

IF 5.476

4547

SZCZEPANKOWSKA A.K., PRESTEL E., MARIADASSOU M., BARDOWSKI J.K., BIDNENKO E. Phylogenetic and complementation analysis of a single-stranded DNA binding protein family from lactococcal phages indicates a non-bacterial origin.

PLOS One (2011) **6**(11): e26942

IF 4.411

4548

LIPIŃSKI K.A., PUCHTA O., SURENDRANATH V., KUDŁA M., GOLIK P.

Revisiting the yeast PPR proteins—application of an iterative hidden markov model algorithm reveals new members of the rapidly evolving family.

Molecular Biology and Evolution (2011) **28**(10): 2935-2948

IF 5.510

4549

DEQUARD-CHABLAT M., SELLEM C.H., GOLIK P., BIDART F., MARTOS A., BIETENHADER M., DI RAGO J.-P., SAINSAARD-CHANET A., HERMANN LE DENMAT S., CONTAMINE V.

Two Nuclear Life Cycle-Regulated Genes Encode Interchangeable Subunits *c* of Mitochondrial ATP Synthase in *Podospora anserina*.

Molecular Biology and Evolution (2011) **28**(7): 2063-2075

IF 5.510

4550

ZEMBEK P., PERLIŃSKA-LENART U., BRUNNER K., REITHNER B., PALAMARCZYK G., MACH R., KRUSZEWSKA J.S.

Elevated Activity of Dolichyl Phosphate Mannose Synthase Enhances Biocontrol Abilities of *Trichoderma atroviride*.

Molecular Plant – Microbe Interactions (2011) **24**(12): 1522-1529

IF 4.010

4551

SZOŁAJSKA E., CHROBOCZEK J.

Faithful chaperones.

Cellular and Molecular Life Sciences (2011) **68**: 3307-3322

IF 7.047

4552

WOJTAL I., PIONTEK P., GRZELA R., JARMOŁOWSKI A., ZAGÓRSKI-OSTOJA W., CHROBOCZEK J.

Analysis of potyvirus terminal protein VPg-transgenic *Arabidopsis thaliana* plants.

Acta Biochimica Polonica (2011) **58(3)**: 349-53

IF 1.234

4553

DĄBROWSKA M., SKONECZNY M., RODE W.

Functional gene expression profile underlying methotrexate-induced senescence in human colon cancer cells.

Tumor Biology (2011) **32(5)**: 965-76

IF 2.026

4554

ALABRUDZIŃSKA M., SKONECZNY M., SKONECZNA A.

Diploid-specific genome stability genes of *S. cerevisiae*: genomic screen reveals haploidization as an escape from persisting DNA rearrangement stress.

PLoS ONE (2011) **6(6)**: e21124

IF 4.411

4555

RANGONE H., WEGEL E., GATT M.K., YEUNG E., FLOWERS A., DĘBSKI J., DADLEZ M., JANSSENS V., CARPENTER A.T.C., GLOVER D.M.

Suppression of scant identifies endos as a substrate of greatwall kinase and a negative regulator of protein phosphatase 2A in mitosis.

PLoS Genetics (2011) **7(8)**: e1002225

IF 9.543

4556

NIEBROJ-DOBOSZ I., MADEJ-PILARCZYK A., MARCHEL M., SOKOŁOWSKA B., HAUSMANOWA-PETRUSEWICZ I.

Circulating tenascin-C levels in patients with dilated cardiomyopathy in the course of Emery-Dreifuss muscular dystrophy.

Clinica Chimica Acta (2011) **(17-18)**: 1533-1538

IF 2.389

4557

KOMOROWSKA B., SIEDLECKI P., KACZANOWSKI S., HASIÓW-JAROSZEWSKA B., MALINOWSKI T.

Sequence diversity and potential recombination events in the coat protein gene of *Apple stem pitting virus*.

Virus Research (2011) **158**: 263-267

IF 2.905

4558

LUBAS M., CHRISTENSEN M.S., KRISTIANSEN M.S., DOMAŃSKI M., FALKENBY L.G., LYKKE-ANDERSEN S., ANDERSEN J.S., DZIEMBOWSKI A., JENSEN T. H.

Interaction profiling identifies the human nuclear exosome targeting complex.

Molecular Cell (2011) **43**: 624-637

IF 14.194

4559

WŁODARSKI T., KUTNER J., TOWPIK J., KNIŻEWSKI Ł., RYCHLEWSKI L., KUDLICKI A., ROWICKA M., DZIEMBOWSKI A., GINALSKI K.

Comprehensive structural and substrate specificity classification of the *Saccharomyces cerevisiae* methyltransferome.

PLoS ONE (2011) **6(8)**: e23168

IF 4.411

4560

FORONCEWICZ B., MUCHA K., SZPARAGA B., RACZYŃSKA J., CISZEK M., PILECKI T., KRAWCZYK M., PĄCZEK L.

Rehabilitation and 6-minute walk test after liver transplantation.

Transplantation Proceedings (2011) **43**: 3021-3024

IF 0.993

4561

FORONCEWICZ B., MUCHA K., GRYSZKIEWICZ J., FLORCZAK M., MULKA A., CHMURA A., SZMIDT J., PATKOWSKI W., PĄCZEK L.

Dietary supplements and herbal preparations in renal and liver transplant recipients.

Transplantation Proceedings (2011) **43**: 2935-2937

IF 0.993

4562

SOKOŁOWSKA B., MACIEJEWSKA A.M., JÓŻWIK A., KUŚMIEREK J.T.

Estimation of significance of AlkB and AlkA proteins in DNA repair in *Escherichia coli* model.

Journal of Medical Informatics & Technologies (2011) **17**: 321-326

IF-

4563

NIEBROJ-DOBOSZ I., MADEJ-PILARCZYK A., MARCHEL M., SOKOŁOWSKA B., HAUSMANOWA-PETRUSEWICZ I.

Osteopontin – a fibrosis-related marker – in dilated cardiomyopathy in patients with Emery-Dreifuss muscular dystrophy.

Scandinavian Journal of Clinical & Laboratory Investigation (2011) **71**: 658-662

IF 1.629

4564

TOCZYŁOWSKA B., PIOTROWSKI M., CHALIMONIUK M.

³¹P high resolution NMR spectroscopy in analysis of phosphate-containing compounds of bile.

Biocybernetics and Biomedical Engineering (2011) **31(1)**: 63-71

IF 0.207

4565

JAKÓBKIEWICZ-BANECKA J., PIOTROWSKA A., GABIG-CIMIŃSKA M., BORYSIEWICZ E., SŁOMIŃSKA-WOJEWÓDZKA M., NARAJCZYK M., WĘGRZYN A., WĘGRZYN G.

Substrate Reduction Therapies for Mucopolysaccharidoses.

Current Pharmaceutical Biotechnology (2011) **12**: 1860-1865

IF 3.455

4566

MUSZEWSKA A., TAYLOR J., SZCZĘSNY P., GRYNBERG M.

Independent Subtilases Expansions in Fungi Associated with Animals.

Molecular Biology and Evolution (2011) **28(12)**: 3395-3404

IF 5.510

4567

TRAPANI L., MELLI L., SEGATTO M., TREZZA V., CAMPOLONGO P., JÓŹWIAK A., ŚWIEŻEWSKA E., PUCILLO L.P., MORENO S., FANELLI F., LINARI M., PALLOTTINI V.
Effects of myosin heavy chain (MHC) plasticity induced by HMGCoA-reductase inhibition on skeletal muscle functions.

The FASEB Journal (2011) **25**: 4037-4047

IF 6.515

4568

VENØ S.T., KULIKOWICZ T., PESTANA C., STĘPIEŃ P.P., STEVNSNER T., BOHR V.A.
The human Suv3 helicase interacts with replication protein A and flap endonuclease 1 in the nucleus.

Biochemical Journal (2011) **440**: 293-300

IF 5.016

4569

JEDRZEJCZAK R., WANG J., DAUTER M., SZCZĘSNY R.J., STĘPIEŃ P.P., DAUTER Z.
Human Suv3 protein reveals unique features among SF2 helicases.

Acta Crystallographica Section D: Biological Crystallography (2011) **D67**: 988-996

IF 6.326

4570

BRZEZNIAK L.K., BIJATA M., SZCZĘSNY R.J., STĘPIEŃ P.P.
Involvement of human ELAC2 gene product in 3'end processing of mitochondrial tRNAs.

RNA Biology (2011) **8(4)**: 616-626

IF 5.597

4571

KONOPKA-POSTUPOLSKA D., CLARK G., HOFMANN A.
Structure, function and membrane interactions of plant annexins: An update.

Plant Science (2011) **181**: 230-241

IF 2.481

4572

MONIUSZKO G., LASKA-OBERNDORFF A., CRISTESCU S.M., HARREN F.J.M., SIRKO A.
[Letter to the editor] Ethylene emitted by nylon membrane filters questions their usefulness to transfer plant seedlings between media.

Biotechniques (2011) **51(5)**: 329-333

IF 2.550

4573

BORYSOWSKI J., ŁOBOCKA M.B., MIĘDZYBRODZKI R., WEBER-DĄBROWSKA B., GÓRSKI A.

Potential of bacteriophages and their lysins in the treatment of MRSA: current status and future perspectives.

Biodrugs (2011) **25(6)**: 347-355

IF 4.192

4574

GYENIS L., DUNCAN J., TUROWEC J.P., BRETNER M., LITCHFIELD D.W.
Unbiased Functional Proteomics Strategy for Protein Kinase Inhibitor Validation and Identification of *bona fide* Protein Kinase Substrates: Application to Identification of EEF1D as a Substrate for CK2.

Journal of Proteome Research (2011) **10**: 4887-4901

IF 5.460

4575

GOSPODARSKA E., KUPNIEWSKA-KOZAK A., GOCH G., DADLEZ M.

Binding studies of truncated variants of the A β peptide to the V-domain of the RAGE receptor reveal A β residues responsible for binding.

Biochimica et Biophysica Acta – Proteins and Proteomics (2011) **1814**: 592-609

IF 2.773

4576

STANKOVIC A., DOAN K., MACKIEWICZ P., RIDUSH B., BACA M., GROMADKA R., SOCHA P., WĘGLEŃSKI P., NADACHOWSKI A., STEFANIAK K.

First ancient DNA sequences of the Late Pleistocene red deer (*Cervus elaphus*) from the Crimea, Ukraine.

Quaternary International (2011) **245**: 262-267

IF 1.768

4577

KULIK A., WAWER I., KRZYWIŃSKA E., BUCHOLC M., DOBROWOLSKA G.

SnRK2 protein kinases-key regulators of plant response to abiotic stresses.

OMICS: A Journal of Integrative Biology (2011) **15(12)**: 859-872

IF 1.944

4578

ZAREMBA-CZOGALLA M., GAGAT P., KOZIOŁ K., DUBIŃSKA-MAGIERA M., SIKORA J., DADLEZ M., RZEPECKI R.

Identification of new *in vivo* phosphosites on lamin Dm – the evidence of heterogeneity of phosphorylation sites in different *Drosophila* tissues.

Nucleus (2011) **2(5)**: 478-488

IF-

4579

THOUVEREY C., MALINOWSKA A., BALCERZAK M., STRZELECKA-KILISZEK A., BUCHET R., DADLEZ M., PIKUŁA S.

Proteomic characterization of biogenesis and functions of matrix vesicles released from mineralizing human osteoblast-like cells.

Journal of Proteomics (2011) **74(7)**: 1123-34

IF 5.074

4580

LYKKE-ANDERSEN S., TOMECKI R., JENSEN T. H., DZIEMBOWSKI A.

The eukaryotic RNA exosome Same scaffold but variable catalytic subunits.

RNA Biology (2011) **8(1)**: 61-66

IF 5.597

4581

PIOTROWSKA E., JAKÓBKIEWICZ-BANECKA J., MARYNIAK A., TYLKI-SZYMAŃSKA A., PUK E., LIBEREK A., WĘGRZYN A., CZARTORYSKA B., SŁOMIŃSKA-WOJEWÓDZKA M., WĘGRZYN G.

Two-year follow-up of Sanfilippo Disease patients treated with a genistein-rich isoflavone extract: Assessment of effects on cognitive functions and general status of patients.

Medical Science Monitor (2011) **17(4)**: CR196-202

IF 1.699

4582

LEFEBER D.J., DE BROUWER A.P., MORAVA E., RIEMERSMA M., SCHUURS-HOEIJMAKERS J.H.M., ABSMANNER B., VERRIJP K., AKKER van der W.M.R., HUIJBEN K., STEENBERGEN G., REEUWIJK van J., JÓŹWIAK A., ZUCKER N., LORBER A., LAMMENS M., KNOF C., BOKHOVEN van H., GRÜNEWALD S., LEHLE L., KAPUSTA L., MANDEL H., WEVERS R.A.

Autosomal Recessive Dilated Cardiomyopathy due to *DOLK* Mutations Results from Abnormal Dystroglycan O-Mannosylation.

PLoS Genetics (2011) **7(12)**: e1002427

IF 9.543

4583

MUSZEWSKA A., HOFFMAN-SOMMER M., GRYNBERG M.,
LTR Retrotransposons in Fungi.

PLoS ONE (2011) **6(12)**: e29425

IF 4.411

4584

GÓRECKI R.K., BARDOWSKI J.K.,

Molekularne mechanizmy odporności bakterii kwasu mlekowego na bakteriofagi.

Postępy Mikrobiologii (2011) **50(4)**: 265-273

IF 0.145

4585

LESZCZYŃSKA A., GÓRA M., PŁOCHOCKA D., HOSER G., SZKOPIŃSKA A., KOBLOWSKA M., IWANICKA-NOWICKA R., KOTLIŃSKI M., RAWA K. KILISZEK M., BURZYŃSKA B.,
Different statins produce highly divergent changes in gene expression profiles of human hepatoma cells: a pilot study.

Acta Biochimica Polonica (2011) **58(4)**: 635-639

IF 1.234

4586

DOBROWOLSKI M.A., CIESIELSKI A., CYRAŃSKI M.K.,
On the aromatic stabilization of corannulene and coronene.

Physical Chemistry Chemical Physics (2011) **13**: 20557-20563

IF 3.454

ABSTRAKTY 2011

2954/A

WIELGAT B., TARWACKA J., POLKOWSKA-KOWALCZYK L.

Otrzymywanie i molekularna analiza międzygatunkowych mieszańców somatycznych *Solanum* jako nowego źródła odporności na *Phytophthora infestans* dla ziemniaka uprawnego.

III sesja sprawozdawcza z realizacji projektu badawczego zamawianego "Nowe metody genetyki molekularnej i genomiki służące doskonaleniu odmian roślin uprawnych" Falenty, 17-20.01.2011

Abstrakty s.49

2955/A

TARWACKA J., WIELGAT B., SZCZERBAKOWA A., POLKOWSKA-KOWALCZYK L.

Interspecific somatic hybridis between potato and species *S. villosum*: molecular analysis and biochemical reactions induced by elicitor from *Phytophthora infestans*.

Joint Meeting of the British Ecological Society, the Biochemical Society, and the Society for Experimental Biology,

Stress Responses: Molecules, Organisms and Environments, London, UK, 4-7 January 2011

Abstracts STR1.58 p.31

2956/A

KANIAK-GOLIK A., DZIERZBICKI P., CIEŚLA Z.

Delineating pathways of allelic homologous recombination in *S. cerevisiae* mitochondria.

DNA Replication and Recombination.

Keystone Symposia on Molecular and Cellular Biology, Keystone, Colorado, USA, February 27-March 27, 2011

Poster Abstracts 206 / p.92

2957/A

BARDOWSKI J.K.

Biologia molekularna w jakości i bezpieczeństwie żywności.

Polskie Forum ISO 9000

Doskonalenie Systemu Zarządzania Bezpieczeństwem Żywności-3, Krynica Morska, 15-17 maja 2011

Materiały seminaryjne BS

2958/A

GAWARECKA K., CIEPICHAŁ-GŁODOWSKA E., HERMELING M., MASNYK M.,

CHMIELEWSKI M., CHOJNACKI T., ŚWIEŻEWSKA E.

Liposomes with cationic lipids – physical properties.

10th International Meeting: Biosynthesis and Function of Isoprenoids in Plants, Microorganisms and Parasites, Kalmar, Sweden, 22-26 May 2011

Program P61

2959/A

LIPKO A., ŚWIEŻEWSKA E.

Polyisoprenoid alcohols profile in hydroponically grown *Arabidopsis thaliana* leaves and roots.

10th International Meeting: Biosynthesis and Function of Isoprenoids in Plants, Microorganisms and Parasites, Kalmar, Sweden, 22-26 May 2011

Program P77

2960/A

KANIA M., JÓŹWIAK A., BACZEWSKA A., DMUCHOWSKI W., WOJTAS M., DANIKIEWICZ W., ŚWIEŻEWSKA E.

Identification of polyisoprenoid alcohols and their derivatives by HPLC/MS method using two kinds of ionization techniques.

10th International Meeting: Biosynthesis and Function of Isoprenoids in Plants, Microorganisms and Parasites, Kalmar, Sweden, 22-26 May 2011

Program Poster

2961/A

SURMACZ L., ŚWIEŻEWSKA E.

The studies on *cis*-prenyltransferase AtCPT6 in *Arabidopsis thaliana*.

10th International Meeting: Biosynthesis and Function of Isoprenoids in Plants, Microorganisms and Parasites, Kalmar, Sweden, 22-26 May 2011

Program P80

2962/A

JÓŹWIAK A., ŚWIEŻEWSKA E.

Cadmium ions affect dolichol accumulation and *cis*-prenyltransferases expression in *Arabidopsis thaliana*.

10th International Meeting: Biosynthesis and Function of Isoprenoids in Plants, Microorganisms and Parasites, Kalmar, Sweden, 22-26 May 2011

Program P92

2963/A

SIEDLECKA J., ŁOZIŃSKA I., ZAWADZKA A., CZARNOCKI Z., KACZOROWSKA E., WÓJCIK J., KANIA M., DANIKIEWICZ W., ŚWIEŻEWSKA E.

Oxidation of citronellol by singlet oxygen.

10th International Meeting: Biosynthesis and Function of Isoprenoids in Plants, Microorganisms and Parasites, Kalmar, Sweden, 22-26 May 2011

Program P99

2964/A

SZKOPIŃSKA A., POZNAŃSKI J., KOTER M., RYTKA J., REMPOŁA B.

Rer2p, Srt1p and Nus1p localize differentially in the cell. Does this reflect their function?

A Biochemical Society Focused Meeting, Edinburgh, UK, 8-10 June 2011

Program & Abstracts / Poster Abstracts P043

2965/A

MONIUSZKO G., ZIENTARA-RYTTER K., SKONECZNY M., WAWRZYŃSKA A.K., CRISTESCU S.M., HARREN F.J.M., SIRKO A.

Plant response to sulfur deficiency is disturbed by altered level of *UP9/LSU* genes expressions.

EMBO Young Scientists Forum, Warsaw, Poland, June 30 – July 1, 2011

Programme Poster 78

2966/A

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

Construction of the synthetic polypeptides interfering with cysteine synthesis in *Arabidopsis*.

EMBO Young Scientists Forum, Warsaw, Poland, June 30 – July 1, 2011

Programme Poster 122

2967/A

ZIENTARA-RYTTER K., GWOZDECKI R., SUROWIECKI P., WAWRZYŃSKA A.K., SIRKO A.
Identification and functional analysis of Joka2, a tobacco member of the family of selective autophagy cargo receptors.

EMBO Young Scientists Forum, Warsaw, Poland, June 30 – July 1, 2011

Programme Poster 128**2968/A**

SZCZEPANKOWSKA A.K., PRESTEL E., MARIADASSOU M., BARDOWSKI J.K., BIDNENKO E.
A phylogenetic and functional analysis of a distinctive family of single-stranded DNA binding proteins from lactococcal phages indicates their non-bacterial origin.

6th International Conference on Gram-positive Microorganisms.

16th International Conference on Bacilli, Montecatini Terme, Tuscany, Italy, 19-23 June 2011

Programm P26**2969/A**

PRESTEL E., SZCZEPANKOWSKA A.K., ŁABUDZKA W., MUSZEWSKA A., GRYNBERG M., NOIROT P., BARDOWSKI J.K., BIDNENKO E.

Recombineering in *Lactococcus lactis* 1403.

6th International Conference on Gram-positive Microorganisms.

16th International Conference on Bacilli, Montecatini Terme, Tuscany, Italy, 19-23 June 2011

Programm P149**2970/A**

GRYLAK A., SZCZEPANKOWSKA A.K., ROSAS V., BARDOWSKI J.K., BIDNENKO E.

Cloning of phage recombination cassettes and preliminary functional analysis of their influence on homologous recombination in *Bacillus subtilis*.

EMBO Young Scientists Forum, Warsaw, Poland, June 30 – July 1, 2011

Program and Abstracts / Poster 32**2971/A**

SIKORA A., MIELECKI D., GRZESIUK E.

Expression of the *dinB::lacZ* fusion in *Escherichia coli* strains deficient in BER and AlkB dioxigenase activity.

Chromatin, Replication and Chromosomal Stability, Stockholm, Sweden, 20-21 June, 2011

Program / Poster 35**2972/A**

MIELECKI D., SAUMAA S., NIEMINUSZCZY J., WRZESIŃSKI M., ZUCHNIEWICZ K., PIWOWARSKI J., SIKORA A., KIVISAAR M., GRZESIUK E.

Pseudomonas putida AlkB protein functionally complements *Escherichia coli* AlkB-deficient mutant.

Chromatin, Replication and Chromosomal Stability, Stockholm, Sweden, 20-21 June, 2011

Program / Poster 36**2973/A**

MIELECKI D., CHOJNACKA A., MUSZEWSKA A., MIELECKI M., PIWOWARSKI J., NIEMINUSZCZY J., GRYNBERG M., GRZESIUK E.

AlkB dioxygenases in cyanobacteria and *Arabidopsis thaliana*.

Chromatin, Replication and Chromosomal Stability, Stockholm, Sweden, 20-21 June, 2011

Program / Poster 37

2974/A

MIELECKI D., ZUGAJ D., GRZESIUŁ E.

The subcellular localization of bacterial homologues of Alkb protein in *Arabidopsis thaliana*.
Chromatin, Replication and Chromosomal Stability, Stockholm, Sweden, 20-21 June, 2011

Program / Poster 59

2975/A

SIKORA A., CHOJNACKA A., BŁASZCZYK M., SZCZĘŚNY P., TOMCZYK K.,
ZIELENKIEWICZ U.

Hydrogen-producing bacterial biofilms and granular sludge formed in continuous cultures of
fermentative bacteria grown on sugar beet molasses.

4th Congress of European Microbiologists, FEMS, Geneva, Switzerland, 26-30 June 2011

Program BS

2976/A

ŚWIEŻEWSKA E., SURMACZ L.

Plant polyisoprenoids – biosynthesis and physiological importance.

5th European Symposium on Plant Lipids, Gdansk, Poland, 10-13 July 2011

Book of Abstracts p.43

2977/A

GAWARECKA K., ŚWIEŻEWSKA E.

Arabidopsis thaliana terpenoids – profile of lipids in Col-0 ecotype.

5th European Symposium on Plant Lipids, Gdansk, Poland, 10-13 July 2011

Book of Abstracts p.45

2978/A

JÓŹWIAK A., PŁĘS M., KANIA M., DANIKIEWICZ W., ŚWIEŻEWSKA E.

Dolichols and sterols exist as free and esterified alcohols in *Arabidopsis thaliana* hairy roots.

5th European Symposium on Plant Lipids, Gdansk, Poland, 10-13 July 2011

Book of Abstracts p.112

2979/A

GRACZYK D., BOGUTA M.

Joint control of RNA polymerase III by CK2 kinase and Maf1 repressor.

EMBO Young Scientists Forum, Warsaw, Poland, June 30 – July 1, 2011

Programme BS

2980/A

FORETEK D., KARKUSIEWICZ I.A., BOGUTA M.

Defining relationship between tRNA transcription and tRNA nuclear export.

EMBO Young Scientists Forum, Warsaw, Poland, June 30 – July 1, 2011

Programme BS

2982/A

TUROWSKI T., KARKUSIEWICZ I.A., BOGUTA M.

The role of Maf1 protein in coupling tRNA transcription and degradation.

EMBO Young Scientists Forum, Warsaw, Poland, June 30 – July 1, 2011

Programme BS

2983/A

MASŁOWSKA K., FIJAŁKOWSKA I.J., SCHAAPER R.M.

Regulation of fidelity of DNA replication in *Escherichia coli* strains with altered dNTP pool levels.

EMBO Young Scientists Forum, Warsaw, Poland, June 30 – July 1, 2011

Programme BS / Poster 70

2984/A

ARCHACKI R., BUSZEWICZ D., PALUSIŃSKI A., CHOMIELA K., KOTLIŃSKI M.,

IWANICKA-NOWICKA R., PRYMAKOWSKA-BOSAK M., JERZMANOWSKI A.J.

Role of chromatin modifications in regulation of gibberellin – dependent genes in *Arabidopsis*.

EMBO Young Scientists Forum, Warsaw, Poland, June 30 – July 1, 2011

Programme BS / Poster 1

2985/A

KULIK A., ANIELSKA-MAZUR A., KOEN E., McLOUGHLIN F., BUCHOLC M.,

KRZYWIŃSKA E., TESTERINK C., WENDEHENNE D., DOBROWOLSKA G.

SNF-related protein kinases type 2 – new players in signaling and plant response to cadmium ions.

Conference Molecular Basis of Plant Stress, Varna, Bulgaria, 21-23 September 2011

Abstracts p.67

2986/A

CIEŚLA M., MORAWIEC E., BOGUTA M.

Fba1 influences RNA polymerase III activity.

EMBO Young Scientists Forum, Warsaw, Poland, June 30 – July 1, 2011

Programme BS / Poster 10

2987/A

CYREK M., KOWALCZYK J., ŚWIEŻEWSKI S.S.

Role of antisense transcription and transcription elongation factors in establishing *Arabidopsis thaliana* seed dormancy.

EMBO Young Scientists Forum, Warsaw, Poland, June 30 – July 1, 2011

Programme BS / Poster 12

2988/A

DOMAŃSKA A., ŻOŁĄDEK T.

Involvement of ubiquitin system in tRNA cellular transport in yeast.

EMBO Young Scientists Forum, Warsaw, Poland, June 30 – July 1, 2011

Programme BS / Poster 19

2989/A

GEWARTOWSKI K., PEÑA Á., MROCZEK S., CUÉLLAR J., SZYKOWSKA A., PROKOP A., PIWOWARSKI J., AGUILERA A., VALPUESTA J.M., DZIEMBOWSKI A.

Structural features of the THO complex enabling its chromatin recruitment for co-transcriptional mRNP formation.

EMBO Young Scientists Forum, Warsaw, Poland, June 30 – July 1, 2011

Programme BS / Poster 28

2990/A

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

Nuclear export / import signals of human cohesins STAG1 and STAG2 expressed in yeast *Saccharomyces cerevisiae*.

EMBO Young Scientists Forum, Warsaw, Poland, June 30 – July 1, 2011

Programme BS / Poster 114

2991/A

BRZEZNIAK L.K., BIJATA M., SZCZĘSNY R.J., STĘPIEŃ P.P.

Involvement of human ELAC2 gene product in 3' end processing of mitochondrial tRNAs.

EMBO Young Scientists Forum, Warsaw, Poland, June 30 – July 1, 2011

Programme BS / Poster 111

2992/A

RADZIWIŁŁ-BIEŃKOWSKA J.M., KOWALCZYK M., MERCIER-BONIN M., LOUBIERE P., BARDOWSKI J.K.

Investigating bacterial adhesion to the intestinal mucosa.

EMBO Young Scientists Forum, Warsaw, Poland, June 30 – July 1, 2011

Programme BS / Poster 98

2993/A

PIETRAS Z., LUISI B.

Structural studies of RraA complexes with DEAD-box proteins.

EMBO Young Scientists Forum, Warsaw, Poland, June 30 – July 1, 2011

Programme BS / Poster 92

2994/A

MILEK J., JANUSZ A., KACZMAREK L., DZIEMBOWSKA M.

Local translation of MMP-9.

EMBO Young Scientists Forum, Warsaw, Poland, June 30 – July 1, 2011

Programme BS / Poster 76

2995/A

MILANOWSKA K., KRZAWICZ J., PAPAŁ G., KOSIŃSKI J., POLESZAK K., LESIAK J., OSIŃSKA E., ROTHER K., BUJNICKI J.M.

REPAIRtoire – a database of DNA repair pathways.

EMBO Young Scientists Forum, Warsaw, Poland, June 30 – July 1, 2011

Programme BS / Poster 75

2996/A

LUBAS M., CHRISTENSEN M.S., KRISTIANSEN M.S., LARSEN K.M., DOMAŃSKI M., LYKKE-ANDERSEN S., ANDERSEN J.S., DZIEMBOWSKI A., JENSEN T. H.

The Nuclear EXosome Targeting (NEXT) complex – a new player in nuclear RNA surveillance in human cells.

EMBO Young Scientists Forum, Warsaw, Poland, June 30 – July 1, 2011

Programme BS / Poster 65

2997/A

KUCHTA P., JAGURA-BURDZY G.

The role of interactions between ParB and *parS* sequences in *Pseudomonas aeruginosa* PA01161.

EMBO Young Scientists Forum, Warsaw, Poland, June 30 – July 1, 2011

Programme BS / Poster 60

2998/A

KODROŃ A., JÓŹWIAK K., TOŃSKA K., STELMASZCZYK-EMMEL A., DEMKOW U., BARTNIK E.

Analysis of mitochondrial DNA D-loop sequence variations in acute lymphoblastic leukemia.

EMBO Young Scientists Forum, Warsaw, Poland, June 30 – July 1, 2011

Programme BS / Poster 53

2999/A

KARKUSIEWICZ I.A., GRACZYK D., TUROWSKI T., TOWPIK J., DHUNGEL N., HOPPER A.K., BOGUTA M.

Maf1, repressor of RNA polymerase III, indirectly affects tRNA processing.

EMBO Young Scientists Forum, Warsaw, Poland, June 30 – July 1, 2011

Programme BS / Poster 48

3000/A

BOROWSKI Ł.S., SZCZĘSNY R.J., DZIEMBOWSKI A., STĘPIEŃ P.P.

RNA degradation in human mitochondria - new facts about an old question.

EMBO Young Scientists Forum, Warsaw, Poland, June 30 – July 1, 2011

Programme BS / Poster 7

3001/A

CHOLBIŃSKI P., JASTRZĘBSKA Ż., WYSOCKA-KAPCIŃSKA M., PŁOCHOCKA D., GÓRNICKA A., HOPPER A.K., ŻOŁĄDEK T.

Yeast ubiquitin ligase Rsp5 contains nuclear localization and export signals.

EMBO Young Scientists Forum, Warsaw, Poland, June 30 – July 1, 2011

Programme BS / Poster 41

3002/A

SIKORA A.

Hydrogen – producing continuous cultures of fermentative bacteria grown on sugar beet molasses.

10th Central European Forum of Biotechnology and Innovative BioEconomy, Lodz, Poland, 11-12 May 2011

Abstracts BS

3003/A

KWASIBORSKA M., RATAJCZYK T., ROSPENK M., WÓJCIK J.

Dimerization of N-methylindole.

Euromar 2011, Magnetic Resonance Conference, 33. Discussion Meeting of the MR Spectroscopy Division of the GDCh, 8. European Federation of EPR Groups Meeting, Frankfurt am Main, Germany, 21-25 August 2011

Book of Abstracts p.283

3004/A

JAREMKO M., BIBOW S., VALERIE O., JAREMKO Ł., BIERNAT J., BLACKLEDGE M., MANDELKOW E., ZWECKSTETTER M.

Conformational consequences of binding of aggregation inhibitors to monomeric tau.

Euromar 2011, Magnetic Resonance Conference, 33. Discussion Meeting of the MR Spectroscopy Division of the GDCh, 8. European Federation of EPR Groups Meeting, Frankfurt am Main, Germany, 21-25 August 2011

Book of Abstracts p.316

3005/A

JAREMKO Ł., JAREMKO M., LEONOV A., BECKER S., ZWECKSTETTER M.

Searching for low molecular weight ligands stabilizing membrane proteins fold – aid in structural biology studies by means of NMR.

Euromar 2011, Magnetic Resonance Conference, 33. Discussion Meeting of the MR Spectroscopy Division of the GDCh, 8. European Federation of EPR Groups Meeting, Frankfurt am Main, Germany, 21-25 August 2011

Book of Abstracts p.316

3006/A

BUDZIŃSKA M., RUSZCZYŃSKA-BARTNIK K., NOWAKOWSKI M., ZDANOWSKI K., JAREMKO Ł., JAREMKO M., ZHUKOV I., BELCZYK A., BIERZYŃSKI A., EJCHART A. Structure and backbone dynamics of human *apo*-S100A1 protein and its two mutants, C85M and E32Q. Euromar 2011, Magnetic Resonance Conference, 33. Discussion Meeting of the MR Spectroscopy Division of the GDCh, 8. European Federation of EPR Groups Meeting, Frankfurt am Main, Germany, 21-25 August 2011

Book of Abstracts p.335

3007/A

NOWAKOWSKI M., BUDZIŃSKA M., RUSZCZYŃSKA-BARTNIK K., ZDANOWSKI K., JAREMKO Ł., JAREMKO M., ZHUKOV I., BELCZYK A., BIERZYŃSKI A., EJCHART A. Changes in structure and dynamics of human *apo*-S100 protein induced by calcium binding and Cys 85 modification.

Euromar 2011, Magnetic Resonance Conference, 33. Discussion Meeting of the MR Spectroscopy Division of the GDCh, 8. European Federation of EPR Groups Meeting, Frankfurt am Main, Germany, 21-25 August 2011

Book of Abstracts p.336

3008/A

NOWAKOWSKI M., BUDZIŃSKA M., RUSZCZYŃSKA-BARTNIK K., ZDANOWSKI K., EJCHART A.

15 N nuclear magnetic relaxation gives access to amide NH bond lengths and 15N chemical shift anisotropies.

Euromar 2011, Magnetic Resonance Conference, 33. Discussion Meeting of the MR Spectroscopy Division of the GDCh, 8. European Federation of EPR Groups Meeting, Frankfurt am Main, Germany, 21-25 August 2011

Book of Abstracts Z787

3009/A

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

The role of PCNA SUMOylation, Mms2/Ubc13, Rad5 and homologous recombination in Pol ζ -mediated mutagenic TLS in *S. cerevisiae*.

Keystone Symposia on Molecular and Cellular Biology, Accelerating Life Science Discovery, DNA Replication and Recombination, Keystone, Colorado, USA, 27 February – 4 March 2011

Book of Abstracts p.117

3010/A

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

Nuclear export/import signals of human cohesins STAG1 and STAG2 expressed in yeast *Saccharomyces cerevisiae*.

The 25th International Conference on Yeast Genetics and Molecular Biology, Olsztyn, Poland, 11-16 July 2011

Book of Abstracts S50

3011/A

COUPLAN E., AIYAR R.S., KUCHARCZYK R., EZKURDIA N., GAGNEUR J., ST.ONGE R.P., SALIN B., LE CANN M., STEINMETZ L.M., WYSOCKA-KAPCIŃSKA M., KABALA A., DI RAGO J.-P., BLONDEL M.

A yeast-based assay identifies drugs active against human mitochondrial disorders.

The 25th International Conference on Yeast Genetics and Molecular Biology, Olsztyn, Poland, 11-16 July 2011

Book of Abstracts S54

3012/A

REMPOŁA B., POZNAŃSKI J., KOTER M., RYTKA J., SZKOPIŃSKA A.

Deletion of the *NUS1* gene is lethal, why?

The 25th International Conference on Yeast Genetics and Molecular Biology, Olsztyn, Poland, 11-16 July 2011

Book of Abstracts S61

3013/A

GEWARTOWSKI K., PEÑA Á., MROCZEK S., CUÉLLAR J., SZYKOWSKA A., PROKOP A., PIWOWARSKI J., AGUILERA A., VALPUESTA J.M., DZIEMBOWSKI A.

Structural and biochemical characterization of the THO complex reveals its architecture and mechanism of nucleic acids recognition.

The 25th International Conference on Yeast Genetics and Molecular Biology, Olsztyn, Poland, 11-16 July 2011

Book of Abstracts S84

3014/A

CHOŁBIŃSKI P., JASTRZĘBSKA Ż., WYSOCKA-KAPCIŃSKA M., PŁOCHOCKA D., GÓRNICKA A., HOPPER A.K., ŻOŁĄDEK T.

Yeast ubiquitin ligase Rsp5 contains nuclear localization and export signals.

The 25th International Conference on Yeast Genetics and Molecular Biology, Olsztyn, Poland, 11-16 July 2011

Book of Abstracts S89

3015/A

ROMANYUK D., POLAK J., MALESZEWSKA A., SIENKO M., GRYNBERG M., ŻOŁĄDEK T.

Human Atg2A protein expressed in yeast is recruited to preautophagosomal structure but not complement autophagy defects of *atg2Δ* strain.

The 25th International Conference on Yeast Genetics and Molecular Biology, Olsztyn, Poland, 11-16 July 2011

Book of Abstracts S89

3016/A

JARMOSZEWICZ K., KAMIŃSKA J.

Actin cytoskeleton is necessary for protein trafficking from Golgi to ER in yeast COPI mutants.

The 25th International Conference on Yeast Genetics and Molecular Biology, Olsztyn, Poland, 11-16 July 2011

Book of Abstracts S90

3017/A

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

Mms2-Ubc13 and Rad5 support TLS in Siz1 deficient yeast *S. cerevisiae*.

The 25th International Conference on Yeast Genetics and Molecular Biology, Olsztyn, Poland, 11-16 July 2011

Book of Abstracts S96

3018/A

KRÓL KAMIL, BRÓZDA I., SKONECZNY M., SKONECZNA A.

Protection of yeast diploid cells against induced double strand breaks in DNA; searching for unknown genes.

The 25th International Conference on Yeast Genetics and Molecular Biology, Olsztyn, Poland, 11-16 July 2011

Book of Abstracts S98

3019/A

ALABRUDZIŃSKA M., SKONECZNY M., SKONECZNA A.

Genome-wide screen for diploid-specific genome stability genes of *Saccharomyces cerevisiae*.

The 25th International Conference on Yeast Genetics and Molecular Biology, Olsztyn, Poland, 11-16 July 2011

Book of Abstracts S100

3020/A

KANIAK-GOLIK A., DZIERZBICKI P., CIEŚLA Z.

Allelic homologous recombination in *S. cerevisiae* mitochondria.

The 25th International Conference on Yeast Genetics and Molecular Biology, Olsztyn, Poland, 11-16 July 2011

Book of Abstracts S101

3021/A

BRÓZDA I., KRÓL KAMIL, SKONECZNY M., SKONECZNA A.

Expression of various endonucleases across the whole yeast knock-out collection to identify new genes involved in Double Strand Break recognition and repair.

The 25th International Conference on Yeast Genetics and Molecular Biology, Olsztyn, Poland, 11-16 July 2011

Book of Abstracts, S102

3022/A

ALABRUDZIŃSKA M., SKONECZNY M., SKONECZNA A.

Genomic screen reveals haploidization as an escape from persisting DNA rearrangement stress.

The 25th International Conference on Yeast Genetics and Molecular Biology, Olsztyn, Poland, 11-16 July 2011

Book of Abstracts, S103

3023/A

GARBACZ M., KRASZEWSKA J., JASZCZUR M., JONCZYK P., FIJAŁKOWSKA I.J.

Defect of Dpb2p, a noncatalytic subunit of Polymerase ϵ , increases error prone replication of undamaged chromosomal DNA in *Saccharomyces cerevisiae*.

The 25th International Conference on Yeast Genetics and Molecular Biology, Olsztyn, Poland, 11-16 July 2011

Book of Abstracts, S105

3024/A

BOCER T., ZARUBICA A., ROUSSEL A., FLIS K., TROMBIK T., GOFFEAU A., ULASZEWSKI S., CHIMINI G.

The ABC transporter A1 induces lipid-dependent drug sensitivity yeast.

The 25th International Conference on Yeast Genetics and Molecular Biology, Olsztyn, Poland, 11-16 July 2011

Book of Abstracts, S109

3025/A

ZAPISEK B., LIPIŃSKI K.A., GOLIK P.

Genetic interactions between DMR1 and RMD9 genes encoding mitochondrial PPR proteins involved in posttranscriptional steps of gene expression.

The 25th International Conference on Yeast Genetics and Molecular Biology, Olsztyn, Poland, 11-16 July 2011

Book of Abstracts, S116

3026/A

MROCZEK S., KRZAWICZ J., KUTNER J., ŁAŻNIEWSKI M., KUCIŃSKI I., GINALSKI K., DZIEMBOWSKI A.

Identification of the enzyme responsible for the essential modification of the U6snRNA 3' end.

The 25th International Conference on Yeast Genetics and Molecular Biology, Olsztyn, Poland, 11-16 July 2011

Book of Abstracts, S142

3027/A

DOMAŃSKA A., CHOLBIŃSKI P., HOPPER A.K., ŻOŁĄDEK T.

Involvement of ubiquitin system in cellular tRNA transport in yeast.

The 25th International Conference on Yeast Genetics and Molecular Biology, Olsztyn, Poland, 11-16 July 2011

Book of Abstracts, S144

3028/A

KARKUSIEWICZ I.A., TUROWSKI T., GRACZYK D., FORETEK D., HOPPER A.K., BOGUTA M. Maf1, repressor of RNA polymerase III, indirectly affects tRNA processing.

The 25th International Conference on Yeast Genetics and Molecular Biology, Olsztyn, Poland, 11-16 July 2011

Book of Abstracts, S144

3029/A

GRACZYK D., MORAWIEC E., LEFEBVRE O., BOGUTA M.

RNA polymerase III under control: repression and de-repression.

The 25th International Conference on Yeast Genetics and Molecular Biology, Olsztyn, Poland, 11-16 July 2011

Book of Abstracts, S145

3030/A

CIEŚLA M., TOWPIK J., BOGUTA M.

Rbs1 is R3H domain protein involved in RNA polymerase III regulation.

The 25th International Conference on Yeast Genetics and Molecular Biology, Olsztyn, Poland, 11-16 July 2011

Book of Abstracts, S146

3031/A

MONKAITYTE R., WIEK I., CHEŁSTOWSKA A., RYTKA J.

Functional diversity of Hof1, a representative of the SH3-protein family, in different yeast species.

The 25th International Conference on Yeast Genetics and Molecular Biology, Olsztyn, Poland, 11-16 July 2011

Book of Abstracts, S167

3032/A

KANIA M., SPOLNIK G., JÓŹWIAK A., PŁEŚ M., ŚWIEŻEWSKA E., DANIKIEWICZ W.

Identification of polyisoprenoid alcohols and their derivatives in natural samples by HPLC method coupled with atmospheric pressure photoionization mass spectrometry.

52nd International Conference on the Bioscience of Lipids, Warsaw, Poland, 30th August – 3rd September 2011

Chemistry and Physics of Lipids (2011) 164S: S38 P47

3033/A

LIPKO A., ŚWIEŻEWSKA E.

Hydroponically grown *Arabidopsis thaliana* as a model to investigate biosynthetic origin of polyisoprenoid alcohols.

52nd International Conference on the Bioscience of Lipids, Warsaw, Poland, 30th August – 3rd September 2011

Chemistry and Physics of Lipids (2011) 164S: S38 P48

3034/A

SIEDLECKA J., ŁOZIŃSKA I., ZAWADZKA A., CZARNOCKI Z., KACZOROWSKA E., KANIA M., DANIKIEWICZ W., ŚWIEŻEWSKA E.

Chemical oxidation of citronellol in the ‘dark’ and ‘light’ conditions.

52nd International Conference on the Bioscience of Lipids, Warsaw, Poland, 30th August – 3rd September 2011

Chemistry and Physics of Lipids (2011) 164S: S39 P49

3035/A

JÓŹWIAK A., ŚWIEŻEWSKA E.

Two different oxidative stressors cause distinct effects on accumulation of polyisoprenoid alcohols in *Arabidopsis thaliana* hairy roots.

52nd International Conference on the Bioscience of Lipids, Warsaw, Poland, 30th August – 3rd September 2011

Chemistry and Physics of Lipids (2011) 164S: S39 P50

3036/A

SURMACZ L., ŚWIEŻEWSKA E.

Expression and characterization of two isoforms of cis-prenyltransferase AtCPT6 and AtCPT7 in *Arabidopsis thaliana*.

52nd International Conference on the Bioscience of Lipids, Warsaw, Poland, 30th August – 3rd September 2011

Chemistry and Physics of Lipids (2011) 164S: S39-S40 P51

3037/A

SKORUPIŃSKA-TUDEK K., HARDEJ M., ŚWIEŻEWSKA E.

The influence of phytol epoxide on polyisoprenoid alcohols accumulation in hairy roots of *Arabidopsis thaliana*.

52nd International Conference on the Bioscience of Lipids, Warsaw, Poland, 30th August – 3rd September 2011

Chemistry and Physics of Lipids (2011) 164S: S40 P52

3038/A

GAWARECKA K., CIEPICHAŁ-GŁODOWSKA E., JAIKISHAN S., SLOTTE J.P., MASNYK M., CHOJNACKI T., ŚWIEŻEWSKA E.

Liposomes with cationic lipids – modification of membrane properties.

52nd International Conference on the Bioscience of Lipids, Warsaw, Poland, 30th August – 3rd September 2011

Chemistry and Physics of Lipids (2011) 164S: S40 P53

3039/A

KUŹNICKA E., LIPIEC A., MASNYK M., CHMIELEWSKI M., CHOJNACKI T., ŚWIEŻEWSKA E., HAJDUKIEWICZ K., MAŁECKI M.

Aminoprenols as gene carriers in angiogenic gene therapy.

52nd International Conference on the Bioscience of Lipids, Warsaw, Poland, 30th August – 3rd September 2011

Chemistry and Physics of Lipids (2011) 164S: S41 P54

3040/A

RAK M., OCHALEK A., MASNYK M., CHMIELEWSKI M., ŁYSEK R., CHOJNACKI T., JANKOWSKI W., CIEPICHAŁ-GŁODOWSKA E., TEKLE M., DALLNER G., ŚWIEŻEWSKA E., MADEJA Z.

Cationic polyprenyl derivatives proposed as effective DNA carriers.

52nd International Conference on the Bioscience of Lipids, Warsaw, Poland, 30th August – 3rd September 2011

Chemistry and Physics of Lipids (2011) 164S: S41 P55

3041/A

ŚWIEŻEWSKI S.S.

The role of non-coding RNA in flowering time regulation.

VIII Parnas Conference, Warsaw, Poland, 27-31 August 2011

Acta Biochimica Polonica (2011) vol.58 suppl.1: 36

3042/A

KOWALEC P., CHEŁSTOWSKA A., KURLANDZKA A.

A new open reading frame of *Saccharomyces* encoding a protein likely involved in the regulation of Pol II transcription.

VIII Parnas Conference, Warsaw, Poland, 27-31 August 2011

Acta Biochimica Polonica (2011) vol.58 suppl.1: 42

3043/A

KOWALCZYK M., RADZIWIŁŁ-BIEŃKOWSKA J.M., SZCZĘŚNY P., KAJAS A., MARSZAŁEK D., BARDOWSKI J.K.

Biodiversity of Kefir grains determined by culture-independent approaches.

10th Symposium on Lactic Acid Bacteria, Egmont aan Zee, The Netherlands, 28 August – 1 September 2011

Abstract Book BS, E 092

3044/A

MAKIEŁA-DZBEŃSKA K., JONCZYK P., SCHAAPER R.M., FIJAŁKOWSKA I.J.

Proofreading deficiency of polymerase I increases the levels of spontaneous *rpoB* mutations in *E. coli*. Genetic Toxicology – Gordon Research Conference, II Ciocco Hotel and Resort in Lucca (Barga),

Italy, 10-15 July 2011

Abstracts BS

3045/A

MIELECKI D., SAUMAA S., NIEMINUSZCZY J., WRZESIŃSKI M., ZUCHNIEWICZ K., PIWOWARSKI J., SIKORA A., KIVISAAR M., GRZESIUK E.

Pseudomonas putida AlkB protein functionally complements *E. coli* AlkB-deficient mutant.

Genetic Toxicology – Gordon Research Conference, II Ciocco Hotel and Resort in Lucca (Barga), Italy, 10-15 July 2011

Abstracts BS

3046/A

KUCHTA K., BARSZCZ D., GRZESIUK E., KRZAWICZ J.

DNAtraffic – a new database of DNA damage and nucleic acids metabolism pathways with direct correlation to human diseases.

Genetic Toxicology – Gordon Research Conference, II Ciocco Hotel and Resort in Lucca (Barga), Italy, 10-15 July 2011

Abstracts BS

3047/A

DZIUBAN D., HULKA K., WINCZURA A., MADDUKURI L., KOWALCZYK P., TUDEK B.
Stabilization of TP53 product in selected DNA repair deficient in Chinese hamster and human cell lines by trans-4-hydroxy-2-nonenal (HNE) – product of lipid peroxidation.

The 2nd Polish Congress of Biochemistry and Cell Biology, The 46th Meeting of the Polish Biochemical Society, The 11th Conference of the Polish Cell Biology Society, Kraków, Poland, 5-9 September 2011

Abstracts, p.114

3048/A

LANGIE S.A.S., KOWALCZYK P., FILOCHA M., TOMASZEWSKI B., GODSCHALK R.W.L., DZIUBAN D., TUDEK B., van SCHOOTEN F.J., ZABIELSKI R., MOCZULSKI M., WÓJCIK K., MATHERS J.C.

Redox regulation as well as epigenetic regulation of APE1 by capillary electrophoresis in brain from newborn piglets: the effect of early life exposures.

The 2nd Polish Congress of Biochemistry and Cell Biology, The 46th Meeting of the Polish Biochemical Society, The 11th Conference of the Polish Cell Biology Society, Kraków, Poland, 5-9 September 2011

Abstracts, p.140

3049/A

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

The structural insight into the cis/trans isomerisation process in *Psychrophilic archaea* on the atomic level: NMR studies of the Pin protein from the archaeon *Cenarchaeum symbiosum*.

36th FEBS Congress Biochemistry for Tomorrow's Medicine, Torino, Italy, 25-30 June 2011

FEBS Journal (2011) 278 suppl.1: 111

3050/A

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

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

36th FEBS Congress Biochemistry for Tomorrow's Medicine, Torino, Italy, 25-30 June 2011

FEBS Journal (2011) 278 suppl.1: 111

3051/A

GUTKOWSKA M., ŚWIEŻEWSKA E.

Isoforms of Rab Geranylgeranyl Transferase complex from *Arabidopsis thaliana*.

52nd International Conference on the Bioscience of Lipids, Warsaw, Poland, 30th August – 3rd September 2011

Chemistry and Physics of Lipids (2011) 164S: S19 SO23

3052/A

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

Effect of the Δ Phe residue configuration and the C-terminal blocking group on a tripeptide conformation: a CD and NMR study.

21 Polish Peptide Symposium, Supraśl, Poland, 4-8 September 2011

Programme and Abstracts, p.33

3053/A

JAREMKO Ł., JAREMKO M., BAYER P., ZWECKSTETTER M., EJCHART A.

Effect of temperature on functional dynamics of peptidyl-prolyl isomerase – the ^{15}N relaxation studies of backbone dynamics of CsPinA protein.

21 Polish Peptide Symposium, Supraśl, Poland, 4-8 September 2011

Programme and Abstracts, p.82

3054/A

JAREMKO M., JAREMKO Ł., EJCHART A.

Improving the accuracy and quality of the NMR-based protein structure of CsPinA globular protein - impact of the refinement protocol and H-bond restraints.

21 Polish Peptide Symposium, Supraśl, Poland, 4-8 September 2011

Programme and Abstracts, p.83

3055/A

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

Effect of PLA2 inhibitors on ROS production in *Solanum* species treated with elicitor from *Phytophthora infestans*.

Experimental Plant Biology in 3P: Past, Present, Perspectives, Wrocław, Poland, 6-9 September 2011

The Book of Abstracts, p.74

3056/A

TARWACKA J., POLKOWSKA-KOWALCZYK L., KOLANO B., SZCZERBAKOWA A., WIELGAT B.

Molecular analysis and ROS production in interspecific somatic hybrids between potato and wild species *S. villosum*.

Experimental Plant Biology in 3P: Past, Present, Perspectives, Wrocław, Poland, 6-9 September 2011

The Book of Abstracts, p.235

3057/A

NESTERUK M., KARZYMARSKI J., RUBEL T., MIKULA M., DZWONEK A., PAZIEWSKA A., DADLEZ M., HENNIG E., OSTROWSKI J.

High throughput quantitative proteomic workflow for analysis of liver mitochondrial proteome in mouse models of obesity.

The 2nd Polish Congress of Biochemistry and Cell Biology, The 46th Meeting of the Polish Biochemical Society, The 11th Conference of the Polish Cell Biology Society, Kraków, Poland, 5-9 September 2011

Abstracts, p.57

3058/A

ŚWIEŻEWSKI S.S.

Non-coding RNA in plant development.

The 2nd Polish Congress of Biochemistry and Cell Biology, The 46th Meeting of the Polish Biochemical Society, The 11th Conference of the Polish Cell Biology Society, Kraków, Poland, 5-9 September 2011

Abstracts, p.25

3059/A

NIEMINUSZCZY J., SCHWAB R.A., NIEDŹWIEDŹ W.

Defining the role of a chromatin remodeler SMARCA5 in replication and DNA damage response.

The 2nd Polish Congress of Biochemistry and Cell Biology, The 46th Meeting of the Polish Biochemical Society, The 11th Conference of the Polish Cell Biology Society, Kraków, Poland, 5-9 September 2011

Abstracts, p.85

3060/A

KOSICKI K., SKOLIMOWSKA D., CZERWIŃSKA J., NIEDŹWIEDŹ W., TUDEK B., SPEINA E.
Fanconi anemia proteins are engaged in processing of DNA damage induced by lipid peroxidation product *trans*-4-hydroxy-2-nonenal.

The 2nd Polish Congress of Biochemistry and Cell Biology, The 46th Meeting of the Polish Biochemical Society, The 11th Conference of the Polish Cell Biology Society, Kraków, Poland, 5-9 September 2011

Abstracts, p.91

3061/A

KEDRACKA-KROK S., JANKOWSKA U., SOLICH J., MALINOWSKA A., TKACZYK M., DADLEZ M., DZIEDZICKA-WASYLEWSKA M.

The changes in amygdala and hippocampus proteome induced by desipramine treatment.

The 2nd Polish Congress of Biochemistry and Cell Biology, The 46th Meeting of the Polish Biochemical Society, The 11th Conference of the Polish Cell Biology Society, Kraków, Poland, 5-9 September 2011

Abstracts, p.130

3062/A

RAK M., OCHALEK A., MASNYK M., CHMIELEWSKI M., ŁYSEK R., CHOJNACKI T., JANKOWSKI W., CIEPICHAŁ E., TEKLE M., DALLNER G., ŚWIEŻEWSKA E., MADEJA Z.
Cationic polyprenyl derivatives proposed as effective DNA carriers.

The 2nd Polish Congress of Biochemistry and Cell Biology, The 46th Meeting of the Polish Biochemical Society, The 11th Conference of the Polish Cell Biology Society, Kraków, Poland, 5-9 September 2011

Abstracts, p.179

3063/A

KUŹNICKA E., LIPIEC A., BIERNACKA E., MASNYK M., CHMIELEWSKI M., CHOJNACKI T., ŚWIEŻEWSKA E., MAŁECKI M.

The use of aminoprenols as gene carriers in angiogenic gene therapy.

The 2nd Polish Congress of Biochemistry and Cell Biology, The 46th Meeting of the Polish Biochemical Society, The 11th Conference of the Polish Cell Biology Society, Kraków, Poland, 5-9 September 2011

Abstracts, p.180

3064/A

BUCHOWIECKA A.K., DĘBSKI J.

S-glycosylated (poly)peptides a novel target for proteomics.

The 2nd Polish Congress of Biochemistry and Cell Biology, The 46th Meeting of the Polish Biochemical Society, The 11th Conference of the Polish Cell Biology Society, Kraków, Poland, 5-9 September 2011

Abstracts, p.183

3065/A

MAKOWSKA J., JASIECKI J., RODZIEWICZ-MOTOWIDŁO S., KOZAK M., SMUŻYŃSKA M.,
RUSZCZYŃSKA-BARTNIK K., BIERNACKA D., OŁDZIEJ S., CZAPLEWSKI C., LIWO A.

Calorimetric and conformational studies of the folding of two mutants of the B-domain of
staphylococcal protein A differing in stability.

The 2nd Polish Congress of Biochemistry and Cell Biology, The 46th Meeting of the Polish
Biochemical Society, The 11th Conference of the Polish Cell Biology Society, Kraków, Poland, 5-9
September 2011

Abstracts, p.194

3066/A

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

DNA*traffic* – a new database for systems biology of DNA metabolism and repair.

The 2nd Polish Congress of Biochemistry and Cell Biology, The 46th Meeting of the Polish
Biochemical Society, The 11th Conference of the Polish Cell Biology Society, Kraków, Poland, 5-9
September 2011

Abstracts, p.195

3067/A

BRZYWCZY J., DĘBSKI J., NATORFF R., SIENKO M., SKONECZNY M., PASZEWSKI A.

Sulfur amino acid synthesis in fungi: metabolic consequences of its dysregulation.

The 2nd Polish Congress of Biochemistry and Cell Biology, The 46th Meeting of the Polish
Biochemical Society, The 11th Conference of the Polish Cell Biology Society, Kraków, Poland, 5-9
September 2011

Abstracts, p.214

3068/A

SURMACZ L., ŚWIEŻEWSKA E.

Polyisoprenoids – secondary metabolites or physiologically important superlipids?

The 2nd Polish Congress of Biochemistry and Cell Biology, The 46th Meeting of the Polish
Biochemical Society, The 11th Conference of the Polish Cell Biology Society, Kraków, Poland, 5-9
September 2011

Abstracts, p.259

3069/A

DZIUBAN D., HULKA K., WINCZURA A., KOWALCZYK P., MADDUKURI L., TUDEK B.

Lipid peroxidation product trans-4-hydroxy-2-nonenal stabilizes TP53 protein in selected DNA repair
deficient cell lines.

European Environmental Mutagen Society, Barcelona, Spain, 4-7 July 2011

Book of Abstracts, p.196

3070/A

DZIUBAN D., HULKA K., WINCZURA A., MADDUKURI L., KOWALCZYK P.

Stabilization of TP53 product in selected DNA repair deficient cell lines by lipid peroxidation product
trans-4-hydroxy-2-nonenal (HNE).

14th International Congress of Radiation Research, Warsaw, Poland, 28 August - 1 September 2011

Book of Abstracts, p.138-139

3071/A

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

Epigenetic regulation of APE1 in brain from newborn piglets – the effect of early life ex-posures.

The 4th International IMBG Conference for Young Scientists "Molecular Biology: advances and perspectives", Kyiv, Ukraine, 14-17 September 2011

Abstracts, p.74

3072/A

MODZELAN M., BARTOSIK A.A., JAGURA-BURDZY G., KRASZEWSKA E.

A Nudix-type, novel regulatory growth factor from plant pathogen *Pseudomonas syringae* pv. tomato str DC3000.

36th FEBS Congress Biochemistry for Tomorrow's Medicine, Torino, Italy, 25-30 June 2011

FEBS Journal Abstracts (2011) 278 suppl.1: 468

3073/A

ZHUKOV I., MASZOTA M., STODUS K., DZIEMBOWSKI A.

Sequence-specific assignments and evaluation of secondary structure of N-terminal PIN domain from Rrp44 protein by NMR spectroscopy.

36th FEBS Congress Biochemistry for Tomorrow's Medicine, Torino, Italy, 25-30 June 2011

FEBS Journal Abstracts (2011) 278 suppl.1: 134

3074/A

GOLEC P., ŁOŚ M., WĘGRZYN G.

A phage display-based approach to construct M13 bacteriophages which bind ZnO, Ag and Au.

36th FEBS Congress Biochemistry for Tomorrow's Medicine, Torino, Italy, 25-30 June 2011

FEBS Journal Abstracts (2011) 278 suppl.1: 430

3075/A

PODSZYWALOW-BARTNICKA P., TKACZYK M., DADLEZ M., PIWOCKA K.

Quantitative proteomics analysis of secretome and secreted microvesicles of chronic myeloid leukemia cells using SILAC method.

36th FEBS Congress Biochemistry for Tomorrow's Medicine, Torino, Italy, 25-30 June 2011

FEBS Journal Abstracts (2011) 278 suppl.1: 474

3076/A

POLKOWSKA-KOWALCZYK L., MACIEJEWSKA U., OLSZAK K., SZCZEGIELNIAK J., MUSZYŃSKA G., WIELGAT B.

Constituents of signaling pathways in *Solanum* species treated with elicitor from *Phytophthora infestans*.

Conference Molecular Basis of Plant Stress, Varna, Bulgaria, 21-23 September 2011

Abstracts P40 / p.80

3077/A

ROMANYUK D.

"UbiRegulators". Signal Transduction by Ubiquitination, a Matter of Location.

Science Passion Mission Responsibilities, Marie Curie Researchers Symposium, Warsaw, Poland, 25-27 September 2011

Abstracts Book, p.269

3078/A

ZIENTARA-RYTTER K., MONIUSZKO G., WAWRZYŃSKA A.K., SIRKO A.

Autophagy in plants and its role in nutrient use efficiency.

1st BIONUT Meeting State of the Art in Plant Nutrition Research, University of Padova, Italy, 27th-29th September 2011

Abstracts BS

3079/A

WAWRZYŃSKA A.K., SIRKO A.

F-box protein, EBF₂ is a component of the sulfur deficit signaling pathway in *Arabidopsis*.

3rd Sulphyton Meeting, University of Padova, Italy, 29 September-1 October 2011

Abstracts p.28

3080/A

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

Two transcription factors are putative partners of *Arabidopsis* cytoplasmic serine acetyltransferase.

3rd Sulphyton Meeting, University of Padova, Italy, 29 September-1 October 2011

Abstracts p.57

3081/A

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

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

3rd Sulphyton Meeting, University of Padova, Italy, 29 September-1 October 2011

Abstracts p.60

3082/A

BIELA A., COSTE F., CIEŚLA J. M., TUDEK B., CASTAING B.

Structural and biochemical investigation of the irreversible inhibition of *Lactococcus lactis* Fpg by DNA base analogs.

14th International Congress of Radiation Research Incorporating 57th Annual Meeting of the Radiation Research Society, Warsaw, Poland, August 28- September 1, 2011

Abstracts / POS33-08 p.136

3083/A

MIELECKI M., KRAWIEC K., KIERDASZUK B., SZEJA W., GRZELAK K., PRIEBE W., LESYNG B.

Exploring Natural Product CABE Scaffold to Target RIO Kinases.

EACR-Anticancer Agents Research Congress, Antalya, Turkey, 13-16 October 2011

Abstract Book, p.102-103

3084/A

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

The Trefoil Factor 2 (TFF2) Protein – a Tough Molecule With a Chink in its Armour.

EACR-Anticancer Agents Research Congress, Antalya, Turkey, 13-16 October 2011

Abstract Book, p.116

3085/A

KRWAWICZ J., NIEMINUSZCZY J., GRZESIUK E.

Lack of MutS protein suppresses the MMS-induced lethal effect in *Escherichia coli* AB1157 *dam-16 alkB* strain.

Structural Biology & DNA Repair, Amsterdam, The Netherlands, 16-18 October 2011

Programme Booklet, P044

3086/A

SIKORA A., MIELECKI D., GRZESIUK E.

Expression of the dinB::lacZ fusion in *Escherichia coli* strains deficient in BER and AlkB dioxygenase activity.

Structural Biology & DNA Repair, Amsterdam, The Netherlands, 16-18 October 2011

Programme Booklet, P062

3087/A

MILANOWSKA K., KRZAWICZ J., PAPA J., KOSIŃSKI J., OSIŃSKA E., LESIAK J., POLESZAK K., ROTHER K., BUJNICKI J.M.

REPAIRtoire – a database of DNA repair pathways.

Structural Biology & DNA Repair, Amsterdam, The Netherlands, 16-18 October 2011

Programme Booklet, P069

3088/A

GODLEWSKA M., BANGA J.P., SUTTON B.J., KRASUSKA W., WEETMAN A.P., KEMP E.H., GÓRA M.

Role of the pro-peptide sequence in thyroid peroxidase function and maturation.

35th Annual Meeting of the European Thyroid Association, Krakow, Poland, 10th-14th September 2011

European Thyroid Journal / Programme and Abstracts p.82 / OP27

3089/A

NIEWIADOMSKA M., GÓRA M., MACKIEWICZ U., MAĆZEWSKI M., BURZYŃSKA B.

Expression of ion channels and calcium regulatory genes in experimental myocardial infarction in rats.

EMBO Young Scientists Forum, Warsaw, Poland, 30 June – 1 July 2011

Programme, P83

3090/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.

EMBO Young Scientists Forum, Warsaw, Poland, 30 June – 1 July 2011

Programme, P99

3091/A

SZKOPIŃSKA A., REMPOŁA B.

The role of BUB1 and surviving in a prolonged mitosis.

Cell Signaling Networks, Mérida, Yucatan, Mexico, October 22nd-27th, 2011

Poster Session Abstracts p.146

3092/A

MAZGA A.A., HAMY F., LOUVEL S., KLIMKAIT T., PIETRUSIEWICZ Z., KURZYŃSKA-KOKORNIAK A., FIGLEROWICZ M., WIŃSKA P., KULIKOWSKI T.

Interaction of 2',3'-dideoxy-3'-fluorothymidine analogs and derivatives with recombinant drug resistant HIV-1 reverse transcriptases.

Multi-Pole Approach to Structural Biology Conference, Warsaw, Poland, 16-19 November 2011

Programme & Abstracts P56

3093/A

BIELA A., COSTE F., CIEŚLA J. M., CASTAING B., TUDEK B.

DNA base analogs as an irreversible inhibitors of *Lactococcus lactis* Fpg: biochemical and structural X-ray investigation.

Multi - Pole Approach to Structural Biology Conference, Warsaw, Poland, 16-19 November 2011

Programme & Abstracts P2

3094/A

SZOŁAJSKA E., BURMEISTER W.P., ŻOCHOWSKA M., NERLO B., ANDREEV I., SCHOEHN G., FENDER P., NASKALSKA A., ZUBIETA CH., CUSACK S., CHROBOCZEK J.

Adenovirus dodecahedron structure in the context of its therapeutic application.

Multi-Pole Approach to Structural Biology Conference, Warsaw, Poland, 16-19 November 2011

Programme & Abstracts L59

3095/A

BIELA A., COSTE F., CIEŚLA J. M., CASTAING B., TUDEK B.

Biochemical and structural X-ray investigation of the irreversible inhibition of *Lactococcus lactis* Fpg by DNA base analogs.

Structural Biology & DNA Repair, Amsterdam, The Netherlands, 16-18 October 2011

Programme Booklet P020

3096/A

SOKOŁOWSKA B., MACIEJEWSKA A.M., KUŚMIEREK J.T.

Statistical estimation of mutagenesis test of DNA repair proteins in the adaptive response system with GC→AT base substitution.

Multi-Pole Approach to Structural Biology Conference, Warsaw, Poland, 16-19 November 2011

Programme&Conference P114

3097/A

NIEBROJ-DOBOSZ I., MARCHEL M., MADEJ-PILARCZYK A., SOKOŁOWSKA B., HAUSMANOWA-PETRUSEWICZ I.

Diagnostyka laboratoryjna kardiomiopatii rozstrzeniowej w postępującej dystrofii mięśniowej Emery'ego-Dreifussa.

XXI Zjazd Polskiego Towarzystwa Neurologicznego, Poznań, Polska, 7-10 września 2011

Abstracts BS

3098/A

MACIEJEWSKA A.M., POZNAŃSKI J., KUŚMIEREK J.T.

Molecular mechanism of AlkB dioxygenase repair activity against exocyclic DNA adducts 3,N⁴-α-hydroxyethanocytosine and 3,N⁴-α-hydroxypropanocytosine.

Multi-Pole Approach to Structural Biology Conference, Warsaw, Poland, 16-19 November 2011

Programme&Conference P68

3099/A

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

The effect of chloroacetaldehyde on M13mp18 phage replicated in wild type *Escherichia coli*.

XVth Gliwice Scientific Meetings 2011, Gliwice, Poland, 18-19 November 2011

Book of Abstracts p.105

3100/A

KILISZEK M., BURZYŃSKA B., MICHALAK M., GÓRA M., WINKLER A., NIEWIADOMSKA M., RAWA K. OPOLSKI G.

Ekspresja genów w świeżym zawale serca.

XVI Sympozjum Sekcji Kardiologii Eksperymentalnej PTK, Komitetu Nauk Fizjologicznych PAN i Komitetu Patofizjologii Klinicznej PAN, Poznań, Polska, 24-26 listopada 2011

Kardiologia Polska (2011) 69 supl. III: S138

3101/A

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

Maize wound-responsive calcium-dependent protein kinase (ZmCPK11) is involved in phosphatidic acid (PA) signaling.

Plant Protein Phosphorylation Symposium 2011, Tübingen, Germany, 14-16 September 2011

Program and Abstracts, P-35

3102/A

SZYMONA L., SZCZEGIELNIAK J., MUSZYŃSKA G.

The contribution of maize Calcium Dependent Protein Kinase (ZmCPK11) in various abiotic stress responses.

Conference Molecular Basis of Plant Stress, Varna, Bulgaria, 21-23 September 2011

Abstracts, BS

3103/A

MOSKOT M., JAKÓBKIEWICZ-BANECKA J., WĘGRZYN A., GABIG-CIMIŃSKA M.

Transcriptional analysis of glycosaminoglycan metabolism genes in human fibroblasts following exposure to genistein.

MPS International Congress, Geneva, Switzerland, 8-10 December 2011

Abstracts, BS

3104/A

CHMIELARZ I., PIOTROWSKA E., NARAJCZYK M., JAKÓBKIEWICZ-BANECKA J., GABIG-CIMIŃSKA M., WĘGRZYN G.

Combined treatment of mucopolysaccharidosis type I fibroblasts with alpha-L-iduronidase and genistein.

MPS International Congress, Geneva, Switzerland, 8-10 December 2011

Abstracts, BS

3105/A

OLSZAK K., SISSLER M., FLORENTZ C., KULIGOWSKA E., PRZYKORSKA A.

RNA structure probing with use of two plant nucleases RnI and ChSI.

Multi-Pole Approach to Structural Biology Conference, Warsaw, Poland, 16-19 November 2011

Programme & Abstracts P82

3106/A

WOJCIKOWSKI M., SIEDLECKI P.

Computational approach to design of novel inhibitors for DNA-methylation enzymes.

Multi - Pole Approach to Structural Biology Conference, Warsaw, Poland, 16-19 November 2011

Programme & Abstracts P130

3107/A

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

Influence of lipid peroxidation product trans-4-hydroxy-2-nonenal on base excision repair.

Multi-Pole Approach to Structural Biology Conference, Warsaw, Poland, 16-19 November 2011

Programme & Abstracts P127

3108/A

TUSZYŃSKA I., ROTHER K., BUJNICKI J.M.

A statistical potential for modeling of protein-RNA complexes.

Multi-Pole Approach to Structural Biology Conference, Warsaw, Poland, 16-19 November 2011

Programme & Abstracts P124

3109/A

TAUBE M., GISKA F., KRZYMOWSKA M., HENNIG J., KOZAK M.

Small Angle X-Ray scattering studies of mutated form of HopQ1 effector from *Pseudomonas syringae*.

Multi-Pole Approach to Structural Biology Conference, Warsaw, Poland, 16-19 November 2011

Programme & Abstracts P122

3110/A

TARNOWSKI K.J., SITKIEWICZ E., DADLEZ M.

Structural studies of a dimeric form of the extracellular part of the receptor for advanced glycation endproducts using hydrogen/deuterium exchange.

Multi-Pole Approach to Structural Biology Conference, Warsaw, Poland, 16-19 November 2011

Programme & Abstracts P121

3111/A

SPEINA E., CZERWIŃSKA J., KOSICKI K., SKOLIMOWSKA D., BOHR V.A., TUDEK B.

RECQ helicases, BLM and WRN are engaged in processing of DNA damage induced by lipid peroxidation product, *trans*-4-hydroxy-2-nonenal.

Multi-Pole Approach to Structural Biology Conference, Warsaw, Poland, 16-19 November 2011

Programme & Abstracts P116

3112/A

SOKOŁOWSKA MONIKA, CZAPIŃSKA H., BOCHTLER M.

Hpy188I-DNA pre- and post-cleavage complexes – snapshots of the GIY-YIG nuclease mediated catalysis.

Multi-Pole Approach to Structural Biology Conference, Warsaw, Poland, 16-19 November 2011

Programme & Abstracts P115

3113/A

SITKIEWICZ E., KŁONIECKI M., MATAK D.P., CZEPIK H., POZNAŃSKI J., DADLEZ M.

Analysis of Aβ1-40 peptide oligomers using ion mobility separation coupled with MS.

Multi-Pole Approach to Structural Biology Conference, Warsaw, Poland, 16-19 November 2011

Programme & Abstracts P107

3114/A

PIETRAS Z., LUISI B.

Structural studies of RraA complexes with DEAD-box proteins.

Multi-Pole Approach to Structural Biology Conference, Warsaw, Poland, 16-19 November 2011

Programme & Abstracts P88

3115/A

ODOLCZYK N., TONDELIER D., NOREZ C., FRITSCH J., DIALO S., SAUSSEREAU E.L.,

SERVEL N., MELIN-HESCHEL P., BECQ F., EDELMAN A., ZIELENKIEWICZ P.

Discovery of novel F508del CFTR correctors by targeting the specific conformation of mutated NBD1 domain.

Multi-Pole Approach to Structural Biology Conference, Warsaw, Poland, 16-19 November 2011

Programme & Abstracts P80

3116/A

MUSZEWSKA A., TAYLOR J.W., SZCZĘSNY P., GRYNBERG M.

Independent subtilases expansions in fungi associated with animals.

Multi-Pole Approach to Structural Biology Conference, Warsaw, Poland, 16-19 November 2011

Programme & Abstracts P75

3117/A

LICZNERSKA K., NEJMAN B., WĘGRZYN A., WĘGRZYN G.

Interactions between O proteins derived from λ and Shiga toxin-converting bacteriophages and their DNA replication initiation regions.

Multi-Pole Approach to Structural Biology Conference, Warsaw, Poland, 16-19 November 2011

Programme & Abstracts P64

3118/A

KOSICKI K., SKOLIMOWSKA D., CZERWIŃSKA J., NIEDŹWIEDŹ W., TUDEK B., SPEINA E.
DNA damage induced by lipid peroxidation product *trans*-4-hydroxy-2-nonenal are processing by fanconi anemia proteins.

Multi-Pole Approach to Structural Biology Conference, Warsaw, Poland, 16-19 November 2011

Programme & Abstracts P49

3119/A

KACZANOWSKI S., ZIELENKIEWICZ P.

Why similar protein sequences encode similar three-dimensional structures.

Multi-Pole Approach to Structural Biology Conference, Warsaw, Poland, 16-19 November 2011

Programme & Abstracts P41

3120/A

SZCZĘSNY P., IACOVACHE I., MUSZEWSKA A., GINALSKI K., GOOT van der F.G., GRYNBERG M.

Extending the aerolysin family: from bacteria to vertebrates.

Multi-Pole Approach to Structural Biology Conference, Warsaw, Poland, 16-19 November 2011

Programme & Abstracts P34

3121/A

GŁADKI A., KACZANOWSKI S., SZCZĘSNY P., ZIELENKIEWICZ P.

The evolutionary rate of antibacterial drug targets.

Multi-Pole Approach to Structural Biology Conference, Warsaw, Poland, 16-19 November 2011

Programme & Abstracts P28

3122/A

DUDKIEWICZ M., SZCZEPIŃSKA T., LENART A., GRYNBERG M., PAWŁOWSKI K.

Two novel protein kinase-like families with disease implications in humans and a peculiar phylogenetic spread.

Multi-Pole Approach to Structural Biology Conference, Warsaw, Poland, 16-19 November 2011

Programme & Abstracts P21

3123/A

CZARNOCKI-CIECIURA M., STODUS K., KOWALSKA K., DZIEMBOWSKI A.

Automated multistep purification of recombinant proteins with SUMO-tag.

Multi-Pole Approach to Structural Biology Conference, Warsaw, Poland, 16-19 November 2011

Programme & Abstracts P12

3124/A

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

Role of particular genes from the *exo-xis* region in development of Shiga toxin-converting phages.

Multi-Pole Approach to Structural Biology Conference, Warsaw, Poland, 16-19 November 2011

Programme & Abstracts P3

3125/A

DUDKIEWICZ M., SZCZEPIŃSKA T., LENART A., GRYNBERG M., PAWŁOWSKI K.

Discovery of two new protein kinase-like families with disease implications in humans and a peculiar phylogenetic spread.

Multi-Pole Approach to Structural Biology Conference, Warsaw, Poland, 16-19 November 2011

Programme & Abstracts L58

3126/A

GEWARTOWSKI K., PEÑA Á., MROCZEK S., CUÉLLAR J., SZYKOWSKA A., PROKOP A., CZARNOCKI-CIECIURA M., PIWOWARSKI J., TOUS C., AGUILERA A., CARRASCOSA J.L., VALPUESTA J.M., DZIEMBOWSKI A.

Architecture and nucleic acids recognition mechanism of the THO complex, an mRNP assembly factor.

Multi-Pole Approach to Structural Biology Conference, Warsaw, Poland, 16-19 November 2011

Programme & Abstracts L25

KŁONIECKI M., JABŁONOWSKA A.M., POZNAŃSKI J., SITKIEWICZ E., LANGRIDGE J., HUGHES CH., CAMPUZANO I., GILES K., DADLEZ M.

Ion mobility separation coupled with MS detects two structural states of Alzheimer's disease A β 1–40 peptide oligomers.

Multi-Pole Approach to Structural Biology Conference, Warsaw, Poland, 16-19 November 2011

Programme & Abstracts L23

3128/A

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

Molecular mechanisms of the regulation of Shiga toxin production by enterohemorrhagic *Escherichia coli*.

Multi-Pole Approach to Structural Biology Conference, Warsaw, Poland, 16-19 November 2011

Programme & Abstracts L22

3129/A

LIPIŃSKI K.A., GOLIK P.

Revisiting the yeast PPR family – new members and the incipient evolution.

Multi-Pole Approach to Structural Biology Conference, Warsaw, Poland, 16-19 November 2011

Programme & Abstracts L21

3130/A

ZIELENKIEWICZ P.

Inhibitors of the "sick" protein-protein interactions in cystic fibrosis.

Multi-Pole Approach to Structural Biology Conference, Warsaw, Poland, 16-19 November 2011

Programme & Abstracts L8

3131/A

CHOJNOWSKI G., BUJNICKI J.M., BOCHTLER M.

RIBER and DIBER: a software suite for crystal content analysis in the studies of protein-nucleic acid complexes.

Multi-Pole Approach to Structural Biology Conference, Warsaw, Poland, 16-19 November 2011

Programme & Abstracts P8

3132/A

WOJCIECHOWSKI M., CZAPIŃSKA H., BOCHTLER M.

CG depletion and a new CG specific methyltransferase.

Multi-Pole Approach to Structural Biology Conference, Warsaw, Poland, 16-19 November 2011

Programme & Abstracts L45

3133/A

KRUSZEWSKA J.S., ZEMBEK P., PERLIŃSKA-LENART U., GÓRKA-NIEĆ W., GRACZYK S., PIŁSYK S.

Modyfikacje genetyczne *Trichoderma atroviride* prowadzące do zwiększenia właściwości biokontrolnych.

Trichoderma i inne grzyby w nauce i praktyce, Radziejowice, Polska, 29-30 września 2011

Abstracts, p.13

3134/A

GRACZYK S., PERLIŃSKA-LENART U., GÓRKA-NIEĆ W., ZEMBEK P., PIŁSYK S., KRUSZEWSKA J.S.

Nowa metoda zwiększania właściwości hydrolitycznych *Trichoderma*.

Trichoderma i inne grzyby w nauce i praktyce, Radziejowice, Polska, 29-30 września 2011

Abstracts, p.36

3135/A

GRABOWSKA E., WROŃSKA U., JASZCZUR M., FIJAŁKOWSKA I.J., JONCZYK P.

C-terminal domain of Psf1p mediates the interaction between Psf1p subunit of GINS complex and Dpb2p.

Genetic Toxicology – Gordon Research Conference, II Ciocco Hotel and Resort in Lucca (Barga), Italy, 10-15 July 2011

Abstracts BS

3136/A

GARBACZ M., KRASZEWSKA J., JASZCZUR M., JONCZYK P., FIJAŁKOWSKA I.J.

Dpb2p, a noncatalytic subunit of DNA polymerase epsilon, contributes to the fidelity of DNA replication in *Saccharomyces cerevisiae*.

Keystone Symposia on Molecular and Cellular Biology, DNA Replication and Recombination, Keystone, USA, 27 February – 4 March 2011

Abstracts, P153

3137/A

GRABOWSKA E., WROŃSKA U., JASZCZUR M., FIJAŁKOWSKA I.J., JONCZYK P.

The role of GINS complex in DNA replication in *Saccharomyces cerevisiae* cells.

Keystone Symposia on Molecular and Cellular Biology, DNA Replication and Recombination, Keystone, USA, 27 February – 4 March 2011

Abstracts, P159

3138/A

TOMCZYK-ŻAK K., KACZANOWSKI S., SZCZĘSNY P., ZIELENKIEWICZ U.

The bacterial diversity of a rock mine biofilm studied using metagenomic and cultivation methods.

4th Congress of European Microbiologists, FEMS, Geneva, Switzerland, 26-30 June 2011

Program BS

3139/A

BRZOZOWSKA IWONA BRZOZOWSKA K., ZIELENKIEWICZ U.

Functioning of the TA cassette of streptococcal plasmid pSM19035 in various Gram-positive bacteria.

4th Congress of European Microbiologists, FEMS, Geneva, Switzerland, 26-30 June 2011

Program BS

3140/A

KRÓL K., MOROZOV I.Y., WĘGLEŃSKI P., FANG Y., REVERBERI M., CADDICK M.X., DZIKOWSKA A.

RRMA, an RNA binding protein involved in regulated mRNA degradation.

26th Fungal Genetics Conference at Asilomar, Columbus, USA, 15-20 March 2011

Poster Abstracts, p.150

3141/A

MACIOS M., WĘGLEŃSKI P., DZIKOWSKA A.

Activity of AREA and AREB under different carbon and nitrogen regimes.

26th Fungal Genetics Conference at Asilomar, Columbus, USA, 15-20 March 2011

Poster Abstracts, p.150

3142/A

MACIEJEWSKA A.M., POZNAŃSKI J., KUŚMIEREK J.T.

Stereoisomers of new substrates for *E. coli* AlkB dioxygenase – saturated exocyclic DNA adducts

3,N4- α -hydroxyethanocytosine and 3,N4- α -hydroxypropanocytosine are not equally recognized by the protein.

EEMS Annual Meeting, Barcelona, Spain, 4-7 July 2011

Abstracts, p.136

3143/A

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

Comparative study on CpG islands methylation of ALKBH1-3 genes promoters in healthy human tissues and tumor cell lines versus ALKBH2-3 proteins level in tumor cell lines and tumor tissues.

EEMS Annual Meeting, Barcelona, Spain, 4-7 July 2011

Abstracts, p.132

3144/A

SPEINA E., CZERWIŃSKA J., KOSICKI K., SKOLIMOWSKA D., BOHR V.A., TUDEK B.

The lipid peroxidation product, *trans*-4-hydroxy-2-nonenal modulates RecQ helicases, BLM and WRN.

EEMS Annual Meeting, Barcelona, Spain, 4-7 July 2011

Abstracts, p.67

3145/A

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

Modulation of base excision repair by lipid peroxidation product *trans*-4-hydroxy-2-nonenal.

EEMS Annual Meeting, Barcelona, Spain, 4-7 July 2011

Abstracts, p.123

3146/A

KOSICKI K., SKOLIMOWSKA D., CZERWIŃSKA J., NIEDŹWIEDŹ W., TUDEK B., SPEINA E.

Fanconi anemia proteins are engaged in processing of DNA damage induced by lipid peroxidation product *trans*-4-Hydroxy-2-Nonenal.

EEMS Annual Meeting, Barcelona, Spain, 4-7 July 2011

Abstracts, p.147

3147/A

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

Group A PP2C phosphatases are negative regulators of ABA-independent SnRK2.

International Symposium on Plant Biotechnology Towards Tolerance to Stresses and Enhancing Crop Yield, Ranchi, India, September 28-October 1, 2011

Abstracts PM-04/ p.102-103

3148/A

KRZYMOWSKA M., HOSER R., ZURCZAK M., HENNIG J.

Specific phosphorylation of conserved eukaryotic protein SGT1 is an essential element of plant defense against pathogens.

PR-Proteins and Induced Resistance Against Pathogens and Insects, Neuchâtel, Switzerland, 4-8 September 2011

Abstract book, p.37

3149/A

GISKA F., LICHOCKA M., PIECHOCKI M., DADLEZ M., SCHMELZER E., HENNIG J., KRZYMOWSKA M.

Phosphorylation of HopQ1, a type III effector from *Pseudomonas syringae*, creates a binding site for host 14-3-3 proteins and promotes virulence.

Plant Genomes & Biotechnology: from genes to networks, Cold Spring Harbor, New York, USA, 30 November – 3 December 2011

Abstracts, p.29

3150/A

TRZEMECKA A., JACEWICZ A., DRAKE J.W., BĘBENEK A.

Reversal of a Mutator Activity by a Nearby Fidelity-Neutral Substitution in the RB69 DNA Polymerase Binding Pocket.

Structural Biology and DNA Repair, Amsterdam, Netherlands, 16-18 October 2011

Abstracts BS

3151/A

SZALONEK M., SZCZĘSNY P., HENNIG J., KONOPKA-POSTUPOLSKA D.

Identification of novel annexin in potato and their functional analysis.

6th International Conference on Annexins, Varcelona, Spain, 28th-21th August 2011

Abstracts, BS

3152/A

ZIENTARA-RYTTER K., ŁUKOMSKA J., GWOZDECKI R., SUROWIECKI P., LEWANDOWSKA M., LISZEWSKA F., WAWRZYŃSKA A.K., SIRKO A.

Identification and functional analysis of Joka2, a tobacco member of the family of selective autophagy cargo receptors.

EMBO Conference on Autophagy in Health and Disease, Ma'ale Hachamisha, Judean Hills, Israel, 30 October-4 November 2011

Program, p.107

3153/A

KONOPKA-POSTUPOLSKA D., CLARK G., SZALONEK M., KRUSIEWICZ D., MARCZEWSKI W., ROUX S., HENNIG J.

The role of annexins in plant drought response.

Plant Abiotic Stress Tolerance Mechanisms, Water and Global Agriculture (A7).

Keyston Symposia Meeting, Keyston, Colorado, 17-22 January 2011

Poster Abstracts p.68

3154/A

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

Plant-based production of interleukin 2 and its fusions with proteinase inhibitors.

Molecular Farming: Plants as a Production Platform for High Value Proteins, Gent, Belgium, 14-16 September 2011

Program and Abstracts p.30

3155/A

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

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

FINSysB Conference Candida infection Biology-Fungal Armoury, Battlefields and Host Defences.
Acquafredda di Maratea, Italy, 10-14 October 2011

Program p.168

3156/A

JACHIMOWICZ D., SURMACZ L., ŚWIEŻEWSKA E.

Arabidopsis thaliana cis-prenyltransferases isozymes. Biosynthesis and biological importance of
polyisoprenoids.

XIII Ogólnopolskie Seminarium Studentów Biotechnologii & III Międzynarodowa Konferencja
Studentów Biotechnologii, Kraków, Polska, 18-20 listopada 2011

Program s.30

3157/A

TOMCZYK-ŻAK K., SZCZĘŚNY P., GROMADKA R., KACZANOWSKI S., ZIELENKIEWICZ U.

Different metagenomic and cultivating methods in studying bacterial diversity of rock mine biofilm.

EMBO Practical course "Metagenomics: From the Bench to Data Analysis", EMBL Heidelberg,
Germany, 23-29 October 2011

Abstracts BS

3158/A

MALISZEWSKA K., GRUCHOTA J., NOWAK J.K., DUHARCOURT S., BETERMIER M.,
GROMADKA R.

The role of TFIIIS4 protein in synthesis of non-coding transcripts in *Paramecium tetraurelia*.

Ciliate Molecular Biology, Crete, Greece, 10-15 July, 2011

Abstracts BS

3159/A

MALISZEWSKA K., GRUCHOTA J., NOWAK J.K., DUHARCOURT S., BETERMIER M.,
GROMADKA R.

The role of TFIIIS4 protein in synthesis of non-coding transcripts in *Paramecium tetraurelia*.

Paramecium Genome Dynamics and Evolution, GDRE Meeting, Station Biologique de Roscoff,
France, 7-11 May 2011

Abstracts p.19

3160/A

GRUCHOTA J., MALISZEWSKA K., GROMADKA R., NOWAK J.K.

Search for factors involved in non-coding transcription in *Paramecium tetraurelia*.

Paramecium Genome Dynamics and Evolution, GDRE Meeting, Station Biologique de Roscoff,
France, 7-11 May 2011

Abstracts Poster 9 / p.49

3161/A

PASIKOWSKA M., PALAMARCZYK G., LEHLE L.

Involvement of Rot1 in protein N- and O-glycosylation in *Saccharomyces cerevisiae*.

XXI International Symposium on Glycoconjugates, Vienna, Austria, 21-26 August 2011

Abstracts p.319

3162/A

ALEKSANDRZAK-PIEKARCZYK T., KORYSZEWSKA-BAGIŃSKA A., BARDOWSKI J.K.
The global phenotypic analysis of putative antiallergic potential of three lactobacillus strains.
6th Probiotics, Prebiotics & New Food, Rome, Italy, 11-13 September 2011

Abstracts p.49-50

3163/A

ODOLCZYK N., WIECZOREK G., TONDELIER D., NOREZ C., FRITSCH J., SERVEL N.,
MELIN-HESCHEL P., BECQ F., EDELMAN A., ZIELENKIEWICZ P.
Targeting the "Sick" Conformation of F508del-CFTR Protein.

New Frontiers in Basic Science of Cystic Fibrosis, Tirrenia-Pisa, Italy, 30 March – 2 April 2011

Conference Programme&Abstract Book p. 121

3164/A

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

What is a benefit for Enterohemorrhagic *Escherichia coli* from Bearing a Shiga Toxin-Converting Prophage?

Molecular Genetics of Bacteria and Phages Meeting, Madison, USA, 2-7 August 2011

Abstracts BS

3165/A

NEJMAN B., LICZNERKA K., SZALEWSKA-PAŁASZ A., WĘGRZYN A., WĘGRZYN G.

DNA Replication of Shiga Toxin-Converting Bacteriophages.

Molecular Genetics of Bacteria and Phages Meeting, Madison, USA, 2-7 August 2011

Abstracts BS

3166/A

TRACZ Z., ŻYLICZ A., ŻYLICZ M.

Interactions of p53 mutants with other p53 family members in non-small cell lung cancer cells.

5th Mutant p53 Workshop "From bench to bedside across mouse models", Ariccia (Rome), Italy, 22-25 May 2011

Abstracts p.131

3167/A

WIECH M., TRACZ Z., MAŁUSZEK M., PRUSZKO P., WIŚNIEWSKI P., ŻYLICZ A., ŻYLICZ M.

Hsp70 in mutant p53 gain-of-function phenotypes.

The Biology of Molecular Chaperones, From Basic Mechanisms to Intervention Strategies in Disease & Aging, Gröden, Austria, 19-24 May 2011

Abstracts p.47

3168/A

TRACZ Z., WIECH M., MAŁUSZEK M., PRUSZKO P., ŻYLICZ A., ŻYLICZ M.

Stress induced mutant p53 gain-of-function phenotypes.

Cancer Conference, Liverpool, England, 6-9 November 2011

Programme & Trade B189

3169/A

MAŁUSZEK M., ŻYLICZ A., ŻYLICZ M.

The role of MDM2 ATP-binding ability in DNA damage response.

International Workshop MDM2, New York, USA, 16-19 October 2011

Abstracts P21

PRACE DOKTORSKIE 2011

617/N

BRZÓSKA KAMIL

Aktywność szlaku NF- κ B w warunkach permanentnego stresu oksydacyjnego: wnioski z badań na modelu myszy pozbawionych cytozolowej dysmutazy ponadtlenkowej (Sod1).

(NF- κ B signaling pathway activity under conditions of chronic oxidative stress: lessons from cytosolic superoxide dismutase (Sod1) deficient mice.)

Presented April 14, 2011

Research done at the Centre of Radiobiology and Biological Dosimetry, Institute of Nuclear Chemistry and Technology and IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisor: prof. Marcin Kruszewski

[pol]

618/N

ŻURAWSKA ANNA

Charakterystyka mutantów Hsp90 opornych na inhibitory ATPazy i zastosowanie tych mutantów do badanie funkcji specyficznych dla izoform Hsp90 α i Hsp90 β .

(The characteristic of Hsp90 mutants resistant to ATPase inhibitors and their application to study the Hsp90 α and Hsp90 β isoforms specific functions.)

Presented May 17, 2011

Research done at the Department of Molecular Biology, IIMCB, PAS on the basis of the agreement with the IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisor: dr Paweł Bieganowski

[pol]

619/N

WRZESIŃSKI MICHAŁ

Antybakteryjne właściwości soku trzustkowego świń.

(Antibacterial properties of porcine pancreatic juice.)

Presented May 19, 2011

Research done at the Department of Molecular Biology IBB PAS.

Ph. D. Thesis Supervisor: prof. Elżbieta Grzesiuk

[pol]

620/N

PROTAS ANNA MARIA

Metalozależna hydroliza wiązania peptydowego.

(Metal dependent peptide bond hydrolysis.)

Presented May 24, 2011

Research done at the Department of Biophysics IBB PAS.

Ph. D. Thesis Supervisor: prof. Wojciech Bal

[pol]

621/N

ZARĘBA-KOZIOL MONIKA

Proteomiczna analiza endogennej S-nitrozylacji białek w komórkach z nadekspresją receptora RAGE oraz w synaptosomach transgenicznym myszy - modeli choroby Alzheimera.

(Proteomic analysis of endogenous S nitrosylation in CHO cells with overexpression of RAGE receptor and in synaptosomes from transgenic mice – models of Alzheimer disease.)

Presented May 24, 2011

Research done at the Department of Biophysics IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisor: prof. Michał Dadlez

[pol]

622/N

KUPNIEWSKA-KOZAK ANNA

Badania strukturalne receptora dla końcowych produktów glikacji oraz jego kompleksu z peptydem A β odpowiedzialnym za chorobę Alzheimera.

(The structural study of receptor for advanced glycation end products and its complex with the A β peptide responsible for Alzheimer's disease.)

Presented June 7, 2011

Research done at the Department of Biophysics IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisor: prof. Michał Dadlez

[pol]

623/N

JANOWSKA BEATA

Rola polimeraz TLS oraz innych systemów naprawczych w obróbce adduktów HNE-DNA w szczepach *Escherichia coli*.

(Role of TLS polymerases and other repair systems in processing of HNE-DNA adducts in *Escherichia coli* strains.)

Presented May 19, 2011

Research done at the Department of Molecular Biology IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisor: prof. Barbara Tudek

[ang]

624/N

NAJDA-BERNATOWICZ ANDŻELIKA

Synteza nowych inhibitorów NTP-azy/helikazy wirusa HCV oraz kinazy kazeinowej CK2.

(Synthesis of new inhibitors of HCV NTPase/helicase and casein kinase CK2.)

Presented June 21, 2011

Research done at the Laboratory of Antimetabolites IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisor: prof. Maria Bretner

[pol]

625/N

ROMANYUK DARIA

Udział ligazy Rsp5 i wybranych białek Atg w autofagii u drożdży.

(Involvement of Rsp5 ubiquitin ligase and selected Atg proteins in autophagy in yeast.)

Presented September 15, 2011

Research done at the Department of Genetics IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisor: prof. Teresa Żołądek

[ang]

626/N

WINCZURA ALICJA

Regulacja aktywności systemu naprawy DNA przez wycinanie zasad w komórkach ludzkich: peroksydacja lipidów i oddziaływania międzybiałkowe.

(Regulation of Base Excision Repair in human cells: role of lipid peroxidation and protein interactions.)

Presented September 20, 2011

Research done at the Department of Molecular Biology IBB PAS and Institut de Cancérologie Gustave Roussy, Villejuif, France.

Ph.D. Thesis Supervisor: prof. Barbara Tudek

[ang]

627/N

RÓZGA MAŁGORZATA

Oddziaływania pomiędzy peptydem A β 1-40, albuminą (HSA) i jonami Cu(II). Implikacje dla choroby Alzheimera.

(Interactions between A β 1-40 peptide, human serum albumin (HSA) and Cu(II) ions. Implications for Alzheimer's disease.)

Presented December 6, 2011

Research done at the Department of Biophysics IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Wojciech Bal

[pol]

628/N

SIWIAK MARIAN

Rola CFTR w komórce, od poziomu transkryptomiki i interaktomiki do pełnoatomowych modeli przykładowych kompleksów.

(Cystic Fibrosis Transmembrane – conductance Regulator role in the cell – from transcriptomic and interactomic level to atomic resolution modelling of exemplary complexes.)

Presented December 6, 2011

Research done in the Department Bioinformatics IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisor: prof. Piotr Zielenkiewicz

[ang]

PRACE MAGISTERSKIE 2011

629/N

HARDEJ MAGDALENA

Badania nad rolą lipidów prenylowych u roślin.

(Studies on the role of prenyl lipids in plants.)

Presented June 27, 2011

Research done in the Department of Lipid Biochemistry IBB PAS and the Division of Organic Chemistry Warsaw University of Technology.

M.Sc. Thesis Supervisor: dr inż. Tomasz Rowicki, prof. Ewa Świeżewska

630/N

LEJA ANNA DARIA

Badania prenylowanych białek u roślin.

(Studies on the prenylated proteins in plants.)

Presented June 27, 2011

Research done in the Department of Lipid Biochemistry IBB PAS and the Faculty of Chemistry Warsaw University of Technology.

M.Sc. Thesis Supervisor: dr inż. Edyta Łukowska-Chojnacka, prof. Ewa Świeżewska

631/N

JOPEK JAKUB

Klonowanie i ekspresja genów heterologicznych w *Lactococcus lactis*.

(Cloning and heterologous gene in *Lactococcus lactis*.)

Presented September 11, 2011

Research done at the Department of Microbial Biochemistry IBB PAS and Faculty of Biology University of Warsaw.

M.Sc. Thesis Supervisor: dr Agnieszka Szczepankowska

632/N

PROTASIUK ANNA

Badanie wpływu regulatorów transkrypcji, białek CcpA i YebF, na aktywność wybranego promotora genów zaangażowanych w asymilację celobiozy i laktozy u *Lactococcus lactis* IL 1403.

(Study of the influence of the CcpA and YebF transcriptions regulators on the activity of selected genes promoter involved in cellobiose and lactose assimilation in *Lactococcus lactis* IL1403.)

Presented September 30, 2011

Research done at the Department of Microbial Biochemistry IBB PAS.

M.Sc. Thesis Supervisor: dr Tamara Aleksandrak-Piekarczyk

633/N

CHMIELEWSKA MAGDALENA MARIA

Identyfikacja endogennych bakterii *Lactobacillus* oraz określenie przeżywalności egzogenicznie podanych szczepów *Lactococcus lactis* w przewodzie pokarmowym kurcząt.

(Identification of endogenous *Lactobacillus* and survival assessment of exogenously applied *Lactococcus lactis* strains in the digestive tract of chicken.)

Presented September 27, 2011

Research done at the Department of Microbial Biochemistry IBB PAS and Interfaculty Department of Biotechnology Warsaw University of Life Sciences.

M.Sc. Thesis Supervisor: prof. Jacek Bardowski

634/N

PLEŚ MAGDALENA

Badania nad mechanizmem biosyntezy lipidów prenylowych u roślin.

(Studies on the biosynthesis mechanism of prenyl lipids in plant.)

Presented June 27, 2011

Research done in the Department of Lipid Biochemistry IBB PAS and the Faculty of Chemistry, Warsaw University of Technology.

M.Sc. Thesis Supervisor: prof. Maria Bretner, prof. Ewa Świeżewska

635/N

OGLUSZKA MAGDALENA

Mutacje w podjednostce szóstej mitochondrialnej syntazy ATP związane z rozwojem raka lub syndromu NARP – analiza efektów w komórce drożdżowej.

(Mutations in the mitochondrial ATP synthase subunit 6 associated with the development of cancer or NARP syndrome – analysis of effects in yeast cells.)

Presented September 16, 2011

Research done in Department of Genetics IBB PAS and The Faculty of Chemistry of Warsaw University of Technology.

M.Sc. Thesis Supervisor: dr Róża Kucharczyk, dr inż. Monika Wielechowska

636/N

BALA KATARZYNA

Klonowanie, sekwencjonowanie i analiza replikonów plazmidów pochodzących z klinicznych szczepów *Enterobacteriaceae*.

(Cloning, sequencing and analysis of the replicons of the plasmids originating from clinical *Enterobacteriaceae* strains.)

Presented December 16, 2011

Research done at the Department of Microbial Biochemistry IBB PAS.

M.Sc. Thesis Supervisor: dr Izabela Kern-Zdanowicz

637/N

KAMEL KATARZYNA ANNA

Produkcja podjednostki pierwszej hemaglutyniny wirusa ptasiej grypy H5N1 w roślinnym systemie ekspresji przejściowej.

(Production of the first subunit of hemagglutinin from avian influenza virus H5N1 in plant-based transient expression system.)

Presented June 27, 2011

Research done in the Department of Protein Biosynthesis IBB PAS and the Faculty of Agriculture and Biology SGGW.

M.Sc. Thesis Supervisor: dr Anna Góra-Sochacka

638/N

TOMCZYK SZYMON

Badanie profilu metylacji wysp CpG w obrębie promotorów ludzkich genów *ALKBH*.

(Study of CpG island methylation pattern in promoter region of human *ALKBH* genes.)

Presented January 14, 2011

Research done at the Department of Molecular Biology IBB PAS and SGGW.

M.Sc. Thesis Supervisor: dr Joanna Krwawicz

639/N

KOWA KAMILA

Atypowa kinaza Rio1 - nadprodukcja, aktywność i oddziaływanie z potencjalnymi inhibitorami.

(Atypical kinase Roi1 - overexpression, activity and interactions with potential inhibitors.)

Presented January 14, 2011

Research done at the Department of Protein Biosynthesis IBB PAS and SGGW.

M.Sc. Thesis Supervisor: dr hab. Krystyna Grzelak

640/N

LENARCZYK EWELINA

Klonowanie i ekspresja ludzkiej podjednostki 6 syntazy ATP w drożdżach *Saccharomyces cerevisiae*.
(Cloning and expression of ATP synthase human subunit 6 in yeast *Saccharomyces cerevisiae*.)

Presented July 5, 2011

Research done in Department of Genetics IBB PAS and The Faculty of Chemistry of Warsaw University of Technology.

M.Sc. Thesis Supervisor: dr Monika Wysocka-Kapcińska

641/N

PRZYCHODZIEN KATARZYNA

Związek pomiędzy transkrypcją tRNA a kontrolą jego trwałości.
(Connection between tRNA transcription and tRNA stability.)

Presented June 15, 2011

Research done at the Laboratory of Genetics IBB PAS and Faculty of Chemistry of Warsaw University of Technology.

M.Sc. Thesis Supervisor: dr Iwona Karkusiewicz

642/N

KOLAK KAROLINA

Badanie funkcji i lokalizacji białka Nus1 z *Saccharomyces cerevisiae*.
(Research on function and localization of protein Nus1 from *Saccharomyces cerevisiae*.)

Presented September 28, 2011

Research done in the Department of Biophysics IBB PAS and Faculty of Chemistry Warsaw University of Technology.

M.Sc. Thesis Supervisor: dr Monika Wielechowska, dr Bożenna Rempola

643/N

GŁOWACKA ALEKSANDRA

Wykorzystanie nicieni w badaniach patogenności wybranych szczepów *Staphylococcus aureus* i fagoterapii zakażeń gronkowcowych.

(Usage of nematode in pathogenesis research on the selected strains of *Staphylococcus aureus* and in the bacteriophage therapy of infection by *S. aureus*.)

Presented December 14, 2011

Research done in the Department of Microbial Biochemistry IBB PAS and the Faculty of Agriculture and Biology SGGW.

M.Sc. Thesis Supervisor: dr hab. Małgorzata Łobocka

644/N

MICHALSKA ALEKSANDRA JOLANTA

Mechanizmy kontroli wierności replikacji DNA - rola niekatalitycznych białek replikaz- model drożdżowy.

(Mechanisms controlling DNA replication fidelity - the role of noncatalytic subunits of DNA polymerases - yeast model.)

Presented June 14, 2011

Research done in the Laboratory of Mutagenesis and DNA Repair IBB PAS and the Faculty of Chemistry of Warsaw University of Technology.

M.Sc. Thesis Supervisor: dr inż. Joanna Głowczyk-Zubek, prof. Iwona Fijałkowska

645/A

ZUGAJ DOROTA

Lokalizacja subkomórkowa homologów AlkB *Arabidopsis thaliana*.

(Subcellular localisation of AlkB homologs from *Arabidopsis thaliana*)

Presented September 13, 2011

Research done in the Department of Molecular Biology IBB PAS and the Faculty of Biology University of Warsaw.

M.Sc. Thesis Supervisor: prof. Piotr Zielenkiewicz

646/N

KNAP DANUTA

Zależności między sekwencją peptydów histydynowych i widmami CD ich kompleksów miedziowych i niklowych.

(Dependencies between sequences of histidine peptides and CD spectra of their copper and nickel complexes.)

Presented December 15, 2011

Research done in Faculty of Chemistry Warsaw University of Technology and IBB PAS.

M.Sc. Thesis Supervisor: dr inż. Edyta Łukowska-Chojnacka, prof. dr hab. Wojciech Bal

647/N

PIETRACHA DAMIAN

Ewaluacja wybranych metod szybkiej oceny stabilności plazmidów oraz konstrukcja plazmidu reporterowego do wstępnych badań inhibitorów partycji profaga P1.

(Evaluation of selected methods of rapid plasmid stability testing and construction of the reporter plasmid for preliminary studies of P1 prophage partition inhibitors.)

Presented December 16, 2011

Research done in the Department of Microbial Biochemistry IBB PAS and Faculty of Agriculture and Biology SGGW.

M.Sc. Thesis Supervisor: dr hab. Małgorzata Łobocka

648/N

JEZIERSKA BEATA

Transkryptomyczna i proteomiczna analiza efektów mutacji w genach *ccpA* i *yebF* w *Lactococcus lactis* IL1403.

(Transcriptomic and proteomic analysis of mutation effects of the *ccpA* and *yebF* genes in *Lactococcus lactis* IL 1403.)

Presented December 20, 2011

Research done at the Department of Microbial Biochemistry IBB PAS and Interfaculty Department of Biotechnology Warsaw University of Life Sciences.

M.Sc. Thesis Supervisor: dr Tamara Aleksandrak-Piekarczyk

649/N

BERNADZKI KRZYSZTOF MARIAN

Opracowanie testu stabilności plazmidów opartego na obserwacji w mikroskopie fluorescencyjnym.

(Development of a plasmid stability test based on fluorescence microscopy observations.)

Presented December 30, 2011

Research done at the Department of Microbial Biochemistry IBB PAS and Faculty of Agriculture and Biology Warsaw University of Life Sciences.

M.Sc. Thesis Supervisor: dr Michał Dmowski

MISCELLANEA 2011

190/M

OLSZAK K., KOWALCZYK P.

Aptamery – niezwykle fragmenty RNA.

Biologia w Szkole. Czasopismo dla Nauczycieli (2011) 2: 17-25

191/M

OLSZAK K.

Ryboprzelącniki – czy elementy struktury RNA mogą być przyszłością nauki i medycyny?

Portal informacyjno-promocyjny SILA-WIEDZY.PL realizowany w ramach Programu Operacyjnego Kapitał Ludzki, współfinansowanego przez Unię Europejską

[http://www.sila-wiedzy.pl/index.php/sia-wiedzy/nauki-przyrodnicze-i-medyczne/1174-](http://www.sila-wiedzy.pl/index.php/sia-wiedzy/nauki-przyrodnicze-i-medyczne/1174-ryboprzelczniki-czy-elementy-struktury-rna-mog-by-przyszoci-nauki-i-medycyny-dr-krzysztof-olszak)

[ryboprzelczniki-czy-elementy-struktury-rna-mog-by-przyszoci-nauki-i-medycyny-dr-krzysztof-olszak](http://www.sila-wiedzy.pl/index.php/sia-wiedzy/nauki-przyrodnicze-i-medyczne/1174-ryboprzelczniki-czy-elementy-struktury-rna-mog-by-przyszoci-nauki-i-medycyny-dr-krzysztof-olszak)

192/M

DZIUBAN D., KOWALCZYK P., FILOCHA M.

Gorzkie życie "słodkich" ludzi.

Medycyna Rodzinna (2011) 2: 11-15

193/M

ZIELENKIEWICZ U.

Spółeczne życie bakterii.

Academia (2011) 1(25): 8-11

194/M

GODLEWSKA M., GARDAS A., GÓRA M.

Biosynthesis, post-translational modifications, maturation, and physiological function of human thyroid peroxidase.

Postępy Nauk Medycznych (2011) t. XXIV, nr 11: 917-923

195/M

SIKORA A.

Rozwój mikroorganizmów w przedłożądkach przeżuwaczy.

Fizjologia noworodka z elementami patofizjologii / pod red. W. Skrzypczaka, T. Stefaniaka, R. Zabielskiego. Powszechne Wydawnictwo Rolnicze i Leśne, Warszawa 2011, podrozdział 10.8, str. 266-273

ISBN: 9788309010722

196/M

TUDEK B., KOWALCZYK P.

Potencjał antyoksydacyjny noworodków – hipoksja.

Fizjologia noworodka z elementami patofizjologii / pod red. W. Skrzypczaka, T. Stefaniaka, R. Zabielskiego. Powszechne Wydawnictwo Rolnicze i Leśne, Warszawa 2011, rozdział 7, str. 183-197

ISBN: 9788309010722

197/M

BUCHOWICZ J.

Reakcja Hilla – alternatywa energetyki jądrowej.

Nauka (2011) 4: 63-66

PUBLIKACJE NIEUWZGLĘDNIONE W SPRAWOZDANIU Z 2010 ROKU

ARTYKUŁY

4472/1

CHLEBOWSKI A., TOMECKI R., GAS LÓPEZ M. E., SÉRAPHIN B., DZIEMBOWSKI A.
Catalytic properties of the eukaryotic exosome.

Chapter in: **Advances in Experimental Medicine and Biology** vol.702 RNA Exosome / Ed. T.H. Jensen

ISBN 978-1-4419-7840-0

ABSTRAKTY

2953/A

OLEJNIK K., BUCHOLC M., ANIELSKA-MAZUR A., LIPKO A., KRASZEWSKA E.

The *Arabidopsis thaliana* AtNUDT7 Nudix hydrolase from complexes with the regulatory RACK1A protein and Ggamma subunits of signal transducing heterotrimeric G protein.

EMBO Conference, Barcelona, Spain, 4-7 September 2010

Abstract BS

MISCELLANEA

189/M

BURZYŃSKA B.

Kłopoty z krwinką.

Academia (2010) 4(24): 34-35

189/1/M

DZIUBAN D., KOWALCZYK P.

Cukrzyca.

Biologia w szkole (2010) 321(1): 15-32

189/2/M

DZIUBAN D., KOWALCZYK P.

Głukoza – najważniejszy z cukrów.

Biologia w szkole (2010) 321(1): 38-47

Informacje o działalności IBB PAN za 2011 rok

opracowane zgodnie z zasadami określonymi decyzją Prezesa PAN

Informacje o działalności placówki PAN w roku 2011

I. Podstawowe dane:

I.1.	nazwa Instytut Biochemii i Biofizyki Polskiej Akademii Nauk miasto Warszawa www www.ibb.waw.pl kategoria jednostki I	ulica Pawińskiego tel. 1 +48225922145 e-mail secretariate@ibb.waw.pl	nr 5a tel.2 +48225922141 inne	kod pocztowy 02-106 fax +48225922190
I.2.	Dyrektor Przewodniczący Rady Naukowej	tytuł Prof. dr hab. tytuł Prof. dr hab. Prof. dr hab.	imię 1 Piotr imię 1 Andrzej Andrzej	imię 2 nazwisko imię 2 nazwisko Paszewski Jerzmanowski
I.3.	uprawiane dyscypliny	nazwa dyscypliny biochemia biofizyka bioinformatyka biologia molekularna genetyka molekularna genomika biotechnologia		

do 31.01.2011
od 01.02.2011

II. Aktywność naukowa placówki:

liczba ogółem (w roku sprawozdawczym)	w tym:					
	monografie	podręczniki	publikacje 1	publikacje 2	prace popularno-naukowe	doniesienia zjazdowe i konferencyjne
338	0	5	111	5	0	216
						1

II.1.1. Wykaz publikacji recenzowanych w czasopismach:

liczba ogółem	czasopismo/wydawca monografii	tytuł	autor	rok, tom, strona	punktacja
a) z listy filadelfijskiej	Nucleic Acids Research	Coupling of transcription and replication machineries in λ DNA replication initiation: evidence for direct interaction of <i>Escherichia coli</i> RNA polymerase and the λ O protein.	SZAMBOWSKA A., PIERECHOD M., WĘGRZYN G., GLINKOWSKA M.	(2011) 39(1): 168-177	32
107	Journal of Bacteriology	<i>dnaX36</i> mutator of <i>Escherichia coli</i> : effect of the τ subunit of the DNA polymerase III holoenzyme on chromosomal DNA replication fidelity.	GAWEL D., JONCZYK P., FIJAŁKOWSKA I.J., SCHAAPER R.M.	(2011) 193(1): 296-300	32
	Nucleic Acids Research	REPAIRtoire - a database of DNA repair pathways.	MILANOWSKA K., KRZAWICZ J., PAPAŁ G., KOSIŃSKI J., POLESZAK K., LESIAK J., OSIŃSKA E., ROTHER K., BUJNICKI J.M.	(2011) 39(1): D788-D792	32
	Microbiology-SGM	Replication of plasmids derived from Shiga toxin-converting bacteriophages in starved <i>Escherichia coli</i> .	NEJMAN B., NADRATOWSKA-WESOŁOWSKA B., SZALEWSKA-PALAŚ A., WĘGRZYN A., WĘGRZYN G.	(2011) 157: 220-233	32
	Journal of Inorganic Biochemistry	Selective peptide bond hydrolysis of cysteine peptides in the presence of Ni(II) ions.	PROTAS A.M., BONNA A., KOPERA E., BAL W.	(2011) 105(1):10-16	32
	Journal of Biological Chemistry	SNF1-related protein kinases 2 are negatively regulated by a plant-specific calcium sensor.	BUCHOLC M., CIESIELSKI A., GOCH G., ANIELSKA-MAZUR A., KULIK A., KRZYWIŃSKA E., DOBROWOLSKA G.	(2011) 286(5): 3429-41	32
	Fungal Biology former title: Mycological Research	Integration of additional copies of <i>Trichoderma reesei</i> gene encoding protein O-mannosyltransferase I result in a decrease of the enzyme activity and alteration of cell wall composition.	GÓRKA-NIEĆ W., KANIA A., PERLIŃSKA-LENART U., SMOLEŃSKA-SYM G., PALAMARCZYK G., KRUSZEWSKA J.S.	(2011) 155: 124-132	32
	International Journal of Food Microbiology	Genetic characterization of the CcpA-dependent, cellobiose-specific PTS system comprising CelB, PtcB and PtcA that transports lactose in <i>Lactococcus lactis</i> IL1403.	ALEKSANDRZAK-PIEKARCZYK T., POLAK J., JEZIERSKA B., RENAULT P., BARDOWSKI J.K.	(2011) 145: 186-194	32

Journal of Biological Chemistry	Structure and dynamics of the first archaeal parvulin reveal a new functionally important loop in parvulin-type prolyl isomerases.	JAREMKO Ł., JAREMKO M., ELFAKI I., MUELLER J.W., EJCHART A., BAYER P., ZHUKOV I.	(2011) 286(8): 6554-6565	32
Amino Acids	The efficient synthesis of isotopically labeled peptide-derived Amadori products and their characterization.	KAPCZYŃSKA K., STEFANOWICZ P., JAREMKO Ł., JAREMKO M., KLUCZYK A.	(2011) 40(3): 923-932	27
Physical Chemistry Chemical Physics	Defining rules of aromaticity: a unified approach to the Hückel, Clar and Randić concepts.	CIESIELSKI A., KRYGOWSKI T.M., CYRAŃSKI M.K., BALABAN A.T.	(2011) 13: 3737-3747	32
Journal of Molecular Biology	Ion mobility separation coupled with MS detects two structural states of Alzheimer's disease A β 1–40 peptide oligomers.	KŁONIECKI M., JABŁONOWSKA A.M., POZNAŃSKI J., LANGRIDGE J., HUGHES CH., CAMPUZANO I., GILES K., DADLEZ M.	(2011) 407: 110-124	32
Journal of Microbiological Methods	A reliable method for storage of tailed phages.	GOLEC P., DĄBROWSKI K., HEJNOWICZ M.S., GOZDEK A., ŁOŚ J.M., WĘGRZYN G., ŁOBOCKA M.B., ŁOŚ M.	(2011) 84: 486-489	27
Journal of General Virology	Use of randomly mutagenized genomic cDNA banks of potato spindle tuber viroid to screen for viable versions of the viroid genome.	WIĘSYK A., CANDRESSE T., ZAGÓRSKI-OSTOJA W., GÓRA-SOCHACKA A.	(2011) 92: 457-466	32
Molecular and Cellular Biochemistry	Treatment of cultured human astrocytes and vascular endothelial cells with protein kinase CK2 inhibitors induces early changes in cell shape and cytoskeleton.	KRAMEROV A.A., GOLUB A.G., BDZHOLA V.G., YARMOLUK S.M., AHMED K., BRETNER M., LJUBIMOV A.V.	(2011) 349: 125-137	20
Eukaryotic Cell	A functional study of genes essential for autogamy and nuclear reorganization in <i>Paramecium</i> .	NOWAK J.K., GROMADKA R., JUSZCZUK M., JERKA-DZIADOSZ M., MALISZEWSKA K., MUCCHIELLI M.H., GOUT J.F., ARNAIZ O., AGIER N., TANG T., AGGERBECK L., COHEN J., DELACROIX H., SPERLING L., HERBERT CH., ZAGULSKI M., BETERMIER M.	(2011) 10(3): 363-372	32

Current Biology	CENP-C is a structural platform for kinetochore assembly.	PRZEWŁOKA M.R., VENKEI Z., BOLANOS-GARCIA V.M., DĘBSKI J., DADLEZ M., GLOVER D.M.	(2011) 21: 399-405	32
Journal of Biological Chemistry	Structural insights into inhibition of <i>Bacillus anthracis</i> sporulation by a novel class of non-heme globin sensor domains.	STRANZL G.R., SANTELLI E., BANKSTON L.A., LA CLAIR C., BOBKOV A., SCHWARZENBACHER R., GODZIK A., PEREGO M., GRYNBERG M., LIDDINGTON R.C.	(2001) 286(10): 8448-8458	32
Inorganic Chemistry	Zn(II) complexes of glutathione disulfide: structural basis of elevated stabilities.	KRĘŻEL A., WÓJCIK J., MACIEJCZYK M., BAL W.	(2011) 50: 72-85	32
Fungal Genetics and Biology	Novel mutations reveal two important regions in <i>Aspergillus nidulans</i> transcriptional activator MetR.	BRZYWCZY J., KACPRZAK M., PASZEWSKI A.	(2011) 48: 104-112	32
DNA Repair	<i>Caenorhabditis elegans</i> NDX-4 is a MutT- type enzyme that contributes to genomic stability.	ARCZEWSKA K., BAUMAIER C., KASSAHUN H., SENGUPTA T., BJORAS M., KUŚMIEREK J.T., NILSEN H.	(2011) 10: 176-187	32
Applied and Environmental Microbiology	The centromere site of the segregation cassette of broad-host-range plasmid RA3 is located at the border of the maintenance and conjugative transfer modules.	KULIŃSKA A., CAO Y., MACIOSZEK M., HAYES F., JAGURA-BURDZY G.	(2011) 77(7): 2414-2427	32
ChemMedChem	Modified 5'-trityl nucleosides as inhibitors of <i>Plasmodium falciparum</i> dUTPase.	RUDA G.F., NGUYEN C., ZIEMKOWSKI P., FELCZAK K., KASINATHAN G., MUSSO-BUENDIA A., SUND C., ZHOU X.X., KAISER M., RUIZ-PERÉZ L.M., BRUN R., KULIKOWSKI T., JOHANSSON N.G., GONZÁLEZ-PACANOWSKA D., GILBERT I.H.	(2011) 6(2): 309-20	32
Microbiology-SGM	Mapping of interactions between partition proteins Delta and Omega of plasmid pSM19035 from <i>Streptococcus pyogenes</i> .	DMOWSKI M., JAGURA-BURDZY G.	(2011) 157: 1009-1020	32
Journal of General Virology	Persistence of bacteriophage T4 in a starved <i>Escherichia coli</i> culture: evidence for the presence of phage subpopulations.	GOLEC P., WICZK A., ŁOŚ J.M., KONOPA G., WĘGRZYN G., ŁOŚ M.	(2011) 92: 997-1003	32
PNAS-Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America	Casein kinase II-mediated phosphorylation of general repressor Maf1 triggers RNA polymerase III activation.	GRACZYK D., DĘBSKI J., MUSZYŃSKA G., BRETNER M., LEFEBVRE O., BOGUTA M.	(2011) 108(12): 4926-4931	32
Journal of Microbiology and Biotechnology	Selection of bacteria capable of dissimilatory reduction of Fe(III) from a long-term continuous culture on molasses and their use in a microbial fuel cell.	SIKORA A., WÓJTOWICZ-SIEŃKO J., PIELA P., ZIELENKIEWICZ U., TOMCZYK-ŻAK K., CHOJNACKA A., SIKORA R., KOWALCZYK P., GRZESIUŁ E., BŁASZCZYK M.	(2011) 21(3): 305-316	27

Journal of Structural Biology	Solution NMR structure and dynamics of human apo-S100A1 protein.	NOWAKOWSKI M., JAREMKO Ł., JAREMKO M., ZHUKOV I., BELCZYK A., BIERZYŃSKI A., EJCHART A.	(2011) 174: 391-399	32
Mutation Research / Fundamental and Molecular Mechanisms of Mutagenesis	8-Oxoguanine incision activity is impaired in lung tissues of NSCLC patients with the polymorphism of OGG1 and XRCC1 genes.	JANIK J., SWOBODA M., JANOWSKA B., CIEŚLA J. M., GACKOWSKI D., KOWALEWSKI J., OLIŃSKI R., TUDEK B., SPEINA E.	(2011) 709-710: 21-21	32
Molecular Microbiology	The roles of PCNA SUMOylation, Mms2-Ubc13 and Rad5 in translesion DNA synthesis in <i>Saccharomyces cerevisiae</i> .	HAŁAS A., PODLASKA A., DERKACZ J., McINTYRE J., SKONECZNA A., ŚLEDZIEWSKA-GÓJSKA E.	(2011) 80(3): 786-797	32
Journal of Chromatography A	Purification of recombinant adenovirus type 3 dodecahedral virus-like particles for biomedical applications using short monolithic columns.	URBAS L., JARC B.L., BARUT M., ŻOCHOWSKA M., CHROBOCZEK J., PIHLAR B., SZOŁAJSKA E.	(2011) 1218(17): 2451-2459	32
Mutagenesis	The role of AlkB protein in repair of 1,N ⁶ -ethenoadenine in <i>Escherichia coli</i> cells.	MACIEJEWSKA A.M., SOKOŁOWSKA B., NOWICKI A., KUŚMIEREK J.T.	(2011) 26(3): 401-406	32
Biochemical and Biophysical Research Communications	Polyisoprenoids - secondary metabolites or physiologically important superlipids?	SURMACZ L., ŚWIEŻEWSKA E.	(2011) 407(4): 627-32	27
Journal of Molecular Modeling	Dynamical insight into <i>Caenorhabditis elegans</i> eIF4E recognition specificity for mono- and trimethylated structures of mRNA 5' cap.	RUSZCZYŃSKA-BARTNIK K., MACIEJCZYK M., STOLARSKI R.	(2011) 17(4): 727-737	32
Journal of Bacteriology	Regulation of sulfur assimilation pathways in <i>Burkholderia cenocepacia</i> through control of genes by the SsuR transcription factor.	ŁOCHOWSKA A., IWANICKA-NOWICKA R., ZIELAK A., MODELEWSKA A., THOMAS M.S., HRYNIEWICZ M.M.	(2011) 193(8): 1843-1853	32
Parasites & Vectors	Evolution of apoptosis-like programmed cell death in unicellular protozoan parasites.	KACZANOWSKI S., SAJID M., REECE SARAH E.	(2011) 4: 44 (8 pages)	13
Acta Physiologiae Plantarum	Metabolic control of embryonic dormancy in apple seed: seven decades of research.	LEWAK S.	(2011) 33: 1-24	20
Biological Chemistry	Cloning and functional analysis of the dpm2 and dpm3 genes from <i>Trichoderma reesei</i> expressed in a <i>Saccharomyces cerevisiae</i> dpm1Δ mutant strain.	ZEMBEK P., PERLIŃSKA-LENART U., RAWA K., GÓRKA-NIEĆ W., PALAMARCZYK G., KRUSZEWSKA J.S.	(2011) 392: 517-527	27
Mutation Research - Fundamental and Molecular Mechanisms of Mutagenesis	Proofreading deficiency of Pol I increases the levels of spontaneous rpoB mutations in <i>E. coli</i> .	MAKIEŁA-DZBEŃSKA K., JONCZYK P., SCHAAPER R.M., FIJAŁKOWSKA I.J.	(2011) 712: 28-32	32

Functional & Integrative Genomics	Integrating proteomic and transcriptomic high-throughput surveys for search of new biomarkers of colon tumors.	MIKULA M., RUBEL T., KACZMARSKI J., GORYCA K., DADLEZ M., OSTROWSKI J.	(2011) 11: 215-224	27
International Journal of Molecular Science	Recombinant cytokines from plants.	SIRKO A., VANĚK T., GÓRA-SOCHACKA A., REDKIEWICZ P.A.	(2011) 12: 3536-3552	27
Phytochemistry	Using multiplex-staining to study changes in the maize leaf phosphoproteome in response to mechanical wounding.	LEWANDOWSKA-GNATOWSKA E., JOHNSTON M.L., ANTOINE W., SZCZEGIELNIAK J., MUSZYŃSKA G., MIERNYK J.A.	(2011) 72: 1285-1292	32
Acta Biochimica Polonica	Cyclic enkephalin-deltorphin hybrids containing a carbonyl bridge: structure and opioid activity.	CISZEWSKA M., RUSZCZYŃSKA K., OLESZCZUK M., CHUNG N.N., WITKOWSKA E., SCHILLER P.W., WÓJCİK J., IZDEBSKI J.	(2011) 58(2): 225-230	20
Journal of Bacteriology	Binding and spreading of ParB on DNA determine its biological function in <i>Pseudomonas aeruginosa</i> .	KUSIAK M.B., GAPCZYŃSKA A., PŁOCHOCKA D., THOMAS CH.M., JAGURA-BURDZY G.	(2011) 193(13): 3342-3355	32
Biochimica et Biophysica Acta - Proteins & Proteomics	N-linked glycosylation of <i>G. mellonella</i> juvenile hormone binding protein — Comparison of recombinant mutants expressed in <i>P. pastoris</i> cells with native protein.	WINIARSKA B., DVORNYK A., DĘBSKI J., GRZELAK K., BYSTRANOWSKA D., ZALEWSKA M., DADLEZ M., OŻYHAR A., KOCHMAN M.	(2011) 1814(5): 610-621	27
Journal of Inorganic Biochemistry	Salivary histatin-5, a physiologically relevant ligand for Ni(II) ions.	KUROWSKA E., BONNA A., GOCH G., BAL W.	(2011) 105(9): 1220-1225	32
Chemistry and Physics of Lipids	Configuration of polyisoprenoids affects the permeability and thermotropic properties of phospholipid/polyisoprenoid model membranes.	CIEPICHAŁ-GŁODOWSKA E., JEMIOŁA-RZEMIŃSKA M., HERTEL J., ŚWIEŻEWSKA E., STRZAŁKA K.	(2011) 164: 300-306	27
PLoS One	Adaptative potential of the <i>Lactococcus Lactis</i> IL594 strain encoded in its 7 plasmids.	GÓRECKI R.K., KORYSZEWSKA-BAGIŃSKA A., GOŁĘBIEWSKI M., ŻYLIŃSKA J., GRYNBERG M., BARDOWSKI J.K.	(2011) 6(7): e22238 [12 p.]	
PNAS - Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America	A yeast-based assay identifies drugs active against human mitochondrial disorders.	COUPLAN E., AIYAR R.S., KUCHARCZYK R., KABALA A., EZKURDIA N., GAGNEUR J., St.ONGE R.P., SALIN B., SOUBIGOU F., LE CANN M., STEINMETZ L.M., DI RAGO J.-P., BLONDEL M.	(2011) 108(29): 11989-11994	32
ACS Chemical Biology	Reconstruction of Functional Mycobacterial Arabinosyltransferase AftC Proteoliposome and Assessment of Decaprenylphosphorylarabinose Analogues as Arabinofuranosyl Donors.	ZHANG J., ANGALA S.K., PRAMANIK P.K., LI K., CRICK D.C., LIAV A., JÓŹWIAK A., ŚWIEŻEWSKA E., JACKSON M., CHATTERJEE D.	(2011) 6: 819-828	32
European Journal of Cell Biology	Yeast ubiquitin ligase Rsp5 contains nuclear localization and export signals.	CHOŁBIŃSKI P., JASTRZĘBSKA Ż., WYSOCKA-KAPCIŃSKA M., PŁOCHOCKA D., GÓRNICKA A., HOPPER A.K., ŻOŁĄDEK T.	(2011) 90(10): 834-843	27

Nature	Genome sequence and analysis of the tuber crop potato.	XU X., PAN S., CHENG S., ZHANG B. MU D., NI P., ZHANG G., YANG S., LI R., WANG J., ORJEDA G., GUZMAN F., TORRES M., LOZANO R., PONCE O., MARTINEZ D., DE LA CRUZ G., CHAKRABARTI S.K., PATIL V.U., SKRYABIN K.G., KUZNETSOV B., RAVIN N.V., KOLGANOVA T.V., BELETSKY A.V., MARDANOV A.V., DI GENOVA A., BOLSER D.M., MARTIN D.M., LI G., YANG Y., KUANG H., HU Q., XIONG X., BISHOP G.J., SAGREDO B., MEJIA N., ZAGÓRSKI-OSTOJA W., GROMADKA R., GAWOR J., SZCZĘSNY P., HUANG S., ZHANG Z., LIANG CH., HE J., LI Y., HE Y., XU J., ZHANG Y., XIE B., DU Y., QU D., BONIERBALE M., GHISLAIN M., DEL ROSARIO HERRERA M., GIULIANO G., PIETRELLA M., PERROTTA G., FACELLA P., O'BRIEN K., FEINGOLD S., BARREIRO L.E., MASSA G.A., DIAMBRA L., WHITTY B.R., VAILLANCOURT B., LIN H., MASSA A.N., GEOFFROY M., LUNDBACK S., DELLAPENNA D., BUELL C.R., SHARMA S.K., MARSHALL D.F., WAUGH R., BRYAN G.J., DESTEFANIS M., NAGY I., MILBOURNE D., THOMSON S.J., FIERIS M., JACOBS J.M.E., NIELSEN K.L., SØNDERKÆR M., IOVENE M., TORRES G.A., JIANG J., VEILLEUX R.E., BACHEM CH.W.B., BOER DE J.M., BORM T., KLOOMSTERMAN B., VAN ECK H., DATEMA E.,	(2011) 475(7355): 189-195	40
Bioresource Technology	Comparative analysis of hydrogen-producing bacterial biofilms and granular sludge formed in continuous cultures of fermentative bacteria.	CHOJNACKA A., BŁASZCZYK M. SZCZĘSNY P., NOWAK K., SUMIŃSKA M., TOMCZYK-ŻAK K., ZIELENKIEWICZ U., SIKORA A.	(2011) 102: 10057-10064	32
PLoS ONE	Extending the aerolysin family: from bacteria to vertebrates.	SZCZĘSNY P., IACOVACHE I., MUSZEWSKA A., GINALSKI K., GOOT van der F.G., GRYNBERG M.	(2011) 6(6): e20349	
Acta Biochimica Polonica	Human hAtg2A protein expressed in yeast is recruited to preautophagosomal structure but does not complement autophagy defects of atg2Δ strain.	ROMANYUK D., POLAK A., MALESZEWSKA A., SIEŃKO M., GRYNBERG M., ŻOŁĄDEK T.	(2011) 58(3): 365-374	20
Molecular BioSystems	Poisson–Boltzmann continuum-solvation models: applications to pH-dependent properties of biomolecules.	ANTOSIEWICZ J.M., SHUGAR D.	(2011) 7: 2923-2949	32
European Journal of Cell Biology	Yeast Rsp5 ubiquitin ligase affects the actin cytoskeleton <i>in vivo</i> and <i>in vitro</i> .	KAMIŃSKA J., SPIESS M., STAWIECKA-MIROTA M., MONKAITYTE R., HAGUENAUER-TSAPIS R., URBAN-GRIMAL D., WINSOR B., ŻOŁĄDEK T.	(2011) 90: 1016-1028	27

Acta Physiologiae Plantarum	Involvement of phospholipase A ₂ in the response of <i>Solanum</i> species to an elicitor from <i>Phytophthora infestans</i> .	POLKOWSKA-KOWALCZYK L., WIELGAT B., MACIEJEWSKA U.	(2011) 33: 2521-2531	20
Antiviral Research	Thiated derivatives of 2',3'-dideoxy-3'-fluorothymidine: Synthesis, <i>in vitro</i> anti-HIV-1 activity and interaction with recombinant drug resistant HIV-1 reverse transcriptase forms.	MIAZGA A.A., HAMY F., LOUVEL S., KLIMKAIT T., PIETRUSIEWICZ Z., KURZYŃSKA-KOKORNIAN A., FIGLEROWICZ M., WIŃSKA P., KULIKOWSKI T.	(2011) 92: 57-63	32
Molecular and Cellular Biochemistry	Design and synthesis of CK2 inhibitors.	MAKOWSKA M., ŁUKOWSKA-CHOJNACKA E., WIŃSKA P., KUŚ A., BILIŃSKA A., BRETNER M.	(2011) 356:91-96	20
Acta Biochimica Polonica	Regulation of wound-responsive calcium-dependent protein kinase from maize (ZmCPK11) by phosphatidic acid.	KLIMECKA M.M., SZCZEGIELNIAK J., GODECKA L., LEWANDOWSKA-GNATOWSKA E., DOBROWOLSKA G., MUSZYŃSKA G.	(2011) 58(4): 589-595	20
Trends in Biochemical Sciences	RNA polymerase III under control: repression and de-repression.	BOGUTA M., GRACZYK D.	(2011) 36(9): 451-456	32
Autophagy	Identification and functional analysis of Joka2, a tobacco member of the family of selective autophagy cargo receptors.	ZIENTARA-RYTTER K., ŁUKOMSKA J., MONIUSZKO G., GWOZDECKI R., SUROWIECKI P., LEWANDOWSKA M., LISZEWSKA F., WAWRZYŃSKA A.K., SIRKO A.	(2011) 7(10): 1145-1158	32
Acta Biochimica Polonica	Effect of <i>Medicago sativa</i> Mhb 1 gene expression on defense response of <i>Arabidopsis thaliana</i> plants.	MAASSEN A., HENNIG J.	(2011) 58(3): 427-432	20
PLoS Genetics	Comparative Genomic Analysis of Human Fungal Pathogens Causing Paracoccidioidomycosis.	DESJARDINS CH. A., CHAMPION M.D., HOLDER J.W., MUSZEWSKA A., GOLDBERG J., BAILÃO A.M., BRIGIDO M.M., DA SILVA FERREIRA M.E., GARCIA A.M., GRYNBERG M., GUJJA S., HEIMAN D.I., HENN M.R., KODIRA CH.D., LEON-NARVAEZ H., LONGO L.V.G., MA L.-J., MALAVAZI I., MATSUO A.L., MORAIS F.V., PEREIRA MARISTELA, RODRIGUEZ-BRITO S., SAKTHIKUMAR S., SALEM-IZACC S.M., SYKES S.M., TEIXEIRA M.M. VALLEJO M.C., WALTER M.E.M.T., YANDAVA CH., YOUNG S., ZENG Q., ZUCKER J., FELIPE M.S., GOLDMAN G., HAAS B.J., McEWEN J.G., NINO-VEGA G., PUCCIA R., SAN-BLAS G., DE ALMEIDA SOARES C.M., BIRREN B.W., CUOMO CH.A.	(2011) 7(10): e1002345	32
Metallomics	The C2H2 zinc finger transcription factors are likely targets for Ni _(II) toxicity.	KUROWSKA E., SASIN-KUROWSKA J., BONNA A., GRYNBERG M., POZNAŃSKI J., KNIŻEWSKI Ł., GINALSKI K., BAL W.	(2011) 3: 1227-1231	

Plant Cell, Tissue and Organ Culture	Nuclear DNA content and chromosome number in somatic hybrid allopolyploids of <i>Solanum</i> .	SZCZERBAKOWA A., TARWACKA J., ŚLIWIŃSKA E., WIELGAT B.	(2011) 106: 373-380	27
Journal of Biological Chemistry	Maf1 protein, repressor of RNA polymerase III, indirectly affects tRNA processing.	KARKUSIEWICZ I.A., TUROWSKI T., GRACZYK D., TOWPIK J., DHUNGEL N., HOPPER A.K., BOGUTA M.	(2011) 286(45): 39478-39488	32
Chemistry - a European Journal	The Doping Effect of Fluorinated Aromatic Solvents on the Rate of Ruthenium-Catalysed Olefin Metathesis.	SAMOJŁOWICZ C., BIENIEK M., PAZIO A., MAKAL A., WOŹNIAK K., POATER A., CAVALLO L., WÓJCIK J., ZDANOWSKI K., GRELA K.	(2011) 17: 12981-12993	32
PLOS One	Phylogenetic and complementation analysis of a single-stranded DNA binding protein family from lactococcal phages indicates a non-bacterial origin.	SZCZEPANKOWSKA A.K., PRESTEL E., MARIADASSOU M., BARDOWSKI J.K., BIDNENKO E.	(2011) 6(11): e26942	
Molecular Biology and Evolution	Revisiting the yeast PPR proteins—application of an iterative hidden markov model algorithm reveals new members of the rapidly evolving family.	LIPIŃSKI K.A., PUCHTA O., SURENDRANATH V., KUDŁA M., GOLIK P.	(2011) 28(10): 2935-2948	32
Molecular Biology and Evolution	Two Nuclear Life Cycle-Regulated Genes Encode Interchangeable Subunits c of Mitochondrial ATP Synthase in <i>Podospira anserina</i> .	DEQUARD-CHABLAT M., SELLEM C.H., GOLIK P., BIDART F., MARTOS A., BIETENHADER M., DI RAGO J.-P., SAINSAARD-CHANET A., HERMANN LE DENMAT S., CONTAMINE V.	(2011) 28(7): 2063-2075	32
Molecular Plant - Microbe Interactions	Elevated Activity of Dolichyl Phosphate Mannose Synthase Enhances Biocontrol Abilities of <i>Trichoderma atroviride</i> .	ZEMBEK P., PERLIŃSKA-LENART U., BRUNNER K., REITHNER B., PALAMARCZYK G., MACH R., KRUSZEWSKA J.S.	(2011) 24(12): 1522-1529	32
Cellular and Molecular Life Sciences	Faithful chaperones.	SZOŁAJSKA E., CHROBOCZEK J.	(2011) 68: 3307-3322	32
Acta Biochimica Polonica	Analysis of potyvirus terminal protein VPg-transgenic <i>Arabidopsis thaliana</i> plants.	WOJTAL I., PIONTEK P., GRZELA R., JARMOŁOWSKI A., ZAGÓRSKI-OSTOJA W., CHROBOCZEK J.	(2011) 58(3): 349-53	20
Tumor Biology	Functional gene expression profile underlying methotrexate-induced senescence in human colon cancer cells.	DĄBROWSKA M., SKONECZNY M., RODE W.	(2011) 32(5): 965-76	27
PLoS ONE	Diploid-specific genome stability genes of <i>S. cerevisiae</i> : genomic screen reveals haploidization as an escape from persisting DNA rearrangement stress.	ALABRUDZIŃSKA M., SKONECZNY M., SKONECZNA A.	(2011) 6(6): e21124	
PLoS Genetics	Suppression of scant identifies endos as a substrate of greatwall kinase and a negative regulator of protein phosphatase 2A in mitosis.	RANGONE H., WEGEL E., GATT M.K., YEUNG E., FLOWERS A., DĘBSKI J., DADLEZ M., JANSSENS V., CARPENTER A.T.C., GLOVER D.M.	(2011) 7(8): e1002225	32

Clinica Chimica Acta	Circulating tenascin-C levels in patients with dilated cardiomyopathy in the course of Emery-Dreifuss muscular dystrophy.	NIEBROJ-DOBOSZ I., MADEJ-PILARCZYK A., MARCHEL M., SOKOŁOWSKA B., HAUSMANOWA-PETRUSEWICZ I.	(2011) (17-18): 1533-1538	32
Virus Research	Sequence diversity and potential recombination events in the coat protein gene of <i>Apple stem pitting virus</i> .	KOMOROWSKA B., SIEDLECKI P., KACZANOWSKI S., HASIÓW-JAROSZEWSKA B., MALINOWSKI T.	(2011) 158: 263-267	20
Molecular Cell	Interaction profiling identifies the human nuclear exosome targeting complex.	LUBAS M., CHRISTENSEN M.S., KRISTIANSEN M.S., DOMAŃSKI M., FALKENBY L.G., LYKKE-ANDERSEN S., ANDERSEN J.S., DZIEMBOWSKI A., JENSEN T. H.	(2011) 43: 624-637	32
PLoS ONE	Comprehensive structural and substrate specificity classification of the <i>Saccharomyces cerevisiae</i> methyltransferome.	WŁODARSKI T., KUTNER J., TOWPIK J., KNIŻEWSKI Ł., RYCHLEWSKI L., KUDLICKI A., ROWICKA M., DZIEMBOWSKI A., GINALSKI K.	(2011) 6(8): e23168	
Transplantation Proceedings	Rehabilitation and 6-minute walk test after liver transplantation.	FORONCEWICZ B., MUCHA K., SZPARAGA B., RACZYŃSKA J., CISZEK M., PILECKI T., KRAWCZYK M., PAĆZEK L.	(2011) 43: 3021-3024	20
Transplantation Proceedings	Dietary supplements and herbal preparations in renal and liver transplant recipients.	FORONCEWICZ B., MUCHA K., GRYSZKIEWICZ J., FLORCZAK M., MULKA A., CHMURA A., SZMIDT J., PATKOWSKI W., PAĆZEK L.	(2011) 43: 2935-2937	20
Scandinavian Journal of Clinical & Laboratory Investigation	Osteopontin - a fibrosis-related marker - in dilated cardiomyopathy in patients with Emery-Dreifuss muscular dystrophy.	NIEBROJ-DOBOSZ I., MADEJ-PILARCZYK A., MARCHEL M., SOKOŁOWSKA B., HAUSMANOWA-PETRUSEWICZ I.	(2011) 71: 658-662	20
Biocybernetics and Biomedical Engineering	³¹ P high resolution NMR spectroscopy in analysis of phosphate-containing compounds of bile.	TOCZYŁOWSKA B., PIOTROWSKI M., CHALIMONIUK M.	(2011) 31(1): 63-71	9
Current Pharmaceutical Biotechnology	Substrate Reduction Therapies for Mucopolysaccharidoses.	JAKÓBKIEWICZ-BANECKA J., PIOTROWSKA A., GABIG-CIMIŃSKA M., BORYSIEWICZ E., SŁOMIŃSKA-WOJEWÓDZKA M., NARAJCZYK M., WĘGRZYN A., WĘGRZYN G.	(2011) 12: 1860-1865	27
Molecular Biology and Evolution	Independent Subtilases Expansions in Fungi Associated with Animals.	MUSZEWSKA A., TAYLOR J., SZCZĘSNY P., GRYNBERG M.	(2011) 28(12): 3395-3404	32
The FASEB Journal	Effects of myosin heavy chain (MHC) plasticity induced by HMGCoA-reductase inhibition on skeletal muscle functions.	TRAPANI L., MELLI L., SEGATTO M., TREZZA V., CAMPOLONGO P., JÓŻWIAK A., ŚWIEŻEWSKA E., PUCILLO L.P., MORENO S., FANELLI F., LINARI M., PALLOTTINI V.	(2011) 25: 4037-4047	32
Biochemical Journal	The human Suv3 helicase interacts with replication protein A and flap endonuclease 1 in the nucleus.	VENØ S.T., KULIKOWICZ T., PESTANA C., STĘPIEŃ P.P., STEVNSNER T., BOHR V.A.	(2011) 440: 293-300	32

Acta Crystallographica Section D: Biological Crystallography	Human Suv3 protein reveals unique features among SF2 helicases.	JEDRZEJCZAK R., WANG J., DAUTER M., SZCZĘSNY R.J., STĘPIEŃ P.P., DAUTER Z.	(2011) D67: 988-996	32
RNA Biology	Involvement of human ELAC2 gene product in 3'end processing of mitochondrial tRNAs.	BRZEZNIAK L.K., BIJATA M., SZCZĘSNY R.J., STĘPIEŃ P.P.	(2011) 8(4): 616-626	
Plant Science	Structure, function and membrane interactions of plant annexins: An update.	KONOPKA-POSTUPOLSKA D., CLARK G., HOFMANN A.	(2011) 181: 230-241	27
Biotechniques	Ethylene emitted by nylon membrane filters questions their usefulness to transfer plant seedlings between media.	MONIUSZKO G., LASKA-OBERNDORFF A., CRISTESCU S.M., HARREN F.J.M. SIRKO A.	(2011) 51(5): 329-333	27
Biodrugs	Potential of bacteriophages and their lysins in the treatment of MRSA: current status and future perspectives.	BORYSOWSKI J., ŁOBOCKA M.B., MIĘDZYPBRODZKI R., WEBER-DĄBROWSKA B., GÓRSKI A.	(2011) 25(6): 347-355	27
Journal of Proteome Research	Unbiased Functional Proteomics Strategy for Protein Kinase Inhibitor Validation and Identification of <i>bona fide</i> Protein Kinase Substrates: Application to Identification of EEF1D as a Substrate for CK2.	GYENIS L., DUNCAN J., TUROWEC J.P., BRETNER M., LITCHFIELD D.W.	(2011) 10: 4887-4901	32
Biochimica et Biophysica Acta - Proteins and Proteomics	Binding studies of truncated variants of the A β peptide to the V-domain of the RAGE receptor reveal A β residues responsible for binding.	GOSPODARSKA E., KUPNIEWSKA-KOZAK A., GOCH G., DADLEZ M.	(2011) 1814: 592-609	27
Quaternary International	First ancient DNA sequences of the Late Pleistocene red deer (<i>Cervus elaphus</i>) from the Crimea, Ukraine.	STANKOVIC A., DOAN K., MACKIEWICZ P., RIDUSH B., BACA M., GROMADKA R., SOCHA P., WĘGLEŃSKI P., NADACHOWSKI A., STEFANIAK K.	(2011) 245: 262-267	27
OMICS: A Journal of Integrative Biology	SnRK2 protein kinases-key regulators of plant response to abiotic stresses.	KULIK A., WAWER I., KRZYWIŃSKA E., BUCHOLC M., DOBROWOLSKA G.	(2011) 15(12): 859-872	32
Journal of Proteomics	Proteomic characterization of biogenesis and functions of matrix vesicles released from mineralizing human osteoblast-like cells.	THOUVEREY C., MALINOWSKA A., BALCERZAK M., STRZELECKA-KILISZEK A., BUCHET R., DADLEZ M., PIKUŁA S.	(2011) 74(7): 1123-34	
RNA Biology	The eukaryotic RNA exosome Same scaffold but variable catalytic subunits.	LYKKE-ANDERSEN S., TOMECKI R., JENSEN T. H., DZIEMBOWSKI A.	(2011) 8(1): 61-66	
Medical Science Monitor	Two-year follow-up of Sanfilippo Disease patients treated with a genistein-rich isoflavone extract: Assessment of effects on cognitive functions and general status of patients.	PIOTROWSKA E., JAKÓBKIEWICZ-BANECKA J., MARYNIAK A., TYLKI-SZYMAŃSKA A., PUK E., LIBEREK A., WĘGRZYN A., CZARTORYSKA B., SŁOMIŃSKA-WOJEWÓDZKA M., WĘGRZYN G.	(2011) 17(4): CR196-202	20

	PLoS Genetics	Autosomal Recessive Dilated Cardiomyopathy due to <i>DOLK</i> Mutations Results from Abnormal Dystroglycan O-Mannosylation.	LEFEBER D.J., DE BROUWER A.P., MORAVA E., RIEMERSMA M., SCHUURS-HOEIJMAKERS J.H.M., ABSMANNER B., VERRIJP K., AKKER van der W.M.R., HUIJBEN K., STEENBERGEN G., REEUWIJK van J., JÓŹWIĄK A., ZUCKER N., LORBER A., LAMMENS M., KNOPF C., BOKHOVEN van H., GRÜNEWALD S., LEHLE L., KAPUSTA L., MANDEL H., WEVERS R.A.	(2011) 7(12): e1002427	32
	PLoS ONE	LTR Retrotransposons in Fungi.	MUSZEWSKA A., HOFFMAN-SOMMER M., GRYNBERG M.	(2011) 6(12): e29425	
	Postępy Mikrobiologii	Molekularne mechanizmy odporności bakterii kwasu mlekowego na	GÓRECKI R.K., BARDOWSKI J.K.,	(2011) 50(4): 265-273	6
	Acta Biochimica Polonica	Different statins produce highly divergent changes in gene expression profiles of human hepatoma cells: a pilot study.	LESZCZYŃSKA A., GÓRA M., PŁOCHOCKA D., HOSER G., SZKOPIŃSKA A., KOBLOWSKA M., IWANICKA-NOWICKA R., KOTLIŃSKI M., RAWA K. KILISZEK M., BURZYŃSKA B.,	(2011) 58(4): 635-639	20
	Physical Chemistry Chemical Physics	On the aromatic stabilization of corannulene and coronene.	DOBROWOLSKI M.A., CIESIELSKI A., CYRAŃSKI M.K.,	(2011) 13: 20557-20563	32
b) zagranicznych	Journal of Aging Research	The role of the mitochondrial genome in ageing and carcinogenesis.	CZARNECKA A., BARTNIK E.	(2011) Article ID 136435, 10 pages	
4	International Journal of Biometrics	Extraction of biomedical traits for patients with Amyotrophic Lateral Sclerosis using parallel and hierarchical classifiers.	JÓŹWIĄK A., SOKOŁOWSKA B., NIEBROJ-DOBOSZ I., JANIK P., KWIECIŃSKI H.	(2011) 3(1): 85-94	
	Journal of Medical Informatics & Technologies	Estimation of significance of AlkB and AlkA proteins in DNA repair in <i>Escherichia coli</i> model.	SOKOŁOWSKA B., MACIEJEWSKA A.M., JÓŹWIĄK A., KUŚMIEREK J.T.	(2011) 17: 321-326	6
	Nucleus	Identification of new in vivo phosphosites on lamin Dm - the evidence of heterogeneity of phosphorylation sites in different <i>Drosophila</i> tissues.	ZAREMBA-CZOGALLA M., GAGAT P., KOZIOŁ K., DUBIŃSKA-MAGIERA M., SIKORA J., DADLEZ M., RZEPECKI R.	(2011) 2(5): 478-488	
c) polskich o zasięgu co najmniej krajowym	Medycyna Rodzinna	Gorzkie życie "słodkich" ludzi.	DZIUBAN D., KOWALCZYK P., FIŁOCHA M.	(2011) 2: 11-15	2
3	Postępy Nauk Medycznych	Biosynthesis, post-translational modifications, maturation, and physiological function of human thyroid peroxidase.	GODLEWSKA M., GARDAS A., GÓRA M.	(2011) t.XXIV, nr 11: 917-923	6
	Nauka	Reakcja Hilla - alternatywa energetyki jądrowej.	BUCHOWICZ J.	(2011) 4: 63-66	9
d) polskich o zasięgu lokalnym	Biologia w Szkole. Czasopismo dla Nauczycieli	Aptamery - niezwykle fragmenty RNA.	OLSZAK K., KOWALCZYK P.	(2011) 2: 17-25	
2	Academia	Społeczne życie bakterii.	ZIELENKIEWICZ U.	(2011) 1(25): 8-11	

II.1.2. Wykaz monografii naukowych i podręczników akademickich autorstwa, współautorstwa lub pod redakcją pracowników placówki

liczba ogółem	wydawca monografii/ podręcznika	tytuł	autor	rok, tom, strona	język
a) autorstwo monografii lub podręcznika w jęz. obcym					
0					
b) autorstwo monografii lub podręcznika w jęz. polskim					polski
0					polski
					polski
c) autorstwo rozdziału w monografii lub podręczniku w jęz. obcym	Royal Society of Chemistry	Genotoxicity of metal ions: chemical insights. Chapter in: Metal Ions in Life Sciences.	BAL W., PROTAS A.M., KASPRZAK K.S.	2011, v.8 p.319-373	angielski
3	RSC Publishing	Applications of spin-spin couplings. Chapter in: Nuclear Magnetic Resonance.	KAMIEŃSKA-TRELA K., WÓJCIK J.	(2011) 40: 162-204	angielski
	RSC Publishing	NMR of carbohydrates, lipids and membranes. Chapter in: Nuclear Magnetic Resonance.	ŚWIEŻEWSKA E., WÓJCIK J.	(2011) 40: 344-390	angielski
d) autorstwo rozdziału w monografii lub podręczniku w jęz. polskim	Powszechne Wydawnictwo Rolnicze i Leśne	Rozwój mikroorganizmów w przedłożkach przeżuwaczy. Rozdział w: Fizjologia noworodka z elementami patofizjologii / pod red. W. Skrzypczaka, T. Stefaniaka, R. Zabielskiego.	SIKORA A.	2011, podrozdział 10.8, str. 266-273	polski
2	Powszechne Wydawnictwo Rolnicze i Leśne	Potencjał antyoksydacyjny noworodków - hipoksja. Rozdział w: Fizjologia noworodka z elementami patofizjologii / pod red. W. Skrzypczaka, T. Stefaniaka, R. Zabielskiego.	TUDEK B., KOWALCZYK P.	2011, rozdział 7, str. 183-197	polski
					polski
e) redakcja monografii lub podręcznika					
0					

II. Aktywność naukowa placówki

II.2. Realizowane projekty badawcze

Projekty badawcze		
II.2.1. finansowane przez podmioty/instytucje krajowe	Tytuł projektu	Typ projektu
	Predykcja mutacji prowadzących do oporności (directed resistance mutations) na antybiotyki u wybranych bakterii chorobotwórczych, w oparciu o analizę tempa presji selekcyjnej genów-celów antybiotykowych.	działalność statutowa
	Charakterystyka funkcji białek, oddziaływujących z ParA/ParB w komórkach <i>Pseudomonas aeruginosa</i> oraz próba identyfikacji nieznanych do tej pory partnerów ParA.	działalność statutowa
	Znaczenie białka Psf1 w kompleksie replikacyjnym w kształtowaniu wierności chromosomalnego DNA.	działalność statutowa
	Molekularny mechanizm działania enzymu E1 w procesie ubikwitynacji. Badanie dynamiki pierwszej cysteinowej domeny katalitycznej w roztworze przy pomocy spektroskopii NMR.	działalność statutowa
	Badanie fosforylacji ligazy ubikwitynowej Rsp5 przez kinazę białkową A.	działalność statutowa
	Fosfatazy z grupy PP2C A jako potencjalne regulatory kinaz SnRK2 z grupy II i III.	działalność statutowa
	Udział TFIIIS4 w syntezie niekodujących transkryptów RNA zaangażowanych w rearanżację genomu <i>Paramecium tetraurelia</i> .	działalność statutowa
	Analiza minireplikonu plazmidu RA3 z grupy IncU.	działalność statutowa
	Funkcja dioksygenaz AlkB u pro- i eukariota ze szczególnym uwzględnieniem organizmów fotosyntetyzujących.	działalność statutowa
	Powiązania metabolizmu etylenu oraz kwasu jasmonowego z odpowiedzią roślin na głodzenie siarkowe.	działalność statutowa
	Badanie mechanizmu cytoplazmatyczno-jądrowego transportu bakteryjnego efektoru HopQ1 w komórkach roślinnych.	działalność statutowa
	Rola wariantu H1.3 histonu łącznikowego H1 w odpowiedzi <i>Arabidopsis thaliana</i> na warunki stresu abiotycznego - określenie globalnego profilu transkrypcji w roślinach <i>Arabidopsis</i> o fenotypie dzikim i mutantach <i>h1.3</i> dla warunków normalnych i stresowych.	działalność statutowa
	Określenie polimorfizmu znacznika molekularnego GP122 i jego otoczenia, w odmianach ziemniaka z odpowiedzią krańcową ER i bez tej odpowiedzi.	działalność statutowa
	Funkcjonalna analiza nowego modułu koniugacyjnego z plazmidu RA3 o szerokim zakresie gospodarzy z grupy niezgodności IncU.	działalność statutowa
	Analiza transkrypcyjna modułu stabilizacyjnego plazmidu RA3.	działalność statutowa
	Badanie roli białka Emp24 w tworzeniu pęcherzyków transportujących typu COP-I w aparacie Golgiego u drożdży <i>S. cerevisiae</i> .	własny
	S-nitrozylacja białek oraz fosforylacja zależna od kinazy Cdk5 - badania proteomiczne frakcji synaprosomalnej myszy transgenicznym będących modelem choroby Alzheimera.	własny
	Szlaki naprawy uszkodzeń DNA indukowanych przez produkt peroksydacji lipidów <i>yrans</i> -4-hydroksy-2-nonenal i ich rola w stabilności genomu i procesach starzenia.	własny
	Transgeniczne rośliny tytoniu o niskiej zawartości alkaloidów jako źródło zrekombinowanych białek cytokin IL-2 i GMCSF oraz ich fuzji z antygenami szczepionkowymi.	własny
	Badania właściwości strukturalnych białka S100A1 jako łącznika pomiędzy dwoma szlakami sygnałowymi: wapniowym i oksydacyjno-redukcyjnym.	własny
	Badania szlaków sygnałowych w różnych typach interakcji genotypów <i>Solanum</i> z <i>Phytophthora infestans</i> .	własny
	Segregacja chromosomów u <i>Pseudomonas aeruginosa</i> - rola białek ParA/ParB i wybranych białek gospodarza w tym procesie.	własny
	Analiza funkcjonalna produktów genów At1g11780, At3g14160 i At5g01780 <i>Arabidopsis thaliana</i> - homologów strukturalnych bakteryjnego białka AlkB.	własny
	Charakterystyka roli wybranych białek kodowanych przez geny indokowane w roślinach w odpowiedzi na niedobór siarki w podłożu.	własny
	Rola białka Nudix AtNUDT7 w odpowiedzi roślin na stres.	własny

Badanie szlaków sygnałowych zranienia z udziałem ZmCPK11 u kukurydzy.	własny
Odpowiedź obronna a program rozwojowy roślin - badanie roli białka SGT1 w przeciwstawnej regulacji tych procesów.	własny
Strukturalna analiza N-końcowego obszaru białka Dis3 (Rrp44) odpowiedzialnego za nową endonukleolityczną aktywność głównej rybonukleazy organizmów eukariotycznych, kompleksu egzozomu.	własny
Analiza funkcjonalna ludzkiego kompleksu egzozomu będącego podstawą egzorybonukleazą organizmów eukariotycznych.	własny
Analiza metagenomiczna zespołu bakterii prowadzących fermentację wodorową w hodowli ciągłej na substratach odpadowych oraz ilościowe i jakościowe oznaczenia końcowych niegazowanych produktów fermentacji.	własny
Mechanizmy kontrolujące w komórkach drożdży <i>S. cerevisiae</i> poziom polimerazy eta-polimerazy DNA tolerującej uszkodzenia matrycy.	własny
Zastosowanie technologii mikromacierzowej do identyfikacji genów drożdży <i>Saccharomyces cerevisiae</i> odpowiedzialnych za naprawę dwuniciowych pęknięć DNA	własny
Zastosowanie narzędzi genomiki funkcjonalnej w celu charakterystyki różnych form odporności ziemniaka (<i>Solanum tuberosum</i> L.) na infekcję wirusa PVY.	własny
Struktura i funkcja genu kodującego ZmCPK11	własny
Zmiany profilu białkowego i transkrypcyjnego w mutantach regulatorowych <i>Aspergillus nidulans</i> jako konsekwencja nadprodukcji lub niedoboru związków siarkowych.	własny
Udział kompleksu GINS w kontroli wierności replikacji DNA.	własny
Analiza funkcjonalna regionów centromerowych oraz zakresu partycyjnego plazmidu pSM19035.	własny
Poliizoprenoidy - biosynteza oraz rola produktów ich utleniania.	własny
Rola histonu H1 w zależnym od polycomb mechanizmie pamięci komórkowej.	własny
Wpływ niekatalitycznej podjednostki holoenzymu polimerazy DNA epsilon, białka Dpb2, na wierność replikacji DNA w drożdżach <i>Saccharomyces cerevisiae</i> .	własny
Koordynacja transkrypcji dojrzewania i kontroli eukariotycznych tRNA.	własny
Peptydowe chelatory kompetycyjne jako narzędzie dla opisu oddziaływań jonu Cu(II) z peptydem Ab. Poszukiwania nowych mechanizmów molekularnych kontroli toksyczności w chorobie Alzheimera.	własny
Modyfikacje chromatyny odpowiedzialne za zmiany ekspresji genów u roślin w warunkach adaptacji do stresu.	własny
Biologia pałeczki ropy błękitnej – analiza transkryptomyczna mutantów par <i>Pseudomonas aeruginosa</i> .	własny
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.	własny
Glikozylacja białek <i>Candida albicans</i> : wpływ na powstawanie form wirulentnych i wrażliwość na czynniki zewnętrzne.	własny
Mitochondrialna rekombinacja homologiczna w komórkach <i>Saccharomyces cerevisiae</i> : charakterystyka zaangażowanych genów i rola w stabilizacji genomu mitochondrialnego.	własny
Donosowa szczepionka przeciw grypowa dla zwierząt.	własny
Wpływ fosforylacji białka SGT1 na odpowiedź roślin na infekcję.	własny
Mechanizmy regulacji struktury chromatyny w modelowej roślinie <i>Arabidopsis thaliana</i> .	własny
Rola niekodujących RNA podczas ustanawiania czasu spoczynkowego nasion.	własny
Kompleksowa analiza proteomiczna maszyneryi komórkowej służącej do degradacji RNA u kręgowców.	własny
<i>Saccharomyces cerevisiae</i> jako modelowy organizm do badania biochemicznych i molekularnych efektów mutacji w syntazie ATP zidentyfikowanych w komórkach nowotworowych.	własny
Analiza strukturalna procesu ubikwitynacji na przykładzie kompleksu domeny katalitycznej enzymu E1 z ubikwityną metodą spektroskopii NMR.	własny
Badanie roli kompleksu remodelującego chromatynę typu SWI/SNF w regulacji odpowiedzi <i>Arabidopsis thaliana</i> na stres środowiskowy.	własny

Analiza wierności syntezy holoenzymu polimerazy DNA epsilon - badania <i>in vitro</i> wpływu niekatalitycznej, drożdżowej podjednostki Dpb2p.	własny
Udział polimerazy DNA epsilon w kontroli prawidłowego przebiegu cyklu komórkowego w drożdżach <i>Saccharomyces cerevisiae</i> .	własny
Analiza funkcjonalna eukariotycznych homologów bakteryjnych białka AlkB w kurzycach limfocytach linii DT40.	własny
Charakterystyka tkanek i komórek myszy <i>Ercc1</i> -/- jako modelu do badań nad wpływem stresu oksydacyjnego na procesy starzenia.	własny
Charakterystyka molekularna i funkcjonalna transportera siarczanowego AstA u grzybnowych patogenów roślin uprawnych.	własny
System transferu koniugacyjnego z plazmidu pCTX-M3 o szerokim zakresie gospodarzy i próba wykorzystania tego systemu do terapii antybakteryjnej.	własny
Badanie wierności replikacji DNA z udziałem polimerazy DNA faga RB69 oraz badanie oddziaływań polimerazy z białkami replisomu.	własny
Analiza funkcjonalna HopQ1, czynnika zwiększającego zjadliwość szczepów <i>Pseudomonas syringae</i> atakujących fasolę.	własny
Identyfikacja funkcji biologicznej, mechanizmów działania oraz potencjalnego znaczenia biotechnologicznego nieznanych dotąd genów wczesnej odpowiedzi transkrypcyjnej na stres abiotyczny u <i>Arabidopsis thaliana</i> .	własny
Identyfikacja i charakterystyka białek zaangażowanych w regulację rearanżacji genomu <i>Paramecium tetraurelia</i> z udziałem niekodujących RNA.	własny
Sprzężenie aktywności polimerazy III RNA z metabolizmem glukozy u drożdży <i>Saccharomyces cerevisiae</i> .	własny
Analiza funkcji kompleksów remodelujących chromatynę typu SWI/SNF w regulacji czasu kwitnienia u <i>Arabidopsis</i> .	własny
Analiza filogeograficzna populacji jesiota zachodniego i ostronosego w Europie oraz Ameryce Północnej.	własny
Komórkowe systemy tolerancji uszkodzeń DNA: Nowe mechanizmy stymulujące syntezę poprzez uszkodzenia DNA.	własny
Aneksyny jako uniwersalny modulator funkcji błony komórkowej.	własny
Opracowanie kultury bakterii do produkcji twarogu z podgęszczanego mleka ze zwróceniem uwagi na zdolność fermentacji mleka, produkcję aromatu, EPS i bakteriocyn.	własny
Charakterystyka dzikich szczepów z rodzaju <i>Lactococcus</i> i <i>Lactobacillus</i> , pozyskanych dla produkcji żywności bezpośrednio z próbek mleka i artykułów mleczarskich produkowanych w gospodarstwach rolnych.	własny
Analiza funkcji białek z rodziny RCF-potencjalnych receptorów błonowych szlaku giberelinowego u <i>Arabidopsis</i> ze szczególnym uwzględnieniem regulacji na poziomie chromatyny.	własny
Rola nie kodujących RNA w adaptacji do warunków lokalnych.	własny
Ludzkie aneksyny A1 i A2, wraz z formami ufosforylowanymi, jako cel molekularny matalo-zależnej hydrolizy wiązania peptydowego w kontekście toksykologicznym.	własny
Mechanizm regulacji syntezy podjednostki szóstej mitochondrialnej sentazy ATP przez pośrednie subkompleksy powstające w trakcie procesu składania enzymu.	własny
Krystalografia enzymów naprawy DNA jako narzędzie do badania specyficzności substratowej i mechanizmu hamowania.	własny
Przypisywanie funkcji potencjalnym regulatorom transkrypcji u <i>Lactococcus lactis</i> IL1403 przy użyciu globalnych podejść badawczych, takich jak mikromacierze i proteomika różnicowa.	własny
Funkcja i lokalizacja wewnątrzkomórkowa Hsp31p - białka odpowiedzi na stres z komórek <i>Saccharomyces cerevisiae</i> ; implikacje funkcjonalne dla jego ortologa z <i>Candida albicans</i> .	własny
Funkcjonalna i biochemiczna charakterystyka sensowa wapnia SCS u rzodkiewnika.	własny

Analiza proteomu rejonów regulatorowych stresindukowalnego genu h1.3, u <i>A. thaliana</i> , z zastosowaniem zmodyfikowanej metody PICCh o zwiększonej czułości.	własny
Charakterystyka Biochemiczna, strukturalna i funkcjonalna roślinnego kompleksu egzosomu, z wykorzystaniem <i>Arabidopsis thaliana</i> jako organiozmu modelowego.	własny
Nowe środki alkilujące mniejszą bruzdę helisy DNA - projektowanie, synteza i badanie właściwości przeciwnowotworowych.	własny
Rola histonów łącznikowych H1 w gametogenezie i embriogenezie u <i>Arabidopsis thaliana</i> .	własny
Badanie eksperymentalne sprzeczności pomiędzy definicją skali pH i warunkami panującymi w strukturach wewnątrzkomórkowych. Spektroskopia fluorescencyjna i NMR wskaźników molekularnych w liposomach.	własny
Badanie sumoylacji na poziomie całego organizmu w nicieniu <i>Caenorhabditis elegans</i> .	własny
Udział polimerazy DNA eta (Pol n) w mutageniezie spontanicznej drożdży <i>Saccharomyces cerevisiae</i> .	promotorski
Wirusowe białko VPg, badania strukturalne i funkcjonalne.	promotorski
Identyfikacja miejsca wiązania peptydu AB40 w cząsteczce albumy (HSA).	promotorski
Badanie dynamiki białka S100A1 i jego glutationylowanej pochodnej metodą magnetycznej relaksacji jądrowej.	promotorski
Badanie wpływu inhibitorów szlaku miewalonowego na komórkę przy użyciu drożdży <i>Saccharomyces cerevisiae</i> .	promotorski
Molekularne mechanizmy regulacji struktury chromatyny u <i>Arabidopsis</i> - rola histonu H1 i ATPaz z rodziny SNF2.	promotorski
Udział deacetylaz histonowych w modulacji stanu chromatyny w <i>Arabidopsis thaliana</i> .	promotorski
Analiza bioróżności grupy <i>Actinobacteria</i> biofilmu naskalnego z kopalni złota w Złotym Stoku.	promotorski
Badania <i>in vivo</i> udziału drożdżowej podjednostki Dpb2p, polimerazy DNA epsilon, w kontroli wierności replikacji DNA - spektrum mutagenyzy.	promotorski
Biotechnologiczne zastosowanie hydrolizy wiązania peptydowego z udziałem jonów niklowych. Wpływ mutacji punktowych w obrębie sekwencji aktywnej na wydajność odcinania etykiety powinowactwa.	promotorski
Wpływ mieszanych narażeń na nikiel i inne metale karcynogenne na integralność palca cynkowego Sp1-3	promotorski
Funkcja dioksygenaz AlkB u pro- i eukariota ze szczególnym uwzględnieniem organizmów fotosyntetyzujących.	promotorski
Rola białka kodowanego przez gen DMR1 drożdży <i>Saccharomyces cerevisiae</i> w ekspresji genów mitochondrialnych.	promotorski
Funkcjonalna analiza nowego typu modułu koniugacyjnego z plazmidu RA3 o szerokim zakresie gospodarzy z grupy niezgodności IncU.	promotorski
Regulacja transkrypcji z udziałem polimerazy III RNA: Rola ewolucyjnie konserwowanych domen represora Maf1.	promotorski
Rola prenylacji białek i lipidów prenylowych w transporcie pęcherzykowym w roślin.	zamawiany
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.	zamawiany
Otrzymanie i molekularna analiza międzygatunkowych mieszańców somatycznych <i>Solanum</i> jako nowego źródła odporności na <i>Phytophthora infestans</i> dla ziemniaka uprawnego.	zamawiany
Ruchome elementy genetyczne bakterii - analiza molekularna i wykorzystanie do konstrukcji narzędzi dla przemysłu biotechnologicznego.	zamawiany
Ruchome elementy genetyczne bakterii - analiza molekularna i wykorzystanie do konstrukcji narzędzi dla przemysłu biotechnologicznego. Punkt 1.2, 2.2, 2.4, 3.3, 4.1 harmonogramu.	zamawiany
Ruchome elementy genetyczne bakterii - analiza molekularna i wykorzystanie do konstrukcji narzędzi dla przemysłu biotechnologicznego. Punkt 4.1, 4.2 harmonogramu.	zamawiany
Ruchome elementy genetyczne bakterii - analiza molekularna i wykorzystanie do konstrukcji narzędzi dla przemysłu biotechnologicznego. Punkt 3.1 harmonogramu.	zamawiany

	Ruchome elementy genetyczne bakterii - analiza molekularna i wykorzystanie do konstrukcji narzędzi dla przemysłu biotechnologicznego. Punkt 2.3 harmonogramu.	zamawiany
	Ruchome elementy genetyczne bakterii - analiza molekularna i wykorzystanie do konstrukcji narzędzi dla przemysłu biotechnologicznego. Punkt 1.1, 2.4 harmonogramu.	zamawiany
	Ruchome elementy genetyczne bakterii - analiza molekularna i wykorzystanie do konstrukcji narzędzi dla przemysłu biotechnologicznego. Punkt 3.2 harmonogramu.	zamawiany
	Badania systemowe czynników genetycznych choroby wieńcowej.	rozwojowy
	Opracowanie metod: profilowania metabolicznego i ilościowego oznaczania w materiale klinicznym panelu leków immunosupresyjnych oraz oceny ryzyka podania pacjentowi azatiopryny.	rozwojowy
	Badanie genomów bakterii probiotycznych <i>L. casei</i> i <i>paracasei</i> .	rozwojowy
	Podstawy zabezpieczenia potrzeb paliwowych polskiej energetyki jądrowej - zadanie 4 i 7	strategiczny
	Identyfikacja i charakterystyka czynników zaangażowanych w syntezę niekodujących RNA biorących udział w regulacji rearanżacji genomu <i>Paramecium tetraurelia</i> .	luventus
	Poszukiwanie nowych RNAz w metabolizmie mitochondrialnym <i>Saccharomyces cerevisiae</i> .	luventus
	Biogeneza kryptycznych niekodujących RNA u <i>Arabidopsis thaliana</i> .	luventus
	Wysokoprzepustowe analizy podstawowych ścieżek degradacji RNA w komórkach ludzkich ze szczególnym uwzględnieniem substratów kompleksu egzosomu.	luventus
	Cyklonukleozydy pirymidynowe jako dogodne substraty do syntezy skondensowanych układów heterocyklicznych o potencjalnym działaniu przeciwłukowym, przeciwdepresyjnym oraz przeciwdrgawkowym.	luventus
	Specyficzna odpowiedź transkryptomu <i>Arabidopsis thaliana</i> Col-0 na uszkodzenia DNA wywołane czynnikiem metylującym MMS.	luventus
	Wieloskalowy system selekcji celów i projektowanie inhibitorów <i>in silico</i> .	luventus
	Wsparcie międzynarodowej mobilności naukowców.	Mobilność Plus
	Nowa metoda oczyszczania białek rekombinowanych.	strukturalny
	Centrum biotechnologii produktów leczniczych. Pakiet innowacyjnych biofarmaceutyków dla terapii i profilaktyki ludzi i zwierząt.	strukturalny
	Optymalizacja charakterystyki i przygotowania preparatów fagowych do celów terapeutycznych.	strukturalny
	Zastosowanie pochodnych poliizoprenoidów jako nośników leków i regulatorów.	strukturalny
	Inżynierowanie szczepów <i>Trichoderma</i> o wzmocnionych właściwościach biokontrolnych.	strukturalny
	Biocentrum Ochota - infrastruktura informatyczna dla rozwoju strategicznych kierunków biologii i medycyny.	strukturalny
	Opracowanie metody wykrywania markerów wskazujących na predyspozycję do rozwoju insulinooporności.	strukturalny
	Platforma informatyczna baz danych dla efektywnego wykorzystania wyników prac badawczych.	strukturalny
	Elektrochemiczne biocujniki do detekcji aktywacji receptorów RAGE – narzędzia taniej teranostyki.	strukturalny
	Metagenomy jako źródło nowoczesnych narzędzi biotechnologicznych służących do bioremediacji i biotransformacji.	strukturalny
	Krajowe Laboratorium Multidyscyplinarne Nanomateriałów Funkcjonalnych.	strukturalny
	Centrum Badań Przedklinicznych i Technologii.	strukturalny
	Macromolecular assemblies involved in RNA metabolism.	strukturalny
	Metal-dependent peptide hydrolysis. Tools and mechanisms for biotechnology, toxicology and supramolecular chemistry.	strukturalny
	Widespread and potent non-coding RNA in plants genome regulation, development and evolution.	strukturalny
	PhD Programme in Molecular Biology: Studies of nucleic acids and proteins - from basic to applied research.	strukturalny
Ogółem	New proteins implicated in regulation of tRNA transcription in yeast <i>Saccharomyces cerevisiae</i> .	strukturalny
142	Proteomics in characterisation of selected protein assemblies.	strukturalny
III.147		

II.2.2. finansowane przez podmioty/instytucje zagraniczne (np. ramowe Programy UE; programy NATO)	Tytuł projektu	Typ projektu
	Opracowanie techniki wysokowydajnej rekombinacji u Gram-dodatnich komensalnych bakterii człowieka oraz bakterii stosowanych w produkcji żywności.	Francja
	Naprawa uszkodzeń DNA indukowanych przez produkty peroksydacji lipidów: nowe białka, nowe czynniki ryzyka i cele terapeutyczne.	Francja
	Zastosowanie metod molekularnych do kontroli przepływu siarki w roślinach poprzez wybiórczą deregulację kompleksów syntazy cysteinowej.	Niemcy
	TFE as the 3D-fold inducer. Application for domain 4 of <i>E. coli</i> RNAP $\Sigma 70$.	Włochy
	The AlkB and its eukaryotic homologues - the role in DNA repair and the possible role in cancer etiology and target in cancer therapy.	Norwegia
	Mechanizmy molekularne warunkujące kiełkowanie na kłosie.	
	Molekularne podstawy choroby Alzheimera. Możliwości projektowania nowych inhibitorów agregacji białka Tau.	VENTURE
	Reprogramming of chromatin complexes by nc RNA	EMBO
	Evolution of the protein-interaction Networks: the SH3 network in Yeast.	UE
	Oddziaływania domen SH3 w komórkach drożdży <i>Saccharomyces cerevisiae</i> .	Dofinansowanie do udziału w projekcie międzynarodowym
	Identyfikacja i weryfikacja paneli markerów chorób układu moczowego i nerek w proteomicznej analizie białek moczu.	Dofinansowanie do udziału w projekcie międzynarodowym
	Rola kinaz SNRK2 (SNF1-related protein kinases 2) w regulacji wrażliwości roślin na stres deficytu wody i zasolenia.	Dofinansowanie do udziału w projekcie międzynarodowym
	System biology of <i>Mycobacterium tuberculosis</i> .	UE
	Biologia systemów <i>Mycobacterium tuberculosis</i> .	Dofinansowanie do udziału w projekcie międzynarodowym
	Analiza genetyki populacyjnej pasożytów <i>P. falciparum</i> .	Dofinansowanie do udziału w projekcie międzynarodowym
	Characterization of regulatory roles of SWI/SNF-type chromatin remodelling complexes in the control of development and hormonal, biotic and abiotic stress responses in <i>Arabidopsis</i> .	UE
	Characterization of regulatory roles of SWI/SNF-type chromatin remodelling complexes in the control of development and hormonal, biotic and abiotic stress responses in <i>Arabidopsis</i> .	Dofinansowanie do udziału w projekcie międzynarodowym
Ogółem	BIOchemical and genetic dissection of control of plant mineral NUTrition.	UE
18	BIOchemical and genetic dissection of control of plant mineral NUTrition.	Dofinansowanie do udziału w projekcie międzynarodowym
Razem wszystkie		
160		

II.2.10. Wybrane 3 ważniejsze wyniki badań projektów zrealizowanych i rozliczonych w roku sprawozdawczym
(na każdy opis - maks. 500 znaków ze spacjami)

1	Tytuł projektu: <i>The AlkB and its eukaryotic homologues - the role in DNA repair and the possible role in cancer etiology and target in cancer therapy</i> . Białko AlkB <i>E. coli</i> jest dioksygenazą, która na drodze oksydatywnej demetylacji usuwa uszkodzenia alkilacyjne z kwasów nukleinowych. Homologi AlkB występują w prawie każdym organizmie, a u eukaryota ich liczba dochodzi do kilkunastu. Wykorzystując sinice i <i>Arabidopsis thaliana</i> jako organizmy modelowe, wykazano, że: (i) uzasadnieniem mnogości homologów AlkB jest ich specjalizacja względem typu uszkodzenia, oraz (ii) lokalizacja cytoplazmatyczna i translokacja subkomórkowa niektórych homologów <i>A. thaliana</i> po działaniu czynnika alkilującego sugeruje udział białek AlkB nie tylko w naprawie kwasów nukleinowych, ale również większych kompleksów nukleoproteinowych. Mielecki et al. (2012) Novel AlkB Dioxygenases – Alternative Models for in silico and in vivo Studies. PLoS One.
2	Tytuł projektu: <i>Analiza funkcjonalna ludzkiego kompleksu egzosomu będącego podstawą egzorybonukleazy organizmów eukariotycznych</i> . Zidentyfikowano dwa ludzkie homologi białka Dis3 - podjednostki katalitycznej egzosomu, głównej egzorybonukleazy organizmów eukariotycznych. Wykazano, że białka te (hDIS3 i hDIS3L) wykazują różną lokalizację wewnątrzkomórkową, właściwości biochemiczne i mają różną specyficzność substratów. Uzyskane wyniki sugerują, że w toku ewolucji u wyższych Eukaryota doszło do rozdzielenia funkcji egzosomu w metabolizmie RNA pomiędzy kilka wyspecjalizowanych izoform.
3	Tytuł projektu: <i>Evolution of the protein-interaction Networks: the SH3 network in Yeast</i> . Obiektom badań były białka zawierające domeny SH3 zidentyfikowane w komórkach czterech gatunków drożdży: <i>S. cerevisiae</i> , <i>S. pombe</i> , <i>A. gossypii</i> i <i>C. albicans</i> . Skonstruowano mutanty <i>S. cerevisiae</i> niosące delecje genów kodujących białka z domeną SH3 (bem1 Δ , bud14 Δ , rvs167 Δ , nbp2 Δ , abp1 Δ i hof1 Δ), sprawdzono fenotypową komplementację delecji przez ortologi <i>A. gossypii</i> . Tylko ortologi genów HOF1 i ABP1 nie odwracały efektów delecji. Skoncentrowano się nad ekspresją ortologów genu HOF1 z <i>S. pombe</i> , <i>A. gossypii</i> i <i>C. albicans</i> w komórkach <i>S. cerevisiae</i> .

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
Sposób wykrywania i różnicowania chorób należących do grup hemoglobinopatii, zwłaszcza talasemii.	30-06-2011	208956	Polska

b) Uzyskane prawa ochronne na wzory użytkowe

tytuł	data decyzji	nr świadectwa	kraj
brak			

c) Wykaz wdrożeń - udokumentowanych i wykorzystanych poza jednostką wyników badań naukowych i prac rozwojowych prowadzonych w jednostce

tytuł przedsięwzięcia	słowa kluczowe	jednostka wdrażająca	forma prawna przekazania wyników prac B+R	wycena wartość przekazanych wyników badań	opis efektów praktycznych, gospodarczych lub społecznych, uzyskanych poza jednostką
brak					

d) Liczba sprzedanych licencji, know-how itp.

w tym:	liczba ogółem
– o opłacie licencyjnej powyżej 1 mln zł	0
– o opłacie licencyjnej od 500 tys. zł do 1 mln zł	0
– o opłacie licencyjnej poniżej 500 tys. zł	0

II. Aktywność naukowa placówki

II.4. Kształcenie (rozwój) kadr naukowych

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

profesora (nadany przez Prezydenta RP)		
imię 1	imię 2	nazwisko
		brak

doktora habilitowanego				
imię 1	imię 2	nazwisko		zakres nadanego stopnia naukowego
		brak		

doktora				
imię 1	imię 2	nazwisko		zakres nadanego stopnia naukowego
Jolanta	Aldona	Łukomska	Wpływ ekspresji wybranych cDNA z <i>Thlaspi caerulescens</i> na akumulację metali ciężkich w tytoniu.	biochemia
Michał	Andrzej	Wrzesiński	Antybakteryjne właściwości soku trzuskowego świr.	biochemia
Beata		Janowska	Rola polimeraz TLS i innych systemów naprawczych w obróbce adduktów HNE-DNA w szczepach <i>Escherichia coli</i> .	biochemia
Alicja		Winczura	Regulacja aktywności systemu naprawy DNA przez wycinanie zasad w komórkach ludzkich: peroksydacja lipidów i oddziaływania międzybiałkowe.	biochemia

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

doktora habilitowanego	
	brak

II.4.3. Studia doktoranckie

liczba uczestników ogółem	w tym: przyjęci w roku sprawozdawczym	liczba uczestników studium pobierających stypendia ogółem	w tym: przyznanych przez placówkę PAN prowadzącą Studium
146	27	135	45

II.4.3.1. Uzyskane doktoraty w ramach studiów doktoranckich pod kierunkiem promotora z placówki (wykonane w placówce)

imię 1	imię 2	nazwisko		zakres nadanego stopnia naukowego
Anna	Maria	Protas	Metalozależna hydroliza wiązania peptydowego.	biochemia
Monika	Anna	Zaręba-Kozioł	Proteomiczna analiza endogennej S-nitrozylacji białek w komórkach z nadekspresją receptora RAGE oraz w synaptosomach transgenicznych myszy - modeli choroby Alzheimer.	biochemia
Anna	Dorota	Kupniewska-Kozak	Badania strukturalne receptora dla końcowych produktów glikacji oraz jego kompleksu z peptydem Aβ odpowiedzialnym za chorobę Alzheimer.	biochemia
Andżelika	Melania	Najda-Bernatowicz	Synnteza nowych inhibitorów NTP-azy /helikazy wirusa HCV oraz kinazy kazeinowej CK2.	biochemia
Daria		Romanyuk	Udział ligazy ubikwitynowej Rsp5 i wybranych białek Atg w autofagii u drożdży.	biochemia

II.4.4. Uczestnicy innych form kształcenia (magistranci, praktykanci, stażyści)
- z wyszczególnieniem poszczególnych form kształcenia

ogółem

153

w tym, przyjęci w roku sprawozdawczym:

forma kształcenia	liczba
magistranci	69
praktykanci	84
stażyści	0
inni	0

II.4.5. Opieka nad studentami

liczba studentów odbywających praktyki ogółem	ogółem	prace magisterskie	
		w uczelniach macierzystych	w placówkach PAN
84	60	25	35

II. Aktywność naukowa placówki**II.5. Aktywność wydawnicza:****II.5.1. Własne wydawnictwa placówki w roku sprawozdawczym****tabela A**

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

tabela B - uzupełniająca

tytuł	język obcy (jaki?)	typ (P/Z)	recenzowane o zasięgu międzynarodowym	indeksowane przez ISI
brak				

II. Aktywność naukowa placówki

II. 6. Upowszechnianie i promocja osiągnięć naukowych

II. 6.1. Prezentacja wyników prac naukowych, w tym: na konferencjach i zjazdach naukowych,

a) Wykłady i referaty wygłoszone na ważnych konferencjach w kraju i za granicą:

tytuł	autor			temat	nazwa zjazdu lub konferencji	kraj
	Imię 1	Imię 2	Nazwisko			
prof. dr hab.	Ewa		Świeżewska	Plant polyisoprenoids - biosynthesis and physiological importance.	5th European Symposium on Plant Lipids	Polska
mgr	Katarzyna		Gawarecka	<i>Arabidopsis thaliana</i> terpenoids - profile of lipids in Col-0 ecotype.	5th European Symposium on Plant Lipids	Polska
dr	Malgorzata		Gutkowska	Isoforms of Rab Geranylgeranyl Transferase complex from <i>Arabidopsis thaliana</i> .	52nd International Conference on the Bioscience of Lipids	Polska
prof. dr hab.	Ewa		Świeżewska	Polyisoprenoids - secondary metabolites or physiologically important superlipids?	2nd Polish Congress of Biochemistry and Cell Biology, The 46th Meeting of the Polish Biochemical Society, The 11th Conference of the Polish Cell Biology Society, Kraków, Poland, 5-9 September 2011	Polska
dr hab.	Joanna	Stefania	Kruszewska	Modyfikacje genetyczne <i>T. atroviride</i> prowadzące do zwiększenia właściwości biokontrolnych.	Ogólnopolska Konferencja Naukowa "Trichoderma i inne grzyby w nauce i praktyce"	Polska
dr	Iwona		Karkusiewicz	Role of Maf1 i tRNA processing.	EMBO Young Forum	Polska
dr	Iwona		Karkusiewicz	Role of Maf1 i tRNA processing.	International Yeast Meeting	Polska
mgr	Marta		Garbacz	Defect of Dpb2p, a noncatalytic subunit of Polymerase epsilon, increases error prone replication of undamaged chromosomal DNA in <i>S. cerevisiae</i> .	25 International Conference on Genetics and Molecular Biology in Yeast	Polska
dr	Aneta		Kaniak-Golik	Delineating pathways of allelic homologous recombination in <i>S. cerevisiae</i> .	Keystone Symposia on Molecular and Cellular Biology	USA
dr	Aneta		Kaniak-Golik	Allelic homologous recombination in <i>S. cerevisiae</i> mitochondria.	25 International Conference on Genetics and Molecular Biology in Yeast	Polska
dr	Agnieszka		Hałas	Mms2/Ubc13 an Rad5 support TLS in Siz1 deficient yeast <i>S. cerevisiae</i> .	25 International Conference on Genetics and Molecular Biology in Yeast	Polska
dr	Agnieszka		Dzikowska	RRMA, an RNA binding protein involved in regulated mRNA degradation.	26th Fungal Genetics Conference Asilomar 2011	USA
dr	Agnieszka		Dzikowska	Activity of AREA and AREB under different carbon and nitrogen regimes regimes.	26th Fungal Genetics Conference Asilomar 2011	USA
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	Polska
dr	Magdalena		Krzymowska	Specific phosphorylation of conserved eukaryotic protein SGT1 is an essential element of plant defense against pathogens.	PR-proteins and induced resistance against pathogens and insects	Szwajcaria
dr	Elżbieta		Speina	The lipid peroxidation product, trans-4-hydroxy-2-nonenal modulates RecQ helicases, BLM and WRN.	41 Zjazd Europejskiego Towarzystwa Mutagenazy Środowiskowej	Hiszpania

prof. dr hab.	Grazyna		Jagura-Burdzy	Global regulatory network of broad-host-range RA3 plasmid.	International Plasmid Biology Conference	Argentyna
mgr	Mariusz		Jaremko	Insight into the ubiquitin-driven protein degradation process. Structural studies of E1 enzyme catalytic domains in solution.	7th international forum on oxidating stress and aging	Polska
prof. dr hab.	Michał		Dadlez	Analysis of Abeta oligomers with ion-mobility MS.	6th International Symposium: MS and related Techniques in Advanced Analytical Studies	Wielka Brytania
prof. dr hab.	Michał		Dadlez	Ion mobility separation coupled with MS detects two structural states of Alzheimer's disease A β 1-40 Peptide Oligomers.	Multi-Pole Approach to Structural Biology	Polska
prof. dr hab.	Michał		Dadlez	Ion Mobility Separation Coupled with MS Detects Two Structural States of Alzheimer's Disease A β 1-40 Peptide Oligomers.	Workshop on Biomolecules and nanostructures	Polska
prof. dr hab.	Jacek	Karol	Bardowski	Mikroorganizmy jelitowe.	Probiotyki - Fakty i Mity	Polska
dr	Magdalena		Kowalczyk	Nowe drobnoustroje probiotyczne - czy, kiedy, jakie?	Probiotyki - Fakty i Mity	Polska
prof. dr hab.	Jacek	Karol	Bardowski	Biologia molekularna w jakości i bezpieczeństwie żywności.	Doskonalenie systemu zarządzania bezpieczeństwem żywności - 3 (Polskie Forum ISO 9000)	Polska
prof. dr hab.	Wojciech		Bal	Metal-dependent peptide bond hydrolysis: chemical mechanisms, biological significance and biotechnological applications.	Metallomics 3, Munster	Niemcy
dr hab.	Beata		Burzyńska	Ekspresja genów w świeżym zawale serca.	XVI Sympozjum Sekcji Kardiologii Eksperymentalnej PTK	Polska
mgr	Kamila		Maliszewska	The role of TFIIIS4 protein in synthesis of non-coding transcripts in <i>Paramecium tetraurelia</i> .	Paramecium Genome Dynamic and Evolution	Francja
mgr	Kamila		Maliszewska	The role of TFIIIS4 protein in synthesis of non-coding transcripts in <i>Paramecium tetraurelia</i> .	The 2011 FASEB Ciliate Molecular Biology Conference* (Federation of American Societies of Experimental Biology Summer Research Conferences)	Grecja
dr	Kamil		Gewartowski	Structural and biochemical characterization of the THO complex reveals its architecture and mechanism of nucleic acids recognition.	25 International Conference on Genetics and Molecular Biology in Yeast	Polska
dr	Seweryn		Mroczek	Identification of the enzyme responsible for the essential modification of the U6snRNA 3' end.	25 International Conference on Genetics and Molecular Biology in Yeast	Polska
prof. dr hab.	Andrzej		Dziembowski	Architecture and nucleic acids recognition mechanism of the THO complex, an mRNP assembly factor.	Multi-Pole Approach to Structural Biology Conference	Polska
dr	Magdalena		Krzymowska	Specific phosphorylation of conserved eukaryotic protein SGT1 is an essential element of plant defense against pathogens.	PR-proteins and induced resistance against pathogens and insects	Szwajcaria
mgr	Katarzyna		Zientara-Rytter	Identification and functional analysis of Joka2, a tobacco member of the family of selective autophagy cargo receptors.	EMBO Young Scientists Forum	Polska
prof. dr hab.	Agnieszka		Sirko	Autophagy in plants and its role in nutrient use efficiency.	1st BIONUT Meeting State of the Art in Plant Nutrition Research	Włochy
dr	Anna		Wawrzyńska	F-box protein, EBF2 is a component of the sulfur deficit signaling pathway in <i>Arabidopsis</i> .	3rd Sulphyton Meeting	Włochy
mgr	Monika		Mierzińska	Two transcription factors are putative partners of <i>Arabidopsis cytoplasmic</i> serine acetyltransferase.	3rd Sulphyton Meeting	Włochy

dr	Aleksandra		Wysłouch-Cieszyńska	Potranslacyjne modyfikacje cystein a immobilizacja białek na bioczuJNIkach.	Wiosenna Szkoła Naukowa Technika Mikrosystemow I Biotechnologia	Polska
mgr	Ilona		Marszałek	Badanie kompleksów domen receptora RAGE i jego ligandów z wykorzystaniem spektrometru MALDI-TOF.	Wiosenna Szkoła Naukowa Technika Mikrosystemow I Biotechnologia	Polska

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

autor				temat	instytucja zapraszająca	kraj
tytuł	Imię 1	Imię 2	Nazwisko			
mgr	Adam		Jóźwiak	Dolichol biosynthesis in <i>Arabidopsis</i> : effect of stress.	Dipartimento di Biologia, Univerista Degli Studi Roma Tre	Włochy
prof. dr hab.	Wojciech		Bal	Metal-dependent peptide bond hydrolysis: chemical mechanisms, biological significance and biotechnological applications.	Uniwersytet Kragujevac	Serbia
prof. dr hab.	Wojciech		Bal	Metal-dependent peptide bond hydrolysis: chemical mechanisms, biological significance and biotechnological applications.	Uniwersytet Belgrad	Serbia
dr hab.	Andrzej		Dziembowski	Macromolecular assemblies involved in RNA metabolism.	Uniwersytet w Brnie	Czechy

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)	2010-2014
USA	Anita Hopper, Ohio State University	Międzynarodowe Projekty Doktoranckie (MPD)	2010-2014
Czechy	Institute of Experimental Botany AS CR, Praha; RNDr. Tomas Vanek	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 Parker	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
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: **53**

II. 7.3. Tematy realizowane we współpracy z zagranicą:

liczba tematów: **54**

II. 7.4. Uzyskane rezultaty współpracy:

np.: wspólne publikacje, patenty, nowe metody badawcze i technologie
W ramach współpracy międzynarodowej powstało 25 wspólnych publikacji naukowych, a 2 są w przygotowaniu. Zaprezentowano również 3 komunikaty na zjazdach naukowych, jest realizowany projekt badawczy, oraz praca doktorska. Współpraca zaowocowała też dwoma międzynarodowymi zgłoszeniami patentowymi.

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	31	1532	12	52
a) uczelnie wyższe				
- indywidualna	28	1522	9	39
- na podstawie umowy				
- pozostałe				
b) inne	3	10	3	13
2. Za granicą	0	0	0	0

II. Aktywność naukowa placówki**II.10. Udział placówki w organizacji krajowego życia naukowego:****II. 10.1. Konferencje zorganizowane lub współorganizowane przez placówkę w kraju:**

nazwa/tytuł konferencji	współorganizatorzy	rodzaj		liczba uczestników	
		międzynarodowa	krajowa	z zagranicy	z kraju
52 International Conference on the Bioscience of Lipids, Expanding the Horizons of Lipidomics	Instytut Biologii Doświadczalnej im M. Nenckiego PAN, Wydział Biologii UW, Komitet Biochemii i Biofizyki PAN	X		130	30
25 International Conference on Genetics and Molecular Biology in Yeast	Komitet Biochemii i Biofizyki PAN	X		325	90
Advances in Proteomics	European Science Foundation	X		14	21
Festiwal Nauki	Wieloośrodkowi		X		60

II. Aktywność naukowa placówki**II.11. Działalność zaplecza naukowego o charakterze ogólnorodowiskowym, w tym:****II. 11.1. Muzea, wystawy, kolekcje specjalistyczne i eksponaty, banki zasobów genetycznych, i in.**

- eksponaty, kolekcje:

rodzaj nabytków
Centralna kolekcja szczepów IBB gromadzi: plazmidy, szczepy bakteryjne, drożdże, organizmy transgeniczne (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 2011 kontynuowano prace nad usprawnieniem wprowadzania rekordów i wyszukiwania danych w istniejących podgrupach kolekcji, oraz nad rozbudową kolejnych dwóch podgrup szczepów (Bakteriofagi oraz Izolanty Środowiskowe). Od sierpnia 2011 roku rozpoczęto przebudowę strony kolekcji w celu poprawienia jej funkcjonalności (np. przez umożliwienie dodawania zdjęć szalek, wprowadzenie nowych rekordów umożliwiających szczegółową charakterystykę deponowanych szczepów). W 2011 roku zasoby kolekcji „COLIBB” wzrosły do: 3023 szczepów bakteryjnych, 3871 szczepów drożdżowych i 2089 plazmidów. W przygotowaniu do zdeponowania jest 300 izolatów środowiskowych, 200 szczepów bakteryjnych. 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. Po 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 sp.</i>, <i>Arthrobacter sp.</i>, <i>Bacillus subtilis</i>, <i>Bifidobacterium longum</i>, <i>Brevundimonas sp.</i>, <i>Chryseobacterium sp.</i>, <i>Cryobacterium sp.</i>, <i>Enterococcus faecalis</i>, <i>Escherichia coli</i>, <i>Lactobacillus sp.</i>, <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 sp.</i>, <i>Paracoccus marcusii</i>, <i>Pseudomonas aeruginosa</i>, <i>Rhodococcus sp.</i>, <i>Salmonella typhimurium</i>, <i>Serratia grimesii</i>, <i>Shewanella sp.</i>, <i>Sinorhizobium sp.</i>, <i>Sphingomonas sp.</i>, <i>Staphylococcus aureus</i>, <i>Stenotrophomonas sp.</i>, <i>Streptococcus agalactiae</i>, <i>Streptococcus bovis</i>, <i>Streptococcus equisimilis</i>, <i>Streptococcus pyogenes</i>, <i>Streptococcus thermophilus</i>, <i>Streptomyces sp.</i> 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.

II. 11.2. Laboratoria, stacje diagnostyczne, obserwatoria, prace terapeutyczne, itp.:

- usługi i świadczenia (pomiar, działalność diagnostyczna, prace obserwacyjne, itp.):

rodzaj zadań i świadczeń
-

- uzyskane certyfikaty za wdrożenia systemów jakości (międzynarodowych, przyjętych w UE):

-

- uzyskane akredytacje Polskiego Centrum Akredytacji lub równorzędnego, systemy jakości:

-

II. Aktywność naukowa placówki

II. 12. Nagrody, wyróżnienia naukowe uzyskane przez pracowników PAN w roku sprawozdawczyr

II.12.1. Nagrody krajowe i zagraniczne przyznane za działalność naukową

nazwa / rodzaj nagrody	za co przyznane	przez kogo	komu
Wyróżnienie	Publikacja Phosphorylation of maize eukaryotic translation initiation factor 5A (eIF5A) by casein kinase 2. Journal of Biological Chemistry (2010) 285(9): 6217-6226 [nr IBB 4394]	Polskie Towarzystwo Biologii Eksperymentalnej Roślin	Maja Łebska, Arkadiusz Ciesielski, Lidia Szymona, Luiza Godecka, Elżbieta Lewandowska-Gnatowska, Jadwiga Szczegieliński, Grażyna Muszyńska
I nagroda	Nagroda za najlepszy poster "Nowa metoda zwiększania właściwości hydrolitycznych Trichoderma"	Komitet organizacyjny Ogólnopolskiej Konferencji Naukowej Trichoderma i inne grzyby w nauce i praktyce	Sebastian Graczyk, Urszula Perlińska-Lenart, Wioletta Górka-Nieć, Patrycja Zembek, Sebastian Piłsyk, Joanna S. Kruszewska
Nagroda Prezesa Rady Ministrów RP	Praca doktorska Rola kinazy CK2 w Maf1-zależnej regulacji polimerazy III RNA. [nr IBB 589/N]	Prezes Rady Ministrów RP	Damian Graczyk
Nagroda za najlepszą pracę doktorską	Praca doktorska Rola kinazy CK2 w Maf1-zależnej regulacji polimerazy III RNA. [nr IBB 589/N]	Rada Naukowa IBB	Damian Graczyk
Nagroda za najlepsze doniesienie zjazdowe	Prezentacja posterowa Modulation of base excision repair by oxidative stress. [nr IBB 2859/A]	Europ. Tow. Naukowe EEMS	Alicja Winczura
Nagroda Rektora UW	publikacje naukowe w latach 2010/2011	Rektor UW	Barbara Tudek
Nagroda Ministra Zdrowia	(2010) Comprehensive analysis of the palindromic motif TCTCGCGAGA: a regulatory element of the HNRNPK promote. DNA Res. 17, 245-60.	Minister Zdrowia	Michał Mikula, Karolina Dzwonek, Paweł Gaj, Jakub Karczmarski, Tymon Rubel, Artur Dzwonek, Piotr Brągoszewski, Michał Dadlez, Jerzy Ostrowski
II Nagroda za poster	Human serum albumin (HSA) role in controlling Cu(II) induced amyloid beta peptide (Aβ) neurotoxicity	Konferencja Metallomics 3, Munster, Niemcy	Małgorzata Różga, Wojciech Bał
Stypendium dla Wybitnych Młodych Naukowców	za wybitne osiągnięcia w nauce	Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego	Rafał Tomecki

II.12.2. Nagrody i wyróżnienia przyznane za praktyczne zastosowanie wyników B+R

nazwa / rodzaj nagrody	za co przyznane	przez kogo	komu
Dyplom złoty z wyróżnieniem	Rozwiązanie "Bakterie mlekowe" do wywołania tolerancji pokarmowej w leczeniu stwardnienia rozsianego	International Warsaw Invention Show 2011	K. Kasareto, A.K. Szczepankowska, J. Bardowski, B. Kwiatkowska-Patzer, Z. Kowalska, A.W. Lipkowski

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 naukowcy						pozostali pracownicy
	razem	profesorowie zwyczajni	w tym: czł. PAN	profesorowie nadzwyczajni	adiunkci	asystenci	
275	119	33	2	9	36	41	156

ogółem: **275** , w tym:**III.1.1. Zatrudnienie w działalności B+R (razem/w tym kobiety)****a) w przeliczeniu na pełny wymiar czasu pracy**

ogółem	w tym ze stopniem naukowym:				pozostali z wykształceniem:		
	profesora		doktora hab.	doktora	wyższym	średnim	podstawowym
	w tym: członkowie PAN						
184,39/121,56	23,66/11	0,66/0,00	12,33/9,33	86,77/57,60	52,63/36,63	8/6	1/1

b) w przeliczeniu na ekwiwalenty EPC ¹⁾

ogółem	w tym ze stopniem naukowym:				pozostali z wykształceniem:		
	profesora		doktora hab.	doktora	wyższym	średnim	podstawowym
	w tym: członkowie PAN						
138,45/91,85	14,50/6,90	0,6/0	7,10/5,30	68,20/44,90	41,45/29,15	6,40/4,80	0,8/0,8

III.1.2. Zatrudnienie poza działalnością B+R (razem/w tym kobiety) - (w przeliczeniu na pełny wymiar czasu pracy):ogółem: **62,01/44,52****III.2. Zatrudnienie średnioroczne w przeliczeniu na pełne etaty:**
ogółem: **245,809**
w tym naukowych: **102,23**

¹⁾ EPC (ekwiwalent pełnego wymiaru czasu pracy) – są to jednostki przeliczeniowe służące do ustalenia faktycznego zatrudnienia przy realizacji prac B+R. Jeden ekwiwalent pełnego czasu pracy oznacza jeden osoborok poświęcony wyłącznie na działalność B+R. Zatrudnienie w działalności B+R w ekwiwalentach pełnego wymiaru czasu pracy należy ustalić na podstawie proporcji czasu przepracowanego przez poszczególnych pracowników w ciągu roku sprawozdawczego przy realizacji prac B+R do pełnego wymiaru czasu pracy obowiązującego na danym stanowisku zgodnie z wytycznymi Głównego Urzędu Statystycznego zamieszczonymi w objaśnieniach do formularza PNT-01 lub PNT-01/s.

IV. Centra doskonałości, sieci i konsorcja naukowe

IV.1. Działające w placówce Centra doskonałości

Nazwa		Kod poczt.		Miasto		data otwarcia Centrum	status nadany przez
Centrum Doskonałości - Genomika		02-106		Warszawa		16.09.2004	KBN
Ulica	nr	tel. 1	tel. 2	Fax	e-mail	WWW	inne
Pawińskiego	5a	+48228237189		+48228237189	cemb@ibb.waw.pl	http://www.ibb.waw.pl	

IV. 2. Przynależność placówki do sieci naukowych:

a) w rozumieniu art. 2 pkt. 14 ustawy z dnia 30 kwietnia 2010 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 Mecedyny Doświadczalnej i Klinicznej PAN 2. Instytut Farmakologii PAN 3. Instytut Fizyki Jądrowej PAN im. H. Niewodniczańskiego 4. Wojskowy Instytut Medycyny 5. Instytut Biochemii i Biofizyki PAN
"Nowe zastosowania spektroskopii magnetycznego rezonansu jądrowego w chemii, biologii, farmacji i medycynie"	Specjalnością sieci jest działalność na rzecz rozwoju metodologii pomiarów magnetycznego rezonansu jądrowego, mająca na celu wdrożenie i komercjalizację badań NMR w chemii organicznej, bioorganicznej i farmaceutycznej oraz biologii i medycynie oraz diagnostyce medycznej <i>in vitro</i> .	1. Centrum Badań Molekularnych i Makromolekularnych PAN 2. Instytut Chemii Bioorganicznej PAN 3. Instytut Chemii Organicznej PAN 4. Instytut Chemii Fizycznej PAN 5. Uniwersytet Warszawski, Wydział Chemii 6. Politechnika Warszawska, Szkoła Zaawansowanych Technologii Chemicznych i Materiałowych, Wydział Chemiczny 7. Politechnika Łódzka, Wydział Chemiczny 8. Instytut Biochemii i Biofizyki PAN 9. Narodowy Instytut Leków 10. Instytut "Pomnik - Centrum Zdrowia Dziecka"
"Biologia i Biotechnologia Bakteriofagów"	Specjalnością sieci jest mikrobiologia, genomika bakteriofagów, biologia molekularna, biotechnologia, bioinformatyka, medycyna.	1. Instytut Immunologii i Terapii Doświadczalnej PAN im. Ludwika Hirszfelda 2. Narodowy Instytut Zdrowia Publicznego 3. Instytut Biochemii i Biofizyki PAN 4. Wydział Biologii, Geografii i Oceanologii Uniwersytetu Gdańskiego 5. Wydział Matematyki, Informatyki i Mechaniki UW 6. I Wydział Lekarski Akademii Medycznej w Warszawie

"Polska Sieć Mitochondrialna MITONet.pl"	Specjalność sieci Mitonet.pl to integracja badań podstawowych w zakresie bioenergetyki mitochondrialnej w obrębie biologii molekularnej, biologii i farmakologii.	1. Instytut Biologii Doświadczalnej PAN im. M. Nenckiego 2. Uniwersytet Warszawski 3. Instytut Medycyny Doświadczalnej PAN 4. Uniwersytet Jagielloński CM 5. Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego 6. Instytut Biochemii i Biofizyki PAN 7. Uniwersytet im. Adama Mickiewicza 8. Centrum Medyczne Kształcenia Podyplomowego 9. Uniwersytet Wrocławski 10. Instytut "Pomnik - Centrum Zdrowia Dziecka" 11. Uniwersytet Gdański.
"Wizualizacja zjawisk biomedycznych" BIOWIZJA	Specjalnością sieci jest koncentracja interdyscyplinarnego potencjału badawczego zdolnego do realizacji dużych międzynarodowych grantów dotyczących problemów z dziedziny biologii, medycyny oraz biotechnologii i bioinżynierii.	1. Instytut Biochemii i Biofizyki PAN 2. Instytut Biocybernetyki i Inżynierii Biomedycznej PAN 3. Instytut Biologii Doświadczalnej im. M. Nenckiego PAN 4. Instytut Medycyny Doświadczalnej i Klinicznej im. M. Mossakowskiego PAN 5. Instytut Podstawowych Problemów Techniki PAN 6. Międzynarodowy Instytut Biologii Molekularnej i Komórkowej

b) do innych sieci

nazwa sieci naukowej	specjalność naukowa	jednostki naukowe tworzące sieć
Krajowa Sieć Informacji o Bioróżnorodności - Światowy System Informacji o Bioróżnorodności (Global Biodiversity Information Facility GBIF) http://www.gbif.edu.pl/	Celem sieci jest otwarcie polskich zasobów informacji o bioróżnorodności oraz wdrożenie standardów gromadzenia i wymiany danych. Działa w oparciu o wspólną platformę wymiany informacji umożliwiającą dostęp do rozproszonych baz danych bez konieczności tworzenia centralnego systemu. Sieć Krajowa współpracuje z siecią GBIF (Global Biodiversity Information Facility), która swą działalnością zamierza objąć wszystkie istniejące na świecie źródła informacji o bioróżnorodności. Skupia ona państwa i organizacje, które podpisały stosowną umowę i wciąż zwiększa liczbę członków. Docelowo GBIF ma poprzez Internet umożliwić dostęp do informacji o gatunkach zamieszkujących dowolny rejon świata oraz wszystkich możliwych związanych z nimi danych, od poziomu molekularnego poprzez organizmalny do ekosystemowego. Wspiera także tworzenie narzędzi pozwalających na syntezę tych informacji (mapowanie zasięgów występowania, szacowanie liczebności itp.).	1. Instytut Biochemii i Biofizyki PAN 2. Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin w Radzikowie 3. Instytut Nauk o Środowisku WBiNOZ UJ 4. Instytut Ochrony Przyrody PAN w Krakowie 5. Instytut Zoologii WBiNOZ UJ 6. Muzeum i Instytut Zoologii PAN 7. Ogród Botaniczny UW 8. Wydział Biologii UW 9. Zakład Badania Ssaków PAN w Białowieży 10. Białowiecki Park Narodowy 11. Zakład Lasów Naturalnych w Białowieży, Instytut Badawczy Leśnictwa 12. Instytut Biotechnologii Przemysłu Rolno-Spożywczego, Warszawa 13. Muzeum Górnośląskie, Bytom 14. Narodowy Instytut Zdrowia Publicznego, Warszawa 15. Instytut Dendrologii w Kórniku PAN 16. Instytut Systematyki i Ewolucji Zwierząt PAN 17. Stacja Badania Wędrówek Ptaków WBGiO, Uniwersytet Gdański 18. Katedra Taksonomii Roślin i Ochrony Przyrody WBGiO, Uniwersytet Gdański 19. Instytut Ekologii i Ochrony Środowiska WBiNoZ, Uniwersytet Mikołaja Kopernika 20. Katedra Botaniki Systematycznej WBiOŚ, Uniwersytet Śląski 21. Muzeum Przyrodnicze WNP, Uniwersytet Wrocławski

Polska Sieć biologii komórkowej i molekularnej UNESCO/PAN	Polska Sieć biologii komórkowej i molekularnej UNESCO/PAN jest organizacją otwartą, skupiającą na zasadzie dobrowolności poszczególne jednostki badawcze, bez jakichkolwiek zobowiązań finansowych	1. Akademia Medyczna 2. Uniwersytet Gdański 3. Centrum Onkologii - Instytut im. Marie Skłodowskiej-Curie 4. Instytut Farmakologii PAN 5. Uniwersytet Jagielloński 6. Akademia Medyczna w Lublinie 7. Uniwersytet im. Marii Skłodowskiej-Curie 8. Uniwersytet Łódzki 9. Akademia Rolniczo-Techniczna 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
---	--	--

IV. 3. Przynależność placówki do konsorcjów naukowych, klastrów i in.

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