

INSTYTUT BIOCHEMII I BIOFIZYKI
Polskiej Akademii Nauk

ul. Pawińskiego 5A
02-106 Warszawa

SPRAWOZDANIE Z DZIAŁALNOŚCI
za 2012 rok

SPIS TREŚCI

Informacja o Instytucie	A
Sprawozdanie merytoryczne.....	I
Temat nr 1: Synteza, badanie właściwości fizykochemicznych i biologicznych analogów ukleozydów 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	
prof. nzw. dr hab. Maria 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. Szołajska	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. 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. Rytka	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. Żoładek	I.15
Temat nr 21: Regulacja metabolizmu siarkowego u bakterii	
prof. dr hab. M. Hryniewicz	I.16
Temat nr 25: Odpowiedzi komórek bakteryjnych i komórek drożdży na uszkodzenia DNA	
Temat nr 25.1: Regulacja wierności replikacji DNA w komórkach bakteryjnych i drożdżowych	
prof. dr hab. I. Fijałkowska	I.17
Temat nr 25.2: Mechanizmy odpowiedzi komórek <i>Saccharomyces cerevisiae</i> na uszkodzenia DNA	
prof. dr hab. Z. Cieśla	I.18
Temat nr 25.3: Koordynacja procesów naprawy DNA w komórkach eukariotycznych	
prof. dr hab. E. Śledziwska-Gójska	I.19
Temat nr 27: Analiza funkcjonalna genów wybranych plazmidów pochodzących z bakterii o znaczeniu klinicznym	
dr Izabela Kern-Zdanowicz	I.20
Temat nr 28: Chemiczne podstawy mutagenyzy i reperacja adduktów cyklicznych	
prof. dr hab. J. Kuśmierek	I.21
Temat nr 29: Analiza molekularna genów kodujących enzymy katabolizmu argininy u <i>Aspergillus</i>	
prof. dr hab. P. Węgleński	I.22
Temat nr 30: Analiza mutantów typu SUV3 u <i>Saccharomyces cerevisiae</i>	
prof. dr hab. P. Stępień	I.23

Temat nr 31: Studia Doktoranckie	
prof. dr hab. G. Palamarczyk	I.24
Temat nr 32.1: Regulacja ekspresji genów i innych procesów związanych z funkcjami DNA w komórkach bakteryjnych. Działalność Pracowni Biologii Molekularnej (afiliowanej przy UG).	
prof. dr hab. Magdalena Gabig-Cimińska	I.25
Temat nr 32.2: Działalność Zespołu Biomedycyny Molekularnej (IBD PAN, IBB PAN, MIBMiK)	
Białka opiekuńcze w transformacji nowotworowej	
prof. dr hab. M. Żylicz	I.26
Temat nr 33: Mechanizmy aktywnej segregacji niskopiętowego plazmidu P1 do komórek potomnych w czasie podziału komórkowego	
dr hab. M. Łobocka	I.27
Temat nr 34: Udział struktur chromatynowych w regulacji transkrypcji genów	
prof. dr hab. A. Jerzmanowski	I.28
Temat nr 35: Ekspresja genów kodujących białka o znaczeniu terapeutycznym w roślinach	
prof. dr hab. A. Sirko	I.29
Temat nr 36: Metody informatyczne w biologii molekularnej	
prof. dr hab. P. Zielenkiewicz	I.30
Temat nr 37: Mechanizmy kontrolujące proces patogenezy komórek roślinnych	
prof. dr hab. J. Hennig	I.31
Temat nr 38: Funkcjonalna analiza otwartych ramek odczytu z <i>Saccharomyces cerevisiae</i>	
dr B. Rempola	I.32
Temat nr 39: Badanie polimorfizmu mitochondrialnego DNA w populacji polskiej	
prof. dr hab. E. Bartnik	I.33
Temat nr 41: Oksydacyjne uszkodzenia DNA	
prof. dr hab. B. Tudek	I.34
Temat nr 42: Mutacje indukowane i adaptacyjne	
prof. dr hab. E. Grzesiuk	I.35
Temat nr 43: Biologia plazmidu RK2 z grupy IncP <i>Escherichia coli</i>	
prof. dr hab. Grażyna Jagura-Burdzy	I.36
Temat nr 44: Środowiskowe Laboratorium Magnetycznego Rezonansu Jądrowego	
prof. dr hab. A. Ejchart	I.37
Temat nr 45: Regulacje biosyntezy pochodnych kwasu mewalonowego w drożdżach <i>Saccharomyces cerevisiae</i>	
dr hab. A. Szkopińska	I.38
Temat nr 47: Modelowanie struktury i funkcji białek	
prof. dr hab. P. Zielenkiewicz	I.39
Temat nr 48: Badania wczesnych etapów zwijania i agregacji białek	
prof. dr hab. M. Dadlez	I.40
Temat nr 49: Metabolizm cukrów u bakterii mlekowych	
prof. dr hab. J. Bardowski	I.41
Temat nr 50: Przewodzenie sygnału stresu osmotycznego w roślinach	
prof. nadzw. 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. Kraszeńska	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>	
dr Robert Gromadka	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: Dynamika transkryptomu w normie i stresie	
hab. Marta Koblowska	I.51
Temat nr 62: Synteza białek biologicznie czynnych w heterologicznych systemach ekspresyjnych	
dr hab. Krystyna Grzelak.....	I.52
Temat nr 63: Dodekahedron adenowirusa jako platforma szczepionkowa	
dr Ewa Szolajska	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	
dr Robert Gromadka.....	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>	
prof. dr hab. Paweł Golik	I.58
Temat nr 69: Metabolizm RNA u Eucaryota	
prof. nadzw. dr hab. A. Dziembowski.....	I.59
Zakład Biologii Antarktyki	
dr Katarzyna Chwedorzewska.....	I.60-I.81
Pracownia Analiz Mikromacierzy	
dr hab. Marta Koblowska	I.82
Serwis Bakulowirusa	
dr E. Szolajska.....	I.83
Pracownia Hodowli Komórkowych	
dr E. Szolajska.....	I.84
Pracownia Sekwencjonowania DNA i Syntezy Oligonukleotydów	
dr Robert Gromadka.....	I.85-I.88
Laboratorium Analiz Modyfikacji Genetycznych	
prof. dr hab. Barbara Tudek	I.89
Środowiskowe Laboratorium Magnetycznego Rezonansu Jądrowego	
prof. dr hab. A. Ejchart.....	I. 90
Środowiskowe Laboratorium Spektrometrii Mas	
prof. dr hab. M. Dadlez	I.91
Pracownia Mikroskopii Konfokalnej i Fluorescencyjnej	
dr M. Lichocka	I.92
Publikacje 2012 r.	
Artykuły	II.95-111
Abstrakty	II.112-143
Habilitacje.....	II.144
Doktoraty	II.145-149
Prace magisterskie	II.150-154
Miscellanea	II.155
Publikacje nieuwzględnione w sprawozdaniu z 2011 r.	II.156
Informacje o działalności jednostki naukowej PAN w 2012 r.	III.159-193

**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 Jerzmanowski

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 2012 r.:

Przyznane dotacje	55 743 025,91
<i>w tym:</i>	
Działalność statutowa	21 954 226,00
Projekty badawcze MNiSW (granty)	8 447 072,00
Projekty UE (VI i VII ramowy)	836 470,00
SPB-M	794 023,00
Fundusze strukturalne	12 160 011,91
Program specjalny	186 872,00
Programy rozwojowe	2 166 493,00
PBS	804 216,00
Pozostałe projekty badawcze	1 333 842,00
Dotacja celowa dla młodych naukowców	823 700,00
Restrukturyzacja	3 315 000,00
SPUB	2 893 000,00
Pomoc materialna dla doktorantów	28 100,00
Inne	7 042 829,75
<i>w tym:</i>	
Działalność gospodarcza	1 280 118,21
Sprzedaż usług naukowych	3 032 121,79
Konferencje i HORIZON	161 534,22
Działalność finansowa	823 754,21
Pozostałe	1 745 301,32
ŁĄCZNIE:	62 785 855,66

Publikacje w roku 2012:

Liczba ogółem	Monografie ¹ (lub rozdziały)	Podr. akadem. ¹ (lub rozdziały)	Publikacje w czasopismach recenzowanych			pozostałe publ. nauk.
			publikacje 1	publikacje 2	publikacje 3	
118	8	1	92	-	5	12

Sprawozdanie merytoryczne

z działalności statutowej

za rok 2012

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 Romualda Wąsik, prof. dr hab. David Shugar

Kontynuowano i zakończono badania nad 5'-O-mirystoilowanymi pochodnymi stawudyny (d4T) dwufunkcyjnymi inhibitorami HIV. Ich cytotoksyczność zbadano przy użyciu metody MTT natomiast aktywność przeciwko HIV-1 (EC_{50} i EC_{90}) wyznaczono w ustalonej linii komórkowej MT-4 określając w medium hodowli komórkowej ilość białka p24 (współpraca z dr. A. Piaskiem z Narodowego Instytutu Leków w Warszawie).

Najwyższe, lepsze od stawudyny aktywności otrzymano dla pochodnych z łańcuchami $(CH_2)_{10}SC_2H_5$ – EC_{50} 0.06 μM , $(CH_2)_{11}SC_2H_5$ – EC_{50} 0.09 μM , $(CH_2)_{11}N_3$ – EC_{50} 0.06 μM , podczas gdy cytotoksyczności (CC_{50}) wynosiły odpowiednio >16.65 μM , >7.5 μM , >18.53 μM .

Zbadano właściwości emisji fluorescencji 8-azaizoguaniny i jej N-metylopo pochodnych, w szczególności ich tautomerię w stanie podstawowym i wzbudzonym. Wykazano, że 8-azaizoguanina, fluoryzujący analog izoguaniny, ulega w stanie wzbudzonym przeniesieniu protonu prowadzącemu do powstawania dwóch pasm emisyjnych wysokoczułych na rozpuszczalnik, stężenie buforu oraz izotopową wymianę deuteru.

Przeprowadzono syntezę oraz zbadano właściwości fizykochemiczne w środowisku wodnym wszystkich możliwych izomerycznych bromoanalogów benzo-1H-triazolu – potencjalnych inhibitorów kinaz białkowych. Widma ^{13}C NMR wykazały obecność protomerycznej równowagi, która zachodzi pomiędzy N(1)-H i N(3)-H form obojętnych. Stwierdzono, że wolna energia dla solwatacji i dla dysocjacji protonów są stosunkowo dobrymi wskazówkami w przewidywaniu aktywności inhibitorowej.

Zbadano mono-, di- oraz tri-bromobenzo-1H-triazole jako inhibitory ludzkiej kinazy białkowej CK2 α . Stwierdzono, że chlorowcowanie centralnie położonych wicynalnych atomów C(5)/C(9) jest głównym czynnikiem zwiększającym aktywność.

Najważniejszy wynik badawczy:

Wykryto szereg lipofilowych, dwufunkcyjnych potencjalnych proleków stawudyny o wysokiej aktywności przeciwko HIV-1 i niskiej cytotoksyczności.

PUBLIKACJE: 4621, 4638, 4672, 3329/A, 674/N

Temat nr 1.1: Nowe związki o działaniu przeciwwirusowym i przeciwnowotworowym.

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

Inhibitory kinazy kazeinowej CK2, której podwyższona aktywność jest obserwowana w wielu nowotworach, oraz która wpływa na namnażanie się wirusów, są obiektem zainteresowania wielu firm farmaceutycznych oraz instytucji naukowych. Kontynuując poszukiwanie nowych inhibitorów CK2 prowadzone w naszej pracowni opracowano metodę syntezy analogów benzimidazolu i benzotriazolu: kwas 3-(4,5,6,7-tetrabromo-1H-benzimidazolo-1-ylo)propionowy (1), kwas 3-(4,5,6,7-tetrabromo-1H-benzotriazolo-1-yl)propionowy (2), kwas 3-(4,5,6,7-tetrabromo-2H-benzotriazolo-2-yl)propionowy (3), octan 4-(4,5,6,7-tetrabromo-1H-benzotriazolo-1-yl)butylu (4), octan 4-(4,5,6,7-tetrabromo-2H-benzotriazolo-2-yl)butylu (5). Zbadano wpływ pochodnych na aktywność ludzkiej podjednostki CK2 α (KinaseDetect ApS) oraz CK2 α' , którą otrzymaliśmy od dr. Karstena Niefinda z University of Cologne, Niemcy. Zastosowano metodę izotopową z użyciem ATP znakowanego fosforem [^{32}P] oraz substratu CK2 – syntetycznego peptydu o sekwencji: RRRDDDSDDD. Najlepszym inhibitorem okazał się kwas 3-(4,5,6,7-tetrabromo-1H-benzimidazolo-1-ylo)propionowy (1), którego IC_{50} , 0,47 μM jest porównywalne ze znanym inhibitorem TBBt.

Kontynuując badania nad potencjalnymi inhibitorami helikazy HCV opracowaliśmy metody syntezy nowych analogów tropolonu m.in.: 3,5,7-tri (p-nitrofenylo- piperazyno-metyleno) tropolonu, 3,5,7- tri (imidazolo-metyleno)tropolonu oraz 3,5,7-tri-triazolo-tropolonu.

Najważniejszy wynik badawczy:

Opracowanie metod syntezy i oczyszczania nowych pochodnych benzimidazolu, benzotriazolu i tropolonu.

PUBLIKACJE: 3205/A, 3328/A

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)

Przeprowadzone wcześniej, w naszym zespole, badania wskazywały na cytotoksyczne działanie wirusowego białka VPg na komórki nowotworowe. Wprowadzenie genu *VPg* na plazmidzie, powoduje śmierć wszystkich transfekowanych komórek w hodowli przed upływem 24 godzin. Aby potwierdzić naszą hipotezę postanowiliśmy dostarczyć białko do komórek w sposób bezpośredni. W tym celu użyliśmy trzech dostępnych komercyjnie lipidowych czynników transdukujących, były to Pro-Ject, TransPass i PULSin. Śmierć komórek obserwowaliśmy nie tylko w wyniku dostarczenia VPg, ale również białek kontrolnych, nie wykazujących szkodliwego działania. Nasza obserwacja wskazuje na konieczność krytycznej interpretacji wyników uzyskanych podczas dostarczania czynników terapeutycznych przy użyciu komercyjnych wektorów transdukujących. Analizując mechanizm cytotoksyczności związanej z użyciem preparatu TransPass wykazaliśmy aktywację autofagii.

Dopiero użycie doświadczalnego peptydu transdukującego Wr-T (współpraca z prof. Eisaku Kondo z Okayama University, Japonia) umożliwiło nam badanie wpływu białka VPg na ludzkie komórki nowotworowe. W 48 godzin po dostarczeniu VPg, 75% - 85% komórek HeLa w hodowli zostało zabitych. Nie stwierdziliśmy toksyczności samego peptydu Wr-T ani białek kontrolnych [4686].

Najważniejszy wynik badawczy:

Użycie eksperymentalnego peptydu transdukującego Wr-T umożliwiło bezpośrednie dostarczenie VPg do komórek nowotworowych w hodowli i obserwację jego specyficznej cytotoksyczności.

PUBLIKACJA: 4686

Temat nr 5.2: Badania nad strukturą i funkcją białek owadzych.

Zespół: dr hab. Krystyna Grzelak, dr Edyta Kopera

Kontynuowano badania nad rekombinowanym białkiem SPI2 (silk protein inhibitor)-silnym inhibitorem proteaz bakteryjnych i grzybowych (subtilizyna z *Bacillus subtilis* oraz proteinaza K z *Tritirachium album*). Wykazano, że mutacje punktowe w miejscu aktywnym enzymu (zamiana Thr→Ala i Thr→Tyr) nie wpływają w znaczący sposób na aktywność inhibitora wobec subtilizyny czy proteinazy K. Dane literaturowe sugerują, że inhibitory mające tyrozynę w miejscu aktywnym wykazują aktywność wobec chymotrypsyny. Z naszych badań wynika jednak, że zamiana Thr→Tyr nie sprawiła, iż inhibitor hamuje aktywność tej proteazy. Dane dotyczące wpływu mutacji na aktywność inhibitora wobec wybranych proteaz, jak również wyniki badań nad wyznaczoną, za pomocą techniki NMR, strukturą rSPI2 i jego mutantów zostaną opublikowane w 2013 r.

Budowa przestrzenna cząsteczki SPI2 w stanie krystalicznym została również poznana (współpraca z grupą prof. dr hab. M. Jaskólskiego, Wydział Chemii UAM). Użyty do badań inhibitor naprodukowano w komórkach *Pichia pastoris* z etykietą His-tag. Usunięcie znacznika przy oczyszczaniu białka możliwe było dzięki zastosowaniu nowej metody opartej na reakcji białka z jonami Ni(II). Wyniki tych badań, w roku sprawozdawczym, zostały opracowane w formie publikacji. Pierwszym autorem tej pracy jest dr Edyta Kopera.

Najważniejszy wynik badawczy:

Opisanie wpływu mutacji punktowych na aktywność rSPI2 wobec badanych proteaz.

PUBLIKACJE: 4639

Temat nr 5.3: Dodekahedron adenowirusowy – wektor transferu wewnątrzkomórkowego.

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

Kontynuowaliśmy badania dotyczące wykorzystania dodekahedronu adenowirusa (Dd) jako wektora do dostarczenia dwóch inhibitorów proliferacji komórkowej do raka wątrobowo-komórkowego (ang. *hepatocellular carcinoma*, HCC). Pierwszym czynnikiem jest doksorubicyna – stosowany w terapii HCC lek cytostatyczny, wywołujący groźne działania uboczne, drugim jest syntetyczny analog m7G kapu – potencjalny czynnik terapeutyczny o działaniu antagonistycznym w stosunku do onkogeny, czynnika inicjacji translacji eIF4E. Analogi m7G kapu nie są zdolne do penetracji błon biologicznych. Pozytywne wyniki *in vitro* testów funkcjonalności koniugatów dodekahedronu z doksorubicyną (Dd/dox) i z analogiem m7G kapu (Dd/kap) były podstawą do rozpoczęcia badań *in vivo*. Doświadczenia w szczurzym modelu HCC realizowaliśmy we współpracy z kierowanym przez prof. J-F Dufur'a Zakładem Farmakologii Klinicznej Uniwersytetu w Bernie (Szwajcaria). Jednoczesne podanie obu koniugatów spowodowało istotne statystycznie zahamowanie wzrostu guzów. Analiza skrawków guzów traktowanych zwierząt wykazała nie tylko wydajne dostarczenie koniugatów, ale również równomierne rozmieszczenie obu dostarczonych czynników/inhibitorów. Co istotne, zaobserwowaliśmy obniżenie poziomu dwóch proto-onkogenów, eIF4E i c-myc w obrębie guza. Jest to ważny wynik ze względu na znaną rolę c-myc w podtrzymaniu wzrostu guzów w HCC i złymi rokowaniami związanymi z podwyższonym poziomem tego proto-onkogeny.

Najważniejszy wynik badawczy:

Przylączenie do dodekahedronu umożliwiło dostarczenie wewnątrzkomórkowe syntetycznego analagu m7G kapu oraz zwiększone dostarczenie doksorubicyny. Jednoczesne podanie koniugatów dodekahedronu z doksorubicyną oraz z syntetycznym analogiem m7G kapu prowadzi do istotnego statystycznie zahamowania wzrostu guzów w szczurzym modelu raka wątrobowo-komórkowego.

PUBLIKACJE: 4654

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. Przy użyciu sekwenatora genomowego GS FLX Titanium firmy Roche przeprowadzono masywne sekwencjonowanie wszystkich przygotowanych preparatów cDNA wiroidowego. RNA PSTVd wyizolowano z roślin pomidora odmiany Rutgers zakażonego ostrym (PSTVd-S23) bądź łagodnym (PSTVd-M) wariantem sekwencyjnym lub wygenerowanymi *in vitro* bankami mutantów domeny P (PSTVd-PM1) i domeny TL (PSTVd-TL). Doświadczenie było przeprowadzone w dwóch wariantach temperaturowych (21°C i 28°C), aby śledzić presję selekcyjną. Uzyskano ponad 40 000 odczytów dla jednej puli cDNA. W sumie analizie poddano 22 próbki. Rozpoczęto analizę bioinformatyczną uzyskanych wyników.

Najważniejszy wynik badawczy:

Rozpoczęto analizę danych otrzymanych z masywnego sekwencjonowania populacji wiroida w celu charakterystyki jej struktury i zmienności w roślinnym gospodarzu w zależności od temperatury i czasu infekcji.

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, dr Wiesław Jankowski, mgr Adam Józwiak, mgr Agata Lipko, mgr Joanna Siedlecka, dr Karolina Skorupińska-Tudek, dr Ewa Sosińska (od 1 X) dr Liliana Surmacz, magistranci Marta Wnuk (do 10 VI), (od 1 X): Natalia Grabska, Anna Gębala, Artur Choros studenci PW, Hanna Siekierska studentka UW, inżynierantka Anna Molga

Wykazano, że cukry indukują zmiany składu dolicholi akumulowanych w korzeniach włośnikowych *Arabidopsis thaliana* oraz zmiany ekspresji *cis*-prenylotransferaz (indukcja *AtCPT3* i *AtCPT7* oraz *AtCPT6* i -9 w wyższych stężeniach glukozy lub sacharozy). Zsyntetyzowano potrzebną do znakowań metabolicznych ilość deuterowanej deoksyksylulozy, prekursora szlaku MEP (wsp. prof. dr hab. Rohmer, Strasbourg), ustalono warunki znakowania.

Scharakteryzowano profil lipidowy 120 ekotypów *Arabidopsis*, wybrano populacje mapującą (współpraca dr A. Ihnatowicz, UG).

Badano produkty oksydacji modelowych izoprenoidów (geraniol) tlenem singletowym, określono strukturę produktów (współpraca dr M. Masnyk, IChO).

Prowadzono badania nad mutantem *A. thaliana* T-DNA RabGGT (wstawka w genach kodujących GGTA i GGTB), badano fenotyp mutantów.

Uzyskano rekombinowane białko AtCPT7, uzyskano rośliny transformowane fuzyjnym genem AtCPT7-GFP.

Opracowano metodykę oznaczania spironolaktonu i desmopresyny w liposomach zawierających jodki prenylotrimetyloamoniowe, przygotowano serię liposomów zawierających spironolakton, podawano je zwierzętom doświadczalnym (współpraca prof. dr hab. E. Jezierska, IMDiK). Przygotowano kolejne porcje czystych prenoli, w IChO przekształcono je w pochodne amoniowe (współpraca dr M. Masnyk).

Kontynuowano działalność Kolekcji Poliprenoli – udostępniono preparaty poliiizoprenoidowe kilkunastu grupom badawczym.

Najważniejszy wynik badawczy:

Wykazanie modulującego wpływu glukozy na metabolizm izoprenoidów.

PUBLIKACJE: 4591, 4600, 4614, 4635, 4687, 3217/A, 3238/A, 3255/A, 3262/A, 3263/A, 3264/A, 3273/A, 3307/A, 3322/A, 665/N, 679/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)

Prace prowadzone w 2012 roku stanowiły kontynuację badań, dotyczących roli kinazy białkowej ZmCPK11 z rodziny CDPK (Calcium Dependent Protein Kinases) w przekazywaniu sygnałów w odpowiedzi na stresy abiotyczne.

Wykorzystując 4 linie roślin transgenicznych rzodkiewnika pospolitego (*Arabidopsis thaliana*) produkujących ZmCPK11 ze znacznikiem c-Myc badany był udział ZmCPK11: (1) w tolerancji na stres zimna i zasolenia oraz (2) w procesach regulowanych przez hormony roślinne: kwas jasmonowy (JA) i kwas abscysynowy (ABA). Ponadto badania obejmowały: wpływ zimna na poziom transkryptu endogennej *ZmCPK11* u kukurydzy oraz identyfikację komórkowych substratów ZmCPK11.

Nie zaobserwowano różnic w fenotypie 3-tygodniowych roślin transgenicznych produkujących ZmCPK11 w porównaniu do roślin kontrolnych (dzikich i produkujących sam wektor) w tolerancji na zimno (przeniesienie hodowli do 4°C), natomiast w odpowiedzi na zasolenie (podlewanie roślin 300 mM NaCl) rośliny produkujące ZmCPK11 są bardziej odporne niż rośliny kontrolne. W warunkach kontrolnych (na podłożu ½ Murashige i Skoog) wszystkie badane linie: dzikie, produkujące ZmCPK11 lub sam wektor kiełkują w podobnym czasie i nie wykazują różnic we wzroście po kiełkowaniu. Jednakże, wzrost korzenia roślin transgenicznych produkujących ZmCPK11 był silniej hamowany przez metylową pochodną JA (MeJA) w porównaniu do roślin kontrolnych. Podobnie kiełkowanie nasion, jak również wzrost po kiełkowaniu roślin produkujących ZmCPK11 są silniej hamowane przez ABA w porównaniu do nasion roślin kontrolnych. Świadczy to, że ZmCPK11 uczestniczy w procesie hamowania wzrostu korzenia regulowanym przez MeJA, jak również w procesie hamowania kiełkowania nasion i wzrostu po kiełkowaniu przez ABA.

Zimno powoduje gwałtowny, kilkudziesięciokrotny wzrost transkryptu *ZmCPK11*. Dehydrogenaza aldehydu ZmRF2, z rodziny dehydrogenaz uczestniczących w usuwaniu nadmiaru aldehydów produkowanych w odpowiedzi na stresy abiotyczne, jest potencjalnym substratem ZmCPK11.

Najważniejszy wynik badawczy:

ZmCPK11 uczestniczy w tolerancji na zasolenie oraz jest kinazą regulowaną przez ABA.

PUBLIKACJE: 4631, 3220/A, 3252/A, 3332/A

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

Zespół: prof. dr hab. Bernard Wielgat, dr Lidia Polkowska-Kowalczyk, mgr Justyna Tarwacka (do 01.07.2012)

W okresie sprawozdawczym prowadzono badania dróg przekazywania sygnału indukowanego elicytorem z *Phytophthora infestans* w trzech genotypach *Solanum*, różniących się typem i poziomem odporności na ten patogen: *Solanum nigrum* var. *gigantea* i *Solanum tuberosum* cv Bzura (odporne) oraz klon H-8105 (wrażliwy). Badano indukowaną przez *Phytophthora infestans* aktywność kinaz MAP i CDPK. Stwierdzono wzrost poziomu aktywności obu typów kinaz w genotypach odpornych, podczas gdy genotyp wrażliwy wykazywał o wiele niższą indukcję aktywności tych enzymów. Ponadto, oznaczono poziom transkryptu poznanych dotychczas w *S. tuberosum* kinaz MAP: StMPK1, StMPK2, StMPK3, oraz CDPK: StCDPK4 i CDPK5. Stwierdzono obecność transkryptu obu typów kinaz w liściach wszystkich badanych genotypów *Solanum*. Nie zaobserwowano znaczącego wzrostu poziomu transkryptu kinaz MAP, natomiast transkrypt CDPK nieznacznie wzrastał po potraktowaniu liści elicytorem. Wydaje się prawdopodobne, że kinazy, jako elementy szlaków sygnałowych, uczestniczą w wielu procesach komórkowych, transkrypt większości z nich może być utrzymywany na określonym poziomie, takim, aby w każdej chwili móc reagować na czynniki stresowe.

Oznaczono również poziom transkryptu fosfolipazy A₂ (PLA₂) wykorzystując startery zaprojektowane w oparciu o dotychczas znane sekwencje patatiny u ziemniaka. Wykazano obecność transkryptu w dwóch odmianach *S. tuberosum*, natomiast w *S. nigrum* var. *gigantea* nie stwierdzono jego obecności. Jest to niezmiernie interesujące, gdyż *P. infestans* indukuje w liściach *S. nigrum* var. *gigantea* ok. 3-krotny wzrost aktywności PLA₂ w porównaniu do kontroli. Możliwe, że za tak wysoką aktywność PLA₂ w *S. nigrum* var. *gigantea* jest odpowiedzialna inna izoforma enzymu.

Najważniejszy wynik badawczy:

Wykazano, zależną od poziomu odporności genotypu *Solanum*, aktywność kinaz MAP i CDPK indukowaną przez *P. infestans*.

PUBLIKACJE: 3220/A, 3252/A

Temat nr 18: Molekularne regulacje syntezy glikokoniugatów w drożdżach.

Zespół: prof. dr hab. Grażyna Palamarczyk, dr Anna Janik, doktoranci: mgr inż. Monika Niewiadomska, mgr inż. Mateusz Juchimiuk

Tematyka badawcza dotyczy identyfikacji genów i białek biorących udział we wczesnych, zlokalizowanych w endoplazmatycznym retikulum (ER), reakcjach glikozylacji w komórkach patogennych drożdży *Candida albicans*. Ten ludzki patogen stanowi poważne zagrożenie zwłaszcza dla pacjentów z ograniczoną odpornością immunologiczną. Charakterystyczną cechą biologii *C. albicans* jest zdolność do tworzenia różnych form morfologicznych takich jak formy drożdżowe, przypominające drożdże *Saccharomyces cerevisiae* oraz formy strzępkowe (hyphae, czy pseudohyphae) ułatwiające kolonizację atakowanego organizmu.

Wcześniej 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 kolejnych genów i białek zaangażowanych w syntezę fosforanu dolicholu (DolP), aktywnej formy Dol, biorącej udział w reakcjach glikozylacji. Były to geny kodujące reduktazę PolPP (białko Dfg10), która powoduje przekształcenie PolPP do DolPP z równoczesną defosforylacją. Końcowym produktem tej reakcji jest dolichol. Sklonowaliśmy także gen *SEC59* kodujący CTP-zależną kinazę dolicholu. Kolejne zidentyfikowane białka w szlaku glikozylacji w *C. albicans* to Dpm1, Dpm2 i Dpm3, zaangażowane w biosyntezę DolPMan, donora mannozy w reakcjach N- glikozylacji i O-mannozytacji białek oraz syntezy kotwicy GPI.

Należy dodać, że geny *SEC59* oraz kompleksu DPM kodują białka niezbędne dla przeżycia, dlatego też w badaniach wykorzystaliśmy technikę konstrukcji szczepów z regulowaną ekspresją interesujących nas genów (technika „URA-blaster”).

Stwierdziliśmy, że ograniczenie syntezy PolPP, DolP i DolMan, hamuje powstawanie zróżnicowanych form morfologicznych *C. albicans*. Efektu tego nie daje natomiast ograniczenie aktywności reduktazy PolPP.

Najważniejszy wynik badawczy:

Stwierdzenie, że ograniczenie syntezy dolicholu wywołuje stres endoplazmatycznego retikulum polegający na aktywacji ekspresji genów zaangażowanych w tzw. Unfolded Protein Response (UPR), proces zapobiegający degradacji źle zwiniętych białek.

PUBLIKACJE: 4636, 4656, 3339/A, 3340/A, 659/N, 686/N

Temat nr 18.1: Genetyczne modyfikacje 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, dr Patrycja Zembek, mgr Sebastian Graczyk

Celem pierwszego podtematu było uzyskanie szczepów *Trichoderma atroviride* o zwiększonej aktywności przeciwgrzybowej i biokontrolnej. Takie szczepy uzyskano na drodze modyfikacji aktywności szlaku mewalonowego poprzez ekspresję genów *ERG20* lub *RER2* z *Saccharomyces cerevisiae* w *T. atroviride*. Szczepy niosące gen *ERG20*, metoda ich wytwarzania i zastosowanie zostały ujęte w zgłoszeniu patentowym Nr P-401450. Szczepy z genem *RER2* zostały również scharakteryzowane pod względem właściwościami biokontrolnym i przeciwgrzybowymi. Trwają prace nad opracowaniem wyników do publikacji.

Celem drugiego podtematu było określenie różnic między enzymami Rer2 z drożdży i z *Trichoderma*. Zamierzamy określić rodzaj dolicholi syntetyzowanych przez oba enzymy i zbadać ich strukturę. Spodziewamy się, że struktura dolicholi *Trichoderma* będzie zupełnie inna niż dolicholi drożdżowych i ludzkich.

Celem trzeciego podtematu było klonowanie i analiza funkcjonalna genu *erg20Tr* z *Trichoderma*. Gen został sklonowany i dokonano jego nadekspresji w *Trichoderma reesei*, która udowodniła funkcję sklonowanego genu. Trwają prace nad badaniem skutków nadekspresji *erg20Tr* na aktywność różnych enzymów szlaku mewalonowego (FPP syntazy, cis-prenylotransferazy, syntazy skwalenu).

Celem czwartego podtematu jest określenie udziału genu *AstA* i jego produktu w patogenezie *Fusarium* względem roślin uprawnych. Badania sugerują, że transporter siarczanowy *AstA* może być niezbędny w patogenezie roślin. Prace w temacie są kontynuowane.

Najważniejszy wynik badawczy:

Najważniejszym efektem prowadzonych prac jest uzyskanie szczepów *T. atroviride* o wzmocnionych właściwościach biokontrolnych i opracowanie zgłoszenia patentowego na ten temat.

PUBLIKACJE: 4656, 3134/A, 3178/A, 3179/A, 3180/A, 657/N, 681/N, 684/N

Temat nr 20: Genetyka i biologia molekularna grzybów.

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

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

Przedmiotem naszych badań jest białko Maf1, globalny represor transkrypcji tRNA przez polimerazę III RNA, konserwowany u eukariontów od drożdży do człowieka. Poczynając od izolacji genu kodującego Maf1 u drożdży i identyfikacji jego funkcji, badaliśmy mechanizm regulacji aktywności Maf1 i jego rolę w koordynacji transkrypcji z dalszymi etapami biosyntezy tRNA. Badania przeprowadzone w ostatnim roku pozwoliły na określenie wpływu kontroli transkrypcji tRNA przez Maf1 na stabilność tRNA u drożdży.

Punktem wyjścia był wynik genetyczny: gen kodujący Maf1 sklonowano jako wielokopijny supresor podwójnego mutantu *trm4Δtrm8Δ*. W tej samej selekcji genetycznej sklonowano geny kodujące czynnik elongacji translacji EF1-A oraz syntetazę tRNA-Val. Mutant *trm4Δtrm8Δ* pozbawiony jest dwóch specyficznych metylaz tRNA i wykazuje defekt wzrostu w podwyższonej temperaturze. Jak to stwierdzono wcześniej w laboratorium E. Phizyckiego (Rochester USA), brak metylacji określonych nukleotydów obniża stabilność i powoduje degradację hypomodyfikowanego tRNA-Val na drodze szlaku RTD (rapid tRNA decay). W ramach naszych badań wykazaliśmy eksperymentalnie, że zwiększona ekspresja genu *MAF1* powoduje stabilizację tRNA-Val w szczepie *trm4Δtrm8Δ*. Na podstawie tego wyniku sformułowaliśmy hipotezę, że stabilizacja hypomodyfikowanego tRNA-Val wiąże się z globalną represją transkrypcji tRNA. Hipotezę tę potwierdzono wykonując trzy niezależne eksperymenty; totalny poziom transkrypcji tRNA w szczepie *trm4Δtrm8Δ* obniżono poprzez wprowadzenie (1) mutacji *MAF1-7A* zwiększającej represję Pol III (2) mutacji punktowej *rpc128-1007* w podjednostce Pol III, C128 (3) genu kodującego podjednostkę C17 Pol III pod regulowanym promotorem i obniżenie poziomu C17. We wszystkich trzech przypadkach obserwowano stabilizację hypomodyfikowanego tRNA-Val. Z drugiej strony supresję *trm4Δtrm8Δ* i stabilizację tRNA-Val można osiągnąć poprzez zwiększenie poziomu: czynnika elongacji translacji EF1-A oraz syntetazy tRNA-Val. Zaproponowano więc model stabilizacji hypomodyfikowanego tRNA, w którym stosunek tRNA do białek wiążących tRNA jest kluczowy dla bezpośredniej ochrony przez rybonukleazami szlaku RTD.

Najważniejszy wynik badawczy:

Wykazano zależność między transkrypcją a kontrolą degradacji tRNA i zaproponowano model mechanizmu molekularnego.

PUBLIKACJE: 4655, 3347/A, 3348/A, 3349/A, 3350/A, 3351/A, 3352/A, 3353/A, 3354/A, 3355/A, 3356/A, 677/N, 693/N

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

Zespół: prof. dr hab. Joanna Rytka, dr hab. Marek Skoneczny, dr hab. Róża Kucharczyk, dr Anna Chelstowska, dr Monika Wysocka-Kapcińska, mgr Anna Kabala, mgr Katarzyna Inowolska, mgr Natalia Skoczeń

Skonstruowano szczepy drożdży niosące dwie nowe mutacje w genie *ATP6* powodujące u ludzi syndrom NARP/MILS. W celu poznania molekularnych podstaw wystąpienia choroby zbadano zdolność do oddychania komórek oraz stabilność i funkcjonowanie zmutowanej syntazy ATP.

We współpracy z prof. J.P. di Rago badano mechanizm kontroli translacji podjednostki Atp6 syntazy ATP. Wstępne wyniki świadczą, że obecność kompleksu syntazy ATP bez podjednostki szóstej jest sygnałem regulującym translację tej podjednostki oraz, że regulacja translacji wymaga białka Atp10 – czynnika składania podjednostki Atp6. Współpraca z prof. J.P. di Rago zaowocowała publikacją w PLoS Genet. 2012;8(8), której współautorem jest R. Kucharczyk (afiliacja Université Bordeaux).

We współpracy z dr Christosem Chinopoulos (Uniwersytet Semmelweis, Budapeszt) skonstruowano szczepy, w których gen drożdży kodujący antyport ADP/ATP (ANT) wewnętrznej błony mitochondrialnej zastąpiono genem *ANT* z krewetki *Artemia franciscana*. Wykazano, że inne czynniki, aniżeli sam transporter, wpływają na jego oporność/wrażliwość na kwas bonkrekowy, inhibitor ANT.

Kontynuowano analizę funkcjonalną Hsp31p, białka odpowiedzi na stres drożdży *Saccharomyces cerevisiae*. Przy pomocy fuzji genowej *HSP31-lacZ* przeprowadzono pomiary aktywności promotora *HSP31* w szczepach z delecjami czynników transkrypcyjnych, których rozpoznawane motywy wykryto w tym promotorze. Wykonano delecje genu *HSP31* w szczepie $\Sigma 1278b$ i wykonano testy wrażliwości na generatory ROS. Otrzymano przeciwciała przeciw natywnemu białku o zadowalającej specyficzności. Skonstruowano szczepy z mutacją w genie *HSP31*, który koduje białko z alaniną w miejsce konserwowanej cysteiny. Wstępne obserwacje wskazują na znaczący spadek żywotności spor z tetrad powstałych z homodiploida *hsp31Δ/hsp31Δ*, co wskazuje na udział białka Hsp31p w tej fazie cyklu życiowego drożdży.

We współpracy z dr B. Rempolą kontynuowano badania funkcji białka Yaf9 (temat nr 38).

Najważniejszy wynik badawczy:

Wykazanie, że białko Atp10 bierze udział w regulacji translacji Atp6, podjednostki syntazy ATP.

PUBLIKACJE: 4588, 4625, 3230/A, 3243/A, 3310/A, 3320/A, 204/M

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

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

Stwierdzono w analizie transkryptomicznej prototroficznych mutantów *Aspergillus nidulans* z rozregulowanym metabolizmem siarki, że indukowane są w nich mechanizmy typowe dla odpowiedzi komórki na stres. Indukowane są przede wszystkim transkrypty genów odpowiedzi na stres oksydacyjny, cieplny i osmotyczny. Na szczególną uwagę zasługuje podwyższona ekspresja kilku genów kodujących kinazy histydynowe związane z przekazywaniem informacji o stresie.

Badaliśmy też funkcje nowego czynnika transkrypcyjnego MetZ podobnego do czynnika MetR, koniecznego do ekspresji szeregu genów metabolizmu siarkowego. Stwierdziliśmy, że ekspresja genu *metZ* jest zależna od MetR, a także, że MetZ może zastępować MetR w indukcji ekspresji kilku genów związanych z transportem związków siarkowych.

W ramach badań bioinformatycznych zakończyliśmy analizę filogenetycznego profilu białek krwinki czerwonej oraz prowadzimy badania nad białkami potencjalnie powiązanymi z toksycznością niklu. We współpracy z prof. dr hab. T. Żołądek analizowaliśmy białko Atg2 związane z transportem komórkowym. Równolegle prowadziliśmy badania nad katalogami sensorów bakteryjnych, filogenezą białek wielodomenowych oraz kilkoma aspektami ewolucji sekwencji białkowych.

Najważniejszy wynik badawczy:

Filogeneza białek krwinki czerwonej koreluje z funkcją poszczególnych grup białek.

PUBLIKACJE: 4602, 4617, 4658, 3330/A

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

Zespół: prof. dr hab. Teresa Żóładek, dr Joanna Kamińska, mgr Katarzyna Jarmoszewicz (do 30.09.2012), mgr Żaneta Ludwiczak (do 30.09.2012), mgr Anna Domańska, mgr Weronika Rzepnikowska (od 01.10.2012)

Komórki eukariotyczne posiadają organelle, między którymi zachodzi wymiana białek i lipidów za pomocą transportu pęcherzykowego. W transporcie z aparatu Golgiego do ER powstające pęcherzyki są otaczane płaszczem COPI. Wiele z podjednostek tego płaszcza jest modyfikowanych ubikwitiną, ale znaczenie fizjologiczne ubikwitinacji białek COPI jest nieznane. W naszych pracach pokazaliśmy, że mutacja *rsp5-1* w genie kodującym ligazę ubiquitynową ma addytywny negatywny wpływ na wzrost mutantów *ret1-1* i *sec28Δ* z mutacjami w genach białek płaszcza COPI. Podwójny mutant *ret1-1 rsp5-1* miał znacząco zahamowany transport z aparatu Golgiego do ER białek markerowych np. GFP-Rer1 i Kar2, w porównaniu do pojedynczych mutantów *ret1-1* i *rsp5-1*. Nadekspresja ubiquityny w mutancie *ret1-1 rsp5-1* poprawiała transport białka GFP-Rer1. Stwierdziliśmy, że Rsp5 nie odpowiada za ubikwitinację białka płaszcza Sec27, ani białka markerowego GFP-Rer1. Badania wskazują, że Rsp5 uczestniczy w regulacji transportu z aparatu Golgiego do ER przez wpływ na cytoszkielekt aktynowy. Wykazaliśmy, że delecja genu *SLA1*, kodującego białko cytoszkieletu aktynowego, które jest ubikwitynowane przez Rsp5, ma takie same oddziaływania genetyczne z mutacjami *ret1-1* i *sec28Δ* jak mutacja *rsp5-1*. Pokazaliśmy, że oba białka Rsp5 i Sla1 oddziałują z białkami płaszcza COPI.

Ligaza białkowa Rsp5 posiada motyw 758-RRFTIE-763, który może być fosforylowany przez kinazę białkową PKA. Analiza fenotypowa mutantu *rsp5-T761D* mimikującego fosforylację pokazała, że jest on wrażliwy na temperaturę 37°C i ma defekt ubikwitinacji i transportu do wakuoli białka Sna3-GFP w temp. 28°C, co wskazuje na obniżoną aktywność katalityczną ligazy. Na pożywce bogatej z glukozą znaczna część komórek *rsp5-T761D* traci żywotność i akumuluje reaktywne formy tlenu (ROS). Komórki *rsp5-T761D* rosną wolniej na pożywce z etanolem i mają zmiany w morfologii mitochondriów. Wyniki te wskazują, że Rsp5 może być jednym z mediatorów wpływu PKA na fizjologię mitochondriów.

Najważniejszy wynik badawczy:

Pokazano po raz pierwszy, że cytoszkiet aktynowy uczestniczy w transporcie białek z aparatu Golgiego do ER.

PUBLIKACJE: 4625, 4637, 3020/A, 3021/A, 3181/A, 3307/A, 3345/A, 676/N, 687/N, 689/N

Temat nr 21: Regulacja metabolizmu siarkowego u bakterii.

Zespół: prof. dr hab Monika Hryniewicz

Prace zespołu, prowadzone na modelach *Escherichia coli* i *Burkholderia cenocepacia*, koncentrowały się na identyfikacji i charakterystyce czynników i mechanizmów regulujących bakteryjne procesy asymilacji siarki z różnorodnych źródeł tego pierwiastka występujących w przyrodzie. W wyniku kilku kierunków badań prowadzonych w naszym laboratorium opisaliśmy: (1) mechanizm kontroli ekspresji genów przez dwa główne czynniki transkrypcyjne uczestniczące w regulacji metabolizmu siarkowego u *E. coli* (CysB i Cbl); (2) relacje struktura-funkcja dla tych czynników transkrypcyjnych; (3) rolę niskocząsteczkowych metabolitów (efektorów) w regulacji bakteryjnego metabolizmu siarkowego; (4) potencjał genomowy *B. cenocepacia* w zakresie obecności genów związanych z anabolizmem siarki oraz mechanizm kontroli kilkunastu wybranych genów przez regulatory CysB i SsuR. Stosując podejście różnicowej analizy transkryptomu *E. coli* (w zależności od źródła siarki oraz funkcji/dysfunkcji CysB) odkryliśmy nieznane dotąd powiązania mechanizmów regulacji asymilacji siarki z wieloma kluczowymi procesami metabolicznymi komórki bakteryjnej.

Temat statutowy został zamknięty z końcem 2012 r.

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 Krzysztof Flis (staż zagraniczny USA), dr Karolina Makiela-Dzbeńska, dr Katarzyna Grabowski, dr Michał Dmowski, dr Małgorzata Alabrudzinska (od 01.11.2012), mgr Joanna Kraszewska, mgr Urszula Wrońska, mgr Marta Garbacz, mgr Ewa Grabowska, mgr Anna Zawada, mgr Katarzyna Masłowska, mgr Milena Denkiewicz, mgr Ewa Szwajczak (od 01.10.2012)

W 2012 roku pracownia kontynuowała badania dotyczące roli białka Dpb2 – niekatalitycznej podjednostki polimerazy DNA epsilon (Pol ϵ) *Saccharomyces cerevisiae* w kształtowaniu wierności replikacji DNA oraz udziału w syntezie DNA nisko-wiernej polimerazy zeta (Pol ζ). Wykazaliśmy, że obserwowany efekt mutatorowy w szczepach *dpb2* nie jest związany z mutagenną replikacją poprzez oksydacyjne uszkodzenia DNA lub ich naprawą.

Kompleks białkowy GINS został po raz pierwszy opisany w 2003 roku w drożdżach *Saccharomyces cerevisiae*. Do chwili obecnej zidentyfikowano go w wielu organizmach m.in. u człowieka, myszy, *Xenopus* czy *Drosophila*. GINS jest niezbędny zarówno na etapie inicjacji jak i elongacji replikacji DNA, jest molekularnym łącznikiem, który ułatwia gromadzenie się czynników replikacyjnych wokół helikazy MCM podczas replikacji DNA. Chociaż geny kodujące elementy kompleksu GINS są konserwowane ewolucyjnie i niezbędne dla życia komórek biologiczna funkcja kompleksu jest słabo poznana. W naszej pracowni prowadzone są badania mające na celu badanie wpływu kompleksu GINS na wierność procesu replikacji. Badania prowadzone są przy udziale mutantów w genie *PSF1* kodującym jedną z podjednostek GINS. Wykazano, że mutacje w podjednostce Psf1 podwyższają poziom mutacji spontanicznych. Ponadto mutacje w kompleksie GINS wpływają na dostęp do widełek replikacyjnych mutagennej polimerazy zeta DNA zwiększając niestabilność materiału genetycznego.

Kolejnym etapem badań było określenie czy obserwowany wzrost spontanicznej mutagenyzy dla szczepów *psf1* wynika z obniżenia wierności procesu replikacji DNA. W tym celu zbadano poziom mutagenyzy szczepów *psf1* posiadających dysfunkcję systemu naprawy błędnie sparowanych zasad (*msh6Δ*). Poziom mutagenyzy w szczepie *psf1 msh6Δ* jest synergistyczny w stosunku do mutantów pojedynczych, co sugeruje, że błędy powstałe w szczepie *psf1* są błędami replikacyjnymi.

Najważniejszy wynik badawczy:

Wykazaliśmy, że mutacja w podjednostce Psf1 wchodzącej w skład kompleksu GINS wpływa na wierność procesu replikacji DNA.

PUBLIKACJE: 4652, 4657, 3228/A, 3237/A, 3240/A, 3246/A, 3318/A, 668/N, 670/N, 697/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-Binkowska

Kontynuowano badania nad mechanizmami odpowiedzialnymi za naprawę uszkodzeń oksydacyjnych genomu mitochondrialnego drożdży *Saccharomyces cerevisiae*, jako organizmu modelowego. Poprzednio stwierdzono, że wywołany antymycyną stres oksydacyjny prowadzi preferencyjnie do powstawania częstych rearanżacji mitochondrialnego DNA (mtDNA). Tym rearanżacjom zapobiega nadprodukcja katalazy Cta1, co sugeruje, że bezpośrednim czynnikiem odpowiedzialnym za ten fenotyp jest indukowany przez antymycynę H₂O₂. Analiza sekwencyjna indukowanych antymycyną niewydolnych oddechowo mutantów mitochondrialnych wykazała, że ich mtDNA niesie bardzo duże delecje i często zawiera tylko niewielką część genomu mitochondrialnego obejmującą jedną z sekwencji odpowiedzialnych za inicjację replikacji: *ori2*, *ori3* albo *ori5*. Stwierdzono, że powstawanie indukowanych stresem oksydacyjnym dużych delecji mtDNA jest zależne od mitochondrialnej nukleazy Nuc1, bowiem częstość ich występowania jest znacząco obniżona w mutantach pozbawionych genu *NUC1*. Obecnie weryfikowana jest hipoteza, że nukleaza Nuc1 jest odpowiedzialna za selektywne usuwanie poważnie oksydacyjnie uszkodzonych kopii mtDNA i jest to jeden z mechanizmów zapewniających stabilność genomu mitochondrialnego. Ponieważ nukleaza Nuc1 ma swoje ludzkie odpowiedniki EndoG i ExoG, skonstruowano plazmidy drożdżowe niosące cDNA tych nukleaz. Badany jest obecnie udział nukleazy EndoG i ExoG w utrzymaniu stabilności mtDNA komórek drożdży poddanych stresowi oksydacyjnemu. Kontynuowano także badania nad udziałem kompleksu MRX, znanego dotychczas ze swej roli w naprawie podwójnych pęknięć genomu jądrowego, w reperacji uszkodzeń oksydacyjnych mtDNA. Stwierdzono, że jednoczesna inaktywacja kompleksu MRX przez delecję genu *RAD50* i inaktywacja glikozylazy Ogg1, kluczowego enzymu w naprawie przez wycinanie zasad (mtBER) prowadzi w warunkach stresu oksydacyjnego do synergii w powstawaniu rearanżacji genomu mitochondrialnego, co wskazuje na współdziałanie obu tych mechanizmów w utrzymaniu stabilności mtDNA.

Najważniejszy wynik badawczy:

Wykazanie udziału nukleazy Nuc1 w powstawaniu indukowanych stresem oksydacyjnym dużych delecji mtDNA.

PUBLIKACJE: 4700, 3235/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 (do 09.2012), mgr Izabela Brózda, mgr Kamil Król, mgr Michał Płachta, mgr Michał Krawczyk, mgr Aleksandra Respondek

Kontynuowaliśmy badania regulacji komórkowego poziomu Polimerazy DNA eta (Pol eta), która jest uniwersalnie występującym enzymem odpowiedzialnym za syntezę DNA poprzez uszkodzenia matrycy. 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. Wykorzystując technikę ilościowego RT-PCR ustaliliśmy, że poziom mRNA kodującego polimerazę eta, jest indukowany przez traktowanie komórek drożdży promieniowaniem UV i że mutacja lizyny 123 histonu H2B, która jest ubikwitynowana przez kompleks Rad6/Bre1, powoduje supresję tej indukcji. Natomiast, działanie czynników alkilujących, oksydacyjnych i blok replikacyjny wywołany hydroksymocznikiem nie ma znaczącego wpływu na poziom mRNA Pol eta. Ustaliliśmy także, że opisane w literaturze fuzje drożdżowej Pol eta z różnymi epitopami wykazują różne czasy półtrwania. Dlatego opracowaliśmy metodę wizualizacji natywnej Pol eta co umożliwi ustalenie stabilności tego enzymu w komórkach drożdży.

Wyniki genomicznych testów wrażliwości na dwuniciowe pęknięcia DNA, przeprowadzonych w oparciu o mikromacierze „molekularnych kodów kreskowych”, oraz bibliotekę izogenicznych szczepów delecyjnych we wszystkich genach *Saccharomyces cerevisiae*, wskazują na odmienną reakcję komórek drożdży na pęknięcia DNA wywołane chemicznie (zeocyną) i te wywołane nadprodukcją endonukleaz. Dane wskazują, że tzw. „brudne” pęknięcia DNA wywołane chemicznie, aktywują odpowiedź komórki na stres genotoksyczny, w tym całą ścieżkę naprawy poprzez rekombinację homologiczną. Wprowadzane do genomu poprzez endonukleazy „czyste”, ligowalne pęknięcia DNA, nie aktywują w komórce odpowiedzi na stres DNA, przez co stwarzają problemy podziałowe. W reperacji tego rodzaju uszkodzeń istotne są systemy zaangażowane w poprawną segregację materiału genetycznego. Intrygujący jest fakt, że w obu wielkoskalowych doświadczeniach przesiewowych wykryto nieznane dotąd związki między wewnątrzkomórkowym transportem pęcherzykowym a stabilnością genomu. Dane genomiczne zostały potwierdzone w doświadczeniach przeprowadzonych na pojedynczych mutantach delecyjnych.

Najważniejszy wynik badawczy:

Sprawny transport pęcherzykowy jest warunkiem prawidłowej reakcji drożdży *Saccharomyces cerevisiae* na stres dwuniciowych pęknięć DNA.

PUBLIKACJE: 3230/A, 3243/A, 3248/A, 3310/A, 3319/A

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

Zespół: dr Izabela Kern-Zdanowicz, dr Michał Dmowski (do 30.04.2012)

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). Cechą charakterystyczną systemu partycyjnego pSM19035 jest obecność trzech miejsc wiązania białka partycyjnego Omega (powtórzone sekwencje WATCACW), potencjalnych sekwencji centromerowych. Uzyskane przez nas wyniki dowodzą, że do wydajnego działania systemu aktywnej partycji plazmidu pSM19035 wystarczający jest jeden region centromerowy – $P\omega$ – niezależnie od tego, czy pełni również funkcję promotora operonu partycyjnego, czy znajduje się poniżej genu ω . Pozostałe regiony – $P\delta$, $PcopS$ zapewniają stabilizację wyraźnie niższą niż $P\omega$. Ustalono też, że wprowadzenie wszystkich trzech regionów w jednym plazmidzie nie zwiększa skuteczności działania systemu w porównaniu z sytuacją, gdy plazmid niesie tylko dwa regiony wiązania białka Omega. Bardziej precyzyjna analiza regionu promotorowego $P\omega$ wykazała, że sama sekwencja niosąca powtórzenia WATCACW nie jest pełnym centromerem – konieczna jest obecność całego regionu promotorowego.

Metodą opartą o PCR (PBRT- PCR- Based Replicon Typing) określono replikony plazmidów pochodzących z wielolekoopornych szczepów klinicznych *Salmonella* Kentucky i *Escherichia coli* z kolekcji Państwowego Instytutu Weterynaryjnego. Badane plazmidy należą do grup niezgodności IncI lub F, z wyjątkiem jednego, niosącego replikon o szerokim spektrum gospodarzy – IncA/C. Plazmid ten ma zdolność koniugacji, koduje ESBL typu CTX-M i oporność na szereg antybiotyków aminoglikozydowych. Z powyższych powodów plazmid ten poddano pirosekwencjonowaniu, a obecnie trwa analiza jego sekwencji.

Kontynuowana jest analiza systemu transferu koniugacyjnego plazmidu pCTX-M3, o szerokim spektrum gospodarza (IncL/M). Został przygotowany szczep *E. coli*, do którego wprowadzone zostały geny rejonów *tra* i *trb*, zdolny do mobilizacji do transferu koniugacyjnego plazmidów niosących sekwencję *oriT*_{pCTX-M3} (106bp). Szczep ten oraz seria mobilizowalnych przez niego wektorów stanowi przedmiot zgłoszenia patentowego nr PL400718 w UPRP.

Najważniejszy wynik badawczy:

Głównym centromerem plazmidu pSM19035 jest rejon promotorowy $P\omega$.

PUBLIKACJE: 3278/A, 3311/A

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

Zespół: prof. dr hab. Jarosław Kuśmerek, dr Agnieszka Maciejewska, mgr Karol Ruszel (doktorant)

Mechanizm działania białka AlkB. Zakończono etap biochemicznych i *in silico* badań mechanizmu naprawy adduktów egzocyklicznych przez dioksygenazę AlkB (patrz sprawozdanie 2011; współpraca: dr hab. J. Poznański, dr A. Polkowska-Nowakowska – Zakład Biofizyki IBB). Praca Agnieszka M. Maciejewska, Jarosław Poznański, Zuzanna Kaczmarek, Beata Krowisz, Jadwiga Nieminuszczy, Agnieszka Polkowska-Nowakowska, Elżbieta Grzesiuk i Jarosław T. Kuśmerek “AlkB dioxygenase preferentially repairs protonated substrates: specificity against exocyclic adducts and molecular mechanism of action” przyjęta do druku w J. Biol. Chem., dostępna: <http://www.jbc.org/cgi/doi/10.1074/jbc.M112.353342>, druk: styczeń 2013.

Naprawa 1,N⁶- α -hydroksypropanoadeniny (HPA) przez białko AlkB. Substraty DNA zawierające HPA uzyskano przez modyfikację akroleiną oligodezoksynukleotydu TTATT. Stosując technikę HPLC pozwalającą na rozdzielenie modyfikowanych niemodyfikowanych (naprawionych) oligomerów potwierdzono, że HPA jest wydajnie naprawiana przez AlkB. Następnie wyznaczono optymalne pH oraz stężenie Fe(II) i aKG naprawy. Uzyskane wyniki potwierdziły, że zgodnie z naszymi wcześniejszymi odkryciami, podobnie jak inne substraty, HPA w formie uprotonowanej jest wydajniej naprawiana przez AlkB, niż jej forma neutralna.

Rozpoczęto badania w kierunku ustalenia specyficzności mutacji typu substytucji powodowanych *in vivo* przez obecność HPA w DNA *Escherichia coli*.

Specyficzność substratowa dioksygenazy AlkB z Pseudomonas putida. Odkryto, że Pp AlkB, podobnie jak AlkB z *E. coli* naprawia addukty etenowe, hydroksyetenowe i hydroksypropanowe do DNA (współpraca: prof. dr hab. E. Grzesiuk, ZBM IBB PAN).

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 etenowych zasad *in vivo* (współpraca: dr P. Kowalczyk – ICM UW).

Najważniejszy wynik badawczy:

1,N⁶- α -hydroksypropanoadenina jest nowoodkrytym substratem dioksygenazy AlkB

PUBLIKACJE: 3183/A, 3229/A, 3233/A, 3245/A, 3287/A

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

Zespół: prof. dr hab. Piotr Węgleński, dr Agnieszka Dzikowska, dr Piotr Borsuk,
dr Ana Stanković

Przeprowadzono badania nad rolą ogólnych regulatorów transkrypcji u *Aspergillus nidulans* kodujących czynniki GATA w regulacji ekspresji genów katabolizmu argininy. Stwierdzono, że czynniki te w połączeniu z korepresorem NMRA kontrolują odpowiedź badanych genów na obecność w podłożu źródła węgla i azotu.

Zbadano post-transkrypcyjną regulację genów katabolizmu argininy, a w szczególności oddziaływanie L-argininy z 5'UTR mRNA arginazy. Określono również rolę genu suDpro w regulacji ekspresji genów kodujących arginazę i transaminazę ornitynową.

Podjęto badania nad antycznym DNA(aDNA) izolowanym ze szczątków zwierząt z okresu Plejstocenu. Podjęto też badania nad przynależnością etniczną ludzi pochowanych na stanowiskach pre-kolumbijskich w Peru.

PUBLIKACJE: 4619

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

Zespół: prof. dr hab. Piotr P. Stępień, prof. dr hab. Ewa Bartnik, dr Aleksandra Dmochowska

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.

Nasze badania z poprzednich lat sugerowały, że interaktorem helikazy SUV3 w ludzkich mitochondriach jest fosforylaza polinukleotydowa PNP, jednak grupa badawcza R. Teitella wykazała, że PNP obecna jest w przestrzeni międzymembranowej mitochondriów, gdzie pełni rolę w imporcie RNA do tych organelli. W celu wyjaśnienia tej kontrowersji przeprowadziliśmy szereg badań nad funkcją i lokalizacją PNP oraz kompleksu SUV3-PNP w ludzkich mitochondriach.

Wyciszenie ekspresji genu PNP spowodowało akumulację prekursorów mtRNA oraz wydłużyło okres półtrwania dojrzałych transkryptów mitochondrialnych. Badania kompleksu SUV3-PNP zostały przeprowadzone przy pomocy kilku technik: przy pomocy stabilnych linii komórek eksprymujących białka ze znacznikami TAP oraz FLAG, wykazaliśmy, że kompleks SUV3-PNP jest formowany w mitochondriach i że nie stanowi artefaktu wynikającego z procedury lizy komórek.

Analizy przy pomocy technik mikroskopowych: FLIM-FRET oraz BiFC wykazały, że kompleks SUV3-PNP istnieje *in vivo* i że jest zlokalizowany w macierzy mitochondrialnej w postaci skupień (ognisk) nazwanych przez nas D-foci. Struktury te, podobne do cytosolowych p-bodies, w których odbywa się degradacja RNA, zostały zaobserwowane w mitochondriach po raz pierwszy.

PUBLIKACJE: 4634

Temat nr 31: Studia doktoranckie

Kierownictwo Studium: prof. dr hab. Grażyna Palamarczyk (Kierownik Studium),
prof. dr hab. Piotr Jonczyk (Dyrektor do Spraw Naukowych IBB PAN),
prof. dr hab. Monika Hryniewicz

Na studiach doktoranckich (SD) w IBB PAN zarejestrowano 143 osoby, w tym 103 w IBB PAN, 33 w Międzynarodowym Instytucie Biologii Molekularnej i Komórkowej (MIBMiK), 4 osoby w programie Wellcome FNP na SGGW oraz 3 w „Centrum Nowych Technologii Ochota Uniwersytetu Warszawskiego”.

Pierwszoroczni uczestnicy SD (16 osób) zostali przyjęci w wyniku trójstopniowego egzaminu wstępnego, do którego przystąpiło 39 osób. Egzamin obejmował znajomość języka angielskiego, pisemny test oraz ustną prezentację wyników prac magisterskich, połączoną z rozmową z kandydatami. Egzamin ustny przeprowadziła 11-to 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.

Prace doktorskie w roku 2012 obroniło 20-tu doktorantów.

Działalność dydaktyczna:

W roku sprawozdawczym IBB PAN zorganizował następujące cykle wykładów:

- Rolnictwo molekularne – produkcja terapeutycznych białek w roślinach koordynator prof. dr hab. Agnieszka Sirko
- Globalne analizy genomów i proteomika – dr hab. Marta Kobłowska, dr Robert Gromadka, prof. hab. Michał Dadlez
- Peptydy biologicznie aktywne – koordynator 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. W roku sprawozdawczym, podobnie jak w latach poprzednich, 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. Doktoranci są współautorami 22 pełnych prac naukowych oraz 102 komunikatów lub plakatów przedstawionych na zjazdach krajowych i zagranicznych. Dwunastu 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 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. 47-u 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”. Jeden z naszych doktorantów jest laureatem konkursu „Diamentowy Grant”.

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

Zespół: prof. dr hab. Magdalena Gabig-Cimińska, prof. dr hab. Alicja Węgrzyn (do 10.2012 r.), dr Anna Szambowska, dr Piotr Golec

Działalność naukowa obejmująca badania nad rozwojem bakteriofagów oraz wpływu różnych genów i białek na ten rozwój prowadzona jest przede wszystkim na modelowych bakteriofagach: T4, lambda oraz P1. W jednostce bada się uszczegółowiony rozwój faga T4 w komórkach bakteryjnych w warunkach imitujących środowisko naturalne dla tych organizmów. W pracach tych stosuje się klasyczne techniki wykorzystywane w badaniach nad fagami oraz nowoczesne techniki proteomiczne (elektroforeza dwukierunkowa białek – 2D SDS-PAGE; spektrometria mas – MALDI TOF/TOF) i transkryptomiczne (analiza transkryptomiczna z wykorzystaniem mikromacierzy). Ponadto działalność naukowa wykorzystująca fagi jako organizmy doświadczalne obejmuje prace z użyciem faga M13 i pochodnymi tego faga. W tych badaniach stosowana jest przede wszystkim technika phage display, która umożliwia przeskanowanie ogromnych bibliotek w celu wyselekcjonowania peptydu wykazującego pożądaną właściwość wiązania się z określonym czynnikiem (w naszym przypadku z nanocząstkami ZnO oraz wybranych lantanowców).

Aktywność naukowa pracowni w znaczącym stopniu dotyczy również zagadnień związanych z poznaniem molekularnego mechanizmu działania substancji modulujących poziom związków organicznych spichrzanych w komórkach pacjentów z LChS w aspekcie potencjalnego zastosowania w leczeniu genetycznie uwarunkowanych lizosomalnych chorób spichrzeniowych. Prowadzone są badania nad oznaczeniem profilu transkryptomicznego komórek poddanych pod ekspozycję wspomnianych substancji, celem poznania ich roli w regulacji ekspresji genów zaangażowanych w metabolizm akumulowanych w komórkach związków.

Najważniejsze wyniki badawcze:

1. Zaobserwowano różnice pomiędzy rozwojem faga T4 w warunkach laboratoryjnych a rozwojem w warunkach zbliżonych do tych występujących w naturze.
2. Identyfikacja nowych peptydów wiążących nanocząstki ZnO eksponowanych na powierzchni faga M13.
3. Testowane substancje obniżające poziom złogów komórkowych charakterystycznych dla LChS, prowadzą zarówno do obniżenia wydajności syntezy akumulowanych substancji organicznych, jak i do podwyższenia wydajności ich degradacji.

PUBLIKACJE: 4526, 4626, 4640, 4641, 4642, 4647, 4648, 4677, 4678, 4682, 4698, 4699, 3202/A, 3203/A, 3204/A, 3366/A, 3367/A, 3368/A, 3369/A, 3370/A, 3371/A, 3372/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-urlop macierzyński), 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 uprzednio 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 pro-apoptotycznego genu *BAX*. Obecnie wykazaliśmy, że nadprodukcja białka szoku termicznego – HSP70 powoduje usuwanie p63 z kompleksu z p53 R175H i reaktywację aktywności transkrypcyjnej p63. Podobnego faktu nie obserwujemy w przypadku p73, które nadal pozostając w kompleksie z p53 R175H nie jest aktywne transkrypcyjnie. Badania z zastosowaniem mikroskopu konfokalnego wykazały, że w przypadku nowotworu niedrobnokomórkowego raka płuc (linia H1299) nadprodukcja HSP70 w obecności MDM2 powoduje powstawanie jądrowych amyloidalnych agregatów białkowych zawierających HSP70, HSP40, p53 R175H oraz p73. Prawdopodobieństwo znalezienia p63 w tych agregatach jest niewielkie.

Najważniejszy wynik badawczy:

HSP70 w obecności MDM2 powoduje koagregację zmutowanego p53 z p73 hamując jego pro-apoptotyczną aktywność. Jest to nowy mechanizm nabywania cech onkogennych przez zmutowane p53.

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

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

Aktywna segregacja (partycja) nowozreplikowanych kopii niskokopijnych plazmidów z centrum komórki macierzystej do centrów przyszłych komórek potomnych jest kluczowym procesem warunkującym stabilne utrzymywanie niskokopijnych plazmidów w populacjach bakterii. W przypadku modelowego, niskokopijnego plazmidu-profaga P1, zależy ona od działającej w układzie *cis* sekwencji centromeru plazmidowego, *parS*, oraz dwóch białek plazmidowych, ParA i ParB. Białko ParB rozpoznaje specyficznie sekwencję *parS*. Po jej związaniu wchodzi w interakcję z DNA oskrzydłującym *parS* oraz z ParA. W poprzednich okresach sprawozdawczych wykazano, że stężenia oraz wzajemny stosunek ParA do ParB w komórce są kluczowe dla efektywności partycji. Dalsze badania koncentrowały się na określeniu znaczenia długości fragmentu DNA oskrzydłującego centromer plazmidowy *parS* i wchodzącego w interakcję z ParB. Z wykorzystaniem niskokopijnego plazmidu o heterologicznym replikonie wykazano, że efektywności partycji różnią się dramatycznie, zależnie od długości tego fragmentu. Optymalizacja tej długości poprzez ograniczenie rejonu interakcji ParB z pozacentromerowym DNA plazmidowym pozwala na konstrukcję heterologicznych plazmidów stabilizowanych z udziałem kasety partycyjnej P1, które mogłyby być wykorzystywane w przemyśle do produkcji rekombinowanych białek.

W ramach prac podsumowujących wyniki badań nad organizacją genomu gronkowcowego bakteriofaga A5W finansowanych poprzednio z dotacji na działania sieci „Biologia i Biotechnologia Bakteriofagów” przygotowano i opublikowano artykuł zawierający wyniki analizy porównawczej sekwencji genomu tego faga i innych blisko z nim spokrewnionych poliwalentnych fagów gronkowcowych.

Najważniejszy wynik badawczy:

Wykazanie zależności pomiędzy efektywnością partycji heterologicznego niskokopijnego wektora zawierającego sklonowaną kasetę partycyjną plazmidu profaga P1, a długością fragmentu DNA oskrzydłującego *parS* i wchodzącego w interakcję z białkiem ParB P1.

PUBLIKACJE: 4630, 3291/A, 3292/A, 3293/A, 3294/A, 3295/A, 3296/A, 3297/A, 3298/A, 3299/A, 3300/A, 3301/A, 3302/A, 685/N

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

Zespół: prof. dr hab. Andrzej Jerzmanowski, dr hab. Marta Koblowska (dr hab. Marta Prymakowska-Bosak), dr Tomasz Sarnowski, mgr Kinga Rutowicz, mgr Daniel Buszewicz, mgr Maciej Lirski, mgr Małgorzata Tybor

Wykazano rolę kompleksów remodelujących chromatynę typu SWI/SNF w kontroli szlaku biosyntezy giberelin i kluczowych etapów ścieżki sygnalizacji giberelinowej u *Arabidopsis thaliana*.

Zakończono zbieranie danych do wykonania pełnej mapy proteomu jądra komórkowego *Arabidopsis thaliana*.

Najważniejszy wynik badawczy:

Na podstawie kompleksowej analizy fizjologicznej i genetyczno-molekularno-biochemicznej oraz globalnych analiz genomycznych zaproponowano model chromatynowego mechanizmu plastyczności fenotypowej u roślin.

PUBLIKACJE: 3222/A, 3268/A, 3269/A, 3270/A, 3362/A, 3363/A, 3364/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 (doktorantka do 30.09.2012), mgr Anna Stachyra, mgr Róża Sawicka, mgr Barbara Kalenik

Kontynuowane były prace związane z wykorzystaniem roślin do wytwarzania fuzji zawierających ssacze cytokiny, hIL-2 (ludzka interleukina 2) oraz mGM-CSF (mysi GM-CSF). W badaniach stosowano zarówno rośliny transgeniczne jak i system ekspresji przejściowej oparty na wektorach wykorzystujących elementy wirusów roślinnych, MagnIcon (Icongenetics). System MagnIcon pozwolił na uzyskanie kilkakrotnie wyższej ekspresji badanych białek w tkankach roślinnych niż ekspresja analogicznych białek w roślinach transgenicznych. Dalsze badania koncentrowały się głównie na wyrażaniu cytokin w fuzji z inhibitorami proteaz oraz na badaniu czy i w jaki sposób inhibitory proteaz wpływają na stabilność oraz poziom ekspresji hIL-2 oraz mGM-CSF. Nasze analizy wykazały, że oba białka fuzyjne zachowują aktywność biologiczną. Poziom cytokin wykrywano testem ELISA stosując specyficzne przeciwciała, natomiast aktywność cytokin badana była w teście proliferacji komórek ssaczych zależnych od badanych cytokin. Aktywność inhibitorów proteaz badano sprawdzając ich wpływ na trawienie substratu kontrolnego oraz białek fuzyjnych przez trypsynę oraz proteinazę K.

Ponadto, rozpoczęto prace mające na celu produkcję rekombinowanych przeciwciał rozpoznających hemaglutyninę wirusa grypy w systemach roślinnych. Przed rozpoczęciem eksperymentów z użyciem roślinnych kaset ekspresyjnych projekt ten wymaga szeregu doświadczeń w systemach prokariotycznych (sklonowanie, wyrażanie, potwierdzenie aktywności). Dotychczas wykonano wstępne etapy polegające na klonowaniu cDNA kodującego fragmenty odpowiednich przeciwciał mysich i kurzych. Aktualnie potwierdzana jest aktywność oraz specyficzność substratowa fragmentów przeciwciał eksprymowanych w systemach bakteryjnych.

Najważniejszy wynik badawczy:

Białka fuzyjne zawierające cytokiny (hIL-2 lub mGM-CSF) oraz inhibitory proteaz (CMTI lub SPI2) wykazują aktywność biologiczną obu komponentów. Ponadto, cytokiny produkowane jako białka fuzyjne z CMTI są mniej wrażliwe na trawienie trypsyną niż cytokiny bez CMTI.

PUBLIKACJE: 4608, 4660, 3201/A, 3224/A, 3225/A, 3226/A, 3279/A, 3280/A

Temat nr 36: Metody informatyczne w biologii molekularnej.

Zespół: prof. dr hab. Piotr Zielenkiewicz, dr hab. Piotr Pawłowski, dr hab. Szymon Kaczanowski, dr Paweł Szczęsny, mgr Katarzyna Krzyczmonik, mgr Anna Łukasik, mgr Marlena Siwiak, mgr Arkadiusz Gładki, mgr Paweł Kamiński

Analizowano immunogeniczność różnych grup białek pochodzących z pierwotniaka *Plasmodium falciparum* (pasożyta wywołującego malarię u ludzi). Analiza została wykonana za pomocą różnych testów genetyki populacyjnej: pN/pS, Ka/Ks oraz testu McDonalda Kreitmana.

Rozpoczęto projekt, którego celem jest identyfikacja i charakteryzacja miRNA obecnych w liściach kapusty (*Brassica oleracea*). W celu jego realizacji zlecono sekwencjonowanie 3 próbek małych RNA (BGI, Chiny), a uzyskane w ten sposób dane poddano analizie bioinformatycznej. W jej rezultacie zidentyfikowano zachowane i nowe cząsteczki microRNA, a także poprzez predykcję i adnotację ich potencjalnych celów, wyznaczono prawdopodobną funkcję miRNA w liściach kapusty.

Ustalono parametry translacji dla organizmów modelowych: *Escherichia coli*, *Homo sapiens* (komórki HeLa), oraz dwóch linii komórkowych *Mus musculus* (neutrofile oraz komórki embrionalne E14 mESC). Przygotowano wersję testową serwera symulującego translację w organizmach modelowych. Porównano wyznaczone parametry translacji między genami homologicznymi pochodzącymi z różnych analizowanych organizmów. Przeanalizowano wpływ wielkości badanej próby na istotność korelacji między takimi właściwościami genów jak: poziom ekspresji, użycie kodonów i struktura drugorzędowa mRNA. Wykazano, że w genomie *Saccharomyces cerevisiae* występuje niedobór sekwencji typu X-XXY-YYZ, umożliwiających cofnięcie ramki odczytu o jeden nukleotyd. Przy pomocy symulacji ewolucji, wprowadzającej losowe mutacje punktowe, pokazano, że im więcej w danym genie sekwencji typu X-XXY-YYZ, tym łatwiej o pojawienie się kolejnych sekwencji tego typu. Rozpoczęto projekt badania globalnych czynników sygnalizacji wewnątrzkomórkowej. Część z badań wykonywana jest we własnym zakresie (wpływ temperatury na metabolizm), część we współpracy z Zakładem Biofizyki IBB oraz Warszawskim Uniwersytetem Medycznym (wpływ pH na sygnalizację międzykomórkową).

PUBLIKACJE: 4593, 4605, 4613, 4658, 4674, 4675, 4676

Temat nr 37: Mechanizmy kontrolujące proces patogenezy komórek roślinnych.

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

Kontynuowaliśmy badania nad udziałem białek z rodziny aneksyn w odpowiedzi na zmiany środowiskowe – niedobór wody. Wykazaliśmy, że mRNA kodujące aneksynę AnnSt1 ulega akumulacji w komórkach liści ziemniaka jadalnego (*Solanum tuberosum* L.) odmiany hodowlanej Santé podczas deficytu wody w glebie. Wyprowadzone zostały *cis*-geniczne linie ziemniaka odm. Santé, charakteryzujące się podwyższonym poziomem aneksyny AnnSt1. Szczegółowe analizy fenotypu roślin o zmienionym poziomie ekspresji genu AnnSt1 wykazały, że podwyższenie poziomu białka AnnSt1 nie powoduje anomalii rozwojowych ani zmian cech ważnych z agronomicznego punktu widzenia. Wyprowadzone linie *cis*-geniczne analizowano pod kątem tolerancji wobec długotrwałego niedoboru wody w glebie (2 lub 3 tygodnie). Wykazaliśmy, że rośliny o zwiększonym poziomie aneksyny AnnSt1 charakteryzują się lepszą przeżywalnością w warunkach niedoboru wody w glebie, jak również podwyższoną zdolnością do regeneracji po okresie całkowitego wysuszenia. Podjęliśmy próby poznania i izolacji całej rodziny genowej aneksyn, kodowanych w genomie ziemniaka jadalnego. Dostępna w bazie PGSC sekwencja genomowa ziemniaka (heterozygotyczna, diploidalna linia hodowlana *S. tuberosum* RH89-039-16) została przeszukana z wykorzystaniem oprogramowania HMMSearch, w kierunku wykrycia ORF kodujących 4 domeny *endo*-aneksynowe (PF00191), charakterystyczne dla aneksyn. Po weryfikacji doświadczalnej, sekwencje kodujące 10 aneksyn u ziemniaka jadalnego zostały wyodrębnione i sklonowane do wektora plazmidowego.

Najważniejszy wynik badawczy:

Izolacja i wstępna charakterystyka 10 sekwencji (ORF) kodujących rodzinę genową aneksyn u ziemniaka jadalnego (*Solanum tuberosum* spp. *tuberosum*)

PUBLIKACJE: 4620, 3184/A, 3221/A, 3334/A, 3335/A, 3338/A

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

Zespół: dr Bożenna Rempola

We współpracy z dr Anną Chelstowską (zespół prof. dr hab. Joanny Rytki temat nr 20.2) prowadzono badania dotyczące funkcji białka *YAF9*, stanowiącego wspólną podjednostkę dwóch kompleksów regulujących strukturę chromatyny: NuA4 oraz SWR1. Wcześniejsze prace wykazały, że delecja genu *YAF9* prowadzi między innymi do wrażliwości na stres genotoksyczny. Badając wpływ czynników wywołujących stres genotoksyczny stwierdzono wrażliwość szczepu $\Delta yaf9$ na DMSO, powszechnie używany rozpuszczalnik, którego toksyczność uważana jest za niską. Wykazano, że delecja innych podjednostek kompleksów NuA4 i SWR1 również powoduje wrażliwość mutantów na DMSO. Wydaje się, że wrażliwość mutantów niosących delecję genów kodujących podjednostki kompleksów regulujących strukturę chromatyny wynika ze zwiększonej niestabilności genomu. Wskazują na to wyniki analizy zdolności utrzymania minichromosomu oraz wyniki analizy poziomu utraty znakowanego białkiem GFP chromosomu V w komórkach mutantu $\Delta yaf9$ w obecności DMSO. Wykazano, że fenotyp wrażliwości na DMSO jest suprymowany w szczepie $\Delta yaf9$ przez nadekspresję genu *BDF1*. Zgodnie z oczekiwaniami obecność dodatkowych kopii genu *BDF1* w szczepie $\Delta yaf9$ prowadzi do obniżenia utraty znakowanego chromosomu V. Pokazano również, że w szczepie $\Delta bdf1$ poziom chromosomu V jest obniżony względem szczepu kontrolnego.

Najważniejszy wynik badawczy:

Działanie DMSO w komórkach *S. cerevisiae* niosących mutacje w genach kodujących podjednostki kompleksów regulujących strukturę chromatyny może polegać na zwiększeniu niestabilności genetycznej.

Temat nr 39: Badania polimorfizmu mitochondrialnego w populacji polskiej.

Zespół: prof. dr hab. Ewa Bartnik

W roku 2012 przeprowadziliśmy 20 badań w kierunku dziedzicznej neuropatii wzrokowej Lebera i w 3 przypadkach stwierdziliśmy obecność mutacji (2 osoby miały mutacje w pozycji 11778 a jedna w pozycji 14484). Potwierdziliśmy także rzadką mutację w pozycji 3536 u dwóch członków rodziny osoby zdiagnozowanej wcześniej (matki i brata ciotecznego). W kierunku encefalomiopatii mitochondrialnych zbadaliśmy 50 osób. U 10 stwierdziliśmy obecność delecji, w tym u 5 były to delecje wielokrotne. U chorych z wielokrotnymi delecjami prowadziliśmy analizy jądrowych genów POLG, ANT1 i c10orf2, oraz RRM2B i TYMP. W sumie przeprowadziliśmy badania u 40 osób. Nie stwierdziliśmy mutacji w genach ANT1, c10orf2, RRM2B i TYMP. W genie POLG stwierdziliśmy obecność znanych mutacji recesywnych u 6 osób. W jednym przypadku mutacja taka była w układzie homozygotycznym. W trzech przypadkach znanej mutacji towarzyszyła zmiana potencjalnie patogenna wcześniej nieopisywana w literaturze.

Prowadziliśmy także badania przynależności haplogrupowej u pacjentów z żółtaczką. Przebadaliśmy 147 próbek. W niemal 50% przypadków stwierdziliśmy obecność haplogrupy H, w 17% – U, w 11% – K. Haplogrupa J obecna była u 6% badanych, podobnie jak haplogrupa T. W jednym przypadku stwierdziliśmy haplogrupę W a także V. W niemal 10 przypadkach nie udało się określić haplogrupy, zapewne ze względu na słabą jakość DNA.

PUBLIKACJE: 4601, 4632, 4668, 4670

Temat nr 41: Oksydacyjne uszkodzenia DNA.

Zespół: prof. dr hab. Barbara Tudek, prof. Celina Janion, dr Elżbieta Speina, dr Alicja Winczura (do 10.2012), mgr Paulina Prorok, mgr Hubert Ludwiczak, mgr Dorota Dziuban, mgr Artur Biela (doktorat polsko-francuski), mgr Jolanta Czerwińska

Badano szlaki naprawy uszkodzeń DNA indukowanych przez produkty peroksydacji lipidów (LPO) i ich rolę w procesach starzenia. Wykazano, że jeden z głównych produktów LPO, 4-hydroksynonenal (HNE) w komórkach z wyłączoną translokazą FANCM powoduje dłuższe i silniejsze hamowanie replikacji, oznaczane techniką „fiber DNA”, niż w komórkach typu dzikiego. W komórkach HeLa testem kometkowym wykazano, że HNE indukuje powstawanie jedno- (SSB) i dwuniciowych przerw w DNA (DSB). Jest to skorelowane z aktywacją kinazy Chk2 oraz kaspazy 3 i 7, a więc indukcją apoptozy.

W ludzkich fibroblastach HNE hamuje ligazę DNA. Fibroblasty takie jednocześnie poddane działaniu innego czynnika genotoksycznego umierają częściej i jest to związane z brakiem naprawy SSB obserwowanych poprzez akumulację ognisk poli(ADP)rybozy.

HNE *in vitro* hamuje także helikazową i egzonukleazową aktywność białka WRN (zespół przedwczesnego starzenia). Metodą spektrometrii mas zmapowano miejsca addycji HNE do białka WRN. Najsilniejsze modyfikacje występowały w domenie helikazowej oraz domenie sygnalizacji jądrowej. Addycję HNE do białka WRN wykazano także w komórkach traktowanych HNE i induktorem LPO, czterochlorkiem węgla.

W mysim modelu przedwczesnego starzenia z uszkodzoną endonukleazą Ercc1/Xpf, komórki *Ercc1*^{-/-} były nadwrażliwe na HNE oraz aldehyd krotonowy, ale nie akroleinę, której addukty do DNA mogą być naprawiane także przez system BER. Mechanizm działania HNE jest więc plejotropowy, a jego udział w starzeniu może być związany z brakiem naprawy adduktów do DNA lub modyfikacją białek naprawczych.

Najważniejszy wynik badawczy:

Jeden z głównych produktów peroksydacji lipidów, 4-hydroksynonenal modyfikuje białka naprawy DNA *in vivo*, co powoduje wzrost SSB i niestabilność genomową.

PUBLIKACJE: 4592, 4616, 4651, 4693, 3182/A, 3216/A, 3217/A, 3232/A, 3234/A, 3236/A, 3238/A, 3239/A, 3241/A, 3242/A, 3249/A, 3264/A, 3282/A, 3283/A, 3284/A, 3322/A, 3323/A, 3324/A, 3325/A, 3326/A, 3327/A

Temat nr 42: Mutacje indukowane i adaptacyjne.

Zespół: prof. dr hab. Elżbieta Grzesiuk, dr Anna Sikora, dr Jadwiga Nieminuszczy (staż podoktorski, Oxford), dr Michał Wrześciński, mgr Damian Mielecki, mgr Aleksandra Chojnacka, mgr Jan Piwowski

Badamy rolę dioksygenaz ALKBH w naprawie uszkodzeń alkilacyjnych w DNA/RNA, ale również w szeroko pojętej ochronie komórki przed cytotoksycznym i mutagennym działaniem czynników alkilujących. Spośród 13 zidentyfikowanych przez nas białek ALKBH *Arabidopsis thaliana*, dwa zmieniały lokalizację w komórce z cytoplazmatycznej na jądrową co silnie sugeruje ich udział w naprawie DNA. Aby prześledzić zmiany ekspresji genów związanych z naprawą DNA u *A. thaliana* zastosowaliśmy sekwencjonowanie ilościowe (quantitative RNA sequencing). W próbkach traktowanych MMS stwierdziliśmy zwiększenie ekspresji 2064 genów i zmniejszenie 1821. Aktywność wielu szlaków metabolicznych nie związanych bezpośrednio z naprawą DNA również ulegała podwyższeniu. U *Cyanobacteria* zidentyfikowaliśmy 10 homologów białka AlkB *Escherichia coli* (EcAlkB) i wykazaliśmy, że sinicowe AlkB są znacznie bardziej aktywne w stosunku do uszkodzeń alkilacyjnych w RNA niż DNA. Określiśmy rolę dioksygenazy AlkB oraz odpowiedzi adaptacyjnej (Ada) w naprawie uszkodzeń alkilacyjnych u *Pseudomonas putida*. Uzyskane wyniki pokazały, że w przeciwieństwie do *E. coli*, gdzie AlkB jest jedynym białkiem, które na drodze oksydatywnej demetylacji usuwa uszkodzenia 1meA i 3meC, u *P. putida* glikozylaza AlkA oprócz specyficzności substratowej charakterystycznej dla AlkA *E. coli*, wykazuje również aktywność należną AlkB. Wobec tego AlkA jest białkiem niezbędnym do przeżycia komórek *P. putida* traktowanych czynnikiem alkilującym, a AlkB pełni jedynie rolę pomocniczą. Trwają intensywne badania nad eukariotycznym homologiem EcAlkB, wiązany z otyłością – białkiem FTO. Zaawansowane są badania biochemiczne tego białka oraz jego lokalizacji w narządach ssaków.

Opracowaliśmy metodę zagospodarowania kwaśnego odcieku powstałego w wyniku fermentacji wodorowych melasy jako podłoża dla rozwoju konsorcjów metanogennych. W ten sposób powstał układ dwustopniowy w skali laboratoryjnej: produkcja biowodoru z melasy oraz następnie metanu (biogazu) wykorzystując niegazowe produkty fermentacji, co daje blisko 90% utylizację substratu wyjściowego.

Najważniejsze wyniki badawcze:

1. Odkrycie roli białek odpowiedzi adaptacyjnej AlkA i AlkB w naprawie uszkodzeń alkilacyjnych u *P. putida*.
2. Opracowanie efektywnego dwustopniowego układu w skali laboratoryjnej: produkcja biowodoru z melasy i następnie metanu (biogazu) z kwaśnych produktów fermentacji wodorowych.

PUBLIKACJE: 4597, 4602, 4650, 3183/A, 3229/A, 678/N

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

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

Plazmidy koniugacyjne typu BHR (*broad host range*), do których należą badane przez nas RK2 (IncP-1) i RA3 (IncU), mają zdolność replikacji i stabilnego utrzymywania się w odległych filogenetycznie gatunkach bakterii. Wykazano istotną rolę dwóch transkrypcyjnych regulatorów w regulacji procesu replikacji RA3: RepA i globalnego regulatora koordynującego wszystkie funkcje szkieletu podstawowego plazmidu RA3 – KorC. Zidentyfikowano miejsca wiązania tych białek w doświadczeniach *in vitro* i *in vivo*.

Drugi kierunek naszych badań dotyczy wyjaśnienia mechanizmu działania chromosomalnych białek partycyjnych ParA i ParB w *Pseudomonas aeruginosa*. Analiza porównawcza transkryptomów mutantów *par* wykazała podwyższony poziom ekspresji genów regulonów stresowego i adaptacyjnego a obniżony genów metabolizmu podstawowego oraz zaangażowanych w replikację czy podział komórki w porównaniu do szczepu dzikiego. W mutantach *par* wiele genów o zmienionej ekspresji koduje regulatory transkrypcji w tym również czynniki sigma (*rpoN*, *pvdS*, *fliA*, *algU*, PA3285). Nadrzędna rola białek Par w regulacji ekspresji genów może być bezpośrednia w wyniku interakcji z RNAP w promotorach tych genów (tzw. regulon ParA lub ParB), lub pośrednia poprzez interakcje z innymi partnerami czy zmiany topologii DNA powstałe na skutek wiązania się do 10 sekwencji *parS* (rozproszone w genomie miejsca wiązania ParB).

Analiza transkryptomiczna czterech mutantów pozbawionych 1, 4, 9 i wszystkich 10 (*parS_{null}*) miejsc wiązania ParB w genomie *P. aeruginosa* wykazała specyficzne zmiany ekspresji genów związane prawdopodobnie ze zmianą topologii domen w genomach tych mutantów.

Najważniejsze wyniki badawcze:

1. Potwierdzono rolę białek ParA i ParB jako nadrzędnych regulatorów koordynujących właściwy przebieg cyklu komórkowego z metabolizmem podstawowym, ale także komunikacją międzykomórkową czy ruchliwością.
2. Zdefiniowano „regulon ParB” obejmujący geny, których ekspresja jest odwrotnie regulowana w mutancie *parB_{null}* (brak ParB) i *parS_{null}* (nadmiar wolnego ParB);
3. Zidentyfikowano tzw. „determinanty” specyficzności w miejscach operatorowych dla globalnego regulatora KorC z plazmidu RA3 i plazmidów IncP-1

PUBLIKACJE: 4596, 4598, 4624, 3265/A, 3266/A, 3312/A, 3314/A, 3315/A, 3316/A, 3333/A, 682/N, 683/N

Temat nr 44: Środowiskowe Laboratorium Magnetycznego Rezonansu Jądrowego

Zespół: prof. dr hab. Andrzej Ejchart, dr hab. Jacek Wójcik, dr Katarzyna Ruszczyńska-Bartnik, dr Beata Toczyłowska, dr Igor Zhukov, Mariusz Jaremko (doktorant)

Zastosowanie NMR do wyznaczania struktury i dynamiki białek.

Kontynuowane są prace nad strukturą i dynamiką wiążącego jony wapnia ludzkiego białka S100A1 i jego mutantów oraz pochodnych tionylowanych 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*.

Badania i zastosowania sprzężeń skalarnych $J(CC)$.

Badania eksperymentalne i obliczenia DFT sprzężeń skalarnych J_{CC} przez jedno, dwa i trzy wiązania w układach aromatycznych i układach zawierających metale (pochodne Li, Mg i Cd) oraz serii różnie podstawionych 2-(pirydylo-2-yl)-indoli.

Modelowe badania analogów tryptofanu.

Kontynuowano prace eksperymentalne autoasocjacji 1-metyloindolu jako związku modelowego pozwalającego zrozumieć oddziaływania tryptofanu w białkach membranowych. Ukończono obliczenia *ab initio* ukierunkowane na odtworzenie teoretyczne zmierzonych efektów spektroskopowych. Podjęto próbę wyznaczenia struktury krystalicznej.

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: płyn mózgowo-rdzeniowy pacjentów z SM oraz surowica krwi i mocz pacjentów ze schizofrenią.

Najważniejszy wynik badawczy:

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

PUBLIKACJE: 4590, 4599, 4600, 4627, 4629, 4634, 4681, 4685, 3170/A, 3210/A, 3211/A, 3212/A, 3213/A, 3214/A, 3215/A, 3250/A, 3251/A, 3253/A, 3254/A, 3256/A, 3257/A, 3258/A, 3259/A, 3260/A, 3261/A, 3288/A, 3289/A, 3290/A, 3303/A, 3304/A

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

Zespół: dr hab. Anna Szkopińska

Zmutowana forma syntazy FPP nie może syntetyzować długich poliprenoli. Indukcja proliferacji peroksysomów kwasem olejowym ma wpływ na syntezę poliprenoli u drożdży *Saccharomyces cerevisiae*. Syntaza skwalenowa jest jednym z głównych enzymów decydujących o przepustowości szlaku kwasu mewalonowego. Sześciokrotne podwyższenie aktywności syntazy FPP nie zmieniło znacząco aktywności reduktazy HMG-CoA. Dysrupcja w genie *SQS* w drożdżach hodowanych w obecności ergosterolu spowodowała porównywalną inhibicję aktywności reduktazy HMG-CoA i syntazy FPP. Natomiast szczep z dysrupcją w genie *SQS* hodowany w nieobecności ergosterolu wykazywał 10-krotnie wyższą aktywność syntazy FPP i praktycznie nie zmienioną aktywność reduktazy HMG-CoA. Wynik ten dowodzi, że syntaza difosforanu farnezyli niezależnie od reduktazy HMG-CoA reguluje biosyntezę produktów szlaku kwasu mewalonowego. Podstawienie w syntazie difosforanu farnezyli fenyloalaniny 96 przez tryptofan powinno w największym stopniu podnieść syntezę difosforanu geranyli. Sterolowy intermediat może decydować o poziomie syntezy ubichinonów. Difosforan geranyli może być optymalnym starterem dla *trans*-prenyltransferazy. Warunki wzrostu drożdży decydują o ekspresji genu *SRT1*, którego produkt prawdopodobnie zmienia własności fizykochemiczne błon pozwalając drożdżom na adaptację w zmienionym środowisku. Zredukowana forma plastochinonu może być związana z utrzymaniem równowagi pomiędzy akumulacją ROS i antyoksydacyjną aktywnością PQH₂. Funkcje pełnione w komórce drożdżowej przypisywane wcześniej ergosterolowi mogą być pełnione przez difosforan farnezyli. Drożdże nie syntetyzują rodochinonu zdolnego do redukcji fumaranu. Prawdopodobnie produkt genu *PIS1* reguluje aktywność Rsp5p. *Cis*-prenyltransferaza Srt1 może być zlokalizowana w peroksysomach. Reduktaza prenolowa jest enzymem limitującym poziom dolicholi w komórce. Wydłużenie pętli łączącej α helisa z β kartką o 3-5 aminokwasów daje możliwość syntezy superdługich poliprenoli. Wzrost syntezy fosfatydyloinozytolu może powodować supresję defektów mutantu *rsp5*. Mutacja w genie kodującym ligazę ubikwitynową Rsp5 powoduje nie tylko obniżenie syntezy nienasyconych kwasów tłuszczowych, ale również pośrednio lub wprost prowadzi do obniżenia poziomu syntezy dolicholi i ubichinonu. Drożdże *S. cerevisiae* mogą być układem modelowym dla badania zmian w syntezie lipidów pod wpływem statyn. Zmiany poziomu syntezy ergosterolu i jego prekursorów po podaniu simwastatyny zależą od mutacji w genie *hHMGR*. Przy nadekspresji genu *NUS1* w komórce drożdżowej pojawia się dodatkowa rodzina krótkich poliprenoli. Wykazano lokalizację Srt1p w ciałkach lipidowych drożdży.

Simwastatyna spośród 4 testowanych statyn powoduje najmniejsze zmiany w syntezie steroli. Skonstruowano narzędzia do weryfikacji aktywności *cis*-prenyltransferazowej białka Nus1.

Temat zamknięto z dniem 31.12.2012 r.

Temat nr 47: Modelowanie struktury i funkcji białek.

Zespół: prof. dr hab. Piotr Zielenkiewicz, dr Danuta Płochocka, dr Paweł Siedlecki, mgr Maciej Wójcikowski, mgr Norbert Odolczyk, mgr Tomasz Sobieściak

Kohezyna Irr1p z drożdży bierze udział w segregacji chromosomów i należy do wieloskładnikowego kompleksu dzielących się komórek. Irr1p oddziałuje z podjednostką Rec8, białkiem utrzymującym siostrzane chromatydy. Punktowa mutacja Irr1p, F658G zaburza to oddziaływanie i powoduje defekty mejozy. Na podstawie modelowania molekularnego pokazano, jak mutacja F658G wpływa na zmianę struktury Irr1p. Ludzkimi homologami kohezyny Irr1p są białka SA1 i SA2. Na podstawie analizy *in silico* zasugerowano szereg miejsc lokalizacji jądrowej (NLS) oraz eksportu z jądra (NES), co pozwoliło wykazać, że białka SA mogą być transportowane między jądrem i cytoplazmą.

Białko ParB z *Pseudomonas aeruginosa* jest istotne dla rośnięcia komórek, podziału komórkowego oraz segregacji nukleoidów. Zbudowano model przestrzenny C-terminalnej domeny ParB, co pozwoliło na identyfikację hydrofobowych oraz polarnych reszt aminokwasowych zasadniczych dla dimeryzacji białka.

Stworzono oprogramowanie DiSCuS (Database System for Compounds Selection) pozwalające na wykonywanie w HTVS dużych baz związków niskocząsteczkowych zawierające rozbudowany system akwizycji danych oraz możliwość obliczania wielu parametrów uzyskanych wyników. Elementem wyróżniającym oprogramowanie jest zaawansowany interfejs do analizy i filtrowania wyników dużych zestawów danych w czasie rzeczywistym.

Wykonano analizę nowych struktur metylotransferazy DNA I (DNMT1), porównując je z modelem użytym we wcześniejszych obliczeniach i badaniach. Analiza wizualna struktur białek pozwoliła stwierdzić duże podobieństwo modelu homologicznego użytego w poprzednich fazach badań. Niestety struktura ludzka (3pta) została skryształizowana w formie nieaktywnej – miejsce aktywne bez liganda. Miejsce interakcji białka z kofaktorem (SAH, S-adenozylhomocysteina) wykazuje duże podobieństwo zarówno w strukturze mysiej (4da4), ludzkiej (3pta), jak i w modelu homologicznym.

PUBLIKACJE: 4585, 4611, 4623, 4624, 3172/A, 3305/A, 3307/A

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

Zespół: prof. dr hab. Michał Dadlez, dr Magdalena Kulma, mgr Ewa Sitkiewicz, mgr Krzysztof Tarnowski

Choroba Alzheimera jest najczęściej występującym schorzeniem neurodegeneracyjnym. Obecnie uważa się, że choroba ta powodowana jest przez agregację peptydu amyloidowego (A β) w tkance mózgowej. Mechanizm choroby oraz czynniki inicjujące agregację A β nie zostały do końca wyjaśnione. W świetle ostatnich doniesień, głównym czynnikiem odpowiedzialnym za powstawanie i rozwój choroby Alzheimera, wydają się być oligomery peptydu A β . Temat dotyczy badania struktury oligomerów peptydu A β i jego różnorodnych wariantów w oparciu o dane uzyskane w spektrometrii mobilności jonów sprzężonej ze spektrometrią mas (IMS-MS). Badamy też wpływ różnych podstawień i modyfikacji peptydu na zmiany przekroju czynnego różnych form oligomerycznych. Badania te korelujemy ze zdolnością przenikania peptydu i jego wariantów przez błonę komórkową z zastosowaniem wybranych linii komórkowych modelujących komórki śródbłónki, ponieważ aktywny transport przez barierę krew-mózg przyczynia się do zwiększenia prawdopodobieństwa zaistnienia patologii. Jednym z proponowanych mechanizmów neurotoksyczności peptydu A β jest tworzenie kanałów przez oligomery tego peptydu zaburzających przepływ wapnia przez błonę neuronu. Używając układu peptyd-liposom testujemy tę hipotezę próbując odtworzyć warunki konieczne do powstawania oligomerów zdolnych do tworzenia kanałów jonowych w błonach. Korzystamy przy tym z wiedzy jaką uzyskaliśmy badając w poprzednich latach oligomery stabilizowane przez kowalencyjne wiązanie dwu tyrozyn, ponieważ wiadomo że obecność form sieciowanych peptydu znacznie nasila neurotoksyczność oligomerów.

Najważniejsze wyniki badawcze:

1. Stworzenie nowego modelu oligomerycznych form zewnątrzkomórkowej części receptora RAGE stabilizowanego przez region łącznikowego C1-C2.
2. Określenie wpływu utworzenia wiązania di-tyrozynowego na strukturę form dimerycznych i trimerycznych oligomerów peptydu A β .

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

Wykorzystując dotychczasowe wyniki badań nad katabolizmem cukrów u bakterii mlekowych, skonstruowano system ekspresji genów heterologicznych. W systemie tym transkrypcja sklonowanych genów podlega kontroli promotora genu *ptcB*, zaangażowanego w metabolizm cukrów u *Lactococcus lactis*. Wykorzystując ten system ekspresji wyprodukowano w komórkach różnych szczepów *L. lactis* wybrane białka mielinowe, odgrywające rolę w chorobach neurodegeneracyjnych.

Kontynuując prace nad bioróżnorodnością mikroorganizmów, w tym bakterii mlekowych, występujących w złożonych populacjach, scharakteryzowano pod tym kątem dwa żywnościowe produkty biotechnologiczne – ser oscypek oraz ziarna kefirowe. Opracowano i zwalidowano metodę izolacji DNA z próbek środowiskowych, tzw. kaskadową lizę komórek, wykazując jej przydatność w charakterystyce mikrobiologicznej złożonych populacji z zastosowaniem metod typu „culture-independent”. Zastosowanie podejść hodowlanych i „culture-independent” technik PCR-DGGE i pirosekwencjonowania 16S rDNA wykazało wysoką bioróżnorodność mikroorganizmów w oscypku, z dominującymi bakteriami z rodzajów *Lactococcus*, *Lactobacillus*, *Leuconostoc*, *Streptococcus* i *Enterococcus* oraz występującymi w mniejszości bakteriami z rodzin *Bifidobacteriaceae* i *Moraxellaceae*.

Badania nad mobilną pulą genów doprowadziły do poznania 4896 bp sekwencji nukleotydowej plazmidu pSP02, występującego w komórkach *Bifidobacterium longum* M63. Plazmid ten posłużył do skonstruowania serii wektorów do klonowania genów w szczepach bifidobakterii. Pochodne te charakteryzowały się strukturalną i segregacyjną stabilnością w komórkach bakteryjnych gospodarzy.

Najważniejsze wyniki badawcze:

1. Uzyskano ekspresję sztucznych genów kodujących wybrane białka mielinowe w komórkach *L. lactis*.
2. Opracowano metodę tzw. kaskadowej lizy komórek, do izolacji DNA z próbek środowiskowych, np. ziaren kefirowych.

PUBLIKACJE: 4607, 4613, 4615, 4666, 3267/A, 3272/A, 3274/A, 3275/A, 3276/A, 3277/A, 210/M

Temat nr 50: Przewodzenie sygnału stresu osmotycznego w roślinach.

Zespół: prof. dr hab. Grażyna Dobrowolska, dr Maria Bucholc, mgr Anna Kulik (do 02.2012), mgr Ewa Krzywińska, mgr Justyna Maszkowska, mgr Katarzyna Szymańska (doktorantka MPD)

Celem badań prowadzonych w roku 2012 było poznanie funkcji i mechanizmów regulacji aktywności kinaz z rodziny SnRK2 (SNF1-related kinase 2) – kontynuacja badań poprzednich lat.

Badania koncentrowały się na:

- identyfikacji komórkowych substratów kinaz SnRK2 niezależnych od kwasu abscysynowego u *Arabidopsis thaliana* w odpowiedzi roślin na zasolenie;
- analizie struktury i funkcji komórkowych regulatorów aktywności SnRK2;
- badaniu udziału kinaz SnRK2 w odpowiedzi roślin na infekcję patogenów.

Do poszukiwania komórkowych substratów SnRK2 wykorzystano techniki analizy fosfoproteomicznej: elektroforezę dwukierunkową i analizę LC-MS/MS. Analizowano zmiany w profilu fosforylacji białek rzodkiewnika w odpowiedzi na zasolenie w roślinach typu „dzikiego”, mutancie *snrk2.10* oraz liniach roślin transgenicznych nadprodukujących białko SnRK2.10. Na podstawie przeprowadzonych analiz wytypowano kilka białek, które prawdopodobnie są substratami kinazy SnRK2.10: białko wiążące RNA typu 1 (At4g39260); karletikulina 1a (At1g56340); dehydryna ERD10 (At1g20450); izomeraza triofofosforanowa (At3g55440); białko wiążące RNA typu RPM/RBD/RNP (At5g19350). Wszystkie wytypowane białka uczestniczą w odpowiedzi roślin na stres osmotyczny.

Badania dotyczące regulatorów SnRK2: fosfataz PP2C z grupy A i białka SCS (SnRK2-interacting calcium sensor) wykazały, że zarówno fosfatazy regulujące aktywność SnRK2.4 i SnRK2.10, jak i SCS oddziałują z kwasem fosfatydowym (PA), podobnie jak badane kinazy. Wiązanie PA wpływa na strukturę badanych białek (badanie prowadzone we współpracy z dr G. Goch, Zakład Biofizyki IBB PAN) i potencjalnie reguluje ich wzajemne oddziaływanie i lokalizację w komórce roślinnej.

We współpracy z prof. D. Wendehenne (Dijon, Francja) wykazano, że kinaza SnRK2.4 pozytywnie reguluje odpowiedź obronną rośliny na infekcję *Botrytis cinerea*.

Najważniejszy wynik badawczy:

Kinaza SnRK2.4 reguluje odpowiedź roślin na stres biotyczny, infekcję *Botrytis cinerea*.

PUBLIKACJE: 4659, 4692, 3206/A, 3207/A, 3218/A, 3317/A, 3343/A, 3344/A, 3358/A, 654/N

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

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

W roku 2012 kontynuowano prace nad proteomiczną analizą zmian endogennej S-nitrozylacji białek synaptosomalnych w czasie rozwoju choroby Alzheimera. Prace prowadzone w poprzednich latach na całych synaptosomach rozszerzono o dokładniejszą analizę S-nitrozylacji białek obecnych wyłącznie w gęstości postsynaptycznej (PSD). PSD to szczególnie ważna część połączeń synaptycznych. Niedawno wykazano, że białka tej struktury pełnią ważną rolę w ponad 130 różnych chorobach mózgu m.in.: w chorobach neurodegeneracyjnych, padaczce i autyzmie [Alex Bayés, Louie N van de Lagemaat, Mark O Collins, Mike D R Croning, Ian R Whittle, Jyoti S Choudhary, Seth G N Grant. Characterisation of the proteome, diseases and evolution of the human postsynaptic density. *Nature Neuroscience* 14,19–21(2011)]. Wskazanie obecności i lokalizacji modyfikacji potranslacyjnych tych białek jest ważnym krokiem w stronę zrozumienia regulacji ich aktywności.

Prowadziliśmy badania wpływu S-nitrozylacji białek S100 (współpraca ze Slovenian NMR Center w Ljubljanie) zakończone publikacją [4681] opisującą subtelne, wynikające z nitrozylacji tiolowej grupy bocznej cysteiny, zmiany we całej strukturze białka, szczególnie zauważalne we fragmentach białka odpowiadających za interakcje z białkami docelowymi.

Najważniejszy wynik badawczy:

Wskazanie S-nitrozylacji jako elementu regulującego funkcję biologiczną ponad 200 białek gęstości postsynaptycznej.

PUBLIKACJE: 4681, 3210/A, 3341/A

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

Zespół: dr hab. Elżbieta Kraszevska, prof. dr hab. Jerzy Buchowicz, mgr Marta Modzelan (doktorantka), mgr Martyna Kujawa (doktorantka), Marlena Redlicka (magistrantka)

Analizom biochemicznym i molekularnym poddawaliśmy wybrane białka z rodziny Nudix z patogenów bakteryjnych rodzaju *Pseudomonas*, w tym kontynuowaliśmy badania białka NudC z patogenu roślinnego *Pseudomonas syringae* pv tomato DC3000. Ustaliśmy, że obserwowane efekty fenotypowe w mutancie *nudC* (poważne zaburzenia wzrostu i ruchliwości komórek) wynikały z braku aktywnego białka NudC. Zaobserwowaliśmy także efekt letalny nadekspresji genu *nudC*. Drogą wirowań różnicowych ekstraktów komórkowych wykazaliśmy, że białko NudC lokalizuje się w cytoplazmie komórek *P. syringae*.

Podjęliśmy także badania nad hydrolazami Nudix NudC (PA1823) i YgdP (PA0336) z patogenu ludzkiego *Pseudomonas aeruginosa*. Poprzez szczegółową analizę biochemiczną *in vitro* ustaliliśmy, że podobnie jak hydrolaza NudC z *P. syringae* enzym ten, w obecności jonów Mg^{2+} preferencyjnie hydrolizuje NADH a sieciowanie glutaraldehydem wykazało, że białko NudC występuje w formie monomerycznej. Przy zastosowaniu metody chromatografii powinowactwa wytypowaliśmy potencjalnych partnerów komórkowych tej hydrolazy a wśród nich receptor jonów żelaza zależny od TonB.

Z literatury wiadomo, że białko RppH, homologiczne do YgdP z *P. aeruginosa*, usuwa pirofosforany z 5'-końca mRNA (bakteryjny „decapping”) biorąc pośrednio udział w regulacji transkrypcji genów w komórkach *Escherichia coli*. W celu ustalenia czy YgdP występuje w komórkach samodzielnie czy też w towarzystwie innych białek podjęliśmy próbę identyfikacji partnerów komórkowych YgdP. Korzystając z licznych podejść eksperymentalnych ustaliliśmy, że białko YgdP tworzy kompleksy z białkiem o nieznannej funkcji PA2504 z *P. aeruginosa*.

Najważniejsze wyniki badawcze:

1. Obserwowane efekty fenotypowe w mutancie *nudC* *P. syringae* wynikają z braku aktywnego białka NudC.
2. Białko „dekapiujące” YgdP tworzy kompleksy z polipeptydem PA2504.

PUBLIKACJE: 3265/A, 3266/A, 688/N

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

Zespół: prof. dr hab. Wojciech Bal, dr Arkadiusz Bonna, dr Tomasz Frączyk, dr Grażyna Goch, dr Agnieszka Polkowska-Nowakowska, dr Małgorzata Różga, dr Agnieszka Belczyk-Ciesielska, dr Ewa Kurowska, dr Katarzyna Piątek, mgr Hanieh Hosseinejad Ariani, mgr Aleksandra Witkiewicz-Kucharczyk, mgr Izabela Zawisza, mgr Wojciech Goch, mgr Ewa Podobas, mgr Nina Wezynfeld (od 10.2011) (doktoranci)

W roku 2012 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 zastosowanie biotechnologiczne tej metody (4639). Dalsze wyniki zostaną opublikowane w r. 2013, na podstawie danych, zawartych w rozprawie doktorskiej dr Agnieszki Belczyk-Ciesielskiej (664/N). W ramach badań eksperymentalnych toksykologii niklu opublikowaliśmy jeden artykuł, we współpracy z zespołem dr E. Murawskiej-Ciałowicz z Uniwersytetu Przyrodniczego we Wrocławiu (4644). Wiele wyników w tym zakresie tematycznym, które zostaną opublikowane w r. 2013, przyniosła rozprawa doktorska dr Ewy Kurowskiej (658/N). Kontynuowaliśmy badania oddziaływań jonów Cu(II) z peptydem A β 40 i układami modelowymi. Wynikiem tych prac był artykuł przeglądowy (4669) oraz publikacja, wykonana we współpracy z grupą prof. Petera Fallera z Uniwersytetu w Tuluzie (4603). Badaniom palców cynkowych była poświęcona rozprawa doktorska dr Katarzyny Piątek (666/N). Wybrane wyniki z tej rozprawy zostaną opublikowane w r. 2013. We współpracy z dr Wolfgangiem Maretem z King's College, Londyn opublikowaliśmy analizę teoretyczną zachowania pH w objętościach subkomórkowych, dochodząc do wniosku, że parametr ten nie opisuje wewnątrzkomórkowych reakcji kwasowo-zasadowych (4665). Dr G. Goch prowadziła również badania we współpracy z dr Marią Bucholc (IBB PAN), poświęcone scharakteryzowaniu sensora wapnia SCS u rzodkiewnika, czego efektem były dwa komunikaty konferencyjne, publikacja w przygotowaniu.

Najważniejszy wynik badawczy:

Odkryto, że pH nie opisuje wewnątrzkomórkowych reakcji kwasowo-zasadowych (4665).

PUBLIKACJE: 4603, 4639, 4644, 4665, 4669, 658/N, 664/N, 666/N

Temat nr 55: Analiza genetyczna podstaw wybranych chorób dziedzicznych.

Zespół: dr hab. Beata Burzyńska, dr Monika Góra, dr Agata Leszczyńska (do 09.2012), mgr Agata Maciejak, mgr Dorota Tułacz, mgr Ilona Warchoń,

W bieżącym roku kontynuowaliśmy badania dotyczące wyznaczenia markerów rokowniczych pozawałowej przebudowy lewej komory mięśnia sercowego. Przeprowadzono badania komórkowe na kardiomiocytach wyizolowanych z serc szczurów pozawałowych i operowanych pozornie i stwierdzono systematyczny spadek funkcji białek obiegu wapnia ATP-azy wapniowej siateczki sarkoplazmatycznej (SERCA) i błonowej ATP-azy wapniowej (PMCA), natomiast aktywność błonowego wymiennika $\text{Na}^+/\text{Ca}^{++}$ (NCX) była obniżona tylko 3 dni po zawale, by później powrócić do wartości kontrolnych. Tym zmianom nie towarzyszył spadek sygnału wapniowego (Ca^{2+} transient) ani zakresu skracania komórek (cell shortening).

Wykonano analizę macierzową próbek uzyskanych od 28 pacjentów ze świeżym zawałem serca z uniesieniem odcinka ST (zgodnie z kryteriami zaplanowanej rekrutacji). Od każdego pacjenta pobrano próbki krwi w czterech założonych punktach czasowych. Wstępne listy genów różnicujących zostały poddane analizie funkcjonalnej (modelowanie sieci genowych i ścieżek sygnałowych). W 4-6 dobie zawału, geny wykazujące zróżnicowaną ekspresję w stosunku do kontroli związane były z odpowiedzią immunologiczną.

Ponadto, podjęliśmy badania mające na celu stworzenie modelu drożdżowego do testowania inhibitorów wybranych enzymów szlaku kwasu mewalonowego. W tym celu do chromosomu drożdży wprowadzono ludzkie geny kodujące syntazę i epoksydazę skwalenu, które komplementowały delecje homologów drożdżowych.

Najważniejsze wyniki badawcze:

1. Duży zawał prowadzi do nasilonych zaburzeń hemodynamicznych oraz postępującej rostrzeni i postępujących zmian w funkcji białek obiegu wapnia w kardiomiocytach lewej komory.
2. Zawał serca z uniesieniem odcinka ST powoduje zmianę w ekspresji kilku grup genów. Szczególnie istotne jest podwyższenie ekspresji genów SOCS3 i FAM20.

PUBLIKACJE: 4628, 4649, 4671, 3172/A, 3173/A, 3174/A, 3177/A, 3305/A, 3306/A, 3307/A, 3308/A, 3309/A

Temar nr 56: Genomika *Paramecium tetraurelia*.

Zespół: dr Robert Gromadka, dr Jacek Nowak, mgr Kamila Maliszewska (09-10.2012, staż w CGM Gif sur-Yvette), mgr Julita Gruchota

U orzęsków, w tym i *Paramecium tetraurelia*, zaprogramowana eliminacja DNA odbywa się w trakcie dojrzewania nowego makronukleusa z generatywnego mikronukleusa i zachodzi równocześnie w bardzo wielu miejscach na genomie. Zjawisko zaprogramowanej eliminacji DNA opisano dla wielu różnych organizmów, gdzie najczęściej dotyczy ono specyficznych genów podczas różnicowania się i wzrostu komórek. U orzęsków 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 rearanżacji jest dziedziczony epigenetycznie pomiędzy starym i nowym makronukleusem. W tym procesie zaangażowanych jest bardzo wiele specyficznych genów, których produkty pojawiają się w komórce w określonych fazach autogamii (procesu płciowego), jak również trzy klasy niekodujących RNA: krótkie, charakterystyczne dla procesów płciowych skaningowe RNA (scnRNA) pochodzące z mikronukleusa, dłuższe, niekodujące transkrypty (ncRNA) syntetyzowane w matczynym makronukleusie oraz natywne transkrypty z nowego makronukleusa.

Zespół kontynuował badania nad genami wyrażanymi specyficznie w trakcie autogamii, które ponadto mogą pełnić funkcję w syntezie niekodujących RNA biorących udział w rearanżacjach genomowych.

Prowadzono badania nad genami rodziny TFIIS, charakteryzującymi się wysoką homologią do czynnika transkrypcyjnego TFIIS, jednego ze składników kompleksu DNA zależnej polimerazy RNA typu II. Ustalono lokalizację wewnątrz komórkową białek z rodziny TFIIS, TFIIS1a/c, TFIIS2a/b, TFIIS3. Ponadto wykonano szczegółową analizę wpływu wyciszania TFIIS4p na wycinanie sekwencji IES, transpozonów i fragmentację chromosomu.

Najważniejszy wynik badawczy:

Wykazano brak wpływu na syntezę niekodujących RNA: scanRNA oraz transkryptów matczynych przy jednoczesnym wpływie na syntezę niekodujących RNA w nowopowstającym makronukleusie.

PUBLIKACJE: 3365/A

Temat nr 57: Mechanizmy replikacji DNA.

Zespół: dr hab. 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 zakończono badania nad mutantem polimerazy D714A. Mutant ten został scharakteryzowany jako niezdolny do replikacji DNA *in vivo*. Badania kinetyczne w warunkach pojedynczego obrotu enzymu (ang. pre-steady state) pokazały, że mutant ten ma obniżoną aktywność katalityczną (około 12-razy). Modelowanie w oparciu o otrzymaną dwa lata temu strukturę krystalograficzną dla apoenzymu mutantu D714A o rozdzielczości 2.6Å wskazywało, że obecność mutacji D714A znajdującej się daleko od centrum katalitycznego zaburza geometrię aminokwasów uczestniczących w wiązaniu jonów Mg^{2+} niezbędnych do katalizy. We współpracy z laboratorium dr Miguela Garcia-Diaz i dr Agatą Jacewicz w tym roku udało się otrzymać strukturę kompleksu replikacyjnego dla tego mutantu o rozdzielczości 2.3Å, która potwierdziła zmiany w położeniu istotnych dla katalizy reszt aminokwasowych D411 i E686.

Nasze badania *in vivo* prowadzone są w układzie heterologicznym, w którym określamy wierność replikacji DNA prowadzonej przez mutanty polimerazy RB69 w komórkach *Escherichia coli* zainfekowanych fagiem T4 z niefunkcjonalną polimerazą DNA. W tym roku kontynuowaliśmy badania dotyczące oddziaływań pomiędzy polimerazą DNA faga RB69 a prymazą gp61 faga T4. Ustaliliśmy metodę pomiaru izotermicznego miareczkowania kalorymetrycznego (ITC) i potwierdziliśmy za pomocą ITC istnienie oddziaływań pomiędzy polimerazą RB69 a prymazą gp61 faga T4. Oddziaływania takie zostały też wstępnie potwierdzone z użyciem „pull down assay”.

Najważniejszy wynik badawczy:

Struktura krystalograficzna potrójnego kompleksu otrzymanego dla polimerazy RB69Y567A/D714A exo- potwierdziła zmiany w położeniu istotnych dla katalizy reszt aminokwasowych D411 i E686. Polimeraza RB69 oddziałuje z prymazą gp61.

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

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

W roku 2012 wyizolowanych zostało około 30 szczepów promieniowców z maty bakteryjnej ze zbiornika wody szybu kopalni uranu w Kowarach oraz kilkanaście szczepów bakterii beztlenowych z tej maty i z biofilmu naskalnego z kopalni Złoty Stok. Obecnie trwają prace identyfikacyjne tych szczepów (sekwencjonowanie genu markerowego 16S rRNA).

Analizowano także plazmidy szczepu *Acinetobacter lwoffii*, wyizolowanego wcześniej z biofilmu naskalnego w Złotym Stoku, który wykazywał bardzo wysoką oporność na jony arsenianowe. Wstępne wyniki uzyskane w pirosekwencjonowaniu puli plazmidów pokazały obecność co najmniej 5 małych plazmidów i jednego większego. Ponieważ nie było możliwe złożenie sekwencji konsensus dużego plazmidu z wyników uzyskanych dla całej puli, DNA tego plazmidu wyizolowano osobno i przystąpiono do sekwencjonowania metodą „primer walking”.

Dla trzech szczepów promieniowców wyhodowanych z biofilmu naskalnego (*Frigoribacterium* sp., *Nocardia* sp., *Streptomyces luridiscabiei*) wykazujących właściwości antybakteryjne opracowano sposoby hodowli umożliwiające izolację substancji przeciwbakteryjnych.

Badania koncentrowały się również na pogłębionej analizie funkcjonowania systemu toksyna-antytoksyna ω - ϵ - ζ plazmidu pSM19035 z patogennej bakterii *Streptococcus pyogenes*. Sprawdzono efektywność funkcjonowania kasety stabilizacyjnej w wybranych gatunkach patogennych szczepów bakterii Gram-dodatnich oraz określono, metodą Real-Time PCR, liczbę kopii plazmidu niosącego kasetę w badanych szczepach. Podjęto badania *in vitro* mające na celu wskazanie proteazy komórkowej zaangażowanej w degradację białka odtrutki Epsilon.

Podjęto badania dotyczące skuteczności wymodelowanych peptydów potencjalnie znoszących interakcje białko-białko z zastosowaniem kompleksu Epsilon-Zeta jako modelu.

Najważniejsze wyniki badawcze:

1. Opracowanie sposobu hodowli wybranych *Actinobacteria* w celu izolacji substancji przeciwbakteryjnych.
2. Określenie efektywności działania kasety stabilizacyjnej ω - ϵ - ζ w różnych gatunkach bakterii Gram (+).

PUBLIKACJE: 4622, 3359/A, 656/N, 694/N

Temat nr 60: Mechanizmy podziałów komórkowych.

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

Kontynuowano badania białek zaangażowanych w wierność segregacji chromosomów – kohezyny Irr1 z *Saccharomyces cerevisiae* oraz jej odpowiednika ludzkiego – kohezyny SA2. Są to białka niezbędne do życia, zachowane w trakcie ewolucji. Realizowano dwa kierunki badań:

(1) Kontynuowano prace nad charakterystyką sygnałów lokalizacji jądrowej kohezyny SA2. Zidentyfikowano dwa sygnały odpowiadające za import jądrowy SA2 w warunkach hodowli komórek ludzkich linii HeLa, prowadzono prace, które umożliwią ustalenie hierarchii tych sygnałów.

(2) Charakteryzowano nowo zidentyfikowane białko drożdżowe Imi1, fizycznie oddziałujące z kohezyką Irr1p. Stwierdzono, że białko Imi1 jest zlokalizowane w mitochondriach i wpływa na stabilność mtDNA. Dane dotyczące udziału kohezyn w procesach mitochondrialnych są bardzo ograniczone. Stwierdzono, że w trakcie indukcji apoptozy następuje translokacja C-końcowego fragmentu innej podjednostki kompleksu kohezyjnego z jądra do mitochondrium. Nasze dane wskazują, że podobnie może zachowywać się kohezyna Irr1.

Najważniejsze wyniki badawcze:

1. Wykazano, że w komórkach ludzkich za import do jądra kohezyny SA2 odpowiadają dwie sekwencje sygnałowe.
2. Wykazano, że nowo zidentyfikowane białko Imi1 ma lokalizację mitochondrialną i prawdopodobnie wpływa na stabilność mtDNA.

PUBLIKACJE: 4611, 4623, 3175/A, 3176/A

Temat nr 61: Dynamika transkryptomu w normie i stresie

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

W roku 2012 rozpoczęto analizę regulacji ekspresji wcześniej zidentyfikowanych genów szybkiej odpowiedzi na stres u *Arabidopsis* na poziomie transkrypcyjnym. Podobnie do lat ubiegłych jako obiekt badawczy w wykonywanych eksperymentach wybrano linię komórkową T87 *Arabidopsis*. Prowadzone badania skoncentrowane były na charakterystyce nowych elementów tzw. odpowiedzi nukleosomowej, czyli zmian na poziomie potranslacyjnych modyfikacji histonów rdzeniowych w odpowiedzi na czynniki stresowe. Po raz pierwszy wykazano, że w komórkach roślinnych w reakcji na stres lizyna 16 histonu rdzeniowego H4 podlega szybkiej i przejściowej acetylacji.

Kolejnym etapem badań roli potranslacyjnych modyfikacji histonów rdzeniowych w regulacji transkrypcji genów szybkiej odpowiedzi u roślin było wykonanie analiz typu CHIP-seq z wykorzystaniem wysokoprzepustowego sekwencjonowania w Pracowni Analiz Mikromacierzy IBB PAN. Tego typu analizy pozwolą na ustalenie lokalizacji wytypowanych modyfikacji histonowych – elementów odpowiedzi nukleosomowej w chromatynie *Arabidopsis* w odpowiedzi na stres i ustalenie, które z badanych genów podlegają regulacji na poziomie analizowanych modyfikacji chromatyny. Równolegle za pomocą tej samej metody CHIP-seq przeprowadzono badania dotyczące zmian lokalizacyjnych enzymu polimerazy II RNA oraz jej fosforylowanej formy w serynie 5. Umożliwi to ustalenie, jaka część genów szybkiej odpowiedzi jest regulowana bezpośrednio poprzez indukcję procesu transkrypcji. Obecnie prowadzona jest analiza bioinformatyczna otrzymanych danych.

Drugim zadaniem badawczym była identyfikacja genów regulowanych przez deacetylazę histonową HD2C. Wcześniej wykazaliśmy, że enzym ten oddziałuje z histonem rdzeniowym H3. W celu ustalenia miejsc wiązania deacetylazy histonowej HD2C do chromatyny wykonano analizę typu CHIP-seq. Modelem badawczym były siewki *Arabidopsis*. Wstępna analiza uzyskanych danych wykazała wiązanie deacetylazy do chromatyny w obszarze 357 genów spośród 28000 genów *Arabidopsis*. Analiza opisów zidentyfikowanych genów za pomocą programu AmiGO oraz anotacji bazy TAIR wykazała na znaczące wzbogacenie genów zaangażowanych w odpowiedź na stres (48,6 %) oraz hormony (28,3 %).

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.

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. Kinazy te, jak wskazują doniesienia literaturowe, mogą być zaangażowane w onkogeną transformację komórek. Z naszych badań wynika, że pochodne kwasu kawowego efektywnie hamują aktywność kinazy Rio 1 z *Archaeoglobus fulgidus*. Są to pierwsze doniesienia literaturowe o inhibitorach tej grupy kinaz. Wyniki tych badań zebrane w formie publikacji zostały wysłane do specjalnego numeru BBA: Proteins and Proteomics prezentującego wybrane doniesienia z międzynarodowej konferencji: Inhibitors of Protein Kinases, 2012. W okresie sprawozdawczym dokonaliśmy również krystalizacji kompleksu kinazy Rio 1 z *Archaeoglobus fulgidus* z AG 490 – dostępną komercyjnie pochodną kwasu kawowego (współpraca z Zakładem Biofizyki Instytutu Fizyki Doświadczalnej UW).

Kontynuowano badania nad rekombinowaną hemaglutyniną (rHA) wirusów grypy A1 H5N1 i H1N1. Otrzymano nowe warianty antygenów H5. Ich immunogenność sprawdzano na modelu kurzym. Wyniki tych badań są opracowywane (testy ELISA, HI). Przygotowano również zgłoszenie patentowe dotyczące sposobu otrzymywania w systemie drożdżowym hemaglutyniny wirusa grypy H5N1.

Prowadzono również badania nad metakaspazą typu II z pszenicy. Nadproduktowanie enzymu w komórkach *Escherichia coli*, w formie rozuszczalnej, umożliwiło jego charakterystykę biochemiczną i strukturalną. Wyniki badań zostały opublikowane.

Najważniejszy wynik badawczy:

Krystalizacja kompleksu Rio1 z *Archaeoglobus fulgidus* z inhibitorem AG 490.

PUBLIKACJE: 4679, 690/N

Temat nr 63: Dodekahedron adenowirusa jako platforma szczepionkowa.

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

Rozpoczęliśmy prace nad skonstruowaniem szczepionki antyrakowej na platformie dodekahedronu adenowirusa (Dd). W opracowywanym preparacie, do struktury nośnika została wprowadzona sekwencja kodująca peptydowy fragment glikoproteiny-3 (ang. glycosylphosphatidylinositol[GPI]-anchored membrane protein; GPC-3), białka które jest nadprodukowane na powierzchni guza w raku wątrobowo-komórkowym oraz w czerniaku złośliwym. Wiadomo, iż użycie krótkich peptydowych fragmentów GPC-3 indukuje powstanie limfocytów cytotoksycznych skierowanych przeciwko HCC. Jednakże wolny peptyd ulega szybkiej degradacji w krwioobiegu, której zapobiega obecność adiuwantu Freund'a w preparacie szczepionkowym (dane literaturowe). Włączenie peptydu glikoproteiny-3 do struktury nośnika w opracowywanej przez nas szczepionce powinno zapewnić ochronę przed enzymami proteolitycznymi, a wykazane przez nas wcześniej działanie Dd jako adjuwantu stwarza możliwość wyeliminowania użycia dodatkowych, potencjalnie szkodliwych substancji wspomagających. Funkcjonalność preparatu szczepionkowego będziemy badać *in vitro* oraz w modelach zwierzęcych obu nowotworów.

Równolegle kontynuowaliśmy badania nad szczepionką przeciwgrypową na platformie dodekahedronu. Pozytywne wyniki uprzednio przeprowadzonych testów funkcjonalnych *in vitro* dla preparatów Dd zawierających w strukturze epitopy M1, są podstawą do przeprowadzenia badań skuteczności szczepionki podczas immunizacji zwierząt modelowych. Planowane doświadczenia *in vivo* wymagają przygotowania dużej ilości jednorodnego materiału o określonych właściwościach fizyko-chemicznych. Do stosowanych dotychczas analiz włączyliśmy nowatorską metodę, jaką jest natywna spektrometria mas, która pozwala na ocenę masy nienaruszonego białka (ciężar cząsteczkowy Dd wynosi 3,6 MDa), dzięki nawiązaniu współpracy z jednym z twórców tej techniki, prof. Albertem Heckiem (Biomolecular Mass Spectrometry and Proteomics Group, Uniwersytetu w Utrechcie, Holandia).

Najważniejszy wynik badawczy:

Wprowadzenie sekwencji epitopu GPC-3 w wybrane pozycje Dd nie zaburza procesu składania cząsteczek nośnika. Nie stwierdzono proteolizy epitopu umieszczonego na N-końcu białka podstawy pentonu, z którego zbudowany jest Dd.

PUBLIKACJE: 3331/A

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

Zespół: dr Magdalena Krzymowska, doktoranci IBB PAN: mgr Fabian Giska, dr Rafał Hoser, mgr Marcin Piechocki, mgr inż. Marek Żurczak (MPD), Magistranci: mgr inż. Magdalena Salach

Białko SGT1 stanowi ważny element kompleksów receptorowych uczestniczących w odpowiedzi obronnej roślin na infekcje mikroorganizmów. Nasze wcześniejsze badania pokazały, że SGT1 z tytoniu ulega specyficznej fosforylacji przez kinazę SIPK aktywowaną w wyniku zakażenia. Modyfikacja dotyczy seryny 358, występującej w kanonicznej dla kinaz MAP sekwencji (dwupeptyd SP/TP). Ponadto, udowodniliśmy, że podstawienia w miejscu fosforylacji SGT1 prowadzą do upośledzenia odporności roślin na infekcje wirusem mozaiki tytoniowej (TMV) natomiast nie wpływają na zdolność białka SGT1 do komplementacji fenotypu drożdżowych mutantów w tym białku.

Kolejne doświadczenia zaprojektowano, aby wyjaśnić mechanizm, na drodze którego modyfikacja SGT1 wpływa na odporność roślin na wirusa TMV. Wykazały one, że odporność ta wymaga obecności białka receptorowego N w jądrze komórkowym. Ponadto, udowodniliśmy, że wariant SGT1 naśladujący fosforylację, poprzez wstawienie aminokwasu o kwaśnym charakterze w miejscu fosforylacji, znajdowany jest dwukrotnie częściej w jądrze komórkowym, aniżeli białko dzikiego typu. Ponieważ białko N nie posiada klasycznej sekwencji kierującej do jądra (NLS), sprawdziliśmy, czy białko SGT1 mogłoby uczestniczyć w transporcie N. Okazało się, że przekierowanie puli SGT1 do jądra komórkowego, poprzez dodanie sygnału NLS skutkowało zwiększoną pulą jądrową białka N, natomiast wymuszenie cytoplazmatycznej lokalizacji białka SGT1 (dołączenie sekwencji eksportu jądrowego, NES) nie wpływało na dystrybucję białka N. Dane te wskazują, że białko SGT1 ułatwia import białka receptorowego N do jądra komórkowego. Na podstawie powyższych wyników zaproponowaliśmy hipotezę mówiącą, że fosforylacja białka SGT1 przez kinazy MAP regulowałaby równowagę jądrowo-cytoplazmatyczną kompleksów receptorowych, zapewniając tym samym prawidłowy przebieg odpowiedzi obronnej.

Najważniejszy wynik badawczy:

Wariant białka SGT1 naśladujący fosforylację dwukrotnie częściej wykazuje lokalizację jądrową, z kolei obecność SGT1 w jądrze wymusza przepływ białka receptorowego N do tego przedziału komórkowego.

PUBLIKACJE: 3337/A, 3357/A, 205/M, 671/N, 696/N

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

Zespół: dr hab. Jarosław Poznański, mgr Maria Winiewska

1. Stabilność domeny σ^{70}_4 polimerazy RNA *E. coli* w roztworach wodnych. W oparciu o wcześniej uzyskane wyniki relaksacji ^{15}N przeprowadziliśmy ekspresję 4 racjonalnie wybranych wariantów skróconego białka. Przy zastosowaniu niskocząsteczkowych zwitterionowych reagentów wspomagających renaturację białek udało się otrzymać w neutralnym pH zwiniętą formę białka. Publikacja w przygotowaniu.

2. Inhibitory kinazy CK2 α – współpraca z prof. dr hab. D. Shugarem. Modelowanie molekularne połączone z badaniami termodynamicznymi nad wiązaniem ligandów przez białko wskazały na mechanizmy oddziaływania, które decydują o aktywności inhibitorowej. W wyniku prac powstały dwie publikacje (4638, 4672) oraz praca magisterska obroniona na SGGW.

3. Molekularne podstawy aktywności dioxygenazy AlkB z *Escherichia coli* – współpraca z dr A. Maciejewską. Analiza kinetyki naprawy nukleozydowych adduktów alkilowych przeprowadzona w oparciu o wysokorozdzielcze modele potencjalnych kompleksów Enzym-Substrat wyjaśniła obserwowaną specyficzność substratową białka, jak i zależność wydajności reakcji dealkilacji *in vitro* od warunków (publikacja przyjęta do *J. Biol Chem*).

4. Wpływ potranslacyjnych modyfikacji białek z rodziny S100 na wiązanie jonów wapnia – współpraca z dr A. Wysłouch-Cieszyńską. Analiza danych kalorymetrycznych oraz ich interpretacja w kontekście zmian strukturalnych pod wpływem nitrozytacji pozwoliła na wskazanie prawdopodobnego mechanizmu sprzężenia dwóch szlaków sygnałowych (4681).

5. Molekularne podstawy chorób genetycznych – współpraca z Prof. dr hab. J. Balem z Instytutu Matki i Dziecka w Warszawie. Na podstawie dostępnych danych strukturalnych zostały stworzone modele strukturalne różnych mutantów białka PLP1, które zostały zidentyfikowane w chorobie Pelizaeusa–Merzbachera. Na tej podstawie wskazałem, dlaczego obserwowana u chorego dziecka mutacja Gly198Asp wpływa na utratę funkcjonalności białka (praca przyjęta do *Brain & Development*).

Najważniejsze wyniki badawcze:

1. Zastosowanie NTSB-195 umożliwia zbadanie struktury białka natywnie rozwiniętego.
2. Literaturowe oszacowanie energii wiązania halogenowego na 10 kcal/mol jest błędne.
3. Rozpoznawanie substratów przez AlkB jest sterowane elektrostatycznie.

PUBLIKACJE: 4638, 4673, 4681, 3183/A, 3209/A, 3210/A, 3219/A, 3229/A, 3233/A, 3341/A, 3342/A, 691/N

Temat nr 66: Metodyka sekwencjonowań genomowych.

Zespół: dr Robert Gromadka, prof. dr hab. Włodzimierz Zagórski-Ostoja, dr Piotr Dzierzbicki, mgr Beata Babińska, mgr Małgorzata Filipiak, mgr Jan Gawor, mgr Ewa Kalińska

W ramach współpracy z innymi laboratoriami wyizolowano, a następnie sekwencjonowano genomy oraz plazmidy z różnych organizmów jak również DNA antyczne.

Na sekwenatorze genomowym Roche GS FLX + Titanium zsekwenowano 14 genomów bakteryjnych, 12 genomów bakteriofagów, 9 plazmidów oraz 15 próbek środowiskowych, uzyskując łącznie ok 1,7 G par zasad

Ponadto z wykorzystaniem aparatu HiScan firmy Illumina wykonano dodatkowo sekwencjonowania totalnego DNA z 22 bakterii: *Bacilococcus thuringiensis* IS5056, IBB 477, *Lactobacillus casei* szczep 900 i 908, *Lactobacillus paracasei* 919, *Paracoccus aminophilus* JCM7685, *Paracoccus aminophilus* JCM7686, *Paracoccus* sp. PF, *Paracoccus* sp. Pp, *Paracoccus* sp. PV, *Paracoccus* sp. PY, *Polaromonas* 22Ecl, *Polaromonas* sp. 253CE, *Polaromonas* sp. 41CE, *Polaromonas* sp. 7Ecl, *Polaromonas* sp. W28, *Staphylococcus aureus* 18.6, *Staphylococcus aureus* 18.6, *Staphylococcus aureus* 6409, *Staphylococcus aureus* 80, *Staphylococcus aureus* Rudzki, *Staphylococcus aureus* Zal. Dla każdej próbki uzyskano około 20 milionów 2x100 nukleotydowych odczytów (metoda PairEnd-Illumina), czyli średnio dwa miliardy pz. Pozwoliło to na złożenie pełnych genomów jak również obecnych w komórkach plazmidów.

Najważniejszy wynik badawczy:

Ustalenie sekwencji 5 plazmidów z bakterii polarnych *Polaromonas* sp. w celu poszukiwania genów odpowiedzialnych za adaptację do życia w niskich temperaturach.

PUBLIKACJE: 4628, 4630

Temat nr 67: Metabolizm siarki w roślinach.

Zespół: prof. dr hab. Agnieszka Sirko, dr Anna Wawrzyńska, mgr Grzegorz Moniuszko (doktorant), mgr Katarzyna Zientara-Rytter (doktorantka), mgr Milagros Collados Rodriguez, mgr Paweł Sęktas, mgr Dominik Marko (do 30.09.2012), mgr Anna Znój (od 15.10.2012)

W okresie sprawozdawczym kontynuowano prace związane z identyfikacją czynników, które w warunkach deficytu siarki kontrolują transkrypcję genów, biorą udział w sygnalizacji 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). Najbardziej zaawansowane są badania nad funkcją białek UP9/LSU, które pozwoliły na ustalenie powiązań tych białek z rolą etylenu w odpowiedzi na niedobór siarki. Rozpoczęto badania związane z ustaleniem znaczenia ścieżki sygnałnej etylenu w regulacji przyswajania siarki z uwzględnieniem szczególnej roli czynników transkrypcyjnych należących do rodziny białek EIL. Kontynuowane są prace związane z rolą autofagii oraz wybiórczej degradacji białek w odpowiedzi roślin na niedobór związków mineralnych, głównie siarki i azotu. Związane z autofagią białko Joka2/NBR1 zidentyfikowano wcześniej jako partnera białka UP9/LSU.

Badane są także inne wcześniej wytypowane geny i białka tytoniowe, w tym D6, gen regulowany negatywnie w czasie niedoboru siarki oraz UP15, regulowany pozytywnie zarówno przez niedobór siarki jak i niedobór azotu. Prowadzone są prace mające na celu analizę fenotypową roślin o zmienionym poziomie ekspresji badanych genów. Nasze badania dotyczą także białek, kodowanych przez te geny, w tym ich lokalizacji oraz identyfikacji partnerów komórkowych. Na obecnym etapie prac ustalenie funkcji białek UP15 i D6 nie jest jeszcze możliwe.

Zakończono prace dotyczące funkcji kompleksu syntazy cysteinowej w utrzymywaniu homeostazy metabolizmu siarkowego roślin. Analiza biochemiczna roślin *Arabidopsis* z ekspresją specyficznych inhibitorów polipeptydowych zaburzających oddziaływanie pomiędzy SAT i OAS-TL, wykazała niewielkie zmiany w aktywnościach enzymatycznych, sugerując bardziej złożony mechanizm wzajemnych oddziaływań.

Najważniejszy wynik badawczy:

Uzyskano wyniki wskazujące, że istotna część odpowiedzi roślin na niedobór siarki regulowana jest przez roślinny hormon, etylen. Wykazano, że białko UP9/LSU niezbędne jest do zwiększenia poziomu etylenu w trakcie głodzenia siarkowego.

PUBLIKACJE: 4625, 4690, 4691, 695/N

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

Zespół: prof. dr hab. Paweł Golik, dr Olga Puchta (obrona 25.09.2012)

Regulacja ekspresji genów mitochondrialnych u drożdży odbywa się głównie na poziomie potranskrypcyjnym. W procesie współdziałają specyficzne wobec poszczególnych transkryptów czynniki stabilizujące bądź inicjujące translację oraz niespecyficzna degradacja RNA. Za usuwanie niepotrzebnych lub nieprawidłowych prekursorów odpowiada mitochondrialny degradosom mtEXO, który trawi RNA w kierunku od 3' do 5', zaś dojrzewanie końców 5' zależy od obecności białka Pet127. W sekwencji aminokwasów Pet127p nie identyfikowano żadnych znanych domen katalitycznych, dopiero w pracy opierającej się na porównywaniu struktur drugorzędowych wstępnie zakwalifikowano Pet127p do nadrodziny nukleaz PD-(D/E)XK. W ramach projektu zweryfikowano doświadczalnie dane bioinformatyczne, wskazujące na przynależność białka Pet127 do rodziny nukleaz typu PD-(D/E)XK. Wykazano, że podstawienie alaniną reszt aminokwasowych z motywu PD-(D/E)XK, odpowiedzialnych za wiązanie jonu dwuwartościowego (przez to kluczowych dla aktywności nukleolitycznej), prowadzi do utraty funkcji Pet127p *in vivo*. Natomiast opisywana wcześniej toksyczność nadekspresji tego białka jest związana raczej z jego agregacją, niż zwiększoną wydajnością degradacji mtRNA, gdyż nieaktywne katalitycznie mutanty wykazują podobne właściwości. Obecnie trwają prace mające na celu zbadanie aktywności Pet127p *in vitro*.

Wyniki weszły w skład pracy doktorskiej dr Olgi Puchty pt. „Dmrlp i Pet127p – jądrowo kodowane białka zaangażowane w stabilność i obróbkę RNA w mitochondriach drożdży *Saccharomyces cerevisiae*.” (667/N)

Najważniejsze wyniki badawcze:

1. Wykazanie, że białko Pet127 *S. cerevisiae* należy do rodziny nukleaz typu PD-(D/E)XK.
2. Sformułowanie hipotezy wiążącej fenotyp toksycznej nadekspresji Pet127p z agregacją białka, a nie aktywnością katalityczną.

PUBLIKACJE: 667/N

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, dr Zbigniew Warkocki, mgr Aleksandra Siwaszek (doktorant), mgr Jacek Miłek (doktorant), mgr Paweł Krawczyk (doktorant), mgr Michał Lubas (doktorant), mgr Marta Ukleja (doktorant), mgr Katarzyna Kowalska (technik), mgr Krystian Stodur (technik), mgr Dorota Jurczak (technik), mgr Kamila Kłosowska (technik)

W roku 2012 prowadzono szereg prac badawczych:

Analiza głównej rybonukleazy organizmów eukariotycznych kompleksu egzozomu. Kontynuowane są prace dotyczące mechanizmu działania drożdżowego egzozomu, a wyniki wysłano do recenzji w czasopiśmie Nucleic Acids Reserch. Wykazano, że w komórkach ludzkich oprócz egzozomu w degradacji RNA od końca 3' zaangażowana jest rybonukleaza DIS3L2. Wyniki są na etapie rewizji w czasopiśmie EMBO Journal. Prowadzono analizy roślinnego egzozomu oraz roli ludzkiej podjednostki Dis3 w patogenezie szpiczaków. Opublikowano artykuł przeglądowy oraz rozdział w książce dotyczące mechanizmu działania kompleksu egzozomu [4696, 4697].

Analiza kompleksu THO/TREX uczestniczącego w biogenezie mRNA. Kontynuowane są analizy strukturalne i biochemiczne tego kompleksu. Wyniki badań opublikowano w czasopiśmie EMBO Journal [4645] oraz przedyskutowano w artykule przeglądowym [4695].

Analiza fosfodiesterazy USB1. Odkryto fosfodiesterazę niezbędną do formowania 3' końca U6 snRNA, której mutacje powodują chorobę genetyczną polikodermę z neutropenią. Wyniki zostały opublikowane w czasopiśmie Genes and Development [4664].

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 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:

Odkrycie fosfodiesterazy niezbędnej do formowania 3' końca U6 snRNA, której mutacje powodują chorobę genetyczną polikodermę z neutropenią.

PUBLIKACJE: 4645, 4664, 4695, 4696, 4697

Zakład Biologii Antarktyki

Temat nr 1: Badania dynamiki zmian w ekosystemach polarnych wywołanych gwałtownym ocieplaniem się klimatu w rejonie Półwyspu Antarktycznego.

Zespół: dr inż. Katarzyna Chwedorzewska, dr inż. Małgorzata Korczak-Abshire

Rejon Półwyspu Antarktycznego jest jednym z najszybciej ocieplających się obszarów na Ziemi. Wyspa Króla Jerzego (Antarktyka Zachodnia) ze względu na swoje położenie, a przede wszystkim na bogatą historię wieloaspektowych badań środowiskowych jest modelowym obszarem do analizy i weryfikacji znaczenia zmian klimatycznych dla funkcjonowania ekosystemów morskiej Antarktyki. Obserwowanym, rezultatem fluktuacji abiotycznych składowych tego środowiska jest destabilizacja struktury i funkcjonowania zarówno lądowych, jak i morskich zespołów roślinnych oraz zwierzęcych.

Obiektami badań są głównie gatunki wskaźnikowe takie jak ssaki i ptaki morskie. Na podstawie zmian w liczebności i strukturze populacji tych gatunków można wnioskować o kondycji ekosystemów morskich. W tym celu zbadano zmiany w liczebności kolonii rozrodczych trzech gatunków pingwinów oraz innych gniazdujących ptaków morskich na obszarach objętych badaniami. Przeprowadzono badania genetyczne dwóch gwałtownie kurczących się populacji pingwinów antarktycznych. Zbadano liczebność oraz strukturę wiekową ssaków płetwonogich na terenach badawczych. Zebrane dane porównano z danymi archiwalnymi, oraz danymi pochodzącymi z badań parazytologicznych ryb (głównego pokarmu płetwonogich) i określono zmiany w liczebności, składzie gatunkowym oraz stadiach rozwojowych pasożytów spowodowane wahaniami populacji płetwonogich.

Najbardziej spektakularnym skutkiem zmian klimatycznych w tym rejonie jest gwałtowna deglacja uwalniająca ogromne dziewicze tereny na które natychmiast wkraczają organizmy pionierskie. Zmiany na obszarach lądowych są niezwykle gwałtowne i wpływają na procesy i interakcje ekologiczne, rozmieszczenie gatunków, skład zbiorowisk, strukturę populacji poszczególnych gatunków, a także wraz z rosnącą antropopresją pojawianie się gatunków obcych. Ta część badań obejmuje określenie presji obcych propagul przeważonych na Stacje wraz z wyprawami, a także analizę przyczyn, przebiegu i skutków ekspansji jedyne go obcego gatunku *Poa annua* L. w okolicach Stacji „Arctowskiego”. Oszacowano i przeanalizowano wielkość i skład gatunkowy przywożonych propagul, określono ich skład gatunkowy oraz zasięg, żywotność i ewentualne cechy preadaptacyjne do warunków polarnych, oraz oszacowano ryzyko inwazji. Przeprowadzono badania morfologiczne, genetyczne i epigenetyczne gatunku zawleczono go w Antarktykę (*Poa annua* L.), wstępną analizę banku nasion w glebie oraz testy żywotności nasion tego gatunku.

Najważniejszy wynik badawczy:

Zaobserwowano znaczący wzrost zmienności metylacyjnej w populacji *Poa annua* pochodzącej z Antarktyki w stosunku do populacji polskich, jest to prawdopodobnie odpowiedź na stresowe warunki środowiska i może mieć znaczenie w przystosowaniu się tego gatunku do nowego środowiska.

PUBLIKACJE: 4618, 4633, 4661, 4667, 3186/A, 3187/A, 3188/A, 3189/A, 3194/A, 3195/A, 3197/A, 3198/A, 3200/A

Temat nr 2: Ekofizjologiczna i molekularna charakterystyka mikroorganizmów polarnych z kolekcji szczepów IBB ZBA PAN.

Zespół: prof. nadzw. dr hab. Marek Zdanowski, mgr Jakub Grzesiak

Praca z kolekcją szczepów psychrofilnych złożonych w kriobanku, w temperaturze -80°C (1 500 izolatów) oraz przetrzymywanych na skosach agarowych (3 000 izolatów). Kolekcja obejmuje kultury bakterii, drożdżaków i grzybów strzępkowych wyizolowanych w warunkach tlenowych, beztlenowych, mikroaerofilnych (o zmniejszonej zawartości tlenu) lub kapnofilnych (wzbogaconych CO₂) na specjalnie skomponowanych podłożach agarowych. Szczepy pochodzą z różnych środowisk polarnych, zarówno arktycznych jak i antarktycznych (guano ptaków, makroglony, gleba, brzeg morski, lodowiec). [Opieka nad kolekcją szczepów – mgr Jakub Grzesiak]. Przygotowano 300 szczepów bakteryjnych o znanym statusie taksonomicznym i profilu fizjologicznym ze środowisk arktycznych i antarktycznych w celu zdeponowania w banku szczepów IBB PAN.

Kolekcja szczepów była i jest sukcesywnie wzbogacana przez dopływ coraz nowego materiału, z którego izolowane są kolejne szczepy, charakteryzowane pod kątem właściwości morfo-fizjologicznych i przynależności taksonomicznej w oparciu o sekwencjonowanie 16S rDNA. W kolekcji szczepów znajdują się zarówno takie, dla których nie znaleziono odpowiedników w bibliotece genowej jak i opisane wcześniej taksony izolowane z różnych zimnych środowisk. Wiele z nich z pewnością posiada znaczenie komercyjne jako źródło enzymów dla niskotemperaturowych, energetycznie oszczędnych, procesów biotechnologicznych. Niektóre z tych szczepów np. *Psychrobacter* czy *Polaromonas* wykorzystywane są w badaniach nad plazmidami, we współpracy z Zakładem Genetyki Bakterii UW gdzie wykryto m.in. oporność na rtęć i promieniowanie ultrafioletowe, a inne wykryte przez mgr. J. Grzesiaka szczepy uruchamiają nierozpuszczalne formy fosforu.

Najważniejszy wynik badawczy:

Ocena różnorodności cech morfofizjologicznych oraz wstępne badania plazmidów wskazują na potencjalną przydatność komercyjną szczepów psychrofilii jako źródła enzymów dla niskotemperaturowych procesów biotechnologicznych.

PUBLIKACJE: 3191/A, 3360/A

XXXVI POLSKA WYPRAWA ANTARKTYCZNA NA STACJĘ IM. HENRYKA ARCTOWSKIEGO 2011/2012

Badania prowadzone na obszarze SSSI No 8 (King George Island, Antarktyka) w lecie 2012 roku.

Zespół: dr hab. Marek Kejna, dr Ireneusz Sobota

W okresie od 17 stycznia do 20 lutego 2012 r. dr hab. Marek Kejna i dr Ireneusz Sobota z Uniwersytetu Mikołaja Kopernika w Toruniu prowadzili w rejonie Stacji H. Arctowskiego badania meteorologiczne, glaciologiczne i hydrologiczne w ramach projektu pt. „Interakcje klimatyczno-glaciologiczne w warunkach globalnego ocieplenia. Studium na przykładzie SSSI No 8 (Wyspa Króla Jerzego, Zachodnia Antarktyka)” finansowanego przez Narodowe Centrum Nauki (NN 306 722540).

Badania meteorologiczne

Na obszarze Oazy Arctowskiego oraz na lodowcach Ekologii i Sphinx zainstalowano 3 automatyczne stacje meteorologiczne oraz 5 rejestratorów temperatury i wilgotności powietrza. Stanowiska założono w 3 profilach: lądowym od Stacji H. Arctowskiego po szczyty: Pt. Thomas (173 m n.p.m.) i Jardine Peak (280 m n.p.m.) oraz dwóch profilach lodowcowych na lodowcach Ekologii i Sphinx. Ponadto na Stacji H. Arctowskiego zainstalowano stanowisko rejestracji temperatury gruntu. W okresie od 19 stycznia do 19 lutego 2012 r. średnie ciśnienie atmosferyczne zredukowane do poziomu morza wyniosło 980,8 hPa. Dominowały wiatry z kierunków SW i WSW, a średnia prędkość wiatru na stacji wyniosła 4,3 m.s-1. Przeciętnie docierało 14,3 MJ.m-2 promieniowania słonecznego na dzień. Średnia temperatura w Stacji H. Arctowskiego wyniosła 2,2°C, i wahała się między -5,0°C a 7,1°C. Średnia wilgotność względna była wysoka i wyniosła 81%. W analizowanym okresie spadło 66,6 mm opadów atmosferycznych. W sezonie letnim 2012 r. stwierdzono znaczną zmienność przestrzenną warunków meteorologicznych związanych z rodzajem podłoża (lądowe, lodowcowe), ekspozycją, wysokością nad poziomem morza. W rejonie Stacji H. Arctowskiego występują specyficzne warunki pogodowe związane z dużą częstością zjawisk fenowych i silnymi wiatrami uwarunkowanymi orograficznie. Natomiast na lodowcach przeważa katabatyczny spływ powietrza.

Badania glaciologiczne

Na lodowcach Ekologii i Sphinx założono profile tyczek ablacyjnych służące do badań topnienia (ablacji) oraz bilansu masy lodowców. Ponadto zainstalowano 3 stanowiska rejestracji termiki lodu na głębokościach 1, 3, 5, 7 i 10 m (2 na lodowcu Ekologii i 1 na lodowcu Sphinx). Znaczny wzrost temperatury powietrza w rejonie Półwyspu Antarktycznego wpływa na intensywną deglację. Obmierzone dokładnym GPS-em zasięg wszystkich lodowców od Ekologii aż po Windy (lodowce cofnęły się o 10 do 30 m w ciągu 5 ostatnich lat).

Badania hydrologiczne

W ramach współpracy z grupą biologiczną (prof. dr hab. A. Świątecki) wykonano sondowania laguny przed czołem Lodowca Ekologii, efektem tych prac jest mapa batymetryczna. Ponadto dokonano sondowań echosondą morza w pobliżu „Jedynki”, z tych sondowań również powstała dokładna mapa batymetryczna tego obszaru.

Zainstalowane w rejonie Stacji H. Arctowskiego czujniki temperatury i wilgotności powietrza, temperatury gruntu oraz temperatury lodu zostaną odczytane w sezonie letnim 2012/2013.

Badania prowadzone od 01.11.2011 do 27.03.2012.

Zespół: prof. nadzw. dr hab. Marek Zdanowski, Marta Nieckarz – magistrantka w Zakładzie Genetyki Bakterii UW, mgr Adam Latusek – biolog, prof. dr hab. Aleksander Świątecki, dr Dorota Górniak UWM w Olsztynie

Prowadzone badania dotyczyły charakterystyki metagenomicznej, strukturalnej i funkcjonalnej mikrobiocenozy lodowcowych. Badania realizowano w ramach projektu finansowanego przez Narodowe Centrum Nauki w Krakowie.

W toku badań terenowych pobierano materiał z ponad 40-stu stanowisk zlokalizowanych na Lodowcu Ekologii (kilka razy w ciągu lata antarktycznego), oraz z 5 stanowisk z Lodowca Baranowskiego. Łącznie do analiz mikrobiologicznych pobrano kilkaset próbek lodu, śniegu, wody zmieszanej z osadem z otworów wytopiskowych (cryoconite holes) oraz wody ze strumieni na- i pod- lodowcowych. Probki lodu z powierzchni lodowca pobierano sterylnie, po skruszeniu lodu świdrem lodowym ($\varnothing$ wiertła 15cm) do głębokości 15 cm ze strefy ablacji (od najniższego punktu nad czołem lodowca do strefy równowagi, oddzielającej od strefy akumulacji).

Badania mikrobiologiczne prowadzono przy uwzględnieniu zarówno klasycznych, wysiewowych technik oraz zaawansowanych technik molekularnych. W próbkach lodu i śniegu (po stopieniu w temp. $+4^{\circ}\text{C}$, ok. 48 godz.) oraz wody (natychmiast po przeniesieniu do laboratorium) analizowano ogólną liczebność i biomasę mikroorganizmów (przy zastosowaniu mikroskopii epifluorescencyjnej i metody automatycznej analizy obrazu), a w oparciu o prowadzone kilkumiesięczne hodowle, analizowano skład mikroorganizmów (bakterie, grzyby) zdolnych do wzrostu na pożywkach agarowych w temp. $+4^{\circ}\text{C}$. Analizowano również podstawowe właściwości fizyko-chemiczne siedlisk bakterii (temperatura, natlenienie, przewodnictwo elektrolityczne, pH, P-tot, N-tot, P- PO_4 , N- NH_4). Większą część próbek zarówno w stanie natywnym (lód w -20°C) jak i po wstępnej obróbce zabezpieczono w celu przetransportowania do dalszych badań w Polsce, stosując następujące metody w zależności od rodzaju próbek i przewidywanych analiz: filtrowanie przez filtry poliwęglanowe o porach $0.2\ \mu\text{m}$, zamrażanie w temp. -20 i -80°C , filtrowanie przez filtry szklane GF/F, oraz formalinowanie a część (w postaci kultur bakterii) przechowanie w temp. $+4^{\circ}\text{C}$.

Zebrany materiał jest obecnie analizowany w następujących ośrodkach: Zakład Biologii Antarktyki IBB PAN, Zakład Genetyki i Biotechnologii UW, Zakład Genetyki Bakterii UW, Zakład Mikrobiologii UWM w Olsztynie.

W trakcie wizyty japońskiej ekipy filmowej telewizji BBC w laboratorium mikrobiologicznym stacji (31.01.2012), kierownik projektu, prof. nadzw. dr hab. Marek Zdanowski (ZBA IBB PAN) wraz z członkami zespołu, przedstawili główne tezy realizowanych badań. Efektem wizyty w laboratorium i dyskusji z naukowcami był reportaż, wyemitowany w japońskiej telewizji.

SPRAWOZDANIE GRUPY MONITORINGUJĄCEJ OBSZAR CHRONIONY ASPA 151 SEZON 2011/2012

Monitoring pingwinów

Zespół: Anna Gasek, Ewa Libera

Pingwiny białobrewy (*Pygoscelis papua*), pingwiny białookie (*Pygoscelis adeliae*), pingwiny antarktyczne (*Pygoscelis antarctica*):

1. Pomiary i obrysy GPS koloni pingwinów białookich (ADPE) i białobrewych (GEPE):

Pingwiny białookie:

- główna kolonia LR na wierzchowinie skały Lions Rump – 4164 gniazda oraz 22 gniazda poza ścisłym obrębem kolonii tzw. „satelity”.
- 3 podkolonie – AG; KF i GP-AC (w grupach lęgowych pingwinów białobrewych)
- bardzo nieliczne, pojedyncze gniazda przy grupach lęgowych pingwinów białobrewych

Pingwiny białobrewy:

- niewielkie grupy lęgowe na wierzchowinie skały Lions Rump oraz na morenach i wzgórzach
- najliczniejsza grupa WE – 328 gniazd niedaleko kolonii pingwinów białookich LR na skałę Lions Rump, grupa ta co roku się powiększa
- powstała jedna niewielka nowa grupa lęgowa ES – 4 gniazda
- ptaki nie założyły gniazd w grupie lęgowej LF istniejącej w poprzednim roku
- 5 grup lęgowych (istniejących w poprzednich sezonach) powstało później i uwzględniono je w drugim lub trzecim zliczeniu gniazd (liczba gniazd w tych grupach 1-7)
- nie zaistniało 8 grup lęgowych które pojawiły się w poprzednich trzech sezonach.

Szczegółowe dane monitoringu załączono jako osobne załączniki w plikach w folderze: Obrysy Magellan ASPA 151 2011_12

2. Zliczenia gniazd pingwinów

- trzykrotne zliczenie całkowitej liczby gniazd pingwinów białobrewych (9-11.11.2011 r., 27.11.2011 r., 12.12.2011 r.), celem prześledzenia zmian koloni w okresie inkubacji jaj i wylęgu piskląt:
 - 9-11.11.2011 r.: 3262 gniazda
 - 27.11.2011 r.: 3031 gniazd (- 7,1%)
 - 12.12.2011 r.: 2884 gniazda (- 11,6%)
- dwukrotne zliczenie całkowitej liczby gniazd pingwinów białookich 8.11.2011 r. i 27.11.2011 r. ze zdjęcia wykonanego z najwyższego punktu Lions Rump:
 - 8.11.2011 r.: 4345 gniazd
 - 27.11.2011 r.: 3844 gniazda (- 11,5%)
- jednorazowe zliczenie całkowitej liczby gniazd pingwinów antarktycznych:
 - 27.11.2011 r.: 34 gniazda

Całkowita liczba gniazd pingwinów dla ASPA-151 (8-27.11.2011):

- ADPE = 4345 gniazd,
- GEPE = 3262 gniazda,
- CHPE = 34 gniazda

Szczegółowe dane monitoringu załączono jako osobne załączniki w plikach: PINGWINY CENSUS ASPA 151 2011_12, CCAMLR Penguin CENSUS ASPA 151 2011_12, Historia zliczeń pingwiny ASPA 151, Folder foto: Zdjęcia kolonii LR(I liczenie) ASPA 151 2011_12

3. Zliczenia liczby piskląt pingwinów (zliczanie ręczne oraz techniką rozdzielania większych koloni na grupy, fotografowanie grup piskląt i zliczanie liczby piskląt ze zdjęć), dla pingwinów białookich zliczenie przeprowadzono 6.01.2012, dla pingwinów białobrewych, 12.01.2012 r., dla pingwinów antarktycznych 27.01.2012 r.

- ADPE = 4814 (sukces lęgowy – 1,11)
- GEPE = 3786 (sukces lęgowy – 1,16)
- CHPE = 32 (sukces lęgowy – 0,94)

Szczegółowe dane monitoringu załączono jako osobne załączniki w plikach: PINGWINY CENSUS ASPA 151 2011_12, CCAMLR Penguin CENSUS ASPA 151 2011_12, Historia zliczeń pingwiny ASPA 151, CHICKS GEPE CENSUS ASAP 151 2011_12, CHICKS ADPE CENSUS ASAP 151 2011_12

4. Pomiary wagi młodych przepierzonych pingwinów białookich.

- Wykonano 200 pomiarów w dniach 22-24.01.2012 r.
 - najniższa waga 2 150 g
 - najwyższa waga 4 050 g
 - średnia waga jednego pingwina 3 276,5 g

Szczegółowe dane monitoringu załączono jako osobne załączniki w plikach: FL ADPE WEIGHT ASPA 151 2011_12

5. Szczegółowy monitoring gniazd pingwinów (17.11.2011 – 27.01.2012):

Monitoringiem objęto:

- 120 gniazd pingwinów białobrewych w obrębie grupy lęgowej Middle Finger (MF):
 - 123 gniazda zliczone podczas ogólnego zliczania gniazd w koloniach (9-11.11.2011)
 - 120 gniazd zliczonych w pierwszym dniu szczegółowego monitoringu (17.11.2011)
 - wylęgło się 151 piskląt (dane z 30.12.2011 r., młode pingwiny nie formowały jeszcze „żłobków”), sukces lęgowy 1,26.
 - podczas ogólnego zliczania piskląt pingwinów białobrewych 11.01.2012 r., policzono wspólnie dwie grupy MF i BF – 209 piskląt, sukces lęgowy wyniósł 1,21.
- 108 gniazd pingwinów białookich (południowo-zachodni cypel kolonii Lions Rump)
 - 108 gniazd zliczonych 17.11.2011 r.
 - 132 pisklęta policzono 27.12.2011 r. (młode pingwiny zaczynały formować „żłobki”)
 - sukces lęgowy dla tej części kolonii LR: 1,22 (dla całej kolonii sukces lęgowy wynosi 1,10, pisklęta liczone były 6.01.2012 r.)

W ramach obserwacji prowadzono monitoring jaj i piskląt co 4-5 dni. Obserwacje pozwalają na określenie wpływu warunków atmosferycznych i innych czynników, np. umiejscowienie grupy lęgowej w terenie oraz działalność drapieżników, na sukces lęgowy pingwinów w danym sezonie.

Szczegółowe dane monitoringu załączono jako osobne załączniki w plikach: LR ADPE ASPA 151 2011_12; LR GEPE ASPA 151 2011_12

6. Określenie średniej odległości między gniazdami pingwinów

Pingwiny białookie:

W kolonii LR wytyczono transekt składający się z 30 gniazd w przybliżeniu tworzący linię prostą, zmierzono odległości pomiędzy wyznaczonymi gniazdami. Średnia odległość wyniosła 55,03 cm, na linii transektu wyraźnie brakowało dwóch gniazd założonych, ale porzuconych.

Pingwiny białobrewy:

Ze względu na mniejszą regularność w zakładaniu gniazd wytyczono trzy transekty, w przybliżeniu tworzące linię prostą, dwa w grupie FG i jeden w grupie MO. Średnie odległości między gniazdami wyniosły: FG-I 104,7 cm, FG-II 108,43 cm, MO 99,27 cm. Średnia trzech pomiarów to 104,13 cm.

Szczegółowe dane monitoringu załączono jako osobne załączniki w plikach: NESTS DISTANCE ADPE GEPE ASPA 151 2011_12

Monitoring ptaków latających

1. Zliczanie gniazd i koloni lęgowych (zaznaczanie na mapach i na GPS) oraz obserwacje jaj i piskląt

– Mew dominikanskich (*Larus dominicanus*):

- 24 gniazda
- 28 jaj
- 17 piskląt

W ogólnej liczbie 24 gniazd uwzględniono 5 gniazd niedostępnych, które obserwowane były przez lornetkę (można obserwować pisklęta, ale nie można stwierdzić ile jaj jest w gnieździe), oraz 2 gniazda które znaleziono gdy były tam już pisklęta.

– Rybitw antarktycznych (*Sterna vittata*):

W sezonie 2011/2012 obserwowano dużą grupę rybitw nad skałami Dominion:

- Farm Rock – 3 gniazda – 0 jaj
- Manor-House Rock – 7 gniazd – 0 jaj
- Mouse Rock – 7 gniazd – 0 jaj
- Seagull Castle (Lajkonik Rock) – 1 gniazdo – 2 jaja

Nad Observation Terasse obserwowano 1 parę rybitw antarktycznych, nie znaleziono gniazda.

– Petreli warcabników (*Daption capense*):

- 90 gniazd

– Pochwodziobów białych (*Chionis alba*):

- 5 gniazd (gniazda ptaki zakładają w tych samych miejscach, w których były w latach poprzednich)
- 12 jaj
- 6 piskląt

Szczegółowe dane monitoringu załączono jako osobne załączniki w plikach: Daption capense ASPA 151 2011_12, Chionis albus ASPA 151 2011_12, Larus dominicanus ASPA 151 2011_12, Gniazda ptaków latających ASPA 151 2011_12

2. Monitoring wydrzyków, obejmujący obserwacje robione co 5 dni, dotyczące terminów składania jaj i wylęgów piskląt
- W sezonie 2011/2012 obserwowano 19 terytoriów wydrzyków oznaczonych w latach poprzednich:
 - na jednym terytorium (11) nie obserwowano ptaków
 - 8 par nie założyło gniazd
 - 10 par założyło gniazda
 - 3 pary po stracie pierwszego gniazda, założyły drugie gniazdo
 - 21.11 2011 r. – pojawiły się pierwsze jaja
 - - wykluły się pierwsze pisklęta
 - w 10 założonych gniazdach wykluły się 3 pisklęta (na terytorium 1 i 3), pozostałe pary straciły jaja
 - dwa ptaki gniazdujące na Lions Rump są oznaczone obrączkami
 - na terytorium 18 nie pojawił się wydrzyk z obrączką 63357, przez cały sezon obserwowano drugiego ptaka z tego terytorium i przy nim co najmniej trzy różne wydrzyki

Szczegółowe dane monitoringu załączono jako osobne załączniki w plikach: Catharacta.ASPA 151 2011_12, Catharacta Territories ASPA 151 2011_12, Trasa przejścia po gniazdach Catharacta.ASPA 151 2011_12

Monitoring obcych gatunków ptaków

- Pingwin (skoczek) złotoczuby (*Eudyptes chrysolophus*):
 - 09.12.2011 r. (dorosły ptak, Lions Rump)
 - 12.12.2011 r. (dorosły ptak, Lions Rump)
 - 31.12.2011 r. (młody 1 roczny osobnik, Lions Rump)
 - 01.01.2012 r. (młody 1 roczny osobnik, Lions Rump)
 - 04.01.2012 r. (młody 1 roczny osobnik, Lions Rump)
 - 05.02.2012 r. (młody ptak, plaża Big Rock)
 - 07.02.2012 r. (młody ptak, plaża Big Rock)
 - 09.02.2012 r. (młody ptak, plaża Big Rock)
 - 12.02.2012 r. (młody ptak, plaża Big Rock)
 - 13.02.2012 r. – 22.02.2012 r. (młody ptak, przepierzał się, plaża Big Rock)
 - 25.02.2012 r. (młody ptak przepierzał się przy Lions Rump)
- Pingwin królewski (*Aptenodytes patagonicus*):
 - 25.11.2011 r.
 - 28.11.2011 r.
 - 30.11.2011 r.
 - 05.12.2011 r.
 - 06.12.2011 r.
 - 25.12.2011 r.
 - 27.12.2011 r. – 15.01.2012 r. (ptak przebywał nieprzerwanie, spotykany na plaży Lions Rump, Lions Cove, Green Hills, oraz w kolonii pingwinów białookich LR)
 - 28.01.2012 r. – 02.02.2012 r. (ptak stał na plażach Lions Rump, Green Hills, a także z przepierzającymi się pingwinami)
 - 04.02.2012 r. – 05.02.2012 r.
 - 07.02.2012 r.

- 09.12.2012 r.
- 12.02.2012
- 26.02.2012
- 6.03.2012
- Biegus białorzytny (*Calidris fuscicollis*)
 - 04.03.2012 (cztery ptaki na Glaciar Bar)

Szczegółowe dane monitoringu załączono jako osobne załączniki w plikach: Obce gatunki ptaków ASPA 151 2011_12

Notowanie ptaków z obrączkami

Odnotowano 36 oznakowanych ptaków:

- 15 pingwinów białookich
 - 4 zaobráczkowane pingwiny białookie założyły gniazda w kolonii LR
 - 71120 (para wychowała jedno pisklę)
 - 71016 KGI (para wychowała dwa pisklęta)
 - 29071 (para wyprowadziła jedno pisklę)
 - 56408 (dwa pisklęta nie wychowały się)
- 1 pingwin białooki z obrączką 56408 został znaleziony martwy na plaży Lions Rump
- 8 pingwinów białobrewych
- 1 pingwin antarktyczny
- 7 wydrzyków oceanicznych – jeden ptak związany jest z terytorium 14
- 3 wydrzyki antarktyczne lub hybrydy – jeden ptak zakłada gniazdo na terytorium 4
- 2 pochodzioby białe – ptaki mają gniazda na monitorowanym terenie.

Szczegółowe dane monitoringu załączono jako osobne załączniki w plikach: Rejestr oznaczeń ptaków ASPA 151 2011_12, Wykaz oznaczeń ptaków ASPA 151 2011_12

Notowanie numerów znalezionych obrączek

W sezonie 2011/12 znaleziono dwa martwe ptaki z obrączkami:

- Wydrzyk oceaniczny 05161 – VX3
- Pingwin białooki 56408

Szczegółowe dane monitoringu załączono jako osobne załączniki w plikach: Rejestr znalezionych obrączek ASPA 151 2011_12

Monitoring pletwonogich

1. Monitoring Zatoki Króla Jerzego: ASPA-151

- zaznaczenie haremów słoni morskich oraz ich struktury:

06.11.2011r. zaobserwowano 3 haremy:

- 1 na odcinku plaży Hut Beach (nr 1):
1 samiec dominujący, 20 samic, 35 młodych
- 1 na odcinku plaży Hut Beach (nr 2):
1 samiec dominujący, 23 samice, 30 młodych
- 1 na odcinku plaży Lions Rump:
1 samiec dominujący, 38 samic, 45 młodych

Przeprowadzono 3 obserwacje do momentu rozpadu haremów około 26.11.2011 r.

Szczegółowe dane monitoringu załączono jako osobne załączniki w plikach: Haremy słoni morskich ASPA 151 2011_12

- zliczenia płetwonogich dla Lions Rump (co około 10 dni w okresie monitoringu), wraz z odcinkiem Glacier Bar i Calving Area (przy czole Lodowca Polonia Glacier), nie wchodzącymi w obszar strefy chronionej ASPA-151, w poniższej tabeli wliczono dane z tych odcinków do sumy zliczenia:

D/M/Y	Elephant seal						Crabeater seal	Weddell seal	Leopard seal	Antarctic fur seal
	♂	♀	?	Suma dorosłych	Młode	Suma słoni				
6.11.2011	30	83	12	125	128	253	0	3	0	3
16.11.2011	102	23	59	184	128	312	0	3	0	2
25.11.2011	214	10	71	295	134	429	0	4	0	0
5.12.2011	234	11	151	396	126	522	0	1	1	0
15.12.2011	220	26	253	499	104	603	0	2	0	0
25.12.2011	208	23	336	567	51	618	0	2	0	0
4.01.2012	244	78	250	572	13	585	0	3	0	0
14.01.2012	124	116	337	577	5	582	0	5	0	4
24.01.2012	41	132	269	442	0	442	0	0	0	109
3.02.2012	45	103	168	316	0	316	0	0	0	189
13.02.2012	76	79	131	286	0	286	0	1	0	1491
23.02.2012	141	54	85	280	0	280	0	0	0	844
4.03.2012	178	15	114	307	0	307	0	0	0	1340
10.03.2012	245	6	35	286	0	286	0	0	0	1700

Szczegółowe dane monitoringu załączono jako osobne załączniki w plikach: Zliczanie płetwonogich ASPA 151 2011_12

2. Przeprowadzono cztery zliczenia ssaków płetwonogich w okolicy cypla Low Head

- 15.01.2012 – 89 słoni morskich
- 25.01.2012 – 99 słoni morskich, 16 uchatek antarktycznych
- 24.02.2012 – 53 słonie morskie (w tym 8 samców), 377 uchatek antarktycznych
- 5.03.2012 – 34 słonie morskie (w tym 3 samce), 386 uchatek antarktycznych

Zliczenia dokonano z Grani Chopina, przy pomocy lornetki.

3. Sporządzono rejestr oznaczonych płetwonogich (klipsy, numery wymrożone na sierści), w okresie prowadzonych badań.

- Odnotowano 10 oznakowanych zwierząt:
 - 2 osobniki o nieustalonej płci
 - 2 samice
 - 6 samców

Szczegółowe dane monitoringu załączono jako osobne załączniki w plikach: Rejestr oznaczeń płetwonogich ASPA 151 2011_12, Wykaz oznaczeń płetwonogich ASPA 151 2011_12

Monitoring ssaków morskich

- notowanie pojawień się wielorybów w obrębie Zatoki Króla Jerzego oraz Cieśniny Bransfielda w okresie monitoringu

Od 5.12.2011 roku do 12.02.2012 roku zanotowano 62 pojawienia wielorybów, w tym 34 dotyczyły bezpośrednio Zatoki Króla Jerzego, natomiast 28 obserwacji dotyczyło Cieśniny Bransfielda. Obserwowano głównie humbaki, natomiast w 12 przypadkach nie udało się rozpoznać gatunku, w tym w dwóch przypadkach zwierzęta określono jako bardziej podobne do wieloryba minke.

Szczegółowe dane monitoringu załączono jako osobne załączniki w plikach: obserwacje wielorybow ASPA 151 2011_12

SPRAWOZDANIE Z MONITORINGU ANTARKTYCZNEGO OBSZARU CHRONIONEGO NR 128 (ASPA 128) W SEZONIE 2011/12 Joanna Dzido

Szczegółowe dane monitoringu przedstawiono w załączonych plikach. Dane pomagali zbierać: Artur Body, Krzysztof Fandzloch, Konrad Jackiewicz, Jacek Piszczek, Krzysztof Setla oraz Waldemar Swolek

I. MONITORING PINGWINÓW

Monitoring obejmował dwa gatunki pingwinów: Adeli (*Pygoscelis adeliae*) oraz antarktyczne (*P. antarctica*).

W sezonie 2011/12 pingwiny maskowe po raz pierwszy na badanym terenie zaobserwowano w dniu 18.10.2012 r., dwa osobniki na odcinku Patelnia Point (Ryc. 1) oraz jeden osobnik na Uchatka Point.

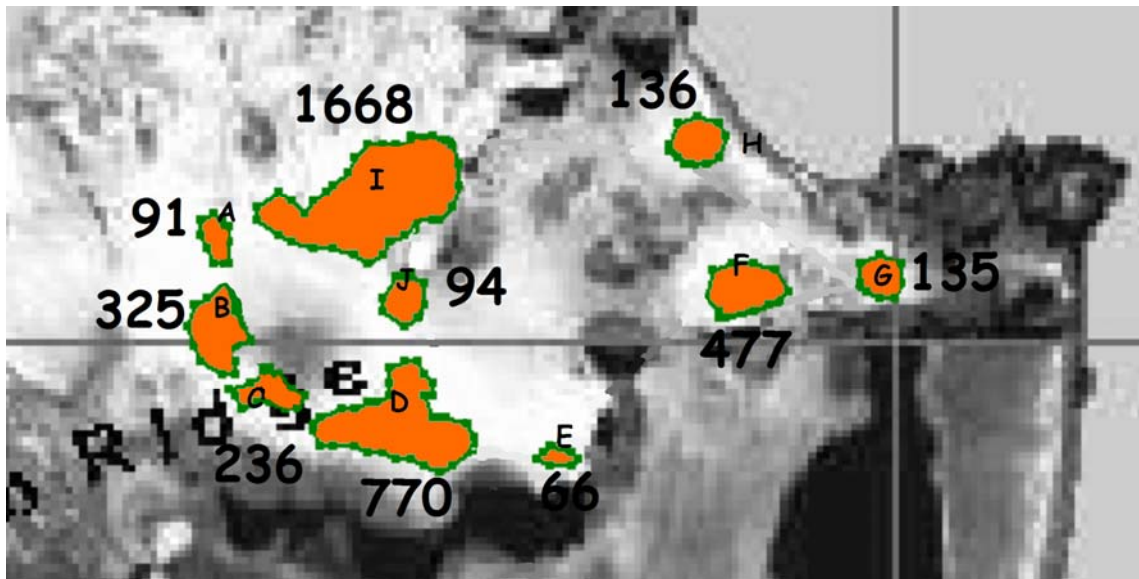
Pingwiny Adeli (2 osobniki) zaobserwowano po raz pierwszy na Point Thomas 23.09.2012 r., dwa dni później liczba obserwowanych osobników wzrosła do 5.

Od 27.09.2012 r. liczba pingwinów z każdym dniem wzrastała wykładniczo przekraczając pod koniec miesiąca września kilka tysięcy osobników.



Ryc. 1. Pingwiny maskowe na Patelnia Point 18.10.2012 r. (po lewej) oraz pingwiny Adeli na Point Thomas 25.09.2012 r. (po prawej).

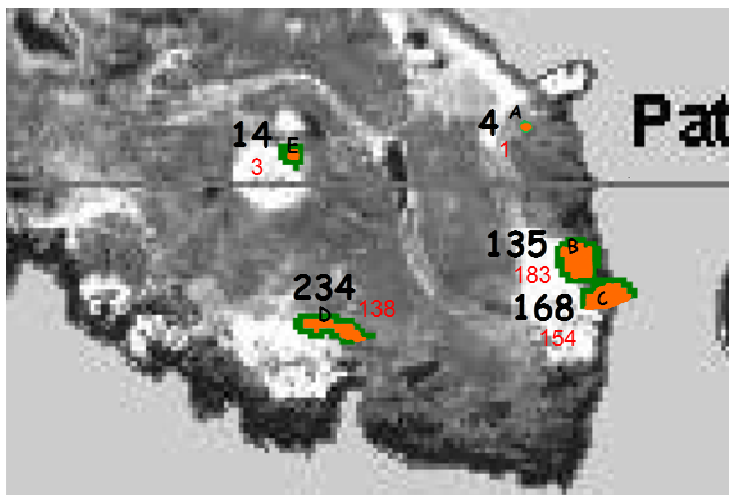
1. Pomiary i obrysy GPS kolonii pingwinów Adeli (ADPE)
 - zliczenia gniazd pingwinów Adeli przeprowadzono 29.11.2011 r.;
 - zaobserwowano 10 grup lęgowych pingwinów Adeli w kolonii Point Thomas; łączna liczba gniazd wynosiła 3998; liczebność poszczególnych grup przedstawiono na Ryc. 2;
 - wszystkie zliczenia przeprowadzono ręcznie, w przypadku dwóch największych grup (770 i 1668 gniazd) badany obszar podzielono na 4 sektory, z których wyniki następnie sumowano;



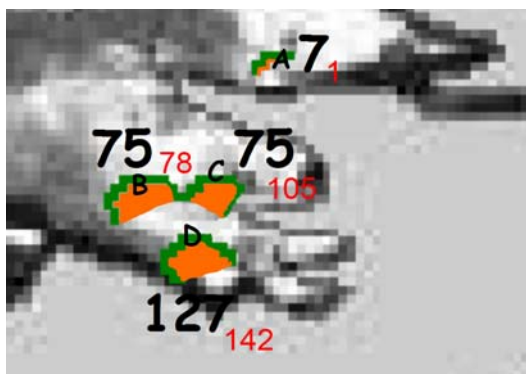
Ryc. 2. Obrisy GPS grup lęgowych pingwinów Adeli na Point Thomas w sezonie 2011/12, wraz z podaną liczbą gniazd.

2. Pomiary i obrisy GPS kolonii pingwinów antarktycznych (CHPE)

- w sezonie lęgowym 2011/12 przeprowadzono zliczenia gniazd CHPE 08.12.2011 r., natomiast 21.01.2012.r. zliczenia piskląt w żłobkach;
- zliczenia gniazd i piskląt przeprowadzano ręcznie, dla każdej grupy lęgowej procedurę przeprowadzano trzykrotnie, tak by otrzymywane wyniki nie różniły się między sobą więcej niż 5%, następnie wyciągano średnią z otrzymanych danych;
- odnotowano 896 gniazd pingwinów antarktycznych na pięciu odcinkach plaży, w łącznie 11 grupach lęgowych;
- pingwiny występowały w pięciu miejscach na obszarze ASPA 128: Point Thomas, Liano Point, Paradise Cove, Uchatka Point oraz Patelnia Point;
- na odcinku Point Thomas odnotowano 1 gniazdo, oraz 2 pisklęta;
- na odcinku Liano Point zaobserwowano 5 gniazd i 2 pisklęta;
- na Paradise Cove zaobserwowano 2 grupy lęgowe składające się z 12 i 39 gniazd, oraz odpowiednio 0 i 18 piskląt;
- najliczniejszą grupę pingwinów CHPE zaobserwowano na odcinku Patelnia Point – 555 gniazd i 479 piskląt w 5 grupach lęgowych (Ryc. 3);
- drugą, co do liczności kolonię pingwinów antarktycznych obserwowano na odcinku Uchatka Point – 284 gniazda i 326 piskląt w 4 grupach lęgowych (Ryc. 4); dla kolonii tej (nie licząc Point Thomas) zaobserwowano największy sukces lęgowy;



Ryc. 3. Obrisy GPS grup lęgowych pingwinów antarktycznych na Patelnia Point w sezonie 2011/12, wraz z podaną liczbą gniazd (czarny) oraz piskląt (czerwony).



Ryc. 4. Obrisy GPS grup lęgowych pingwinów antarktycznych na Uchatka Point w sezonie 2011/12, wraz z podaną liczbą gniazd (czarny) oraz piskląt (czerwony).

MONITORING GATUNKÓW OBCYCH PTAKÓW

W sezonie 2011/12 zaobserwowano pojawienie się dwóch gatunków zwierząt, które typowo nie występują w tym rejonie:

- Pingwin królewski (*Aptenodytes patagonicus*) – obserwowany głównie na Point Thomas:
 - 19.11.2011 r.
 - 27.12.11 r. -02.01.12 r.
 - 21.01.2012 r. – Patelnia Point
 - 22.01.2012 r.
 - 23.01.2012 r.
 - 08.02.2012 r. – Patelnia Point
 - 19.02.2012 r.
 - 07.10.2012 r.
 - 20-23.10.2012 r.
 - 24.10.2012 r.
- Petrel śnieżny (*Pagodroma nivea*)
 - 25.10.2012 (zaobserwowano 3 osobniki)



II. MONITORING KOLONII PETRELA OLBRZYMIEGO

Monitoring obejmował kolonię południowego petreła olbrzymiego (*Macronectes giganteus*) na Point Thomas (Ryc. 5). W sezonie 2011/12 odnotowano 25 gniazd (29.11.2011 r.) oraz 24 pisklęta (17.02.2011 r.).



Ryc. 5. Kolonia południowego petreła olbrzymiego – Point Thomas.

III. REJESTR ZAOBSERWOWANYCH OBRĄCZEK PINGWINÓW I PTAKÓW LATAJĄCYCH

W sezonie 2011/12 znaleziono w sumie 5 martwych wydrzyków z obrączkami oraz dwa martwe pingwiny (stan szczątków nie pozwalał na określenie gatunku); pozostałe obrączki obserwowano na żywych zwierzętach (Ryc. 6):

Miejsce znalezienia	Data	Gatunek	Numer	Status znalezionej obrączki
Rakus Point	29.11.2011	pingwin Adeli	71073?*	zamknięta
Patelnia Point	08.12.2011	pingwin	KGI 68876	zdjęta z martwego ptaka
Liano Point	09.12.2011	pingwin	56512	zdjęta z martwego ptaka
Paradise Cove	28.12.2011	pingwin białobrewy	74475	zamknięta
Blue Dyke III	10.01.2012	skua	1926	zdjęta z martwego ptaka
Uchatka Point	20.01.2012	pingwin antarktyczny	W17627	zamknięta
Uchatka Point	20.01.2012	pingwin antarktyczny	W17632	zamknięta
Paradise Cove	08.02.2012	pingwin białobrewy	74466	zamknięta
Stacja Arctowskiego	08.02.2012	skua	63417	zdjęta z martwego ptaka
Patelnia Point	20.02.2012	pingwin białobrewy	68806	zamknięta
Lodowiec Ekologii	02.03.2012	skua	35056	zdjęta z martwego ptaka
Lodowiec Ekologii	12.03.2012	skua	05023	zdjęta z martwego ptaka
Sphinx Hill	23.03.2012	pingwin białobrewy	68683	zamknięta
Liano Point	23.03.2012	pingwin białobrewy	68892	zamknięta
Liano Point	23.03.2012	skua	63244	zdjęta z martwego ptaka

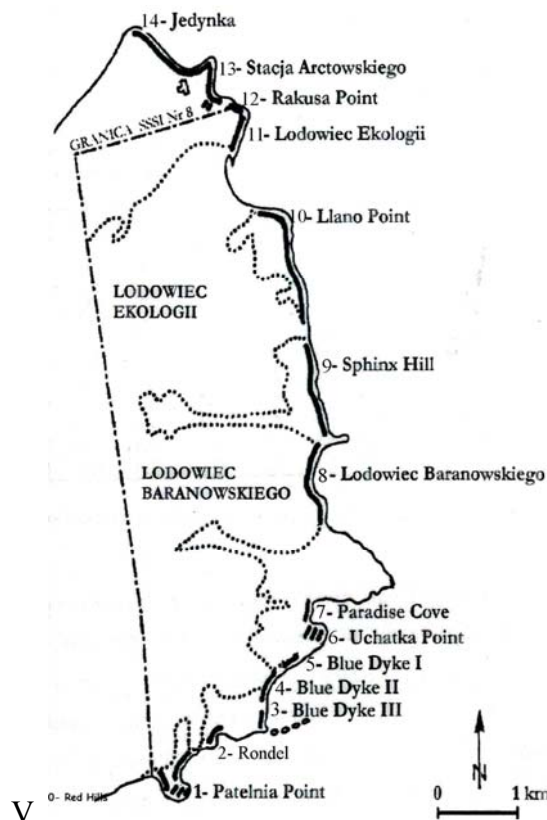
* - numer niemożliwy do odczytania, lub odczyt nie pewny;



Ryc. 6. Przykładowe oznakowania ptaków; po lewej obrączka znaleziona na martwym ptaku (02.03.2012), po prawej zaobráczkowany pingwin maskowy (20.01.2012 r.).

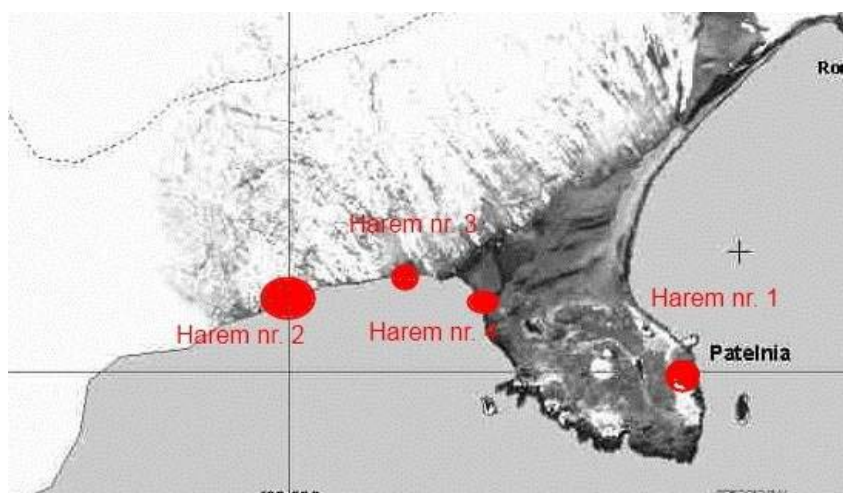
IV. MONITORING PŁETWONOGICH

W sezonie 2011/12 monitoring ekologiczny płetwonogich prowadzono na 15 odcinkach plaży (Ryc. 7), z czego dwa „Jedynka” oraz „Stacja Arctowskiego” nie należą do obszaru ASPA 128. Dane zbierano w okresie od 16.11.2011 r. do 25.10.2012 roku.



Ryc. 7. Graficzne przedstawienie podziału obszaru ASPA 128 na odcinki.

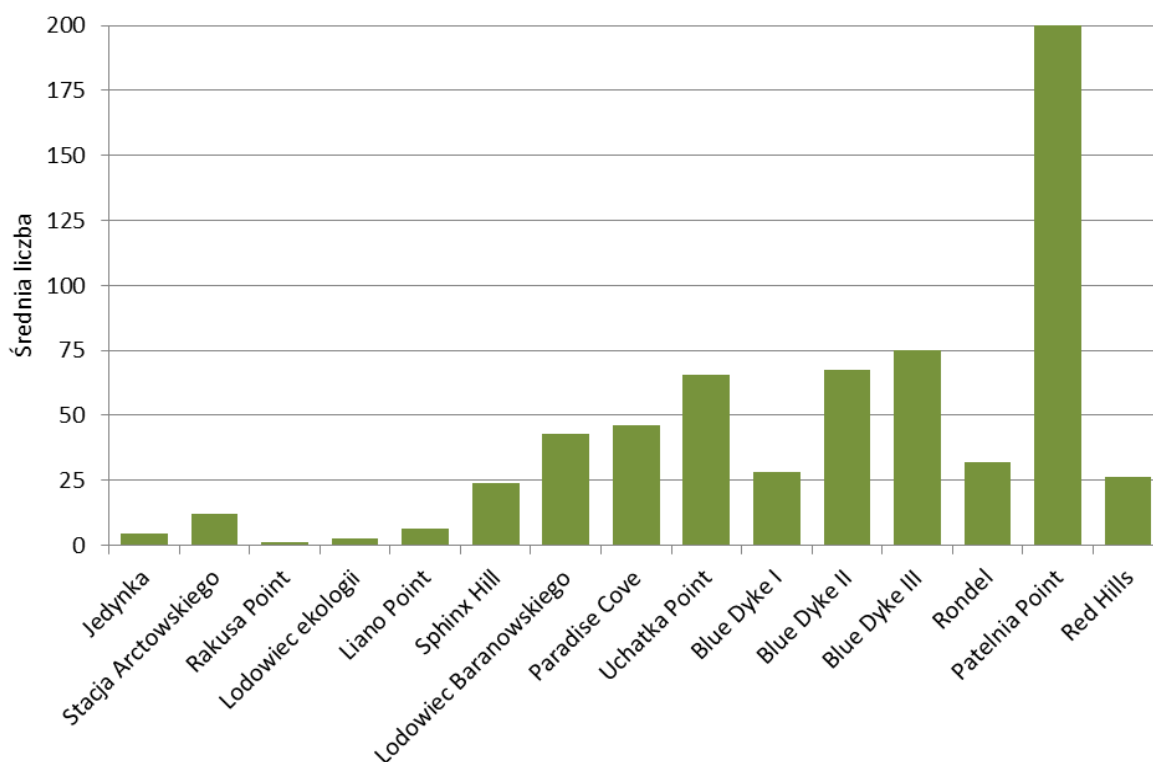
1. Obserwacje haremów słoni morskich
 - obecność haremów słoni morskich w roku 2011 stwierdzono na trzech odcinkach plaży: Blue Dyke II, Blue Dyke III oraz Patelnia Point; 16.11.2011 stwierdzono obecność łącznie 6 haremów, przy czym ich struktura nie była już wyraźna;
 - w roku 2012 pierwszy harem słoni morskich zaobserwowano 26.09.2012 r.:
 - Patelnia Point – Harem 1: 1 samiec dominujący, 7 samic, 1 młody;
 - 09.10. 2012 – stwierdzono obecność łącznie 3 haremów:
 - Patelnia Point – Harem 1: 1 samiec dominujący, 17 samic, 9 młodych;
 - Patelnia Point – Harem 2: 1 samiec dominujący, 104 samice, 34 młodych;
 - Blue Dyke III: 1 samiec dominujący, 4 samice;
 - 18.10.2012 – zaobserwowano 8 haremów, w tym 4 na Patelnia Point (Ryc. 8)
 - Patelnia Point – Harem 1: 1 samiec dominujący, 66 samic, 35 młodych;
 - Patelnia Point – Harem 2: 1 samiec dominujący, 175 samice, 97 młodych (dodatkowo 2 martwe młode);
 - Blue Dyke III: 1 samiec dominujący, 18 samic, 6 młodych;
 - Patelnia Point – Harem 3: 1 samiec dominujący, 16 samic, 7 młodych;
 - Patelnia Point – Harem 4: 1 samiec dominujący, 9 samic;
 - Blue Dyke II: 1 samiec dominujący, 3 samice, 1 młode;
 - Red Hills: 1 samiec dominujący, 68 samic, 22 młode;
 - w okresie od 26.09. do 18.10.2012 roku obserwowano wzrost liczebności i rozmiarów poszczególnych haremów;
 - 18.10.2012 r. odnotowano narodziny 168 młodych słoni, jednocześnie obserwowano jeszcze liczne samice ciężarne;



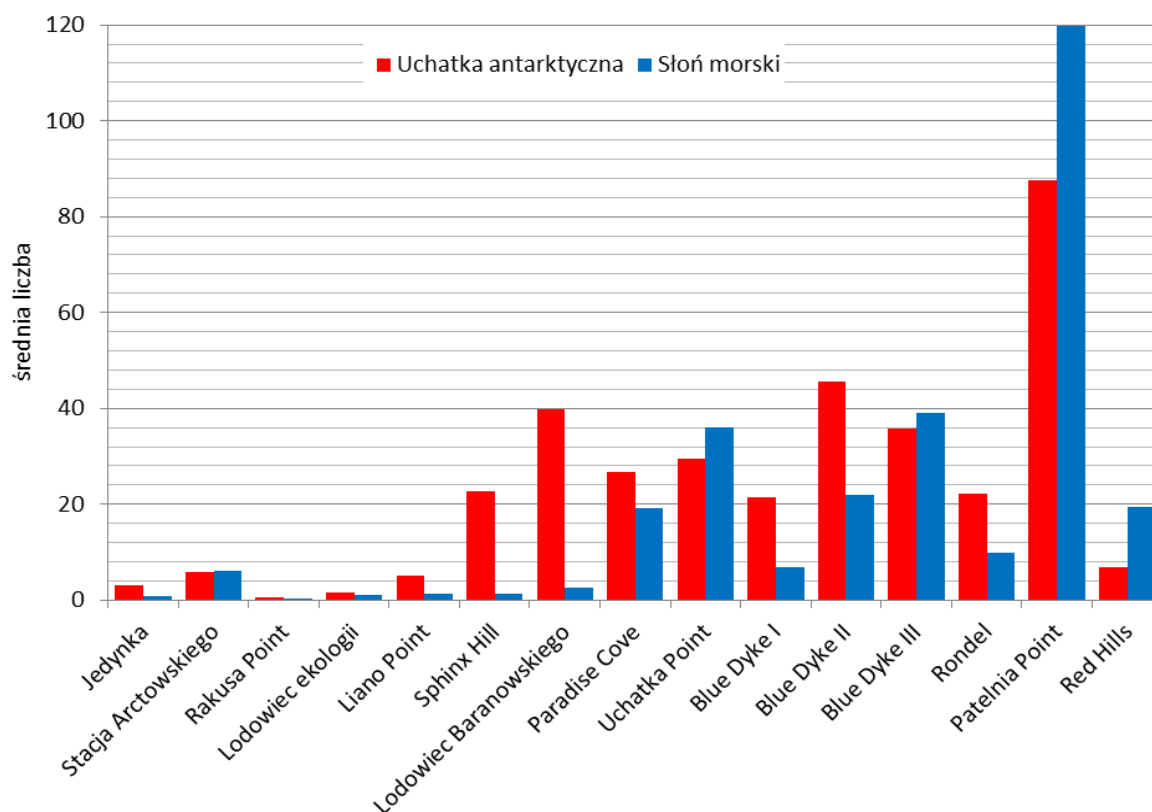
Ryc. 8. Schematyczny rysunek rozmieszczenia haremów słoni morskich na Patelnia Point w kolejności ich pojawiania się na dzień 18.10.2012 r.

2. Zliczenia płetwonogich
 - w badanym okresie przeprowadzono 25 zliczeń ssaków płetwonogich; częstotliwość pomiarów uzależniona była od warunków pogodowych, które były najtrudniejsze w miesiącach kwietniu, maju i czerwcu 2012;
 - najwięcej zwierząt obserwowano odpowiednio na Patelnia Point, Blue Dyke III oraz Uchatka Point; najmniej na odcinkach: Rakusa Point, Lodowiec Ekologii oraz Jedyńka (Ryc. 9);
 - największe zagęszczenie zwierząt stwierdzono na odcinku Blue Dyke III;

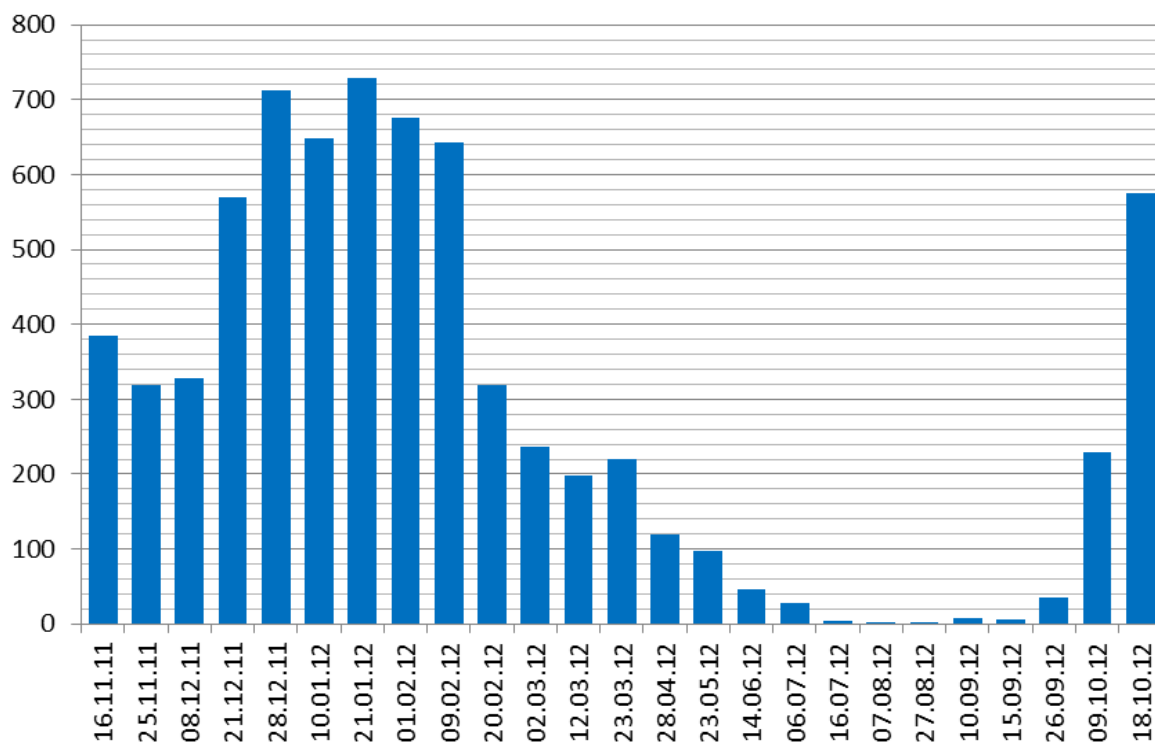
- oprócz słoń morskich oraz uchatek antarktycznych, trzecią najliczniej reprezentowaną grupą płetwonogich były foki Weddella;
- foki Weddella obserwowano przez cały sezon, najliczniej w drugiej połowie października (Ryc. 14);
- krabojady oraz lamparty morskie odnotowano tylko kilkakrotnie w trakcie całego sezonu;
- najwięcej uchatek antarktycznych występowało odpowiednio na Patelnia Point, Blue Dyke II oraz odcinku Lodowiec Baranowskiego;
- słonie morskie najliczniej występowały na Patelnia Point, Blue Dyke III oraz Uchatka Point (Ryc. 10);
- 26.09. 2012 r. zaobserwowano narodziny foki Weddella na odcinku Lodowiec Ekologii;
- słonie morskie obserwowano na badanym terenie przez cały rok, z minimum przypadającym na sierpień 2012, kiedy to odnotowano obecność jedynie dwóch osobników;
- najwięcej słoń morskich obserwowano w styczniu 2012 (Ryc. 11), maksymalnie stwierdzono obecność 728 osobników (21.01);
- w przypadku słoń morskich określano płeć poszczególnych osobników – wyniki przedstawiono na Ryc. 12;
- liczebność uchatek antarktycznych zaczęła wzrastać z końcem stycznia 2012, osiągając swoje maximum w połowie marca, kiedy to odnotowano łącznie 2657 osobników (Ryc. 13);



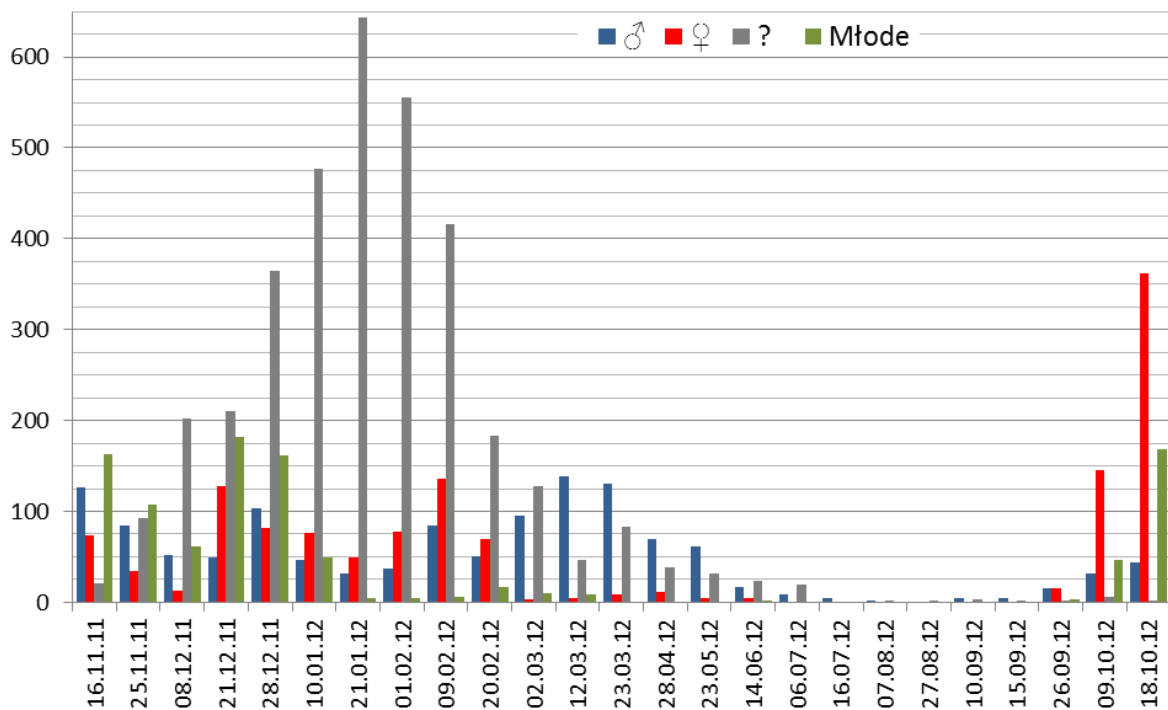
Ryc. 9. Średnia liczba płetwonogich obserwowana w pojedynczym liczeniu na poszczególnych odcinkach plaży.



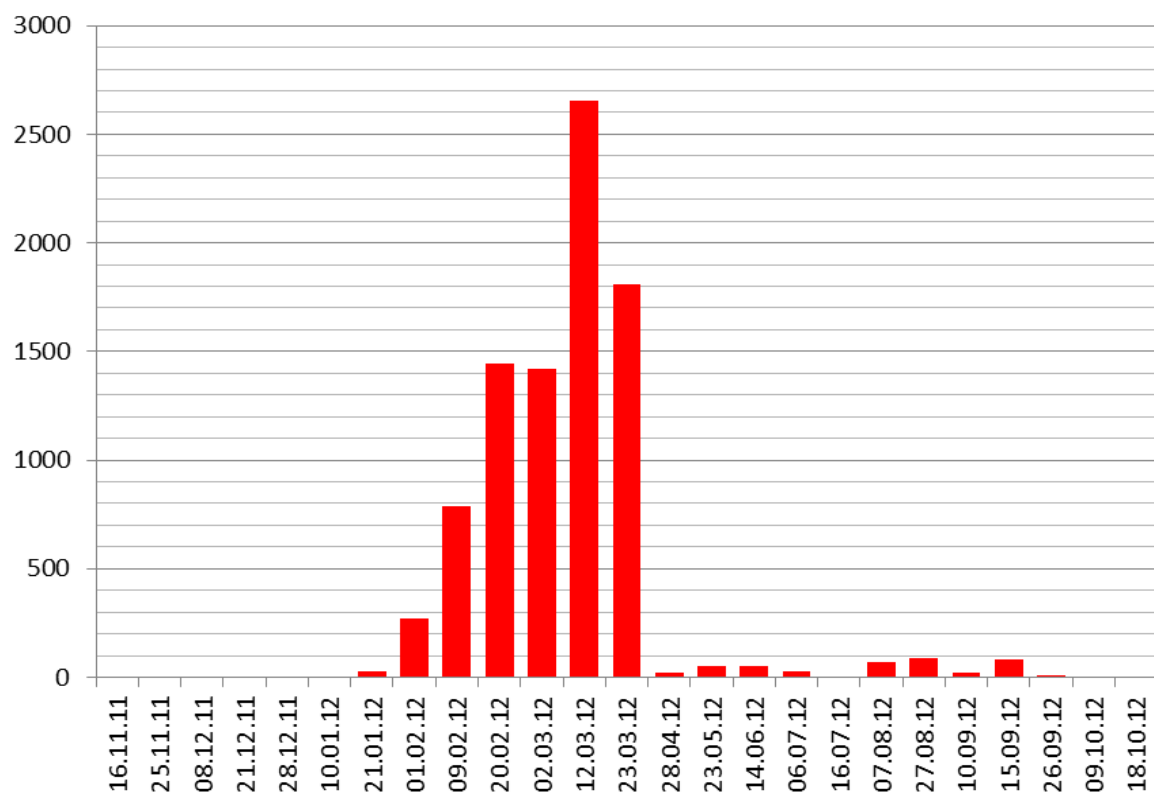
Ryc. 10. Średnia liczba uchatki antarktycznych oraz słoń morskich obserwowana w pojedynczym liczeniu na poszczególnych odcinkach plaży.



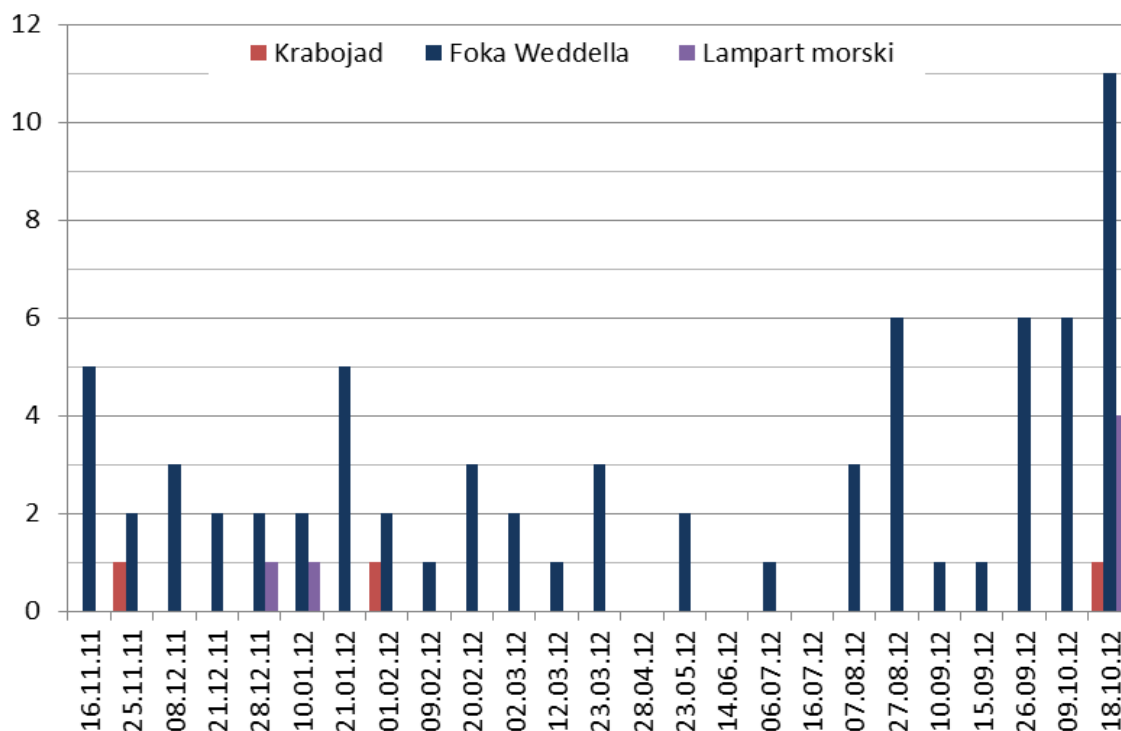
Ryc. 11. Liczebności słoń morskich na terenie objętym monitoringiem w okresie od 16.11.2011 do 18.10.2012 r.



Ryc. 12. Liczebności młodych i dorosłych słoni morskich (z podziałem na płeć: samiec, samica oraz nieznana), na terenie objętym monitoringiem w okresie od 16.11.2011 do 18.10.2012 r.



Ryc. 13. Liczebności uchutki antarktycznej na terenie objętym monitoringiem w okresie od 16.11.2011 do 18.10.2012 r.



Ryc. 14. Liczebności foki Weddella, lamparta morskiego oraz krabojada na terenie objętym monitoringiem w okresie od 16.11.2011 do 18.10.2012 r.

VI. REJESTR OZNACZONYCH PŁETWONOGICH

Oznaczenia płetwonogich obserwowano w postaci plastikowego klipsa w płetwie (lub dwóch) oraz numerów wymrożonych w sierści (Ryc. 15), czasami obserwowano zwierzęta z oboma typami oznaczeń. Niektóre oznaczenia były trudne do odczytania lub nieczytelne, z powodu wytarcia napisu, znacznego spłycenia lub wybrudzenia.

Miejsce obserwacji	Data obserwacji	Płeć zwierzęcia	Rodzaj oznakowania	Numer oznakowania
Patelnia Point	25.11.11	samica	klips + wymrożenie	A2004 + ST09
Lodowiec Ekologii	21.12.11	nieznana	klips	A2345
Blue Dyke II	28.12.11	nieznana	klips	A2099
Blue Dyke III	21.01.12	nieznana	wymrożenie	294ST
Sphinx Hill	01.02.12	nieznana	klips + wymrożenie	B149 + ST104?*
Blue Dyke II	01.02.12	nieznana	wymrożenie	294ST
Stacja Arctowskiego	07.02.12	nieznana	wymrożenie	541ST
Paradise Cove	08.02.12	nieznana	klips + wymrożenie	A34??* + ST05
Stacja Arctowskiego	10.02.12	nieznana	wymrożenie	ST04
Blue Dyke III	26.09.12	samiec	wymrożenie	ST8
Blue Dyke III	18.10.12	samica	klips + wymrożenie	565ST?* + A2226
Jedynka	18.10.12	samica	wymrożenie	A1699

* - numer niemożliwy do odczytania, lub odczyt nie pewny;



Ryc. 15. Przykładowe oznakowania płetwonogich: po lewej wymrożenie, po prawej klips w płetwie.

VII. MONITORING WALENI

Notowano pojawienie się wielorybów w obrębie Zatoki Admiralicji. Zwierzęta te po raz pierwszy w sezonie zaobserwowano 21.12.2011 r., ostatnia obserwacja miała miejsce 17.02.2012 r.

Zanotowano 42 pojawienia wielorybów, obserwowano głównie humbaki, w jednym przypadku nie udało się rozpoznać gatunku.

W 14 przypadkach obserwowano pojedyncze zwierzęta, w 5 przypadkach 3 lub 4 sztuki, w pozostałych przypadkach walenie występowały parami. Obserwowane zwierzęta zazwyczaj wchodziły lub wychodziły z Zatoki Admiralicji, czasami żerowały lub skakały nad powierzchnię wody.

Pracownia Analiz Mikromacierzy

Zespół: dr hab. Marta Kobłowska (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 2012 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 **120** mikromacierzy typu Gene Chip Human Genome U133 Plus 2.0, oraz przeprowadzono analizę bioinformatyczną uzyskanych wyników przy użyciu oprogramowania Partek Genomics Suite i Ingenuity. Analizowano próby RNA pochodzące z tkanki mięśniowej i tłuszczowej pacjentów ze znanym poziomem insulinooporności i insulinowrażliwości.

W ramach projektu kierowanego przez dr hab. Beatę Burzyńską pt. „Analiza genetyczna podstaw wybranych chorób dziedzicznych” wykonano **120** analiz mikromacierzowych z wykorzystaniem macierzy typu GeneChip Human Gene 1.0 ST Array, 10 analiz mikromacierzowych dotyczących ludzkiego miRNA z wykorzystaniem macierzy GeneChip® miRNA 2.0 Array oraz **48** 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 **30** mikromacierzy typu AGRONOMICS.

W sumie w 2012 roku w Pracowni Analiz Mikromacierzy UW/IBB PAN wykonano **328** analiz mikromacierzowych.

Serwis Bakoluwirusa

Zespół: dr Ewa Szolajska, mgr Małgorzata Podsiadła-Białoskórska

W 2012 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 glypikanu-3,
- 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-kończowym fragmentem białka włókna adenowirusa.

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

Pracownia Hodowli Komórkowych

Zespół: dr Ewa Szolajska, mgr Małgorzata Podsiadła-Białoskórska (technik), dr Elżbieta Speina (opiekun cytometru przepływowego)

W 2012 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. Badanie homologów białka AlkB w komórkach kurzych na linii komórkowej DT 40 (grupa prof. dr hab. Elżbiety Grzesiuk, Zakład Biologii Molekularnej).
4. Badanie wpływu fragmentu amyloidu beta AB16-23 na aktywację szlaków sygnałowych zależnych od receptora RAGE oraz zdolności formowania kanałów wapniowych przez amyloid beta AB1-40 i jego dimeryczną formę w liniach komórkowych Nb2a i bEnd3 (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. Zastosowanie wirusopodobnej cząsteczki wektorowej – dodekahedronu adenowirusa jako wektora dla czynników o potencjalnym działaniu terapeutycznym (grupa dr Ewy Szolajskiej, Zakład Biosyntezy Białka).
7. Analiza zawartości DNA w komórkach drożdżowych niosących mutacje w genach kodujących białka zaangażowane w replikację DNA i kontrolę cyklu komórkowego (grupa prof. dr. hab. Iwony Fijałkowskiej, Pracownia Mutagenety i Reperacji DNA).
8. Analiza FACS zawartości DNA jądrowego diploidalnych drożdży *Saccharomyces cerevisiae*, weryfikująca zdolność do stabilnego utrzymania, bądź dokumentująca zmianę stanu ploidalności tych komórek, wywołaną obecnością pojedynczej mutacji w genomie (mgr Izabela Brózda i dr Adrianna Skoneczna, Pracownia Mutagenety 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. nadzw. dr. hab. Andrzeja Dziembowskiego, Zakład Biofizyki oraz grupa prof. dr. hab. 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).
11. Analiza wydajności transfekcji (grupa prof. nadzw. dr. hab. Andrzeja Dziembowskiego, Zakład Biofizyki oraz grupa prof. dr. hab. Piotra Stępnia Instytut Biotechnologii i Genetyki UW).

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 zsyntetyzowano 5 512 oligonukleotydów oraz zsekwencjonowano na aparatach ABI 3730 i ABI 3730 xl 19 950 matryc DNA, co przy średniej długości odczytu 850bp daje 16 957 500 zasad.

Dla 144 zleceniodawców spoza IBB zostały zrealizowane zamówienia na zsekwencjonowanie 39 750 matryc i zsyntetyzowano 22 235 oligonukleotydów.

W 2012 roku na sekwenatorze genomowym Roche GS FLX + zsekwencjonowano dla IBB 7 genomów bakteryjnych, 12 genomów bakteriofagów, 9 plazmidów oraz 15 próbek środowiskowych, uzyskując łącznie ok 1,7 G par zasad. W ramach współpracy z jednostkami spoza Instytutu zsekwencjonowano 2 genomy bakteryjne, 4 genomy bakteriofagów oraz 43 plazmidy otrzymując około 1 G par zasad.

Dodatkowo w ramach przyznanych minigrantów wykonano 250 sekwencjonowań matryc DNA i 7 997 reakcji analizy polimorfizmu.

L.p.	Jdnostka	Ilość matryc	Ilość oligonukleotydów
1	Zakład Genetyki	499	215
2	Zakład Biochemii Drobnoustrojów	566	198
3	Zakład Biosyntezy Białka	420	167
4	Zakład Biochemii Roślin	432	315
5	Zakład Biofizyki	7 528	1 980
6	Zakład Biologii Molekularnej	737	279
7	Zakład Biochemii Lipidów	8 900	1 608
8	Pracownia Mutagenyzy i Reperacji DNA	490	300
9	Pracownia Glikobiologii Grzybów	125	125
10	Pracownia Sekwencjonowania DNA i Syntezy Oligonukleotydów	142	256
11	Zakład Genetyki UW	111	69

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, w Bydgoszczy
4. Uniwersytet Kazimierza Wielkiego, w Bydgoszczy
5. Akademia Medyczna w Gdańsku, Samodzielna Pracownia Endokrynologii i Diagnostyki Laboratoryjnej,
6. Akademia Wychowania Fizycznego i Sportu im. Jędrzeja Śniadeckiego, w Gdańsku
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, Szczecin
13. Uniwersytet Gdański, Katedra Biochemii,
14. Zakład Ornitologii Polskiej Akademii Nauk, Gdańsk
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, Kraków
27. Instytut Farmakologii – Kraków,
28. Instytut Ochrony Przyrody, Kraków
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, Lublin,
38. Centrum Badań Molekularnych i Makromolekularnych PAN w Łodzi,
39. Centrum Biologii Medycznej i Mikrobiologii PAN, Łódź,
40. Centrum Mikrobiologii i Wirusologii PAN, Łódź,
41. GENOS s.c.,
42. Instytut „Centrum Zdrowia Matki Polki”, Łódź,
43. Instytut Medycyny Pracy w Łodzi,
44. Międzynarodowe Centrum Ekologii PAN, Łódź,
45. Politechnika Łódzka, Wydział Chemii Spożywczej i Biotechnologii,
46. Szpital Kliniczny NR3, Samodzielny Akademicki Publiczny ZOZ, Łódź,
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, Olsztyn,
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, Poznań,
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 Świącickiego w Poznaniu,
68. Wielkopolskie Towarzystwo Rozwoju Metod Badawczych i Leczenia Niepłodności, Poznań,
69. Wielkopolska Hodowla Buraka Cukrowego sp. z o.o. – Poznań,
70. Wojewódzka Stacja Sanitarno-Epidemiologiczna w Poznaniu,
71. Wydział Biologii Uniwersytet im. Adama Mickiewicza, Poznań,
72. BIEWET Puławy sp. z o.o.,
73. Instytut Uprawy, Nawożenia i Gleboznawstwa, Puławy,
74. Państwowy Instytut Weterynaryjny, Puławy,
75. Wojskowy Instytut Higieny i Epidemiologii, Puławy,
76. Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin w Radzikowie,
77. Uniwersytet Rzeszowski Katedra Biochemii i Biologii Komórki,
78. Wojewódzka Stacja Sanitarno-Epidemiologiczna w Rzeszowie,
79. Akademia Podlaska Instytut Bioinżynierii i Hodowli Zwierząt w Siedlcach,
80. Instytut Sadownictwa i Kwiaciarnictwa w Skierniewicach,
81. Instytut Warzywnictwa, Skierniewice,
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, Toruń,
89. Adamed sp. z o.o. (Pieńków),
90. Avicenna Biosystem KLIK Sp. z o.o.,
91. Akademia Medyczna, Warszawa
92. Centralne Laboratorium Surowic i Szczepionek, Warszawa,
93. Centrum Medyczne Kształcenia Podyplomowego w Warszawie,
94. Centrum Onkologii-Instytut im Marii Skłodowskiej-Curie, Warszawa,
95. Fundacja na Rzecz Chorych z Chorobami Krwi, Warszawa,
96. Instytut Badań DNA Sp. z o.o., Warszawa,
97. Instytut Badawczy Leśnictwa, Warszawa,
98. Instytut Biologii Doświadczalnej im. M.Nenckiego, Warszawa,
99. Instytut Biotechnologii i Antybiotyków, Warszawa,
100. Instytut Centrum Medycyny Doświadczalnej i Klinicznej PAN, Warszawa,
101. Instytut Chemii i Techniki Jądrowej, Warszawa,
102. Instytut Gruźlicy i Chorób Płuc, Warszawa,
103. Instytut Hematologii i Transfuzjologii, Warszawa,
104. Instytut Kardiologii, Warszawa,
105. Instytut Leków, Warszawa,
106. Instytut Matki i Dziecka, Warszawa,
107. Instytut Parazytologii PAN, Warszawa,
108. Instytut Reumatologiczny, Warszawa,
109. Instytut Żywności i Żywnienia, Warszawa,

110. Jednostka Wojskowa NR 4111, Warszawa,
111. Krzysztof Kucharczyk – Techniki Elektroforetyczne, Warszawa,
112. Labgen,
113. Międzynarodowy Instytut Biologii Molekularnej i Komórkowej, Warszawa,
114. Medigen,
115. Muzeum i Instytut Zoologii PAN, Warszawa,
116. Ogród Botaniczny – Centrum Zachowania Różnorodności Biologicznej PAN, Warszawa,
117. Państwowy Zakład Higieny, Instytut Naukowo-Badawczy, Warszawa,
118. Polskie Towarzystwo Kardiologiczne, Warszawa,
119. Politechnika Warszawska, Międzywydziałowe Centrum Biotechnologii, Warszawa,
120. SGGW AR, Wydziały, Warszawa,
121. SGGW AR, Katedra Botaniki, Warszawa,
122. SGGW AR, Katedra Parazytologii i Chorób Inwazyjnych, Warszawa,
123. Uniwersytet Warszawski,
124. Wojskowy Instytut Higieny i Epidemiologii w Warszawie,
125. Wojewódzki Szpital Zakaźny SPZOZ Wolska 37, Warszawa,
126. Wojskowy Instytut Medycyny, Warszawa,
127. Zakład Biologii Antarktyki IBB PAN, Warszawa,
128. Akademia Medyczna we Wrocławiu,
129. Akademia Rolnicza, Wrocław,
130. Genet Reserch Sp. z o.o.,
131. Laboratorium Diagnostyki Molekularne Sp. z o.o.,
132. Instytut Immunologii i Terapii i Doświadczalnej PAN, Wrocław,
133. Uniwersytet Wrocławski,
134. Państwowy Instytut Weterynaryjny – Zakład Pruszczycy w Zduńskiej Woli,
135. Instytut Biotechnologii i Ochrony Środowiska Uniwersytet Zielonogórski,
136. Liga Ochrony Przyrody Zarząd Okręgu w Zielonej Górze,
137. Centrum Badań DNA Sp. z o.o.,
138. BioTe21, Warszawa,
139. Laboratorium Badań Genetycznych Sp. z o.o. Lublin,
140. Akademia Wychowania Fizycznego w Katowicach,
141. Instytut Sportu, Zakład Badań Antydopingowych, Warszawa,
142. Instytut Biocybernetyki i Inżynierii Biomedycznej PAN, Warszawa,
143. Politechnika Lubelska,
144. Indywidualna Specjalistyczna Praktyka Lekarska – Wojciech Jóźwicki,
145. MedGen – Warszawa.

W pracowni zsyntetyzowano dla laboratoriów IBB 5 512 oligonukleotydów oraz zsekwencjonowano na aparatach ABI 3730 i ABI 3730 xl - 19 950 matryc DNA, co przy średniej długości odczytu 850 zasad daje 16 957 500 zasad. Dla 144 zleciodawców spoza IBB zostały zrealizowane zamówienia na zsekwencjonowanie 39 750 matryc i zsyntetyzowano 22 235 oligonukleotydów.

Na sekwenatorze genomowym Roche GS FLX + zsekwencjonowano dla IBB 7 genomów bakteryjnych, 12 genomów bakteriofagów, 9 plazmidów oraz 15 próbek środowiskowych, uzyskując łącznie ok 1,7 G par zasad. W ramach współpracy z jednostkami spoza Instytutu zsekwencjonowano 2 genomy bakteryjne, 4 genomy bakteriofagów oraz 43 plazmidy otrzymując około 1 G par zasad.

Dodatkowo w ramach przyznanych minigrantów wykonano 250 sekwencjonowań matryc DNA i 7 997 reakcji analizy polimorfizmu.

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 9958 reakcji, łącznie z opracowaniem metodyki analiz i projektowaniem starterów.

PUBLIKACJE: 4631, 3182/A, 3205/A, 3234/A

Środowiskowe Laboratorium Magnetycznego Rezonansu Jądrowego

Zgodnie ze swymi zadaniami statutowymi w Laboratorium wykonywano pomiary widm NMR dla zespołów naukowych IBB oraz 6 laboratoriów spoza instytutu. Wykorzystanie czasu pracy spektrometru 500 MHz wynosiło 51%, a spektrometru 400 MHz – 80%. Pełne zestawienie w załączeniu.

Wykorzystanie spektrometrów NMR w roku 2012:

Kierownik projektu	Instytucja	Czas przyrządu(godz.)	
		400 MHz	500 MHz
Prof. dr hab. Ryszard Stolarski Zastosowanie Fizyki w Biologii i Medycynie	Wydział Fizyki, UW	34	20
Dr hab. Jacek Jemielity	Wydział Fizyki, UW	120	36
EAST-NMR		---	10
Prof. dr hab. Elżbieta Salińska	IMDiK Warszawa	432	---
Dr Kwiatkowska	Instytut Reumatologii	360	---
Prof. dr hab. Anna Kamińska	WUM	1104	---
Prof. dr hab. Wojciech Bal	IBB PAN	48	1210
Prof. dr hab. Jarosław Poznański	IBB PAN	---	168
Prof. dr hab. Ewa Świeżewska	IBB PAN	120	---
badania własne	IBB PAN	744	2450
nowe techniki, szkolenia		450	240
konserwacje, nalewanie ciekłego helu i azotu		170	170
awarie		3870	210
Udokumentowane wykorzystanie czasu w godzinach		6988	4514
Udokumentowane wykorzystanie czasu w procentach		80%	51%

Środowiskowe Laboratorium Spektrometrii Mas

Zespół: prof. dr hab. Michał Dadlez, dr Magdalena Kaus-Drobek, dr Dominik Domański, dr Krzysztof Drabikowski, 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 Agata Malinowska, mgr Janusz Dębski, mgr Michał Kistowski, mgr Aiswarya Premchandar, mgr Aleksandra Skrajna, mgr Aleksandra Kacprzyk

Laboratorium prowadzi pomiary mas cząsteczek biologicznych, wykonując zlecenia użytkowników z IBB PAN oraz spoza Instytutu w zakresie pomiarów mas peptydów, oligonukleotydów, białek a także innych związków na przykład takich jak leki i ich metabolity. Na podstawie mas fragmentów białek, Laboratorium wykonuje analizy składu białkowego zleconych próbek. W roku 2012 wykonano 3925 analiz składu białkowego próbek zleczanych przez użytkowników spoza Laboratorium. Wykonujemy też w złożonych matrycach biologicznych analizy ilościowe ważnych biologicznie i medycznie związków, których przykładem mogą być leki immunosupresyjne. W tym zakresie we współpracy z Oddziałem Immunologii, Transplantologii i Medycyny Wewnętrznej, Warszawskiego Uniwersytetu Medycznego prowadzimy analizy metabolitów panelu leków immunosupresyjnych. Na zlecenie firmy Novartis wykonujemy oznaczenie poziomu everolimusu, a dla firmy Celon-Pharma analizy farmakokinetyki nowych leków. Ogółem pracownia wykonała 14 200 analiz ilościowych. Laboratorium współuczestniczy w wielu projektach badawczych o różnorodnej tematyce odzwierciedlającej uniwersalne możliwości proteomiki. W roku 2012 zakończono szereg projektów globalnych analiz proteomicznych, na przykład badania porównawcze proteomu moczu w wielotorbielowatości, nefropatii IgA, nefropatii cukrzycowej, raku pęcherza i raku nerki. Istotnym polem działania Laboratorium jest też zastosowanie spektrometrii mas w badaniach strukturalnych białek z zastosowaniem analiz kinetyki wymiany proton-deuter i mobilności jonów. Laboratorium prowadzi szkolenia użytkowników w dziedzinie interpretacji wyników analiz MS.

Najważniejsze wyniki badawcze:

1. Uzyskanie list białek różnicujących próbki proteomu moczu wielotorbielowatości, nefropatii IgA, nefropatii cukrzycowej, raka pęcherza i raka nerki.
2. Charakterystyka poziomu wybranych metabolitów kwasu mykofenolowego i cyklosporyny w grupie chorych po przeszczepach nerki.
3. Stworzenie nowego modelu oligomerycznego struktury receptora RAGE w oparciu o dane wymiany proton-deuter.
4. Wskazanie obszarów labilności strukturalnej w heterodimerze keratyn 8/18 w oparciu o dane wymiany proton-deuter.
5. Identyfikacja białek docelowych zależnej od raka aktywności elastazy neutrofilowej w tkance guza jelita grubego.

PUBLIKACJE: 4606, 4612, 4662, 4688, 3207/A, 3219/A, 3271/A, 3300/A

Pracownia Mikroskopii Konfokalnej i Fluorescencyjnej

Zespół: dr Małgorzata Lichocka, dr Anna Anielska-Mazur

W okresie sprawozdawczym 01.01.12 – 31.12.12, 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 177 godz. do samodzielnej pracy przez użytkowników, którzy przeszli szkolenie z obsługi mikroskopu fluorescencyjnego.

Przeprowadzono szkolenie w trybie indywidualnym kolejnych 7 osób.

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

Mikroskop konfokalny Nikon C1 wykorzystano w wymiarze 289 godz. przez samodzielnych użytkowników po szkoleniu oraz w ramach usług mikroskopowych PMKiF.

Prowadzony był nadzór oraz bieżąca konserwacja sprzętu mikroskopowego i wyposażenia w PMKiF w celu nieprzerwanej funkcjonalności powierzonej pracowni (zakup nowych systemów UPS, lamp rtęciowych, filtrów fluorescencyjnych).

W roku 2012 wymieniono zużyty laser argonowy na nowy laser diodowy emitujący światło od długości fali 488 nm. Część napraw lub usterek eksploatacyjnych zlecano serwisowi PRECOPTIC, na podstawie zawartej umowy serwisowej.

Lista publikacji za rok 2012

PUBLIKACJE 2012

4590

CIARKOWSKI J., ŁUCZAK S., JAGIEŁA D., SIKORSKA E., WÓJCIK J., OLESZCZUK M., IZDEBSKI J.

Ensemble fits of restrained peptides' conformational equilibria to NMR data. Dependence on force fields: AMBER/8 ff03 versus ECEPP/3.

Journal of Molecular Graphics and Modelling (2012) **32**: 67-74

IF 2.184

4591

PATEL K.B., CIEPICHAŁ E., ŚWIEŻEWSKA E., VALVANO M.A.

The C-terminal domain of the *Salmonella enterica* WbaP (UDP-galactose:Und-P galactose-1-phosphate transferase) is sufficient for catalytic activity and specificity for undecaprenyl monophosphate.

Glycobiology (2012) **22(1)**: 116-122

IF 3.580

4592

JANOWSKA B., KURPIOS-PIEC D., PROROK P., SZPARECKI G., KOMISARSKI M., KOWALCZYK P., JANION C., TUDEK B.

Role of damage-specific DNA polymerases in M13 phage mutagenesis induced by a major lipid peroxidation product trans-4-hydroxy-2-nonenal.

Mutation Research/Fundamental and Molecular Mechanisms of Mutagenesis (2012)

729: 41-51

IF 2.850

4593

DREWNIAK Ł., MARYAN N., LEWANDOWSKI W., KACZANOWSKI S., SKŁODOWSKA A.

The contribution of microbial mats to the arsenic geochemistry of an ancient gold mine.

Environmental Pollution (2012) **162**: 190-201

IF 3.746

4594

GABIG-CIMIŃSKA M., JAKÓBKIEWICZ-BANECKA J., WĘGRZYN G.

DNA array.

Chapter 11 in: **Handbook of Food Safety Engineering, First Edition**. Ed.by Da-Wen Sun. Blackwell Publishing Ltd. 2012 ISBN: 978-1-4443-3334-3 p.258-278

4595

BYSTRANOWSKA D., SZEWCZUK Z., LISOWSKI M., SITKIEWICZ E., DOBRYSZYCKI P., OŻYHAR A., KOCHMAN M.

Intramolecular cross-linking in the native JHBP molecule.

Archives of Biochemistry and Biophysics (2012) **517(1)**: 12-19

IF 2.935

4596

BARTOSIK A.A., MARKOWSKA A., SZARLAK J., KULIŃSKA A., JAGURA-BURDZY G.
Novel broad-host-range vehicles for cloning and shuffling of gene cassettes.

Journal of Microbiological Methods (2012) **88(1)**: 53-62

IF 2.086

4597

KUCHTA K., BARSZCZ D., GRZESIUK E., POMORSKI P., KRWAWICZ J.

DNA*traffic* - a new database for systems biology of DNA dynamics during the cell life.

Nucleic Acids Research (2012) **40**: D1235-D1240

IF 8.026

4598

MIERZEJEWSKA J., JAGURA-BURDZY G.

Prokaryotic ParA–ParB–*parS* system links bacterial chromosome segregation with the cell cycle.

Plasmid (2012) **67(1)**: 1-14

IF 1.516

4599

KAMIENSKA-TRELA K., WÓJCIK J.

Applications of spin-spin couplings.

Chapter in: **Nuclear Magnetic Resonance**. Ed. G.A. Webb. RSC Publishing (2012) **41**: 148-195

4600

ŚWIEŻEWSKA E., WÓJCIK J.

NMR of lipids and membranes.

Chapter in: **Nuclear Magnetic Resonance**. Ed. G.A. Webb. RSC Publishing (2012) **41**: 320-347

4601

TOŃSKA K., BARTNIK E.

Sex, death and the (nerve) cell.

Frontiers in Bioscience (Elite Ed.) (2012) **4**: 1830-1835

4602

MIELECKI D., ZUGAJ D., MUSZEWSKA A., PIWOWARSKI J., CHOJNACKA A.,

MIELECKI M., NIEMINUSZCZY J., GRYNBERG M., GRZESIUK E.

Novel AlkB Dioxygenases - Alternative Models for *In Silico* and *In Vivo* Studies.

PLoS ONE (2012) **7(1)**: e30588

IF 4.092

4603

TRAPAIÐZE A., HUREAU CH., BAL W., WINTERHALTER M., FALLER P.

Thermodynamic study of Cu(2⁺) binding to the DAHK and GHK peptides by isothermal titration calorimetry (ITC) with the weaker competitor glycine.

Journal of Biological Inorganic Chemistry (2012) **17(1)**: 37-47

IF 3.289

4604

SIWIAK M., EDELMAN A., ZIELENKIEWICZ P.

Structural models of CFTR-AMPK and CFTR-PKA interactions: R-domain flexibility is a key factor in CFTR regulation.

Journal of Molecular Modeling (2012) **18(1)**:83-90

IF 1.797

4605

TOMCZYK-ŻAK K., KACZANOWSKI S., GÓRECKA M., ZIELENKIEWICZ U.

Novel application of the MSCP method in biodiversity studies.

Journal of Basic Microbiology (2012) **52(1)**: 104-109

IF 1.266

4606

KOWALCZYK J.E., KAWALEC M., BERĘSEWICZ M., DĘBSKI J., DADLEZ M., ZABŁOCKA B.

Protein kinase C beta in postischemic brain mitochondria.

Mitochondrion (2012) **12(2)**: 138-143

IF 3.615

4607

KOWALCZYK M., KOŁAKOWSKI P., RADZIWIŁŁ-BIEŃKOWSKA J.M., SZMYTKOWSKA A., BARDOWSKI J.K.

Cascade cell lyses and DNA extraction for identification of genes and microorganisms in kefir grains.

Journal of Dairy Research (2012) **79**: 26-32

IF 1.566

4608

MAŁECKA K., GRABOWSKA I., RADECKI J., STACHYRA A., GÓRA-SOCHACKA A., SIRKO A., RADECKA H.

Voltammetric detection of a specific DNA sequence of avian influenza virus H5N1 using HS-ssDNA probe deposited onto gold electrode.

Electroanalysis (2012) **24(2)**: 439–446

IF 2.872

4609

BOCER T., ZARUBICA A., ROUSSEL A., FLIS K., TROMBIK T., GOFFEAU A., ULASZEWSKI S., CHIMINI G.

The mammalian ABC transporter ABCA1 induces lipid-dependent drug sensitivity in yeast.

Biochimica et Biophysica Acta-Molecular and Cell Biology of Lipids (2012) **1821(3)**: 373-80

IF 5.269

4610

MIDURA-KIELA M., RADHAKRISHNAN V.M., LARMONIER C.B. LAUBITZ D., GHISHAN F.K., KIELA P.R.

Curcumin inhibits interferon- γ signaling in colonic epithelial cells.

American Journal of Physiology Gastrointestinal and Liver Physiology (2012) **302(1)**:G85-96

IF 3.431

4611

CENA A., KOWALEC P., PŁOCHOCKA D., KURLANDZKA A.

Irr1/Scs3 cohesin interacts with Rec8 in Meiotic Prophase of *Saccharomyces cerevisiae*.

Open Journal of Genetics (2012) **2(1)**:1-6

IF

4612

HENNIG E., MIKULA M., RUBEL T., DADLEZ M., OSTROWSKI J.

Comparative kinome analysis putative colon tumor biomarkers.

Journal of Molecular Medicine - JMM (2012) **90(4)**: 447-456

IF 4.668

4613

ALEGRIA A., SZCZĘSNY P., MAYO B., BARDOWSKI J.K., KOWALCZYK M.

Biodiversity in Oscypek, a traditional Polish cheese, determined by culture-dependent and -independent approaches.

Applied and Environmental Microbiology (2012) **78(6)**: 1890-1898

IF 3.829

4614

GRÜNDAHL J.E.H., GUAN Z., RUST S., REUNERT J., MÜLLER B., DU CHESNE I., ZERRES K., RUDNIK-SCHÖNEBORN S., ORTIZ-BRÜCHLE N., HÄUSLER M.G., SIEDLECKA J., ŚWIEŻEWSKA E., RAETZ CH.R.H., MARQUARDT T.

Life with too much polyprenol: polyprenol reductase deficiency.

Molecular Genetics and Metabolism (2012) **105(4)**: 642-651

IF 3.193

4615

SZCZEPANKOWSKA A.K.

Role of CRISPR/cas system in the development of bacteriophage resistance.

Advances in Virus Research (2012) **82**: 289-338

IF 3.971

4616

WINCZURA A., ZDŻALIK D.P., TUDEK B.

Damage of DNA and proteins by major lipid peroxidation products in genome stability.

Free Radical Research (2012) **46(4)**: 442-459

IF 2.878

4617

DUDKIEWICZ M., SZCZEPIŃSKA T., GRYNBERG M., PAWŁOWSKI K.

A novel protein kinase-like domain in a selenoprotein, widespread in the tree of life.

PLOS ONE (2012) **7(2)**: e32138

IF 4.092

4618

CHWEDORZEWSKA K.J., BEDNAREK P.T.

Genetic and epigenetic variation in a cosmopolitan grass *Poa annua* from Antarctic and Polish populations.

Polish Polar Research (2012) **33(1)**: 63-80

IF 0.875

4619

MACIOS M., CADDICK M.X., WĘGLEŃSKI P., SCAZZOCCHIO C., DZIKOWSKA A.
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.

Fungal Genetics and Biology (2012) **49(3)**: 189-198

IF 3.737

4620

WOJTKOWIAK A., WITEK K., HENNIG J., JASKÓLSKI M.

Two high-resolution structures of potato endo-1,3- β -glucanase reveal subdomain flexibility with implications for substrate binding.

Acta Crystallographica Section D Biological Crystallography (2012) **68(Pt 6)**: 713-723

IF 12.619

4621

WIERZCHOWSKI J., MĘDZA G., SEPIOŁ J., SZABELSKI M., SHUGAR D.

Fluorescence emission properties of 8-azaisoguanine and its N-methyl derivatives: Ground- and excited-state tautomerism.

Journal of Photochemistry and Photobiology A: Chemistry (2012) **237(1)**: 64-70

IF 2.421

4622

BRZOWSKA IWONA BRZOWSKA K., ZIELENKIEWICZ U.

Functioning of the TA cassette of streptococcal plasmid pSM19035 in various Gram-positive bacteria.

Plasmid (2012) **68(1)**: 51-60

IF 1.516

4623

TARNOWSKI L.J., KOWALEC P., MILEWSKI M., JUREK M., PŁOCHOCKA D., FRONK J., KURLANDZKA A.

Nuclear import and export signals of human cohesins SA1/STAG1 and SA2/STAG2 expressed in *Saccharomyces cerevisiae*.

PLOS ONE (2012) **7(6)**: e38740

IF 4.092

4624

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

Identification of C-terminal hydrophobic residues important for dimerization and all known functions of ParB of *Pseudomonas aeruginosa*.

Microbiology SGM (2012) **158(5)**: 1183-1195

IF 3.061

4625

KLIONSKY D.J., KUCHARCZYK R., SIRKO A., ŻOŁĄDEK T., and others

Guidelines for the use and interpretation of assays for monitoring autophagy.

Autophagy (2012) **8(4)**: 445-544

IF 7.453

4626

KORZON-BURAKOWSKA A., JAKÓBKIEWICZ-BANECKA J., FIEDOSIUK A.,
PETROVA N., KOBLIK T., GABIG-CIMIŃSKA M., EDMONDS M., MAŁECKI M.,
WĘGRZYN G.

Osteoprotegerin gene polymorphism in diabetic Charcot neuroarthropathy.

Diabetic Medicine (2012) **29**(6): 771-775

IF 2.902

4627

PERDIH A., CHOUDHURY A.R., ŽUPERL Š., SIKORSKA E., ZHUKOV I., SOLMAJER T.,
NOVIČ M.

Structural analysis of a peptide fragment of transmembrane transporter protein bilitranslocase.

PLOS ONE (2012) **7**(6): e38967

IF 4.092

4628

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

Coexistence of Gilbert syndrome with hereditary haemolytic anaemias.

Journal of Clinical Pathology (2012) **65**(7): 663-665

IF 2.306

4629

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

Acute cytotoxicity evoked by tetrabromobisphenol A in primary cultures of rat cerebellar
granule cells outweighs the effects of polychlorinated biphenyls.

Polish Journal of Environmental Studies (2012) **21**(4): 1079-7087

IF 0.508

4630

ŁOBOCKA M.B., HEJNOWICZ M.S., DĄBROWSKI K., GOZDEK A., KOSAKOWSKI J.,
WITKOWSKA M., ULATOWSKA M.I., WEBER-DĄBROWSKA B., KWIA TEK M.,
PARASION S., GAWOR J., KOSOWSKA H., GŁOWACKA A.

Genomics of Staphylococcal twort-like phages - potential therapeutics of the post-antibiotic era.

Advances in Virus Research (2012) **83**: 143-216

IF 3.971

4631

SZCZEGIELNIAK J., BORKIEWICZ L., SZURMAK B., LEWANDOWSKA-GNATOWSKA E.,
STATKIEWICZ M., KLIMECKA M.M., CIEŚLA J. M., MUSZYŃSKA G.

Maize calcium-dependent protein kinase (ZmCPK11): local and systemic response to
wounding, regulation by touch and components of jasmonate signaling.

Physiologia Plantarum (2012) **146**(1): 1-14

IF 3.112

4632

TOŃSKA K., PIEKUTOWSKA-ABRAMCZUK D., KALISZEWSKA M., KOWALSKI P.,
TAŃSKA A., BARTNIK E., PRONICKA E., KRAJEWSKA-WALASEK M.

Molecular investigations of mitochondrial deletions: Evaluating the usefulness of different genetic tests.

Gene (2012) **506(1)**: 161-165

IF 2.341

4633

LASKOWSKI Z., KORCZAK-ABSHIRE M., ZDZITOWIECKI K.

Changes in acanthocephalan infection of the Antarctic fish *Notothenia coriiceps* in Admiralty Bay, King George Island, over 29 years.

Polish Polar Research (2012) **33(1)**: 99-108

IF 0.875

4634

SZCZĘSNY R.J., BOROWSKI Ł.S., MAŁECKI M., WÓJCIK M.A., STĘPIEŃ P.P., GOLIK P.
RNA degradation in yeast and human mitochondria.

Biochimica et Biophysica Acta – Gene Regulatory Mechanisms (2012) **1819(9-10)**: 1027-1034

IF 4.405

4635

KANIA A., SKORUPIŃSKA-TUDEK K., ŚWIEŻEWSKA E., DANIKIEWICZ W.

Atmospheric pressure photoionization mass spectrometry as a valuable method for the identification of polyisoprenoid alcohols.

Rapid Communications in Mass Spectrometry (2012) **26(15)**: 1705-1710

IF 2.790

4636

PASIKOWSKA M., PALAMARCZYK G., LEHLE L.

The essential endoplasmic reticulum chaperone Rot1 is required for protein N- and O-glycosylation in yeast.

Glycobiology (2012) **22(7)**: 939-947

IF 3.580

4637

JARMOSZEWICZ K., ŁUKASIAK K., RIEZMAN H., KAMIŃSKA J.

Rsp5 ubiquitin ligase is required for protein trafficking in *Saccharomyces cerevisiae* COPI mutants.

PLOS ONE (2012) **7(6)**: e39582

IF 4.092

4638

WĄSIK R., WIŃSKA P., POZNAŃSKI J., SHUGAR D.

Synthesis and Physico-Chemical Properties in Aqueous Medium of All Possible Isomeric Bromo Analogues of Benzo-1H-Triazole, Potential Inhibitors of Protein Kinases.

Journal of Physical Chemistry B (2012) **116(24)**: 7259-7268

IF 3.696

4639

KOPERA E., BELCZYK-CIESIELSKA A., BAL W.

Application of Ni(II)-assisted peptide bond hydrolysis to non-enzymatic affinity tag removal.

PLOS ONE (2012) **7(5)**: e36350

IF 4.092

4640

DZIEDZIC D., NARAJCZYK M., GABIG-CIMIŃSKA M., JAKÓBKIEWICZ-BANECKA J.

Simultaneous siRNA-mediated silencing of pairs of genes coding for enzymes involved in glycosaminoglycan synthesis.

Acta Biochimica Polonica (2012) **59(2)**: 293-298

IF 1.491

4641

WĘGRZYN G., LICZNERSKA K., WĘGRZYN A.

Phage λ —new insights into regulatory circuits.

Advances in Virus Research (2012) **82**: 155–178

IF 3.971

4642

WĘGRZYN A.

Gene expression-targeted isoflavone therapy.

IUMB Life (2012) **64(4)**: 307-315

4643

CHOJNOWSKI G., BUJNICKI J.M., BOCHTLER M.

RIBER/DIBER: a software suite for crystal content analysis in the studies of protein-nucleic acid complexes.

Bioinformatics (2012) **28 (6)**: 880-881

IF 5.468

4644

MURAWSKA-CIAŁOWICZ E., BAL W., JANUSZEWSKA L., ZAWADZKI M., RYCHEL J., ZUWAŁA-JAGIEŁŁO J.

Oxidative stress level in the testes of mice and rats during nickel intoxication.

The Scientific World Journal (2012) Volume 2012, Article ID 395741, 5 pages

4645

PEÑA Á., GEWARTOWSKI K., 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.

The EMBO Journal (2012) **31(6)**: 1605-1616

IF 9.205

4646

BLACKFORD A.N., SCHWAB R.A., NIEMINUSZCZY J., DEANS A.J., WEST S.C., NIEDŹWIEDŹ W.

The DNA translocase activity of FANCM protects stalled replication forks.

Human Molecular Genetics (2012) **21(9)**: 2005-2016

IF 7.636

4647

KLOSKA A., NARAJCZYK M., JAKÓBKIEWICZ-BANECKA J., GRYNKIEWICZ G., SZEJA W., GABIG-CIMIŃSKA M., WĘGRZYN G.

Synthetic genistein derivatives as modulators of glycosaminoglycan storage.

Journal of Translational Medicine (2012) **10**: 153

IF 3.474

4648

NEJMAN-FALEŃCZYK B., GOLEC P., MACIĄG M., WĘGRZYN A., WĘGRZYN G.

Inhibition of development of shiga toxin-converting bacteriophages by either treatment with citrate or amino acid starvation.

Foodborne Pathogens and Disease (2012) **9(1)**: 13-19

IF 2.260

4649

GODLEWSKA M., CZARNOCKA B., GÓRA M.

Localization of key amino acid residues in the dominant conformational epitopes on thyroid peroxidase recognized by mouse monoclonal antibodies.

Autoimmunity (2012) **45(6)**: 476-484

IF 2.471

4650

SIKORA A., JANION C., GRZESIUK E.

Bacterial systems for testing spontaneous and induced mutations.

Chapter 8 in: **Mutagenesis**, Ed. Rajnikant Mishra, InTech 2012, ISBN 978-953-51-0707-1, p.153-178

4651

TUDEK B., SPEINA E.

Oxidatively damaged DNA and its repair in colon carcinogenesis.

Mutation Research - Fundamental and Molecular Mechanisms of Mutagenesis (2012) **736(1-2)**: 82-92

IF 2.850

4652

KRASZEWSKA J., GARBACZ M., JONCZYK P., FIJAŁKOWSKA I.J., JASZCZUR M.

Defect of Dpb2p, a noncatalytic subunit of DNA polymerase ϵ , promotes error prone replication of undamaged chromosomal DNA in *Saccharomyces cerevisiae*.

Mutation Research / Fundamental and Molecular Mechanisms of Mutagenesis (2012) **737(1-2)**: 34-42

IF 2.850

4653

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

Application of graph theory and topological models for the determination of fundamentals of the aromatic character of pi-conjugated hydrocarbons.

Pure and Applied Chemistry (2012) **84(4)**: 1069-1088

IF 2.789

4654

SZOŁAJSKA E., BURMEISTER W.P., ŻOCHOWSKA M., NERLO B., ANDREEV I., SCHOEHN G., ANDRIEU J.P., FENDER P., NASKALSKA A., ZUBIETA CH., CUSACK S., CHROBOCZEK J.

The structural basis for the integrity of adenovirus Ad3 dodecahedron.

PLOS ONE (2012) **vol7(9)**: e46075

IF 4.411

4655

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

MafI-mediated repression of RNA polymerase III transcription inhibits tRNA degradation *via* RTD pathway.

RNA - A Publication of the RNA Society (2012) **18(10)**: 1823-1832

IF 5.095

4656

JANIK A., JUCHIMIUK M., KRUSZEWSKA J.S., ORŁOWSKI J., PASIKOWSKA M., PALAMARCZYK G.

Impact of yeast glycosylation pathway on cell integrity and morphology.

Chapter 11 in: **Glycosylation** Edited by Stefana Petrescu, Publisher: InTech, Published: September 26, 2012, ISBN 978-953-51-0771-2, p.259-272

4657

FIJAŁKOWSKA I.J., SCHAAPER R.M., JONCZYK P.

DNA replication fidelity in *Escherichia coli*: a multi-DNA polymerase affair.

FEMS Microbiology Reviews (2012) **36(6)**: 1105-1121

IF 10.960

4658

MORAN Y., FREDMAN D., SZCZĘSNY P., GRYNBERG M., TECHNAN U.

Recurrent horizontal transfer of bacterial toxin genes to eukaryotes.

Molecular Biology and Evolution (2012) **29(9)**: 2223-2230

IF 5.550

4659

KULIK A., ANIELSKA-MAZUR A., BUCHOLC M., KOEN E., SZYMAŃSKA K., ŻMIENKO A., KRZYWIŃSKA E., WAWER I., McLOUGHLIN F., RUSZKOWSKI D., FIGLEROWICZ M., TESTERINK C., SKŁODOWSKA A., WENDEHENNE D., DOBROWOLSKA G.

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

Plant Physiology (2012) **160(2)**:868-883

IF 6.535

4660

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

Transgenic tobacco plants as production platform for biologically active human interleukin 2 and its fusion with proteinase inhibitors.

Plant Biotechnology Journal (2012) **10(7)**: 806-814

IF 5.442

4661

KORCZAK-ABSHIRE M., CHWEDORZEWSKA K.J., WĄSOWICZ P., BEDNAREK P.T.
Genetic structure of declining chinstrap penguin (*Pygoscelis antarcticus*) populations from South Shetland Island (Antarctica).

Polar Biology (2012) **35**: 1681-1689

IF 1.659

4662

MALINOWSKA A., KISTOWSKI M., BAKUN M., RUBEL T., TKACZYK M.,
MIERZEJEWSKA J., DADLEZ M.

Diffprot-software for non-parametric statistical analysis of differential proteomics data.

Journal of Proteomics (2012) **75(13)**:4062-73

IF 4.878

4663

CIESIELSKI A., STĘPIEŃ D.K., DOBROWOLSKI M.A., DOBRZYCKI Ł., CYRAŃSKI M.K.
On the aromatic stabilization of benzoid hydrocarbons.

Chemical Communications (2012) **48(81)**: 10129-10131

IF 6.169

4664

MROCZEK S., KRZAWICZ J., KUTNER J., ŁAŻNIEWSKI M., KUCIŃSKI I., GINALSKI K.,
DZIEMBOWSKI A.

C16orf57, a gene mutated in poikiloderma with neutropenia, encodes a putative phosphodiesterase responsible for the U6 snRNA 3' end modification.

Genes & Development (2012) **26(17)**: 1911-1925

IF 11.659

4665

BAL W., KUROWSKA E., MARET W.

The final frontier of pH and the undiscovered country beyond.

PLOS ONE (2012) **7(9)**: e45832

IF 4.092

4666

MAIORANO G., SOBOLEWSKA A., CIANCIVULLO D., WALASIK K., ELMINOWSKA-
WENDA G., SŁAWIŃSKA A., TAVANIELLO S., ŻYLIŃSKA J., BARDOWSKI J.K.,
BEDNARCZYK M.

Influence of *in ovo* prebiotic and synbiotic administration on meat quality of broiler chickens.

Poultry Science (2012) **91(11)**: 2963-2969

IF 1.728

4667

LITYŃSKA-ZAJĄC M., CHWEDORZEWSKA K.J., OLECH M.A., KORCZAK-ABSHIRE M., AUGUSTYNIAK-KRAM A.

Diaspores and phyto-remains accidentally transported to the Antarctic Station during three expeditions.

Biodiversity and Conservation (2012) **21(13)**: 3411-3421

IF 2.238

4668

TOŃSKA K., KODROŃ A., BARTNIK E.

Mitochondrial DNA mutations in cancer: causality or association?

Atlas of Genetics and Cytogenetics in Oncology and Haematology, July 2012,

<http://AtlasGeneticsOncology.org/Deep/MitochondriaInCancerID20115.html>

4669

ZAWISZA I., RÓZGA M., BAL W.

Affinity of copper and zinc ions to proteins and peptides related to neurodegenerative conditions (A β , APP, α -synuclein, PrP).

Coordination Chemistry Reviews (2012) **256**: 2297-2307

IF 12.110

4670

SŁAWEK J., KIERDASZUK B., TOŃSKA K., KODROŃ A., SCHINWELSKI M., SITEK E.J., BARTNIK E., KAMIŃSKA A., KWIECIŃSKI H.

Mitochondrial encephalopathy in a patient with a 13042G>A de novo mutation.

Journal of Clinical Pathology (2012) **65(12)**: 1147-1149

IF 2.306

4671

KILISZEK M., BURZYŃSKA B., MICHALAK M., GÓRA M., WINKLER A., MACIEJAK A., LESZCZYŃSKA A., GAJDA E., KOCHANOWSKI J., OPOLSKI G.

Altered gene expression pattern in peripheral blood mononuclear cells in patients with acute myocardial infarction.

PLOS ONE (2012) **7(11)**: e50054

IF 4.092

4672

WĄSIK R., WIŃSKA P., POZNAŃSKI J., SHUGAR D.

Isomeric mono-, di-, and tri-bromobenzo-1H-triazoles as inhibitors of human protein kinase CK2 α .

PLOS ONE (2012) **7(11)**: e48898

IF 4.092

4673

FLIS K., IRVINE D., COPLAND M., BHATIA R., SKORSKI T.

Chronic myeloid leukemia stem cells display alterations in expression of genes involved in oxidative phosphorylation.

Leukemia & Lymphoma (2012) **53(12)**: 2474-2478

IF 2.580

4674

KRZYCZMONIK K., ŚWITNICKI M., KACZANOWSKI S.

Analysis of immunogenicity of different protein groups from malaria parasite *Plasmodium falciparum*.

Infection, Genetics and Evolution (2012) **12(8)**: 1911-1916

IF 3.128

4675

KHAN S.M., REECE SARAH E., WATERS A.P., JANSE CH.J., KACZANOWSKI S.

Why are male malaria parasites in such a rush? Sex-specific evolution and host-parasite interactions.

Evolution, Medicine, and Public Health (2012) pp.1-11

doi: 10.1093/emph/eos003

4676

KACZANOWSKA J., KIERSNOWSKA M., FABCZAK H., KACZANOWSKI S.,
KACZANOWSKI A.

Effects of roscovitine on schedule of divisional morphogenesis, basal bodies proliferation and cell divisions in *Tetrahymena thermophila*.

Acta Protozoologica (2012) **51**: 91-111

IF 1.317

4677

MOSKOT M., KOTLARSKA E., JAKÓBKIEWICZ-BANECKA J., GABIG-CIMIŃSKA M.,
FARI K., WĘGRZYN G., WRÓBEL B.

Metal and antibiotic resistance of bacteria isolated from the Baltic Sea.

International Microbiology (2012) **15**: 131-139

IF 1.407

4678

BANECKA-MAJKUTEWICZ Z., JAKÓBKIEWICZ-BANECKA J., GABIG-CIMIŃSKA M.,
WĘGRZYN A., WĘGRZYN G.

Putative biological mechanisms of efficiency of substrate reduction therapies for mucopolysaccharidoses.

Archivum Immunologiae et Therapiae Experimentalis (2012) **60(6)**: 461-468

IF 2.541

4679

PISZCZEK E., DUTKIEWICZ M., MIELECKI M.

Biochemical and Bioinformatic Characterization of Type II Metacaspase Protein (TaeMCAII) from Wheat

Plant Molecular Biology Reporter (2012) **30**: 1338-1347

IF 2.453

4680

BACA M., DOAN K., SOBCZYK M., STANKOVIC A., WĘGLEŃSKI P.

Ancient DNA reveals kinship burial patterns of a pre-Columbian Andean community.

BMC Genetics (2012) **13**: 30

doi:10.1186/1471-2156-13-30

IF 2.475

4681

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

Post-translational S-nitrosylation is an endogenous factor fine tuning the properties of human S100A1 protein.

Journal of Biological Chemistry (2012) **287(48)**: 40457-40470

IF 4.773

4682

GOLEC P., KARCZEWSKA-GOLEC J., ŁOŚ M., WĘGRZYN G.

Novel ZnO-binding peptides obtained by the screening of a phage display peptide library.

Journal of Nanoparticle Research (2012) **14**: 1218 6pp.

IF 3.287

4683

STRUS M., CHMIELARCZYK A., KOCHAN P., ADAMSKI P., CHEŁMICKI Z., CHEŁMNICKI A., PAŁUCHA A., HECZKO P.B.

Studies on the effects of probiotic *Lactobacillus* mixture given orally on vaginal and rectal colonization and on parameters of vaginal health in women with intermediate vaginal flora.

European Journal of Obstetrics & Gynecology and Reproductive Biology (2012) **163(2)**: 210-215

IF 1.974

4684

SIWEK W., CZAPIŃSKA H., BOCHTLER M., BUJNICKI J.M., SKOWRONEK K.

Crystal structure and mechanism of action of the N6-methyladenine-dependent type IIM restriction endonuclease R.DpnI.

Nucleic Acids Research (2012) **40(15)**: 7563-7572

IF 8.026

4685

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

Synergistic neurotoxicity of oxygen-glucose deprivation and tetrabromobisphenol A *in vitro*: role of oxidative stress.

Pharmacological Reports (2012) **64**: 1166-1178

IF 2.445

4686

TCHERNIUK S., FISER A.-L. DEROUAZI M., TOUSSAINT B., WANG Y., WOJTAL I., KONDO E., SZOŁAJSKA E., CHROBOCZEK J.

Certain protein transducing agents convert translocated protein into cell killers.

Acta Biochimica Polonica (2012) **59(3)**: 433-439

IF 1.491

4687

GUTKOWSKA M., ŚWIEŻEWSKA E.

Structure, regulation and cellular functions of Rab geranylgeranyl transferase and its cellular partner Rab Escort Protein.

Molecular Membrane Biology (2012) **29(7)**: 243-56

IF 2.863

4688

RICHARDSON K., DENNY R., HUGHES CH., SKILLING J., SIKORA J., DADLEZ M., MANTECA A., JUNG H.R., JENSEN O.N., REDEKER V., MELKI R., LANGRIDGE J., VISSERS J.P.C.

A Probabilistic Framework for Peptide and Protein Qualification from Data-Dependent and Data-Independent LC-MS Proteomics Experiments.

OMICS A Journal of Integrative Biology (2012) **16**(9): 468-482

IF 2.441

4689

BAKUN M., NIEMCZYK M., DOMAŃSKI D., JAŻWIEC R., PERZANOWSKA A., NIEMCZYK S., KISTOWSKI M., FABIJAŃSKA A., BOROWIEC A., PĄCZEK L., DADLEZ M.

Urine proteome of autosomal dominant polycystic kidney disease patients.

Clinical Proteomics (2012) **9**:13

4690

SPEISER A., KURZYK A., WAWRZYŃSKA A.K., WIRTZ M., SIRKO A., HELL R.
The Role of Cyclophilin CYP20-3 in Activation of Chloroplast Serine Acetyltransferase Under High Light Stress.

Chapter in: DeKok LJ, Tausz M, Hawkesford MJ, Hoefgen R, McManus MT, Norton RM, Rennenberg H, Saito K, Schnug E, Tabe L (Eds) **Sulfur Metabolism in Plants. Mechanisms and Applications to Food Security and Responses to climate Change. Proceedings of the International Plant Sulfur Workshop**, ISBN 978-94-007-4449-3 ISBN 978-94-007-4450-9 (eBook); DOI 10.1007/978-94-007-4450-9; Springer Science+Business Media Dordrecht 2012, pp. 265-269.

4691

LEWANDOWSKA M., ZIENTARA-RYTTER K., SIRKO A.

Preliminary Characteristics of a Tobacco Gene Down-Regulated by Sulfur Deprivation and Encoding a Cys-Rich Protein.

Chapter in: DeKok LJ, Tausz M, Hawkesford MJ, Hoefgen R, McManus MT, Norton RM, Rennenberg H, Saito K, Schnug E, Tabe L (Eds) **Sulfur Metabolism in Plants. Mechanisms and Applications to Food Security and Responses to climate Change. Proceedings of the International Plant Sulfur Workshop**, ISBN 978-94-007-4449-3 ISBN 978-94-007-4450-9 (eBook); DOI 10.1007/978-94-007-4450-9; Springer Science+Business Media Dordrecht 2012, pp. 77-83.

4692

KOEN E., SZYMAŃSKA K., KLINGUER A., DOBROWOLSKA G., BESSON-BARD A., WENDEHENNE D.

Nitric oxide and glutathione impact the expression of iron uptake- and iron transport-related genes as well as the content of metals in *A. thaliana* plants grown under iron deficiency.

Plant signaling and behavior (2012) **7**(10): 1246-1250

4693

PROROK P., SAINT-PIERRE C.H., GASPARUTTO D., FEDOROVA O., ISHCENKO A.A., LEH H., BUCKLE M., TUDEK B., SAPARBAEV M.K.

Highly mutagenic exocyclic DNA adducts are substrates for the human nucleotide Incision repair pathway.

PLOS ONE (2012) **7(12)**: e51776

IF 4.092

4694

MILJKOVIC D., STARE T., MOZETIC I., PODPECAN V., PETEK M., WITEK K., DERMASTIA M., LAVRAC N., GRUDEN K.

Signalling network construction for modelling plant defence response.

PLOS ONE (2012) **7(12)**: e51822

IF 4.092

4695

GEWARTOWSKI K., CUÉLLAR J., DZIEMBOWSKI A., VALPUESTA J.M.

The yeast THO complex forms a 5-subunit assembly that directly interacts with active chromatin.

BioArchitecture (2012) **2(4)**: 134-137

4696

LUBAS M., CHLEBOWSKI A., DZIEMBOWSKI A., JENSEN T. H.

Biochemistry and function of RNA exosomes.

Chapter in: **The Enzymes** (2012) volume 31 p.1-30

4697

CHLEBOWSKI A., DZIEMBOWSKI A.

Exosome Complex.

eLS. John Wiley & Sons, Ltd: Chichester, DOI: 10.1002/9780470015902.a0024052

4698

BRUHN-OLSZEWSKA B., KORZON-BURAKOWSKA A., GABIG-CIMIŃSKA M., OLSZEWSKI P., WĘGRZYN A., JAKÓBKIEWICZ-BANECKA J.

Molecular factors involved in the development of diabetic foot syndrome.

Acta Biochimica Polonica (2012) **59(4)**: 507-513

IF 1.491

4699

CHMIELARZ I., GABIG-CIMIŃSKA M., MALINOWSKA M., BANECKA-MAJKUTEWICZ Z., WĘGRZYN A., JAKÓBKIEWICZ-BANECKA J.

Comparison of siRNA-mediated silencing of glycosaminoglycan synthesis genes and enzyme replacement therapy for mucopolysaccharidosis in cell culture studies.

Acta Biochimica Polonica (2012) **59(4)**: 697-702

IF 1.491

4700

DZIERZBICKI P., KANIAK-GOLIK A., MALC E.P., MIECZKOWSKI P., CIEŚLA Z.

The generation of oxidative stress-induced rearrangements in *Saccharomyces cerevisiae* mtDNA is dependent on the Nuc1 (EndoG/ExoG) nuclease and is enhanced by inactivation of the MRX complex.

Mutation Research / Fundamental and Molecular Mechanisms of Mutagenesis (2012)

740(1-2): 21-33

IF 2.850

ABSTRAKTY 2012

3170/A

JAREMKO Ł., JAREMKO M., NOWAKOWSKI M., EJCHART A.

Are $\{^1\text{H}\}$ - ^{15}N NOE data indispensable in the determination of protein backbone dynamics?

EUROMAR Magnetic Resonance Conference, Dublin, Ireland, 1-5 July 2012

Poster Presentation 427TH

3171/A

ZAREBSKA Z.

In memory of Sergio Caffieri: a person and a scientist.

Congresso Societa Italiana di Fitobiologia, Padova, Italy, 14-16 June 2012

Book of Abstracts BS

3172/A

RAWA K., KLUKOWSKA A., PŁOCHOCKA D., MATYSIAK M., BURZYŃSKA B.

A new haemoglobin variant with an extended beta chain due to an insertion of CCAGT at the position 375-376.

British Society for Haematology 52nd Annual Scientific Meeting, The SECC

Glasgow, UK 16th– 18th April 2012

Poster Session / British Journal of Haematology 157 (supl.)1 p.74

3173/A

MACIEJAK A., SYGITOWICZ G., BURZYŃSKA B., SITKIEWICZ D.

The effects of statins on the expression of the genes encoding selected enzymes of the mevalonic acid pathway, using a yeast expression system.

International Medical Students Conference, Cracow, Poland, 12-14 April 2012

Sesja plakatowa Sekcji Farmaceutycznej 24/24

3174/A

MACIEJAK A., KILISZEK M., MICHALAK M., GÓRA M., GAJDA A.E., TUŁACZ D., WINKLER A., OPOLSKI G., BURZYŃSKA B.

Differential gene expression profiles related to the hypertension in patients with acute myocardial infarction.

Golden Helix Symposia / Genomics Medicine: Translating Genes into Health, Turin, Italy 18-21 April 2012

Abstracts Book p.20

3175/A

TARNOWSKI L.J., MILEWSKI M., KURLANDZKA A.

Comparative analysis of cellular distribution of human cohesins SA1 and SA2 expressed in yeast and HeLa cells.

40th Annual Conference on Yeasts "3rd Yeast Research in Visegrad Countries", Smolenice, Slovakia, 8-11 May 2012

Program and Abstracts p.54

3176/A

KOWALEC P., KURLANDZKA A.

Novel gene encoding a putative vacuolar transporter in *Saccharomyces cerevisiae*.

40th Annual Conference on Yeasts "3rd Yeast Research in Visegrad Countries", Smolenice, Slovakia, 8-11 May 2012

Program and Abstracts p.81

3177/A

GODLEWSKA M., GÓRA M., BANGA J.P., KRASUSKA W., CZARNOCKA B.

Biosynthesis and processing of the pro-peptide-depleted thyroid peroxidase.

8th International Congress on Autoimmunity, Granada, Spain, 9-13 May 2012

Program BS

3178/A

PIŁSYK S., GAWIŃSKA-URBANOWICZ H., SIENKO M., NATORFF R. PERLIŃSKA-LENART U., KRUSZEWSKA J.S.

Functional and molecular analysis of newly identified sulfate transporter in pathogenic *Fusarium* species with respect to their virulence and ability to infect potato.

11th European Conference on Fungal Genetics, Philipps-Universitat Marburg, Germany, March 30- 2 April 2012

Program PR4.58

3179/A

GRACZYK D., PERLIŃSKA-LENART U., GÓRKA-NIEĆ W., ZEMBEK P., PIŁSYK S., KRUSZEWSKA J.S.

A new method of increasing the hydrolytic activity of *T. atroviride*.

11th European Conference on Fungal Genetics, Philipps-Universitat Marburg, Germany, March 30- 2 April 2012

Program PR.36

3180/A

ZEMBEK P., PIŁSYK S., PERLIŃSKA-LENART U., GÓRKA-NIEĆ W., GAWARECKA K., ŚWIEŻEWSKA E., KRUSZEWSKA J.S.

Cloning and functional analysis of genes coding for some enzymes of the mevalonate pathway in *Trichoderma*.

11th European Conference on Fungal Genetics, Philipps-Universitat Marburg, Germany, March 30- 2 April 2012

Program PR10.11

3181/A

MROZOWSKA P., KAMIŃSKA J.

SBP1 gene is a suppressor of ret1-1 mutation in a gene encoding α -subunit of COPI coat complex.

Membrane Dynamics in Physiology and Disease, Basel, Swiss, 5-8 June 2012

Abstract Book Poster no 51

3182/A

BIELA A., COSTE F., CIEŚLA J. M., CASTAING B., TUDEK B.

Biochemical and structural studies of ber enzymes inhibition by DNA-base analogues.

12th International Workshop on Radiation Damage to DNA, Prague, Czech Republic, 2-6 June 2012

Abstracts p.75

3183/A

MIELECKI D., MACIEJEWSKA A.M., POZNAŃSKI J., PIWOWARSKI J., GRZESIUK E.
New AlkB homologs and their new functions.
The 3rd Erling Seeberg Symposium on DNA Repair, Trondheim and Orland, Norway, 19-24 June 2012

Abstracts p.23

3184/A

HENNIG J.

Investigation of Ny-1 and *Ry-f_{sto}* genes to develop successful defense strategy against potato virus Y infections.

BIT's 2nd Annual Word Congress of Microbes, Guangzhou, China, July 30-August 1 2012

Abstracts p.60

3185/A

KAWECKA B., OLECH M.A.

Long-term study of diatom communities of the water bodies of King George Island (South Shetlands, Antarctica).

XXXIV Sympozjum Polarne, Sosnowiec, 14-16 czerwca 2012

Streszczenia referatów i posterów p.38

3186/A

KORCZAK-ABSHIRE M., OLECH M.A., CHWEDORZEWSKA K.J.

Kontynuacja tradycji i nowe perspektywy monitoringu biologicznego na Wyspie Króla Jerzego.

XXXIV Sympozjum Polarne, Sosnowiec, 14-16 czerwca 2012

Streszczenia referatów i posterów p.40

3187/A

AUGUSTYNIAK-KRAM A., CHWEDORZEWSKA K.J., KORCZAK-ABSHIRE M., OLECH M.A., LITYŃSKA-ZAJĄC M.

Gatunki obce w Antarktyce – analiza propaguli grzybów transportowanych z ludźmi i ładunkami na stację im. H. Arctowskiego.

XXXIV Sympozjum Polarne, Sosnowiec, 14-16 czerwca 2012

Streszczenia referatów i posterów p.71

3188/A

CHWEDORZEWSKA K.J., BEDNAREK P.T.

Alien grass (*Poa annua* L.) in Antarctic – genetic and epigenetic variation.
ładunkami na stację im. H. Arctowskiego.

XXXIV Sympozjum Polarne, Sosnowiec, 14-16 czerwca 2012

Streszczenia referatów i posterów p.75

3189/A

CHWEDORZEWSKA K.J., KORCZAK-ABSHIRE M., OLECH M.A., LITYŃSKA-ZAJĄC M., AUGUSTYNIUK-KRAM A.

Invertebrates transported to the Antarctic by polar expeditions – potential threat.

XXXIV Sympozjum Polarne, Sosnowiec, 14-16 czerwca 2012

Streszczenia referatów i posterów p.76

3190/A

GIEŁWANOWSKA I., HELLMAN-SOPYŁA W., PASTORCZYK M., SZEWCZYK J., JACKIEWICZ J.

Morfofizjologiczne adaptacje struktur generatywnych u polarnych przedstawicieli Caryophyllaceae i Poaceae.

XXXIV Sympozjum Polarne, Sosnowiec, 14-16 czerwca 2012

Streszczenia referatów i posterów p.80

3191/A

GÓRNIAK D., ŚWIĄTECKI A., SOBOTA I., ZDANOWSKI M., KEJNA M., MIECZAN T.
Charakterystyka morfometryczna, fizykochemiczna i mikrobiologiczna Laguny Ekologii (KING GEORGE Island, zachodnia Antarktyka).

XXXIV Sympozjum Polarne, Sosnowiec, 14-16 czerwca 2012

Streszczenia referatów i posterów p.81

3192/A

KELLMANN-SOPYŁA W., GIEŁWANOWSKA I., SZEWCZYK J., PASTORCZYK M.
Wpływ cyklicznej imbibicji – desykcji na kiełkowanie diaspor antarktycznych roślin naczyniowych.

XXXIV Sympozjum Polarne, Sosnowiec, 14-16 czerwca 2012

Streszczenia referatów i posterów p.87

3193/A

KIDAWA A.

Food selection of the Antarctic sea star, *Odontaster validus* : laboratory experiments with food quality and size.

XXXIV Sympozjum Polarne, Sosnowiec, 14-16 czerwca 2012

Streszczenia referatów i posterów p.88

3194/A

KORCZAK-ABSHIRE M., CHWEDORZEWSKA K.J., BEDNAREK P.T.

Genetic diversity trends of *Pygoscelis antarctica* populations from South Shetland Islands (West Antarctic).

XXXIV Sympozjum Polarne, Sosnowiec, 14-16 czerwca 2012

Streszczenia referatów i posterów p.90

3195/A

KORCZAK-ABSHIRE M., WĘGRZYN M., LISOWSKA M., ANGIEL P.

An analysis of the distribution and population size of penguin species on Lions Rump based on the GIS system.

XXXIV Sympozjum Polarne, Sosnowiec, 14-16 czerwca 2012

Streszczenia referatów i posterów p.91

3196/A

LAHUTA L.B., GIEŁWANOWSKA I., OLECH M.A.

Cukrowce rozpuszczalne w plechach porostów z Antarktyki.

XXXIV Sympozjum Polarne, Sosnowiec, 14-16 czerwca 2012

Streszczenia referatów i posterów p.94

3197/A

LITYŃSKA-ZAJĄC M., CHWEDORZEWSKA K.J., OLECH M.A., AUGUSTYNIUK-KRAM A., KORCZAK-ABSHIRE M.

Analiza fitoszczątków i propaguli roślin wyższych przypadkowo transportowanych na Stację im. H. Arctowskiego.

XXXIV Sympozjum Polarne, Sosnowiec, 14-16 czerwca 2012

Streszczenia referatów i posterów p.95

3198/A

ŁACHACZ A., KALISZ B., GIEŁWANOWSKA I., OLECH M.A., CHWEDORZEWSKA K.J.

Wpływ czynników środowiskowych na kształtowanie się gleb w okolicy Stacji Polarnej im. H. Arctowskiego (Wyspa Króla Jerzego, Szetlandy Południowe).

XXXIV Sympozjum Polarne, Sosnowiec, 14-16 czerwca 2012

Streszczenia referatów i posterów p.96

3199/A

SOBIECH-MATURA K., OLECH M.A., MIETELSKI J.W., MAŚNIAK A.

Badania poziomów aktywności radioizotopów ^{137}Cs , ^{40}K , $^{238+240}\text{Pu}$, ^{90}Sr oraz ^{241}Am w glebowych, roślinnych i zwierzęcych elementach ekosystemów Wyspy Króla Jerzego (Szetlandy Południowe, Antarktyka).

XXXIV Sympozjum Polarne, Sosnowiec, 14-16 czerwca 2012

Streszczenia referatów i posterów p.106

3200/A

WÓDKIEWICZ M., OLECH M.A., GALERA H., CHWEDORZEWSKA K.J.

Diaspores of an alien species in soil samples from King George Island (Antarctica).

XXXIV Sympozjum Polarne, Sosnowiec, 14-16 czerwca 2012

Streszczenia referatów i posterów p.115

3201/A

STACHYRA A., SAWICKA R., SĄCZYŃSKA V., SZEWCZYK B., GÓRA-SOCHACKA A., ZAGÓRSKI-OSTOJA W., SIRKO A.

Chicken immunization against influenza with DNA vaccine encoding hemagglutinin from H5n1 influenza virus.

The Fourth International Conference on Modern Vaccines Adjuvants & Delivery Systems, Copenhagen, Denmark, 4-6 July 2012

Abstracts BS

3202/A

WĘGRZYN G., MOSKOT M., NARAJCZYK M., JAKÓBKIEWICZ-BANECKA J., GABIG-CIMIŃSKA M.

Genistein enhances expression of TFEB, a regulator of lysosomal biogenesis.

12th International Symposium on MPS and Related Diseases, Noordwijkerhout, The Netherlands, 28 June - 1 July 2012

Abstracts p.86

3203/A

GABIG-CIMIŃSKA M., MOSKOT M., JAKÓBKIEWICZ-BANECKA J., WĘGRZYN G.
Ganistein-mediated gene expression-targeted isoflavone therapy for glycosaminoglycan and glycosphingolipid storage diseases.

12th International Symposium on MPS and Related Diseases, Noordwijkerhout,
The Netherlands, 28 June- 1 July 2012

Abstracts p.127

3204/A

MOSKOT M., JAKÓBKIEWICZ-BANECKA J., NARAJCZYK M., WĘGRZYN G.,
GABIG-CIMIŃSKA M.

Glycosaminoglycan level assessment in human fibroblasts following long-term exposure to genistein.

12th International Symposium on MPS and Related Diseases, Noordwijkerhout,
The Netherlands, 28 June- 1 July 2012

Abstracts p.131

3205/A

ANTOSIEWICZ A., SENKARA-BARWIJUK E., WIŃSKA P., WIELECHOWSKA M.,
CIEŚLA J., BRETNER M.

Dihydrofolate reductase phosphorylation catalyzed by CK2 α kinase and its influence on enzyme activity.

7th International Conference: Inhibitors of Protein Kinases, Warsaw, Poland, August 24th -
27th, 2012

Posters P1

3206/A

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

ABI1 phosphatase negatively regulates the activity of SnRK2.4 and SnRK2.8.

7th International Conference: Inhibitors of Protein Kinases, Warsaw, Poland, August 24th -
27th, 2012

Posters P9 p.38

3207/A

MASZKOWSKA J., DĘBSKI J., CIESIELSKI A., DADLEZ M., DOBROWOLSKA G.
Phosphoproteomic approaches to identification the candidates for SnRK2 protein kinases targets.

7th International Conference: Inhibitors of Protein Kinases, Warsaw, Poland, August 24th -
27th, 2012

Posters P10 p.39

3208/A

MIELECKI M., KRAWIEC K., LA RONDE-LeBLANC N., KIERDASZUK B., SZEJA W.,
ZAGÓRSKI-OSTOJA W., GRZELAK K., PRIEBE W., LESYNG B.

Pyridine caffeic acid benzyl ester (CABE) analogues target the ATP pocket of atypical RIO kinases.

7th International Conference: Inhibitors of Protein Kinases, Warsaw, Poland, August 24th -
27th, 2012

Posters P11 p.40

3209/A

POZNAŃSKI J., WAŚIK R., SHUGAR D.

Halogen bonding in protein kinase/ligand complexes vs a balance of hydrophobic and electrostatic interactions drives binding of majority of ligands.

7th International Conference: Inhibitors of Protein Kinases, Warsaw, Poland, August 24th - 27th, 2012

Abstracts L22p.25

3210/A

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

Influence of post-translational S-nitrosylation on the human apo-S100A1 protein structure.

XXVth International Conference on Magnetic Resonance in Biological Systems, Lyon, France, August 19-24, 2012

Abstracts p.404

3211/A

BAJAJ R., JAREMKO Ł., JAREMKO M., DE LA CRUZ L., REHLING P., BECKER S., ZWECKSTETTER M.

Interaction network of the intermembrane space domain of Tim23 in and across TIM23 in yeast mitochondria.

XXVth International Conference on Magnetic Resonance in Biological Systems, Lyon, France, August 19-24, 2012

Abstracts p. 656

3212/A

LUBECKA E., STODUS K., STANEK J., CIARKOWSKI J., KOŹMIŃSKI W., ZHUKOV I. Structural alterations during ubiquitin- activating process. Analysis of the intermediate of catalytic half-domain from E1 enzyme with covalently bonded ubiquitin by NMR spectroscopy.

XXVth International Conference on Magnetic Resonance in Biological Systems, Lyon, France, August 19-24, 2012

Abstracts p.463

3213/A

JAREMKO M., JAREMKO Ł., BAYER P., EJCHART A.

Tracking the temperature-induced protein structure changes.

XXVth International Conference on Magnetic Resonance in Biological Systems, Lyon, France, August 19-24, 2012

Abstracts p.317

3214/A

JAREMKO Ł., JAREMKO M., BAYER P., ZWECKSTETTER M., EJCHART A.

Functional dynamics of CsPinA parvulin as a function of temperature.

XXVth International Conference on Magnetic Resonance in Biological Systems, Lyon, France, August 19-24, 2012

Abstracts p.316

3215/A

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

Structural parameters obtained from N15 relaxation data in proteins.

XXVth International Conference on Magnetic Resonance in Biological Systems,

Lyon, France, August 19-24, 2012

Abstracts P180TH

3216/A

CZERWIŃSKA J., DĘBSKI J., BOHR V.A., TUDEK B., SPEINA E.

4-hydroxynonenal, a lipid peroxidation product of dietary polyunsaturated fatty acids, modulates WRN *via* histidine - and cysteine - specific modifications.

Polish-German Biochemical Societies Joint Meeting, Poznań, Poland, 11-14 September 2012

ABP vol.59 Suppl. 3/2012 p.10

3217/A

DZIUBAN D., SIEDLECKA J., NIEDERNHOFER L., KOWALCZYK P., ŚWIEŻEWSKA E., TUDEK B.

HPLC analysis of lipid profile of Ercc1^{-/-} mouse model of accelerated aging.

Polish-German Biochemical Societies Joint Meeting, Poznań, Poland, 11-14 September 2012

ABP vol.59 Suppl. 3/2012 p.10

3218/A

ŻMIENKO A., GÓRALSKI M., KULIK A., DUBICKA K., DOBROWOLSKA G., FIGLEROWICZ M.

Functional genomics approach to unveil new gene players in plant response to salinity.

Polish-German Biochemical Societies Joint Meeting, Poznań, Poland, 11-14 September 2012

ABP vol.59 Suppl. 3/2012 p.25

3219/A

SITKIEWICZ E., TARNOWSKI K.J., KULMA M., POZNAŃSKI J., DADLEZ M.

RAGE receptor dimeric structure studied by hydrogen-deuterium exchange monitored by mass spectrometry.

Polish-German Biochemical Societies Joint Meeting, Poznań, Poland, 11-14 September 2012

ABP vol.59 Suppl. 3/2012 p.21

3220/A

POLKOWSKA-KOWALCZYK L., OLSZAK K., TARWACKA J., MUSZYŃSKA G., WIELGAT B., SZCZEGIELNIAK J.

Involvement of protein kinases, MAPKs and CDPKs, in the response of *Solanum* genotypes to *Phytophthora infestans*.

Polish-German Biochemical Societies Joint Meeting, Poznań, Poland, 11-14 September 2012

ABP vol.59 Suppl. 3/2012 p.171

3221/A

PIECZYŃSKI M., MARCZEWSKI W., HENNIG J., DOLATA J., BIELEWICZ D., PIONTEK P., WYRZYKOWSKA A., KRUSIEWICZ D., STRZELCZYK-ŻYTA D., KONOPKA-POSTUPOLSKA D., KRZESŁOWSKA M., JARMOŁOWSKI A., SZWEYKOWSKA-KULIŃSKA Z.

Down-regulation of CBP80 gene expression as a strategy to engineer drought-tolerant potato.

Polish-German Biochemical Societies Joint Meeting, Poznań, Poland, 11-14 September 2012

ABP vol.59 Suppl. 3/2012 p.160

3222/A

SARNOWSKA E., ROLICKA A.T., BUCIOR E., CWIEK P., KLEPACZ A., SIEDLECKI P., GRATKOWSKA D., ZUGAJ D., ARAUJO W.L., FERNIE A.R., DANISZEWSKI M., SACHAROWSKI S., BALCERAK A., LYSZKOWSKI G., KONCZ C., JERZMANOWSKI A.J., SARNOWSKI T.J.

The use of modelling techniques, *Arabidopsis thaliana* mutant plants and mice with type II diabetes for identification of new regulators of process aberrant in metabolic diseases.

Molecular farming: plants as production platform for high value proteins, Warsaw, Poland, 5-7 September 2012

Final Program & Abstract Book p.12

3223/A

BAL W.

Novel non-enzymatic method of protein purification.

Molecular farming: plants as production platform for high value proteins, Warsaw, Poland, 5-7 September 2012

Final Program & Abstract Book p.13

3224/A

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

Plant-produced protein inhibitors protect fusion partners against digestion with proteases.

Molecular farming: plants as production platform for high value proteins, Warsaw, Poland, 5-7 September 2012

Final Program & Abstract Book p.26

3225/A

BANDURSKA K.M., PLUSKOTA K., REDKIEWICZ P.A., GÓRA-SOCHACKA A., BRODZIK R., MYGA-NOWAK M., KRUPA P., SIRKO A.

Kalanchoe and chamomile as a platform for production of biopharmaceutical.

Molecular farming: plants as production platform for high value proteins, Warsaw, Poland, 5-7 September 2012

Final Program & Abstract Book p.35

3226/A

BRONIATOWSKA B., STACHYRA A., SAWICKA R., GÓRA-SOCHACKA A., SIRKO A.

Anti-HA antibodies from immunized chicken - strategy design for cDNA cloning and plant-based expression.

Molecular farming: plants as production platform for high value proteins, Warsaw, Poland, 5-7 September 2012

Final Program & Abstract Book p.43

3227/A

BLACKFORD A.N., SCHWAB R.A., NIEMINUSZCZY J., NIEDŹWIEDŹ W.

FANCM safeguards the genome against replicative stress.

European Environmental Mutagen Society Annual Meeting, Warsaw, Poland, 16-20 September 2012

Abstracts p.34

3228/A

FIJAŁKOWSKA I.J.

Fidelity of DNA replication - the role of noncatalytic subunits of DNA polymerases.

European Environmental Mutagen Society Annual Meeting, Warsaw, Poland, 16-20

September 2012

Abstracts p.36**3229/A**

GRZESIUŁ E., MIELECKI D., MACIEJEWSKA A.M., POZNAŃSKI J., PIWOWARSKI J.

New AlkB homologs and their new functions.

European Environmental Mutagen Society Annual Meeting, Warsaw, Poland, 16-20

September 2012

Abstracts p.48**3230/A**

BRÓZDA I., KRÓL K., SKONECZNA A., SKONECZNY M.

Genome-wide screen for diploid *Saccharomyces cerevisiae* deletion strains hypersensitive to endonucleases overexpression reveals unknown genes counteracting gross chromosomal rearrangements.

European Environmental Mutagen Society Annual Meeting, Warsaw, Poland, 16-20

September 2012

Abstracts p.62**3231/A**

NIEMINUSZCZY J., SCHWAB R.A., NIEDŹWIEDŹ W.

FANCI promotes continuous DNA synthesis and maintenance of chromatin structure by suppressing replisome pausing.

European Environmental Mutagen Society Annual Meeting, Warsaw, Poland, 16-20

September 2012

Abstracts p.63**3232/A**

TUDEK B., WINCZURA A., SPEINA E., OLIŃSKI R.

DNA repair during development of colon cancer.

European Environmental Mutagen Society Annual Meeting, Warsaw, Poland, 16-20

September 2012

Abstracts p.82**3233/A**

MACIEJEWSKA A.M., POZNAŃSKI J., KUŚMIEREK J.T.,

AlkB dioxygenase preferentially repairs protonated substrates.

European Environmental Mutagen Society Annual Meeting, Warsaw, Poland, 16-20

September 2012

Abstracts p.101**3234/A**

BIEŁA A., COSTE F., CIEŚLA J. M., TUDEK B., CASTAING B.

DNA-base thio-analogs as Zinc finger oxidation agents – biochemical and structural investigation.

European Environmental Mutagen Society Annual Meeting, Warsaw, Poland, 16-20

September 2012

Abstracts p.105

3235/A

KANIAK-GOLIK A., DZIERZBICKI P., STYCZEŃ-BINKOWSKA E., CIEŚLA Z.
The role of the Nuc1 (EndoG/ExoG) nuclease in maintaining the stability of the mitochondrial genome in *Saccharomyces cerevisiae*.

European Environmental Mutagen Society Annual Meeting, Warsaw, Poland, 16-20
September 2012

Abstracts p.106

3236/A

WINCZURA A., BIELA A., CASTAING B., TUDEK B.

2-Thioxanthine modulates Base Excision Repair in K21 cells.

European Environmental Mutagen Society Annual Meeting, Warsaw, Poland, 16-20
September 2012

Abstracts p.111

3237/A

ZAWADA A., FLIS K., JONCZYK P., FIJAŁKOWSKA I.J.

Complementation of different mutant DPB2 yeast phenotypes with its human ortholog – POLE2.

European Environmental Mutagen Society Annual Meeting, Warsaw, Poland, 16-20
September 2012

Abstracts p.112

3238/A

DZIUBAN D., SIEDLECKA J., NIEDERNHOFER L., KOWALCZYK P., ŚWIEŻEWSKA E., TUDEK B.

Analysis of lipid profile of Ercc1^{-/-} mouse model of accelerated aging.

European Environmental Mutagen Society Annual Meeting, Warsaw, Poland, 16-20
September 2012

Abstracts p.123

3239/A

SPEINA E., CZERWIŃSKA J., DĘBSKI J., BOHR V.A., TUDEK B.

4-Hydroxy-2-nonenal, a lipid peroxidation product of dietary polyunsaturated fatty acids, modulates Werner protein *via* histidine and cysteine-specific modifications.

European Environmental Mutagen Society Annual Meeting, Warsaw, Poland, 16-20
September 2012

Abstracts p.135

3240/A

GRABOWSKA E., WRÓŃSKA U., DENKIEWICZ M., JASZCZUR M., FIJAŁKOWSKA I.J., JONCZYK P.

Psf1p subunit of GINS complex interacts with Dpb2p, noncatalytic subunit of Pol epsilon *via* its C-terminal domain.

European Environmental Mutagen Society Annual Meeting, Warsaw, Poland, 16-20
September 2012

Abstracts p.148

3241/A

CZERWIŃSKA J., JELENIEWICZ M., NOWAK M., KOSICKI K., SKOLIMOWSKA D., NIEDERNHOFER L., SPEINA E., TUDEK B.

Deregulation of base excision repair and lipid peroxidation products contribute to the Ercc1-/- mice phenotype.

European Environmental Mutagen Society Annual Meeting, Warsaw, Poland, 16-20

September 2012

Abstracts p.157

3242/A

KOSICKI K., KUCHARCZYK J., SKOLIMOWSKA D., CZERWIŃSKA J., SPEINA E., NIEDŹWIEDŹ W., TUDEK B.

Identification of DNA interstrand crosslinks created by lipid peroxidation products in Fanconi Anemia and Ercc1 deficient cells.

European Environmental Mutagen Society Annual Meeting, Warsaw, Poland, 16-20

September 2012

Abstracts p.165

3243/A

KRÓL K., BRÓZDA I., SKONECZNA A., SKONECZNY M.

Protection of yeast diploid cells against induced double strand breaks in DNA. Implications for involvement of vesicular trafficking in this process.

European Environmental Mutagen Society Annual Meeting, Warsaw, Poland, 16-20

September 2012

Abstracts p.167

3244/A

URBANEK-OLEJNIK K., LISZEWSKA M., WINCZURA A., KOSTKA G.

Changes in methylation status of the c-myc gene induced by Phenobarbital (PB) in comparison with DDT in the rat liver.

European Environmental Mutagen Society Annual Meeting, Warsaw, Poland, 16-20

September 2012

Abstracts p.172

3245/A

DYLEWSKA M., MACIEJEWSKA A.M.

1,N⁶- α -hydroxypropanoadenine – acrolein adduct to DNA is a new substrate for AlkB dioxygenase.

European Environmental Mutagen Society Annual Meeting, Warsaw, Poland, 16-20

September 2012

Abstracts p.181

3246/A

GARBACZ M., MAKIEŁA-DZBEŃSKA K., FLIS K., KRASZEWSKA J., JONCZYK P., FIJAŁKOWSKA I.J.

Role of Dpb2p, the noncatalytic subunit of DNA Polymerase epsilon (Pol ϵ), in the maintenance of high fidelity DNA synthesis in *Saccharomyces cerevisiae* cells.

European Environmental Mutagen Society Annual Meeting, Warsaw, Poland, 16-20

September 2012

Abstracts p.182

3247/A

LISZEWSKA M., URBANEK-OLEJNIK K., WINCZURA A., KOSTKA G.

Di-buthyl phthalate (DBP)-induced changes of c-myc and Dnmt1 expression in the rat liver.

European Environmental Mutagen Society Annual Meeting, Warsaw, Poland, 16-20

September 2012

Abstracts p.183

3248/A

PLACHTA M., HAŁAS A., PODLASKA A., ŚLEDZIEWSKA-GÓJSKA E.

Evaluation of mechanisms regulating cellular abundance of TLS polymerase eta in yeast.

European Environmental Mutagen Society Annual Meeting, Warsaw, Poland, 16-20

September 2012

Abstracts p.186

3249/A

PROROK P., SAINT-PIERRE C.H., GASPARUTTO D., ISCHENKO A.A., TUDEK B., SAPARBAEV M.K.

The nucleotide incision repair pathway participates in the removal of highly mutagenic exocyclic DNA adducts in human cells.

European Environmental Mutagen Society Annual Meeting, Warsaw, Poland, 16-20

September 2012

Abstracts p.199

3250/A

BIEDRZYCKA Z., KAMIENSKA-TRELA K., LIPÍŃSKA T., WÓJCIK J.

A comparison of experimental and theoretical $J(CC)$ couplings in a series of variously substituted 2-(pyridine-2-yl) indoles.

VIIth Symposium on Nuclear Magnetic Resonance in Chemistry, Physics and Biological Sciences, Warsaw, Poland, 26th-28th September 2012

Programme and Book of Abstracts P-2

3251/A

KAMIENSKA-TRELA K., DĄBROWSKI A., BIEDRZYCKA Z., WITANOWSKI M., WÓJCIK J.

Experimental and theoretical study on $J(CC)$ couplings in aromatic and heteroaromatic systems; unusually small $J(CC)$ couplings in Li, Mg and Cd derivatives.

VIIth Symposium on Nuclear Magnetic Resonance in Chemistry, Physics and Biological Sciences, Warsaw, Poland, 26th-28th September 2012

Programme and Book of Abstracts P-14

3252/A

POLKOWSKA-KOWALCZYK L., OLSZAK K., MACIEJEWSKA U., SZCZEGIELNIAK J., MUSZYŃSKA G., WIELGAT B.

Signalling pathways in *Solanum* genotypes induced by biotic stress.

XIII Ogólnopolska Konferencja Kultur *In Vitro* i Biotechnologii Roślin "Komórka roślinna obiektem manipulacji genetycznych i fizjologicznych", Rogów, Polska, 24-27 września 2012

BioTechnologia (2012) 93(2) p.253

3253/A

JAREMKO M., JAREMKO Ł., EJCHART A.

How reliable are NMR-derived structures within the ensemble? The ^{15}N relaxation studies. VIIth Symposium on Nuclear Magnetic Resonance in Chemistry, Physics and Biological Sciences, Warsaw, Poland, 26th-28th September 2012

Programme Book and Book of Abstracts C-10

3254/A

JAREMKO Ł., JAREMKO M., BAYER P., EJCHART A.

Can NMR studies help in understanding the enzyme adaptation to different thermal conditions?

VIIth Symposium on Nuclear Magnetic Resonance in Chemistry, Physics and Biological Sciences, Warsaw, Poland, 26th-28th September 2012

Programme Book and Book of Abstracts C-11

3255/A

SURMACZ Ł., ŚWIEŻEWSKA E.

AtCPT6- a novel *cis*-prenyltransferase from *Arabidopsis thaliana* involved in medium-chain polyisoprenoid synthesis.

Plant Natural Product: From Science to Bioproducts.

2nd Annual Conference, Cluj-Napoca, Romania, 26-28 September 2012

Book of Abstracts p.27

3256/A

JAREMKO M., JAREMKO Ł., EJCHART A.

Improving the accuracy and quality of the NMR-based globular protein structures – implications for ^{15}N relaxation data analysis.

53rd Experimental Nuclear Magnetic Resonance Conference, Miami, Florida, USA, 15-20 April 2012

Abstracts BS

3257/A

JAREMKO Ł., JAREMKO M., BAYER P., ZWECKSTETTER M., EJCHART A.

The backbone functional dynamics of cold-adapted peptidyl-prolyl isomerase CsPinA-the ^{15}N relaxation studies at four magnetic fields.

53rd Experimental Nuclear Magnetic Resonance Conference, Miami, Florida, USA, 15-20 April 2012

Abstracts BS

3258/A

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

Interactions of small molecular ligands with membrane proteins.

EUROMAR Magnetic Resonance Conference, Dublin, Ireland, 1-5 July 2012

Abstracts p.120

3259/A

JAREMKO M., BIBOW S., OZENNE V., JAREMKO Ł., BIERNAT J., BLACKLEDGE M., MENDELKOW E., ZWECKSTETTER M.

Interaction of monomeric and aggregation inhibitors.

EUROMAR Magnetic Resonance Conference, Dublin, Ireland, 1-5 July 2012

Abstracts p.131

3260/A

JAREMKO Ł., JAREMKO M., BAYER P., ZWECKSTETTER M., EJCHART A.
Impact of temperature on functional dynamics of CaPinA parvulin.
12th Chianti / INSTRUCT Workshop on BioNMR Electron and Nuclear Relaxation for
Structural Biology, Montecatini Terme, Italy, 17-22 June 2012
Book of Abstracts P 14 /p.73

3261/A

JAREMKO Ł., JAREMKO M., BAYER P., EJCHART A.
Probing the protein structure beyond its optimal physiological temperature.
12th Chianti / INSTRUCT Workshop on BioNMR Electron and Nuclear Relaxation for
Structural Biology, Montecatini Terme, Italy, 17-22 June 2012
Book of Abstracts P 15 /p.74

3262/A

JÓŹWIAK A., BUJNOWSKI Z., BRZOZOWSKI R., ŚWIEŻEWSKA E.
Supercritical fluid extraction of polyisoprenoid alcohols from natural samples.
ABMB Special Symposia Series, Frontiers in Lipid Biology, Banff, Alberta, Canada, 5-9
September 2012
Abstracts 2322

3263/A

GAWARECKA K., GAWRYŚ O., KOMPANOWSKA-JEZIERSKA E., ŚWIEŻEWSKA E.
Desmopressin-liposomal formula for *in vivo* drug delivery.
ABMB Special Symposia Series, Frontiers in Lipid Biology, Banff, Alberta, Canada, 5-9
September 2012
Abstracts 2283

3264/A

DZIUBAN D., SIEDLECKA J., NIEDERNHOFER L., KOWALCZYK P., ŚWIEŻEWSKA E.,
TUDEK B.
HPLC analysis of lipid profile in ERCC1-/- mouse tissue as model of accelerated aging.
Lipid signaling and cancer, Vico Equense, Italy, 4-10 October 2012
Programme and Abstract, p.53

3265/A

KUJAWA M., BOROWSKI R., BARTOSIK A.A., JAGURA-BURDZY G., KRASZEWSKA E.
Search for cellular partners of NudC and YgdP Nudix proteins, the potential virulence factors
from *Pseudomonas aeruginosa*.
22nd IUMB & 37th FEBS Congress, Seville, Spain, 4-9 September 2012
FEBS Journal (2012) Volume 279, Issue Supplement s1, p.466

3266/A

MODZELAN M., BARTOSIK A.A., JAGURA-BURDZY G., KRASZEWSKA E.
Promotor sequence determination of *nudC* gene encoding Nudix-type, novel regulatory
growth factor from plant pathogen *Pseudomonas syringae* pv. tomato str DC 3000.
22nd IUMB & 37th FEBS Congress, Seville, Spain, 4-9 September 2012
FEBS Journal (2012) Volume 279, Issue Supplement s1, p.467

3267/A

SZATRAJ K., BARDOWSKI J.K., ALEKSANDRZAK-PIEKARCZYK T.

YebF (ClaR) – a novel positive regulator and its role in the regulation of the *celB*, *ptcA* and *bglS* lactose and cellobiose assimilation genes in *Lactococcus lactis* IL1403.

22nd IUMB & 37th FEBS Congress, Seville, Spain, 4-9 September 2012

FEBS Journal (2012) Volume 279, Issue Supplement s1, p.282

3268/A

KROTEN M.A., RUTOWICZ K., LIRSKI M., PUZIO M., KUCIŃSKI J., SIEDLECKI P., JERZMANOWSKI A.J.

H1.3 linker histone in adaptation to stress in *Arabidopsis thaliana*.

22nd IUMB & 37th FEBS Congress, Seville, Spain, 4-9 September 2012

FEBS Journal (2012) Volume 279, Issue Supplement s1, p.46

3269/A

SACHAROWSKI S., ROLICKA A.T., BUCIOR E., PAWLIKOWSKA K.P., SARNOWSKI T.J., JERZMANOWSKI A.J.

Analysis of expression and identification of interacting partners of ATSWP73A and ATSWP73B subunits of *Arabidopsis* SWI/SNF-type chromatin remodeling complex.

22nd IUMB & 37th FEBS Congress, Seville, Spain, 4-9 September 2012

FEBS Journal (2012) Volume 279, Issue Supplement s1, p.83

3270/A

ROLICKA A.T., BUCIOR E., SARNOWSKA E., GRATKOWSKA D., ARCHACKI R., DAVIS S.J., KONCZ C., SARNOWSKI T.J., JERZMANOWSKI A.J.

ATSWI3C subunit of the *Arabidopsis* SWI/SNF chromatin remodeling complex is involved in the GA response pathway.

22nd IUMB & 37th FEBS Congress, Seville, Spain, 4-9 September 2012

FEBS Journal (2012) Volume 279, Issue Supplement s1, p.84

3271/A

SCIFO E., SCHMIEDT M.-L., UUSI-RAUVA K., KESTI T., DĘBSKI J., DADLEZ M., KYTTALA A., BAUMANN M., JALANKO A., LALOWSKI M.

Systematic approaches towards drafting the neuronal ceroid lipofuscinoses interactome.

22nd IUMB & 37th FEBS Congress, Seville, Spain, 4-9 September 2012

FEBS Journal (2012) Volume 279, Issue Supplement s1, p.519

3272/A

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

The analysis of putative antiallergic potential of three *Lactobacillus* strains in the global phenotypic approach.

22nd IUMB & 37th FEBS Congress, Seville, Spain, 4-9 September 2012

FEBS Journal (2012) Volume 279, Issue Supplement s1, p.108

3273/A

RAK M., OCHALEK A., BIELECKA E., MASNYK M., CHOJNACKI T., CIEPICHAŁ E., ŚWIEŻEWSKA E., MADEJA Z.

Study of the lipofecting activity of polyprenyltrimethylammonium iodides (PTAI): efficient transfection of various cell types with negatively charged serum compatible lipoplexes.

22nd IUMB & 37th FEBS Congress, Seville, Spain, 4-9 September 2012

FEBS Journal (2012) Volume 279, Issue Supplement s1, p.105

3274/A

ŻYLIŃSKA J., CHMIELEWSKA M.M., KOŁAKOWSKI P., PAWLIKOWSKA K.P., SIEMIANOWSKI K., SZPENDOWSKI J., BOHDZIEWICZ K., BARDOWSKI J.K.

Charakterystyka dzikich szczepów z rodzajów *Lactococcus* i *Lactobacillus*, pozyskanych dla produkcji żywności bezpośrednio z próbek mleka z różnych regionów Polski.

Characterisation of *Lactococcus* and *Lactobacillus* wild type strains, isolated for food production directly from milk samples from various regions of Poland.

XXVII Zjazd Polskiego Towarzystwa Mikrobiologów "Drobnoustroje bez granic", Lublin, Polska, 5-8 września 2012

Program BS

3275/A

GRYŁAK A., AUCOUTURIER A., DELUMEAU O., NOIROT P., BARDOWSKI J.K., BINDENKO E.

Identyfikacja Rho-specyficznych kompleksów białkowych w *Bacillus subtilis* przy użyciu sekwencyjnej chromatografii powinowactwa.

Identification of Rho-specific protein complexes using Sequential Peptide Affinity System in *Bacillus subtilis*.

XXVII Zjazd Polskiego Towarzystwa Mikrobiologów „Drobnoustroje bez granic”, Lublin, Polska, 5-8 września 2012

Program BS

3276/A

SZMYTKOWSKA A., KOWALCZYK M., TYSKI S., BARDOWSKI J.K.

Zastosowanie MALDI-TOF MS oraz sekwencjonowania 16S rDNA w identyfikacji *Lactobacillus* spp. izolowanych z ziaren kefirowych.

MALDI-TOF MS and 16S rDNA gene sequencing for the identification of *Lactobacillus* spp. isolated from kefir grains.

XXVII Zjazd Polskiego Towarzystwa Mikrobiologów „Drobnoustroje bez granic”, Lublin, Polska, 5-8 września 2012

Program BS

3277/A

PYTKA M., BARDOWSKI J.K., TARGOŃSKI Z.

Charakterystyka regionu regulatorowego genu *pul* kodującego pullulanazę u *Lactococcus lactis*. Characteristics of *pul* gene regulator region coding pullulanase by *Lactococcus lactis*.

XXVII Zjazd Polskiego Towarzystwa Mikrobiologów „Drobnoustroje bez granic”, Lublin, Polska, 5-8 września 2012

Program BS

3278/A

OBSZAŃSKA K., KERN-ZDANOWICZ I., DMOWSKI M., SITKIEWICZ I.

Sekwencjonowanie i analiza genomu inwazyjnego szczepu *Streptococcus anginosus*.

Genome sequencing and analysis of invasive *Streptococcus anginosus*.

XXVII Zjazd Polskiego Towarzystwa Mikrobiologów „Drobnoustroje bez granic”, Lublin, Polska, 5-8 września 2012

Program BS

3279/A

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

Plant-produced protein inhibitors protect fusion partners against digestion with proteases.

V Annual Meeting of COST Action FA0804: Molecular Farming, Warsaw, Poland, 5-7 September 2012

Scientific Program BS

3280/A

BANDURSKA K.M., PLUSKOTA K., REDKIEWICZ P.A., GÓRA-SOCHACKA A., BRODZIK R., MYGA-NOWAK M., KRUPA P., SIRKO A.

Kalanchoe and chamomile as a platform for production of biopharmaceuticals.

V Annual Meeting of COST Action FA0804: Molecular Farming, Warsaw, Poland, 5-7 September 2012

Scientific Program BS

3281/A

MARKOWSKI M., BRONIATOWSKA B., DŁUGOSZ M.

Influence of jasmonic acid and chitosan on synthesis and realase of triterpenoids in *Calendula officinalis* L. hairy root culture.

Plant - The Source of Research Material.

2nd International Conference and Workshop, Lublin, 18-22 październik 2012

Scientific Program p.244

3282/A

TUDEK B., WINCZURA A., SPEINA E.

Repair of oxidative DNA damage in colon cancer.

6th DNA Repair Workshop, Smolenice Castle, Slovakia, June 3-7, 2012

Book of Abstracts p.28

3283/A

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

Lipid peroxidation product, *trans-4-hydroxy-2-nonenal*, modulates base excision repair.

6th DNA Repair Workshop, Smolenice Castle, Slovakia, June 3-7, 2012

Book of Abstracts p.34

3284/A

SPEINA E., CZERWIŃSKA J., BOHR V.A., TUDEK B.

4-Hydroxynonenal, a lipid peroxidation product of dietary polyunsaturated fatty acids, modulates WRN via histidine- and cysteine-specific modifications.

6th DNA Repair Workshop, Smolenice Castle, Slovakia, June 3-7, 2012

Book of Abstracts p.43

3285/A

JAROCKA U., SAWICKA R., STACHYRA A., POREBSKA A., SĄCZYŃSKA V., SZEWCZYK B.

Specific detection of hemagglutinin H5 from influenza A H5N1 virus by immunosensor based on gold electrode.

6th Vaccine & ISV Congress, Shanghai, China, 14-16 October 2012

Abstracts BS

3286/A

STACHYRA A., SAWICKA R., SĄCZYŃSKA V., SZEWCZYK B., GÓRA-SOCHACKA A., ZAGÓRSKI-OSTOJA W.

DNA immunization of broilers against H5N1 influenza virus.

6th Vaccine & ISV Congress, Shanghai, China, 14-16 October 2012

Abstracts BS

3287/A

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

The effect of chloroacetaldehyde on M13mp18 phage replicated in *Escherichia coli* JM 105 *alkB* strain.

XVIth Gliwice Scientific Meetings 2012, Gliwice, November 16-17, 2012

Book of Abstracts p.123

3288/A

STANEK J., AUGUSTYNIAK R., FERRAGE F., GEIST L., KONRAT R., NOWAKOWSKI M., RUSZCZYŃSKA-BARTNIK K., KOŹMIŃSKI W.

High-resolution four-dimensional experiments for structure determination of biomolecules.

3rd Annual East-NMR User Meeting, Laško, Slovenia, November 13-16, 2012

Abstracts p.77

3289/A

JAREMKO Ł., JAREMKO M., BAYER P., EJCHART A.

Adaptation of enzyme to different thermal conditions studied by NMR spectroscopy.

Catalyzing Sustainable Innovation.

64th Southeastern Regional Meeting of the American Chemical Society, Raleigh, North Carolina, 14-17 November 2012

Abstracts BS

3290/A

JAREMKO M., JAREMKO Ł., EJCHART A.

Structural and dynamics studies of FCCH domain.

Catalyzing Sustainable Innovation.

64th Southeastern Regional Meeting of the American Chemical Society, Raleigh, North Carolina, 14-17 November 2012

Abstracts BS

3291/A

DĄBROWSKI K., HEJNOWICZ M.S., GAJEWSKA J., ŁOBOCKA M.B.

The genome of phiKDA1 podovirus – a new EPS depolymerase producing member of phiKMV supergroup that infects multiresistant *Enterobacter cloacae* strains.

Viruses of Microbes. From exploration to applications in the – omics era.

EMBO Conference Series, Brussels, Belgium, July 16-20 2012

Abstract Book BS

3292/A

GŁOWACKA A., DĄBROWSKI K., HEJNOWICZ M.S., GOZDEK A., EMPEL J.,
KWIATEK M., PARASION S., WEBER-DĄBROWSKA B., HRYNIEWICZ W.,
ŁOBOCKA M.B.

Staphylococcal nematode infections as a model system for pre-testing of potential therapeutic phages.

Viruses of Microbes. From exploration to applications in the – omics era.

EMBO Conference Series, Brussels, Belgium, July 16-20 2012

Abstract Book BS

3293/A

ŁOBOCKA M.B., HEJNOWICZ M.S., DĄBROWSKI K., GOZDEK A., KOSAKOWSKI J.,
WITKOWSKA M., ULATOWSKA M.I., WEBER-DĄBROWSKA B., KWIATEK M.,
PARASION S.

Comparative genomics of staphylococcal Twort-like phages – potential therapeutics of the post-antibiotic era.

Viruses of Microbes. From exploration to applications in the – omics era.

EMBO Conference Series, Brussels, Belgium, July 16-20 2012

Abstract Book BS

3294/A

HEJNOWICZ M.S., ULATOWSKA M.I., SADOWY E., WEBER-DĄBROWSKA B.,
ŁOBOCKA M.B.

Virion DNA termini of bacteriophage A5W – a representative of staphylococcal twort – like myoviruses of potential therapeutic applications.

Bacteriophages and probiotics – alternatives to antibiotics.

Tbilisi, Georgia, July 1-4 2012

Abstract Book p.66

3295/A

DĄBROWSKI K., HEJNOWICZ M.S., GAJEWSKA J., ŁOBOCKA M.B.

Potential therapeutic properties of a new podovirus specific against a multiresistant *Enterobacter cloacae* strains.

Proceedings of XIII Conference DIAGMOL 2012 : Molecular biology in diagnostics of infectious diseases and biotechnology, WULS-SGGW in Warsaw, Poland, 24 November 2012

Abstract Book p.119

3296/A

GŁOWACKA A., DĄBROWSKI K., HEJNOWICZ M.S., GOZDEK A., EMPEL J.,
KWIATEK M., PARASION S., WEBER-DĄBROWSKA B., HRYNIEWICZ W.,
ŁOBOCKA M.B.

The therapeutic effect of selected myoviruses and podoviruses on *Caenorhabditis elegans* infected with clinically relevant *Staphylococcus aureus* strains.

Proceedings of XIII Conference DIAGMOL 2012 : Molecular biology in diagnostics of infectious diseases and biotechnology, WULS-SGGW in Warsaw, Poland, 24 November 2012

Abstract Book p.130

3297/A

HEJNOWICZ M.S., ULATOWSKA M.I., SADOWY E., WEBER-DĄBROWSKA B., ŁOBOCKA M.B.

Analysis of long terminal repeats in virion DNA of staphylococcal therapeutic phage A5W. Proceedings of XIII Conference DIAGMOL 2012: Molecular biology in diagnostics of infectious diseases and biotechnology, WULS-SGGW in Warsaw, Poland, 24 November 2012

Abstract Book p.135

3298/A

KOSAKOWSKI J., DĄBROWSKI K., HEJNOWICZ M.S., WEBER-DĄBROWSKA B., ŁOBOCKA M.B.

Genome analysis of a transposable *Pseudomonas aeruginosa* bacteriophage.

Proceedings of XIII Conference DIAGMOL 2012: Molecular biology in diagnostics of infectious diseases and biotechnology, WULS-SGGW in Warsaw, Poland, 24 November 2012

Abstract Book p.149

3299/A

ŁOBOCKA M.B., HEJNOWICZ M.S., DĄBROWSKI K., GOZDEK A., KOSAKOWSKI J., WITKOWSKA M., ULATOWSKA M.I., WEBER-DĄBROWSKA B., KWIATEK M., PARASION S., GAWOR J., KOSOWSKA H.

High conservation of staphylococcal Twort-like phages genomes and border regions of their non-redundant DNA.

Proceedings of XIII Conference DIAGMOL 2012: Molecular biology in diagnostics of infectious diseases and biotechnology, WULS-SGGW in Warsaw, Poland, 24 November 2012

Abstract Book p.156

3300/A

GAĞAŁA U., DĘBSKI J., JANKIEWICZ U., DADLEZ M., ŁOBOCKA M.B.

Unexpected components of bacteriophage P1 virions.

Proceedings of XIII Conference DIAGMOL 2012: Molecular biology in diagnostics of infectious diseases and biotechnology, WULS-SGGW in Warsaw, Poland, 24 November 2012

Abstract Book p.124

3301/A

GIERMASIŃSKA K., GAĞAŁA U., ŁOBOCKA M.B.

A potential of bacteriophage P1 as a tool to study selected plant - associated bacteria.

Proceedings of XIII Conference DIAGMOL 2012: Molecular biology in diagnostics of infectious diseases and biotechnology, WULS-SGGW in Warsaw, Poland, 24 November 2012

Abstract Book p.126

3302/A

WOŹNICA W., WITKOWSKA M., GAĞAŁA U., ŁOBOCKA M.B.

Synergism between enterobacterial phage endolysin and selected antibiotics.

Proceedings of XIII Conference DIAGMOL 2012: Molecular biology in diagnostics of infectious diseases and biotechnology, WULS-SGGW in Warsaw, Poland, 24 November 2012

Abstract Book p.237

3303/A

NOWAKOWSKI M., STANEK J., RUSZCZYŃSKA-BARTNIK K., EJCHART A., KOŹMIŃSKI W.

Selective diagonal-suppressed doubly carbon-edited aliphatic-aromatic NOESY experiment with non-uniform sampling.

XLIV Polish Seminar on Nuclear Magnetic Resonance and Its Applications, Kraków, 3-4

December 2012

Abstracts p.41

3304/A

EJCHART A.

Studies of biomolecules and their complexes by nuclear magnetic relaxation.

XLIV Polish Seminar on Nuclear Magnetic Resonance and Its Applications, Kraków, 3-4

December 2012

Abstracts p.12

3305/A

LESZCZYŃSKA A., GÓRA M., PŁOCHOCKA D., HOSER G., PRYMAKOWSKA-BOSAK M., IWANICKA-NOWICKA R., KOTLIŃSKI M., KILISZEK M., SZKOPIŃSKA A., BURZYŃSKA B.

Analiza zmian w profilu ekspresji genów w komórkach HepG2 poddanych działaniu różnych statyn.

Geny i Leki, I Polski Kongres Farmakogenetyki, VI Kongres PTFKIT, Poznań, 27-28 listopad 2012

Program str.33

3306/A

SYGITOWICZ G., MACIEJAK A., PAWLAK M., GAJDA S., PINIEWSKA J., BURZYŃSKA B., OPOLSKI G., DŁUŻNIEWSKI M., SITKIEWICZ D.

Wpływ atorwastatyny na ekspresję genu mieloperoksydazy (MPO) i stężenie białka C-reaktywnego (CRP) u pacjentów z chorobą niedokrwienną serca.

Geny i Leki, I Polski Kongres Farmakogenetyki, VI Kongres PTFKIT, Poznań, 27-28 listopad 2012

Program str.33

3307/A

MACIEJAK A., LESZCZYŃSKA A., KAMIŃSKA J., PŁOCHOCKA D., GÓRA M., WIEK I., TUŁACZ D., SIEDLECKA J., ŚWIEŻEWSKA E., SOJKA M., DANIKIEWICZ W., SYGITOWICZ G., BURZYŃSKA B.

Badanie wpływu statyn na komórkę z użyciem drożdży *Saccharomyces cerevisiae*.

Geny i Leki, I Polski Kongres Farmakogenetyki, VI Kongres PTFKIT, Poznań, 27-28 listopad 2012

Program str. 34

3308/A

KILISZEK M., BURZYŃSKA B., MICHALAK M., GÓRA M., WINKLER A., MACIEJAK A., LESZCZYŃSKA A., GAJDA E., KOCHANOWSKI J., OPOLSKI G.

Zmiany w profilu ekspresyjnym genów u pacjentów z ostrym zawałem mięśnia sercowego.

Geny i Leki, I Polski Kongres Farmakogenetyki, VI Kongres PTFKIT, Poznań, 27-28 listopad 2012

Program str.38

3309/A

TUŁACZ D., GÓRA M., MACIEJAK A., MACKIEWICZ U., MĄCZEWSKI M.,
BURZYŃSKA B.

Poszukiwanie nowych białek o kluczowym znaczeniu w rozwoju pozawałowej niewydolności serca w szczurzym modelu eksperymentalnym.

Geny i Leki, I Polski Kongres Farmakogenetyki, VI Kongres PTFKIT, Poznań, 27-28 listopada 2012

Program str. 51

3310/A

SKONECZNA A., BRÓZDA I., KRÓL K., SKONECZNY M.

Gene deletions sensitizing yeast *Saccharomyces cerevisiae* cells to double strand breaks frequently provoke gross chromosomal rearrangements.

GRC Conference - Mutagenesis. A Delicate Balance: Cellular Mutation Pathways in Genetic Stability and Disease, Newport, USA, 19-24 August 2012

Abstracts BS

3311/A

DMOWSKI M., GOŁĘBIEWSKI M., KERN-ZDANOWICZ I.

A new tool designed to introduce plasmids into α -, β - and γ -*Proteobacteria* based on the pCTX-M3 plasmid conjugation system.

International Plasmid Biology Conference, Santander, Spain, 12nd - 16th September 2012

Program BS

3312/A

GŁĄBSKI K., BARTOSIK A.A., CHOMCZYK K., JECZ P., JAGURA-BURDZY G.

FleN, the flagella synthesis inhibitor, directly interacts with ParB in *Pseudomonas aeruginosa*.

6th ASM Conference on Biofilms, Miami, USA, September 29 - October 4 2012

Program BS

3313/A

JECZ P.

Interactions between *parS*, centromere-like sequences, and their cognate protein ParB in *Pseudomonas aeruginosa* PAO1161.

Joint Symposium of the International PhD Programs, Pułtusk, 5-8 października 2012

Program BS

3314/A

LUDWICZAK M., MARKOWSKA A., SZARLAK J., JAGURA-BURDZY G.

KorC protein as a global transcriptional repressor of RA3 plasmid.

International Plasmid Biology Conference, Santander, Spain, 12nd -16th September 2012

Program BS

3315/A

SZARLAK J., PRZYŁUSKI M., KULIŃSKA A., JAGURA-BURDZY G.

Characterization of MobC putative conjugative auxiliary protein from RA3 plasmid (IncU incompatibility group).

International Plasmid Biology Conference, Santander, Spain, 12nd -16th September 2012

Program BS

3316/A

MARKOWSKA A., KULIŃSKA A., JAGURA-BURDZY G.

RepA repressor from RA3 plasmid binds specifically to one of the palindromic sequences in the *repAp* region.

International Plasmid Biology Conference, Santander, Spain, 12nd -16th September 2012

Program BS

3317/A

ASTIER J., WAWER I., BESSON-BARD A., OLIVIER L., JEANDROZ S., TERENCE H., DOBROWOLSKA G., WENDEHENNE D.

GAPDH, NtOSAK and CDC48, a conserved chaperone-like AAA-ATPase, as nitric oxide targets in response to (a)biotic stresses.

7th International Conference on the Biology, Chemistry and Therapeutic Application of Nitric Oxide, Edinburgh, Scotland, 22-26 July 2012

Nitric Oxide-Biology and Chemistry (2012) vol.27 Supplement 1, p.S9

3318/A

FIJAŁKOWSKA I.J., WRÓŃSKA U., GRABOWSKA E., JASZCZUR M., GRABOWSKI K., DENKIEWICZ M., JONCZYK P.

The proper functioning of GINS complex is important in maintaining genome stability in *S. cerevisiae*.

Maintenance of Genome Stability, Nassau, Bahamas, 5-8 March 2012

Program & Abstract Book p.92

3319/A

HAŁAS A., PODLASKA A., McINTYRE J., PŁACHTA M., ŚLEDZIEWSKA-GÓJSKA E.

An interplay between mechanisms engaged in DNA damage tolerance.

Maintenance of Genome Stability, Nassau, Bahamas, 5-8 March 2012

Program & Abstract Book p.160

3320/A

JASTRZĘBSKA Ż., CHOŁBIŃSKI P., GOURLAY C., KUCHARCZYK R., ŻOŁĄDEK T.

Phosphorylation of Rsp5 ubiquitin ligase in protein kinase A consensus site partially deactivates the ligase and increases cell death.

Yeast Genetics & Molecular Biology, Princeton, USA, 31 July-5 August 2012

Abstracts p.106

3321/A

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

The ubiquitin ligase Rsp5 is involved in tRNA biogenesis in yeast.

XXIV tRNA Conference (Formerly tRNA Workshop), Olmue, Chile, 2-6 December 2012

Abstracts p.72

3322/A

SIEDLECKA J., DZIUBAN D., NIEDERNHOFER L., TUDEK B., ŚWIEŻEWSKA E.

Lipid profile of *Ercc1*^{-/-} mouse of accelerated aging.

Lipids: from Lipidomics to Disease and Green Energy, Island of Spetses, Greece, 23-29 August 2012

Program & Abstract book p.49

3323/A

SPEINA E., CZERWIŃSKA J., DĘBSKI J., BOHR V.A., TUDEK B.

Helicase and exonuclease activities of Werner protein are modulated by 4-hydroxy-2-nonenal through histidine-, cysteine- and lysine-specific modifications.

Conference on Visualizing of senescent cells *in vitro* and *in vivo*, Warsaw, Poland, 15-16 December 2012

Programme and Abstracts p.42-43

3324/A

CZERWIŃSKA J., JELENIEWICZ M., NOWAK MAŁGORZATA, KOSICKI K., SKOLIMOWSKA D., NIEDERNHOFER L., SPEINA E., TUDEK B.

Can deregulation of base excision repair by lipid peroxidation promote premature aging phenotype of ERCC1^{-/-} mice?

Conference on Visualizing of senescent cells *in vitro* and *in vivo*, Warsaw, Poland, 15-16 December 2012

Programme and Abstracts p.90-91

3325/A

TUDEK B., SPEINA E., WINCZURA A., LUDWICZAK H., CHMIELARCZYK M., OLIŃSKI R.

Repair of oxidative DNA damage during development of colon cancer.

XVIth Gliwice Scientific Meetings 2012, Gliwice, Poland, 16-17 November 2012

Abstracts p.20

3326/A

CZERWIŃSKA J., DĘBSKI J., BOHR V.A., TUDEK B., SPEINA E.

The lipid peroxidation product, 4-hydroxy-2-nonenal covalently modifies human RecQ helicase associated with premature aging phenotype, Werner protein, and affects its activity.

XVIth Gliwice Scientific Meetings 2012, Gliwice, Poland, 16-17 November 2012

Abstracts p.74

3327/A

SPEINA E., KOSICKI K., CZERWIŃSKA J., PSZCZÓŁKOWSKA D., NIEDŹWIEDŹ W., TUDEK B.

Endogenous factors responsible for the phenotype of cells defective in fanconi anemia pathway and RecQ family helicases.

XVIth Gliwice Scientific Meetings 2012, Gliwice, Poland, 16-17 November 2012

Abstracts p.82

3328/A

GYENIS L., TUROWIEC J.P., KUŚ A., BRETNER M., LITCHFIELD D.W.

Chemical proteomics and functional proteomics strategies for protein kinase inhibitor validation and protein kinase substrate identification: applications to protein kinase CK2.

7th International Conference: Inhibitors of Protein Kinases, Warsaw, Poland, August 24th - 27th, 2012

Posters L16, p.19

3329/A

SINGH D.K., MIAZGA A.A., DĄBROWSKA A., LIPNIACKI A., PIASEK A., SHUGAR D., KULIKOWSKI T.

New 5'-O-myristoylated derivatives of stavudine with potent anti-HIV activity and low cytotoxicity.

Polish-German Biochemical Societies Joint Meeting, Poznań, Poland, 11-14 September 2012

Abstracts p.204

3330/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.

Phosphorylation & G-Protein Mediated Signaling Networks, Biddeford, USA, 10-15 June 2012

Abstracts BS

3331/A

CHROBOCZEK J., SZOŁAJSKA E., SZURGOT I., ŻOCHOWSKA M., LAURIN D., FIGUET A.-M., JEMIELITY J., CHAPEROT L., KOWALSKA J., DUFOUR F.

Adenovirus dodecahedron as a delivery platform for therapeutic agents.

12th European Symposium on Controlled Drug Delivery, Egmond aan Zee, The Netherlands, 4-6 April 2012

Abstracts BS

3332/A

BORKIEWICZ L., LEWANDOWSKA-GNATOWSKA E., WÓYCICKI R., MUSZYŃSKA G., SZCZEGIELNIAK J.

The involvement of maize Calcium-Dependent Protein Kinase (ZmCPK11) in ABA signaling.

Gordon Research Conference: Salt and Water Stress in Plants, Hong Kong, China, 24-29 June 2012

Abstracts BS

3333/A

KUJDA M., ADAMCZYK Z., NATTICH-RAK M., WARSIŃSKA M., JAGURA-BURDZY G., ADAMCZYK M.A.

KfrA protein of R751 plasmid study by DLS microelectrophoresis and AFM method.

22nd IUMB&37th FEBS Congress, Seville, Spain, 4-9 September 2012

FEBS Journal (2012) vol. 279 supplement s1, p. 516

3334/A

RYMASZEWSKI W., KONOPKA-POSTUPOLSKA D., JÓŻWIAK A., ŚWIEŻEWSKA E., HENNIG J.

The role of nnexin 1 in plasma membrane protection in *Arabidopsis*.

EMBO Practical Course: Lipid Mass Spectrometry and Lipidomics, Swansea, United Kingdom, 19-24 August 2012

Abstracts BS

3335/A

SZALONEK M., MARCZEWSKI W., HENNIG J., KONOPKA-POSTUPOLSKA D.

Enhance of drought-tolerance of potato through elevation of annexin level.

Gordon Research Conference: Salt and Water Stress in Plants, Hong Kong, China, 24-29 June 2012

Abstracts BS

3336/A

KONOPKA-POSTUPOLSKA D.

Phenotyping-a new perspective for crop plant research: the case of potato engineered toward enhance drought tolerance.

EPPN Workshop: Plant Phenotyping, Warsaw, Poland, 11th of May 2012

Abstracts p.2

3337/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.

Plant-Microbe Interactions, EMBO Practical Course, Norwich, United Kingdom, 18-29 June 2012

Abstracts BS

3338/A

RYMASZEWSKI W., LICHOCKA M., HENNIG J., KONOPKA-POSTUPOLSKA D.

The role of annexin 1 in plasma membrane protection in *Arabidopsis*.

23rd International Conference on Arabidopsis Research (ICAR 2012), Vienna, Austria, 3rd-7th July 2012

Abstracts p.95

3339/A

JANIK A., NIEWIADOMSKA M., GAWARECKA K., ŚWIEŻEWSKA E., PALAMARCZYK G.

Candida albicans DFG10 null mutant demonstratives impaired dolichol reduction and defective morphogenesis.

10th Jenner Glycobiology and Medicine Symposium, Hague, Netherlands, 31 March - 13 April 2012

Abstracts BS

3340/A

JANIK A., NIEWIADOMSKA M., GAWARECKA K., ŚWIEŻEWSKA E., PALAMARCZYK G.

Defect in dolichol assembly affects morphogenesis of *Candida albicans*.

FCWB 2012 - Vth International Conference on Molecular Mechanisms of Fungal Cell Wall Biogenesis, Primosten, Croatia, 6th-9th June 2012

Abstracts BS

3341/A

GOCH G., BAL W., WYSŁOUCH-CIESZYŃSKA A., POZNAŃSKI J.

Analytical models for the analysis of ITC experiments.

CCTA 11 - 11th Conference on Calorimetry and Thermal Analysis, Zakopane, Poland, 9-13 September 2012

Book of Abstracts p.107

3342/A

KOZIOROWSKI D., JUREK M., POZNAŃSKI J., HOFFMAN-ZACHARSKA D.,
FRIEDMAN A.

The SNCA gene two novel missense mutations in Parkinson's disease.

16th International Congress of Parkinson's Disease and Movement Disorders, Dublin, Ireland,
17-21 June 2012

Final Program S460

3343/A

BUCHOLC M., GOCH G., CIESIELSKI A., ANIELSKA-MAZUR A., DOBROWOLSKA G.
Characterization of two isoforms of *Arabidopsis* calcium sensor SCS a negative regulator of
SnRK2 protein kinase.

Gordon Research Conference: Salt and Water Stress in Plants, Hong Kong, China, 24-29 June
2012

Abstracts BS

3344/A

BUCHOLC M., GOCH G., CIESIELSKI A., ANIELSKA-MAZUR A., DOBROWOLSKA G.
Characterization of two isoforms of calcium sensor AtSCS from *Arabidopsis*.

International Conference Plant Abiotic Stress Tolerance II, Vienna, Austria, 22-25 February
2012

Programme and Abstracts BS

3345/A

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

Role of ubiquitin ligase, Rsp5, in tRNA biogenesis in yeast.

2012 Rustbelt RNA Meeting, Dayton, USA, 19 October - 20 October 2012

Abstracts BS

3346/A

MACIEJAK A.

Analiza wpływu statyn na ekspresję genów kodujących wybrane enzymy ze szlaku
mewalonowego, przy wykorzystaniu systemu drożdżowego *Saccharomyces cerevisiae*.

V Konferencja Naukowa Wydziału Farmaceutycznego z Oddziałem Medycyny

Laboratoryjnej Warszawskiego Uniwersytetu Medycznego poświęcona pamięci prof. dr hab.
Lecha Piekarskiego, Warszawa, 21 grudnia 2012

Program s.17

3347/A

BOGUTA M.

Repression of tRNA synthesis by Maf1 protein.

BIT's 3rd World DNA and Genome Day, Xi'an, Chiny, 25-28 April 2012

Abstracts p.95

3348/A

BOGUTA M., GRACZYK D.

RNA polymerase III at work: joint control by CK2 kinase and Maf1 repressor.

8th International Biennial Conference on RNA Polymerases I & III, Warenton, Virginia USA,
3-7 June 2012

Abstracts p.26

3349/A

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

MafI-mediated repression of RNA polymerase III transcription inhibits tRNA degradation *via* RTD pathway.

8th International Bienal Conference on RNA Polymerases I &III , Warenton, Virginia, USA, 3-7 June 2012

Abstracts p.46

3350/A

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

Accumulation of tRNA primary transcripts in cells lacking MafI, Pol III negative regulator, depends on tRNA processing, dynamics and degradation.

8th International Bienal Conference on RNA Polymerases I &III , Warenton, Virginia USA, 3-7 June 2012

Abstracts p.47

3351/A

CIEŚLA M., MAKALA E., BOGUTA M.

Rbs1 protein is important for nuclear localization and complex formation by Pol III subunits in yeast *Saccharomyces cerevisiae*.

8th International Bienal Conference on RNA Polymerases I &III , Warenton, Virginia USA, 3-7 June 2012

Abstracts p.49

3352/A

MORAWIEC E., FORETEK D., LEFEBVRE O., BOGUTA M.

Effect of RNA Polymerase III on gluconeogenesis: possible connection with tRNA gene mediated silencing (tgm).

EMBO conference on Gene Transcription in Yeast: From mechanisms to gene regulatory networks, Girona, Spain, 16-21 June 2012

Abstracts p.150

3353/A

FORETEK D., BOGUTA M.

Coordination of tRNA transcription and processing effect of growth conditions on initial processing of tRNA precursors.

Joint Symposium of the International PhD Programs, Pułtusk, 5-8 października 2012

Abstrakty str.9

3354/A

MORAWIEC E., BOGUTA M.

Effect of RNA Polymerase III on gluconeogenesis: possible connection with tRNA gene mediated silencing (tgm).

Joint Symposium of the International PhD Programs, Pułtusk, 5-8 października 2012

Abstrakty str.20

3355/A

TUROWSKI T., BOGUTA M.

Global inhibition of tRNA transcription leads to stabilization of hypomodified tRNA in yeast *Saccharomyces cerevisiae*.

XXIV tRNA Conference, Olmue, Chile, 2-6 December 2012

Abstract Book p.55

3356/A

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

tRNA transcription and tRNA decay are coupled.

The 17th Annual Meeting of the RNA Society, Ann Arbor, Michigan, USA, 29 May-2 June 2012

Program & Abstracts P600

3357/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.

30th New Phytologist

Symposium Immunomodulation by plant-associated organisms, Fallen Leaf Lake, California, USA, 16-19 September 2012

Abstracts p.51

3358/A

SZYMAŃSKA K., KULIK A., WENDEHENNE D., DOBROWOLSKA G.

Involvement of ABA-independent SnRK2 protein kinases in plant response to salt stress.

Gordon Research Conference: Salt and Water Stress in Plants, Hong Kong, China, 24-29 June 2012

Abstracts BS

3359/A

BRZOZOWSKA IWONA ZIELENKIEWICZ U.

Searching for protease/s degrading Epsilon antioxin protein of pSM19035 plasmid TA system.

International Plasmid Biology Conference, Santander, Spain, 12-16 September 2012

Program BS

3360/A

GÓRNIAK D., ŚWIĄTECKI A., SOBOTA I., ZDANOWSKI M., KEJNA M., MIECZAN T.

Microbiological characteristics of Lagoon Ecology Glacier (King Georg Island, West Antarctica).

22nd Congress of Polish Hydrobiologists, Cracow, Poland, 19-22 September 2012

Abstracts BS

3361/A

BITAM S., KUPNIEWSKA-KOZAK A., FARIA da CUNHA M., SERVEL N., TONDELIER D., FAURE G., COLAS J., ODOLCZYK N., ZIELENKIEWICZ P., OLLERO M., EDELMAN A.

Intermediate filaments and CFTR/F508delCFTR: K8/K18/CFTR functional interaction.

New Frontiers in Basic Science of Cystic Fibrosis, Sainte Maxime, France, 28 March - 1 April 2012

Conference Programme & Abstract Book p.29

3362/A

RUTOWICZ K., LIRSKI M., PUZIO M., HALIBART-PUZIO J., KROTEN M.A., JERZMANOWSKI A.J.

Linker histone H1.3 maintains phenotypic plasticity and adaptation to abiotic stresses in *Arabidopsis*.

10th EMBL Conference Transcription and Chromatin, Heidelberg, Germany, 25-28 August 2012

Abstracts p.253

3363/A

RUTOWICZ K., PUZIO M., HALIBART-PUZIO J., KOTLIŃSKI M., KROTEN M.A., KOBLOWSKA M., JERZMANOWSKI A.J.

Linker histone H1 – specific function of its variants in *Arabidopsis*.

Epigenetics & Chromatin, New York, USA, 11-15 September 2012

Abstracts p.193

3364/A

PALUSIŃSKI A., KOTLIŃSKI M., BUSZEWICZ D., OLĘDZKI J., DADLEZ M., JERZMANOWSKI A.J., KOBLOWSKA M.

Identification of proteins interacting with post-translationally modified core histones in *Arabidopsis thaliana*.

Epigenetics & Chromatin, New York, USA, 11-15 September 2012

Abstracts p.175

3365/A

GRUCHOTA J., MALISZEWSKA K., GROMADKA R.

Transcriptional regulators specific for genome rearrangements in *Paramecium tetraurelia*.

Scientific meeting of the European Cooperation in Science and Technology (COST)

Ciliates as model systems to study genome evolution, mechanisms of non-Mendelian inheritance, and their roles in environmental adaptation,

Paris, France, 8th -10th November 2012

Abstracts BS

3366/A

GABIG-CIMIŃSKA M.

Genistein-modulated gene network regulating glycosaminoglycan metabolism.

X European Conference on Rare Diseases, Cedzyna, Poland, July 6-9 2012

Abstracts BS

3367/A

KARCZEWSKA-GOLEC J., GRONAU K., ZUEHLKE D., BERNHARDT J., GOLEC P., HESSLING B., BECHER D., WĘGRZYN G., HECKER M., OBUCHOWSKI M.

Genetyczna i fosfoproteomiczna identyfikacja potencjalnych substratów i partnerów fosfatazy PrpE – białka istotnego w procesie kiełkowania przetrwalników bakteryjnych

27th Congress of the Polish Society of Microbiologists, Lublin, Poland, 5-8 September 2012

3368/A

WĘGRZYN G., GABIG-CIMIŃSKA M., MOSKOT M., JAKÓBKIEWICZ-BANECKA J.

Traveling through transcripts of glycosaminoglycan metabolism genes in human fibroblasts following exposure to genistein.

8th Annual World Symposium, San Diego, USA, 8-9 February 2012

3369/A

SZAMBOWSKA A., USSKILAT C., POSPIECH H., GROSSE F.

Cdc45 â A human RecJ homologue with DNA binding activity. DGDR and GBS meeting.

Munich, Germany, 17-20 September 2012

3370/A

GOLEC P., KARCZEWSKA-GOLEC J., WĘGRZYN G.

What is the lowest growth rate of bacteria, needed for the development of bacteriophage T4?
EuroPhages 2012: Bacteriophage in Medicine, Food & Biotechnology, Oxford, UK, 24–26
September 2012

3371/A

KARCZEWSKA-GOLEC J., GRONAU K., ZUEHLKE D., BERNHARDT J., GOLEC P.,
HESSLING B., BECHER D., WĘGRZYN G., HECKER M., OBUCHOWSKI M.

Genetics and phosphoproteomics reveal candidate players of the PrpE phosphatase-dependent
germination-outgrowth pathway in *B. subtilis*.

5th European Spores Conference, London, UK, 16–19 April 2012

3372/A

GOLEC P., WĘGRZYN G.

Identification and production of M13 phage exposing novel ZnO-binding peptides.

EMBO conference “Viruses of Microbes”, Brussels, Belgium, 16-20 July 2012

HABILITACJE 2012

650/N

BRZESKI JAN B.

Mechanizmy ustanawiania i dziedziczenia stanów chromatyny.

Mechanisms of establishment and maintenance of chromatin states.

2012-01-24

Dr. Hab. Thesis

Presented January 24, 2012

Research done at the Department of Protein Biosynthesis.

651/N

GRYNBERG MARCIN

Identyfikacja dotychczas niepoznanych systemów biologicznych działających w komórce laseczki wąglika *Bacillus anthracis*.

Identification of previously unknown biological systems operating in the bacterium *Bacillus anthracis*.

2012-10-09

Dr. Hab. Thesis

Presented October 9, 2012

Research done at the Department of Genetics IBB PAS.

652/N

KUCHARCZYK RÓŻA

Wykorzystanie drożdży *Saccharomyces cerevisiae* w badaniu efektów mutacji w genie ATP6, powodujących u człowieka wystąpienie syndromu NARP/LEIGHT, oraz poszukiwanie potencjalnych leków.

Saccharomyces cerevisiae – a model organism for study of effects of mutations in mitochondrial ATP6 gene causing NARP/LEIGHT syndromes and use of the yeast model strains for drug screening.

2012-10-09

Dr. Hab. Thesis

Presented October 9, 2012

Research done at the Department of Genetics IBB PAS.

653/N

MILEWSKI MICHAŁ

Struktura i funkcja C – końcowej części białka CFTR w kontekście patogenezy mukowiscydozy oraz chorób agregacyjnych.

The structure and function of the C – terminal part of CFRT in the context of the pathogenesis of cystic fibrosis and conformational diseases.

2013-00-11

Dr. Hab. Thesis

Presented December 11, 2012

Research done in IBB PAS.

DOKTORATY 2012

654/N

KULIK ANNA

Rola kinaz SnRK2 w odpowiedzi roślin na stres indukowany jonami kadmu oraz w regulacji homeostazy żelaza.

(The role of SnRK2 kinases in plant response to cadmium-induced stress and in regulation of iron homeostasis.)

Presented January 10, 2012

Research done in the Department of Plant Biochemistry IBB PAS.

Ph. D. Thesis Supervisor: dr hab.: Grażyna Dobrowolska

[ang]

655/N

OBTUŁOWICZ TOMASZ

Naprawa etenoadduktów, uszkodzeń oksydacyjnych DNA oraz niestabilność genomowa w patogenezie nowotworów jelita grubego.

(Repair of etheno adducts, oxidative DNA damage and genomic instability in pathogenesis of colon cancer.)

Presented March 13, 2012

Research done at the Department of Molecular Biology IBB PAS and Institute of Genetics and Biotechnology Warsaw University.

Ph.D. Thesis Supervisor: prof. Barbara Tudek

[ang]

656/N

TOMCZYK-ŻAK KAROLINA

Analiza metagenomiczna konsorcjum bakterii oraz właściwości fizyko-chemiczne biofilmu naskalnego z kopalni złota Złoty Stok.

(Metagenomic analysis of bacterial consortium and physicochemical properties of rock biofilm from Złoty Stok gold mine.)

Presented March 13, 2012

Research performed in the Department of Microbial Biochemistry IBB PAS.

Ph. D. Thesis Supervisor: Prof. dr hab. Jacek Bardowski

[pol]

657/N

ZEMBEK PATRYCJA

Wykorzystanie drożdżowego genu kodującego syntazę dolichylo-fosfo-mannozy do optymalizacji właściwości biokontrolnych *Trichoderma atroviride*.

(Optimization of biocontrol abilities of *Trichoderma atroviride* using yeast dolichyl phosphate mannose synthase encoding gene.)

Presented April 26, 2012

Research performed at the Laboratory of Fungal Glycobiology IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisor: prof. nadzw. dr hab. Joanna S. Kruszewska

[ang]

658/N

KUROWSKA EWA

Potencjalne nośniki toksycznego oddziaływania jonów niklu(II) u człowieka: histatyna 5, trzeci palec cynkowy czynnika transkrypcji SP1 i anhydraza węglanowa II.

(Potential Carriers of Toxic Effects of Ni(II) Ions in Humans: Histatin 5, 3rd Zinc Finger of the SP1 Transcription Factor and Carbonic Anhydrase II.)

Presented April 26, 2012

Research performed in the Department of Biophysics IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Wojciech Bal

[ang]

659/N

PASIKOWSKA MONIKA

Poszukiwanie funkcji białka *Saccharomyces cerevisiae* Rot1 w glikozylacji białek.

(Dissecting the role of *Saccharomyces cerevisiae* Rot1 for protein glycosylation.)

Presented May 8, 2012

Research performed at the Laboratory of Fungal Glycobiology IBB PAS and Department of Cell Biology and Plan Biochemistry University of Regensburg, Germany.

Ph.D. Thesis Supervisors: Prof. dr hab. Grażyna Palamarczyk

[ang]

660/N

LESZCZYŃSKA AGATA

Badanie wpływu statyn na komórkę przy użyciu drożdży *Saccharomyces cerevisiae*.

(Investigation of statin treatment effects on the cell using yeast *Saccharomyces cerevisiae*.)

Presented May 29, 2012

Research performed in the Department of Genetics IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisor: dr hab. Beata Burzyńska

[pol]

661/N

MONKAITYTE RASA

Specyficzność gatunkowa Hof1, przedstawiciela rodziny białek zawierających domenę SH3.

(Functional diversity of Hof1, a representative of SH3-protein family, in different yeast species.)

Presented June 12, 2012

Research performed in the Department of Biophysics IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Joanna Rytka

[ang]

662/N

NOWAKOWSKI MICHAŁ

Struktura i dynamika ludzkiego białka S100A1.

(Structure and backbone dynamics of human S100A1 protein.)

Presented June 12, 2012

Research performed at the Laboratory of Biological NMR IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Andrzej Ejchart

[ang]

663/N

ALABRUDZIŃSKA MAŁGORZATA

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

(Identification of *Saccharomyces cerevisiae* genes responsible for genome stability, by microarray technology.)

Presented June 19, 2012

Research performed at the Laboratory of Mutagenesis and DNA Repair IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisor: dr hab. Marek Skoneczny

[pol]

664/N

BELCZYK-CIESIELSKA AGNIESZKA

Biotechnologiczne zastosowanie reakcji hydrolizy wiązania peptydowego z udziałem jonów niklu(II).

(Biotechnological application of nickel(II) assisted peptide bond hydrolysis reaction.)

Presented: June 19, 2012.

Research performed in the Department of Biophysics IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Wojciech Bal

[pol]

665/N

WOJTAS MAGDALENA

Rola geranylogeranylacji białek Rab u *Arabidopsis thaliana*.

(The role of geranylgeranylation of Rab proteins in *Arabidopsis thaliana*.)

Presented June 28, 2012

Research performed in the Department of Lipid Biochemistry IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisor: prof. dr. hab. Ewa Świeżewska

[ang]

666/N

PIĄTEK KATARZYNA

Modulacja wiązania cynku do palców cynkowych przez małe bioligandy: glutation (GSH), arsenian sodu (AsNaO_2) i kwas monometyloarsenowy III (MMAIII).

(Modulation of zinc binding to Zinc Finger peptides by small molecules with bioactive function: Glutathione (GSH), sodium arsenite (AsNaO_2) and monomethylarsonous acid III (MMAIII).)

Presented September 25, 2012

Research performed in the Department of Biophysics IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Wojciech Bal

[pol]

667/N

PUCHTA OLGA

Dmr1p i Pet127p – jądrowo kodowane białka zaangażowane w stabilność i obróbkę RNA w mitochondriach drożdży *Saccharomyces cerevisiae*.

(Dmr1p and Pet127p – nuclear encoded proteins involved in RNA stabilization and processing in yeast *Saccharomyces cerevisiae* mitochondria.)

Presented September 25, 2012

Research performed at the Institute of Genetics and Biotechnology UW and IBB PAS

Ph.D. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Paweł Golik

[pol]

668/N

KRASZEWSKA JOANNA

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

(Participation of the low-fidelity DNA polymerases in chromosomal DNA replication in *Saccharomyces cerevisiae*.)

Presented October 9, 2012

Research performed at the Laboratory of Mutagenesis and DNA Repair IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Piotr Jonczyk

[pol]

669/N

POTRZEBOWSKI WOJCIECH

Modelowanie kompleksów makrocząsteczek biologicznych z wykorzystaniem danych eksperymentalnych o niskiej rozdzielczości.

(Biological macromolecular complexes modeling using low-resolution experimental data.)

Presented October 23, 2012

Research performed in the Laboratory of Bioinformatics and Protein Engineering

International Institute of Molecular and Cell Biology and IBB PAS

Ph.D. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Janusz M. Bujnicki

[pol]

670/N

GARBACZ MARTA

Udział Dpb2p, drożdżowej podjednostki polimerazy DNA epsilon, w kontroli wierności syntezy DNA.

(The influence of Dpb2p, a subunit of DNA polymerase epsilon from yeast, in the control of the fidelity of DNA synthesis.)

Presented November 13, 2012

Research performed at the Laboratory of Mutagenesis and DNA Repair IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Iwona Fijałkowska

[pol]

671/N

HOSER RAFAŁ

Wpływ fosforylacji białka SGT1 na odpowiedź roślin na infekcje.

(Impact of SGT1 protein phosphorylation on plant innate immunity.)

Presented November 30, 2012

Research performed at the Laboratory of Plant Pathogenesis IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Jacek Hennig

[pol]

672/N

JAREMKO ŁUKASZ

Wyznaczenie struktury i dynamiki białka CsPin oraz jego oddziaływania z modelowymi peptydami metodami spektroskopii NMR.

(Determination of structure and backbone dynamics of CsPinA protein and its interactions with model peptides as studied by NMR spectroscopy.)

Presented December 5, 2012

Research performed at the Faculty of Chemistry University of Warsaw and Laboratory of Biological NMR IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisor: prof. Andrzej Ejchart, prof. Karol Jackowski

[ang]

673/N

JAREMKO MARIUSZ

Struktura i dynamika katalitycznej domeny mysiego enzymu E1 aktywującego ubikwitynę.
(Structure and dynamics of catalytic domain of the mouse ubiquitin-activating enzyme E1.)

Presented December 18, 2012

Research performed at Laboratory of Biological NMR IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Andrzej Ejchart

[ang]

674/N

WĄSIK ROMUALDA

Synteza, właściwości fizykochemiczne i biologiczne oraz rola wiązań halogenowych i oddziaływań hydrofobowych w hamowaniu ludzkiej kinazy CK2 α przez wybrane halogenowe pochodne benzotriazolu.

(Synthesis and physicochemical properties of biologically active halogenobenzotriazoles, and relative roles of halogen bonds and hydrophobic in interactions in inhibition of human protein kinase CK2 α .)

Presented January 10, 2012

Research done at the Laboratory of Antimetabolites IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisor: prof. David Shugar

[ang]

675/N

ŁUKASZEWICZ MACIEJ ROMAN

Badania nad białkiem KorB kodowanym przez plazmid RK2 IncP1.

(Studies on the RK2 IncP-1 plasmid KorB protein.)

Submitted to the University of Birmingham for the degree of Doctor of Philosophy in
Biological Sciences,

July 2004

Ph.D. Nostrification May 28, 2012 IBB PAS

[ang]

PRACE MAGISTERSKIE 2012

676/N

TELEPKO ALICJA

Badanie udziału szkieletu aktynowego w transporcie między aparatem Golgiego a retikulum endoplazmatycznym u drożdży *Saccharomyces cerevisiae*.

(The role of actin cytoskeleton in transport between the Golgi apparatus and the endoplasmic reticulum in yeast *Saccharomyces cerevisiae*.)

Presented September 25, 2012

Research done in the Department of Genetics IBB PAS and Faculty of Chemistry Warsaw University of Technology.

M.Sc. Thesis Supervisor: dr Jolanta Mierzejewska, dr Joanna Kamińska

677/N

MAKAŁA EWA

Analiza jakościowa i ilościowa podjednostek polimerazy III RNA w mutancie *rpc128-1007*.

(Qualitative and quantitative analysis of RNA polymerase III subunits in *rpc128-1007* mutant.)

Presented August 31, 2012

Research done in the Department of Genetics IBB PAS and Interfaculty Studies of Biotechnology SGGW.

M.Sc. Thesis Supervisor: dr Małgorzata Cieśla

678/N

ŻUCHNIEWICZ KAROLINA

Rola dioksygenazy AlkB u *Pseudomonas putida*.

(The role of AlkB dioxygenase in *Pseudomonas putida*.)

Presented July 10, 2012

Research done in the Department of Molecular Biology IBB PAS and Faculty of Agriculture and Biology SGGW.

M.Sc. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Elżbieta Grzesiuk, mgr Damian Mielecki

679/N

WNUK MARTA

Podjednostki $\beta 1$ i $\beta 2$ kompleksu Rab Geranylogeranylotransferazy u *Arabidopsis thaliana* – charakterystyka porównawcza.

(Comparison of $\beta 1$ - and $\beta 2$ - subunits of Rab geranylgeranyl transferase from *Arabidopsis thaliana*.)

Presented June 25, 2012

Research done in the Department of Lipid Biochemistry IBB PAS and Faculty of Chemistry Warsaw University of Technology.

M.Sc. Thesis Supervisor: prof. nadzw. dr hab. Maria Bretner, dr Małgorzata Gutkowska-Stronkowska

680/N

WOŹNIAK ŁUKASZ

Ekstrakcja alkoholi poliizoprenoidowych z tkanek roślinnych.

(Extraction of polyisoprenoid alcohols from plant tissues.)

Presented July 10, 2012

Research done in the Department of Lipid Biochemistry IBB PAS and Faculty of Chemistry Warsaw University of Technology.

M.Sc. Thesis Supervisor: dr inż. Tomasz Rowicki, prof. dr hab. Ewa Świeżewska

681/N

ANTOSIEWICZ BEATA

Klonowanie i analiza funkcjonalna genu *erg20* z *Trichoderma*.

(Cloning and functional analysis of *erg 20* gene from *Trichoderma*.)

Presented July 18, 2012

Research done at the Laboratory of Fungal Glycobiology IBB PAS and SGGW.

M.Sc. Thesis Supervisor: prof. nadzw. dr hab. Joanna S. Kruszewska, dr Sebastian Piłsyk

682/N

STAŃCZYK ANNA AGNIESZKA

Lokalizacja białek Para i ParB w komórkach *Pseudomonas aeruginosa*.

(Localization of Para and ParB proteins in *Pseudomonas aeruginosa*.)

Presented February 14, 2012

Research done in the Department of Microbial Biochemistry IBB PAS and the Faculty of Biology University of Warsaw

M.Sc. Thesis Supervisor: dr hab. Dariusz Bartosik, dr Aneta Bartosik

683/N

KOTLAREK MARTA ELŻBIETA

Białka zaangażowane w replikację i kondensację DNA jako potencjalni partnerzy białek ParA i ParB w *Pseudomonas aeruginosa*.

(Proteins involved in DNA replication and condensation as potential partners of ParA and ParB in *Pseudomonas aeruginosa*.)

Presented July 13, 2012

Research done in the Department of Microbial Biochemistry IBB PAS and the Faculty of Biology University of Warsaw.

M.Sc. Thesis Supervisor: dr hab. Dariusz Bartosik, dr Aneta Bartosik

684/N

BAREJA ANNA

Charakterystyka transformantów *Trichoderma atroviride* P1 drożdżowym genem *RER2*.

(Characteristic of *Trichoderma atroviride* P1 strain transformed with yeast *RER2* gene.)

Presented December 11, 2012

Research done in the Laboratory of Fungal Glycobiology IBB PAS and Faculty of Agriculture and Biology SGGW.

M.Sc. Thesis Supervisor: prof. nadzw. dr hab. Joanna Kruszewska

685/N

ZAKOŚCIELNA EWELINA

Wstępna charakterystyka systemów stabilności segregacyjnej wybranych plazmidów gronkowcowych.

(Preliminary characterization of the segregation stability systems of the selected staphylococcal plasmids.)

Presented November 22, 2012

Research done in the Department of Microbial Biochemistry IBB PAS and Faculty of Agriculture and Biology SGGW.

M.Sc. Thesis Supervisor: dr Jarosław Kosakowski

686/N

ZATORSKA EWA PAULINA

Analiza funkcji białka Rot1p w morfogenezie i integralności ściany komórkowej *Candida albicans*.

(Involvement of Rot1p in *Candida albicans* morphogenesis and cell wall integrity.)

Presented June 16, 2012

Research done in the Laboratory of Fungal Glycobiology IBB PAS and Interfaculty Department of Biotechnology SGGW.

M.Sc. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Grażyna Palamarczyk

687/N

SANDURSKA ANNA

Badanie ubikwitynacji białka Hem12, enzymu szlaku biosyntezy hemu, przez ligazę ubikwitynową Rsp5 u drożdży *S. cerevisiae*.

(Hem12, an enzyme of heme biosynthetic pathway - analysis of protein ubiquitination by ligase Rsp5 in *S. cerevisiae*.)

Presented September 27, 2012

Research done in the Department of Genetics IBB PAS and Faculty of Chemistry Warsaw University of Technology.

M.Sc. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Teresa Żołądek, dr Patrycja Wińska

688/N

BOROWSKI RADOSŁAW

Poszukiwanie partnerów komórkowych dla wybranych białek Nudix patogennej bakterii *Pseudomonas aeruginosa*.

(A search for cellular partners of some Nudix proteins from pathogenic *Pseudomonas aeruginosa*.)

Presented November 13, 2012

Research done in the Department of Plant Biochemistry IBB PAS and Faculty of Horticulture and Landscape Architecture SGGW.

M.Sc. Thesis Supervisor: prof. nadzw. dr hab. Elżbieta Kraszevska

689/N

MROZOWSKA P.

Zależność między transportem sekrecyjnym, a translacją: mechanizm supresji fenotypów mutantów z zaburzonym transportem przez nadekspresję genów białek regulujących inicjację translacji u drożdży *Saccharomyces cerevisiae*.

(The relationship between secretory transport and translation: the mechanism of suppression of transport mutants' phenotypes by overexpression of genes encoding proteins that regulate translation in *Saccharomyces cerevisiae*.)

Presented October 15, 2012

Research done in the Department of Genetics IBB PAS and Faculty of Chemistry Warsaw University of Technology.

M.Sc. Thesis Supervisor: dr Jolanta Mierzejewska, dr Joanna Kamińska

690/N

KWAŚNIAK PAWEŁ

Nadekspresja hemaglutyniny wirusa grypy H1N1 w komórkach *Pichia pastoris*.

(Overexpression of H1N1 influenza virus hemagglutinin in *Pichia pastoris*.)

Presented July 5, 2012

Research done in the Department of Proteins Biosynthesis IBB PAS and Interfaculty Studies of Biotechnology SGGW.

M.Sc. Thesis Supervisor: dr Edyta Kopera

691/A

MAJ PIOTR

Analiza oddziaływania potencjalnych inhibitorów z podjednostką α kinazy CK2.

(Thermodynamic studies on binding of potential inhibitors to α subunit of CK2 kinase.)

Presented September 26, 2012

Research done in the Department of Biophysics IBB PAS and Interfaculty Studies of Biotechnology SGGW.

M.Sc. Thesis Supervisor: dr hab. Jarosław Poznański

692/A

CZMIEL SYLWESTER

Interakcje nicieni glebowych i bakteryjnych patogenów roślin z rodzaju *Pseudomonas*.

(Interactions of soil nematodes and bacterial plant pathogens of the genus *Pseudomonas*.)

Presented December 18, 2012

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

693/N

ŁUKASZEWICZ PAULINA

Analiza molekularna aktywatorów transkrypcji tRNA.

Presented March 20, 2012

Research done in the Department of Genetics IBB PAS and Faculty of Chemistry Warsaw University of Technology.

M.Sc. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Magdalena Rakowska-Boguta, dr Małgorzata Cieśla

694/N

LORENZ M.,

Identyfikacja i charakterystyka wybranych szczepów *Actinobacteria*.

(Identification and characterization of selected strains of *Actinobacteria*.)

Presented June 26, 2012

Research done in the Department of Microbial Biochemistry IBB PAS and Faculty of Agriculture and Biology SGGW.

M.Sc. Thesis Supervisor: dr Urszula Zielenkiewicz

695/N

DYDO MAGDALENA

Regulacja metabolizmu siarki w roślinach –j oddziaływanie białek UP9C i NtJAZ1.

(Regulation of sulfur metabolism in plants – interaction of UP9C and NtJAZ1 proteins.)

Presented July 24, 2012

Research done in the Department of Plant Biochemistry IBB PAS and Faculty of Horticulture and Landscape Architecture SGGW.

M.Sc. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Agnieszka Sirko

696/N

SALACH MAGDALENA

Przygotowanie warsztatu do badania wpływu postranslacyjnej modyfikacji białka SGT1 na lokalizację i oddziaływanie z białkiem RAR1.

(Approaches to analyse impact of SGT1 posttranscriptional modification on its subcellular localisation and interaction with RAR1 protein.)

Presented March 27, 2012

Research done in the Laboratory of Plant Pathogenesis IBB PAS and Interfaculty Department of Biotechnology SGGW.

M.Sc. Thesis Supervisor: dr Magdalena Krzymowska

697/N

RESPONDEK ALEKSANDRA

Rola kompleksu GINS w utrzymaniu stabilności genetycznej w drożdżach *S. cerevisiae*.

Analiza spektrum mutagenozy szczepów *S. cerevisiae* niosących mutację w podjednostce Psf1 kompleksu GINS.

(Role of the GINS complex in maintenance of genetic stability in yeast *S. cerevisiae*.

Mutagenic spectrum analysis of *S. cerevisiae* cells carrying mutation in Psf1 subunit of GINS complex.)

Presented July 17, 2012

Research performed at the Laboratory of Mutagenesis and DNA Repair IBB PAS and Faculty of Biology University of Warsaw.

M.Sc. Thesis Supervisor: dr Agnieszka Dzikowska, prof. dr hab. Iwona Fijałkowska

MISCELLANEA 2012

202/M

CHOJNACKI T.,

Nie bać się rynku biochemikalii. W końcu trochę się na tym znamy. Kolekcja polipropenoli w IBB PAN po ponad 30 latach.

Postępy Biochemii (2012) **58(1)**: 11-13

203/M

ZAGÓRSKI-OSTOJA W.,

Władysław Kunicki-Goldfinger 1916-1995.

Pauza Akademicka (2012) **159** str. 2-3

204/M

WYSOCKA-KAPCIŃSKA M., KUCHARCZYK R.

Budowa, biogeneza i mechanizm działania kompleksu mitochondrialnej syntazy ATP.

Postępy Biochemii (2012) **58(3)**: 344-352

205/M

KRZYMOWSKA M.,

Odpowiedzi roślin na czynniki biotyczne.

Fizjologia roślin / pod red. J. Kopcewicza i S. Lewaka. Rozdział 8 B

Warszawa: Wydawnictwo Naukowe PWN, 2012

ISBN 978-83-01-17205-3

206/M

DZIUBAN D., KOWALCZYK P., FILOCHA M.

Co nas w kościach strzyka... czyli choroby szpiku a innowacyjne leki. Bone marrow diseases and new innovative drugs.

Nowa Medycyna (2012) **1**: 10-14

207/M

KOWALCZYK P., DZIUBAN D., HULKA K., SOT R., FILOCHA M.

Zastosowanie nowych innowacyjnych leków w leczeniu raka piersi. The application of new innovative drugs in breast cancer.

Medycyna Rodzinna (2012) **1**: 15-20

208/M

KOWALCZYK P., HULKA K., DZIUBAN D., FILOCHA M.

Komórki macierzyste... przyjaciel czy wróg? Stem Cells... friend or enemy?

Nowa Medycyna (2012) **2**: 52-55

209/M

KOWALCZYK P., DZIUBAN D., HULKA K., FILOCHA M.

Zastosowanie różnorodnych metod bioinformatycznych w badaniach biologicznych i medycznych. Using a variety of bioinformatic methods in biological and medical research.

Medycyna Rodzinna (2012) **3**: 51-55

210/M

DURSKA E., MALEWSKI T., CHMIELEWSKA M.M., BARDOWSKI J.K.

Gatunek *Megaselia scalaris* (LOEW, 1866) (Diptera: Phoridae) i biofarmacja. *Megaselia scalaris* (LOEW, 1866) (Diptera: Phoridae) & biopharmacy.

Dipteron - Biuletyn Sekcji Dipterologicznej Polskiego Towarzystwa Entomologicznego (2012) Tom **28**: 9-12

**PUBLIKACJE NIEUWZGLĘDNIONE
W SPRAWOZDANIU Z 2011 R.**

ARTYKUŁY

4587

OLEJNIK K., BUCHOLC M., ANIELSKA-MAZUR A., LIPKO A., KUJAWA M.,
MODZELAN M., AUGUSTYN A., KRASZEWSKA E.
Arabidopsis thaliana Nudix hydrolase AtNUDT7 forms complexes with the regulatory
RACK1A protein and Ggamma subunits of the signal transducing heterotrimeric G protein.
Acta Biochimica Polonica (2011) **58(4)**: 609-616
IF 1.234

4588

PICCINNI E., CHEŁSTOWSKA A., HANUS J., WIDLAK P., LORETI S., TATA A.M.,
AUGUSTI-TOCCO G., BIANCHI M.M., NEGRI R.
Direct interaction of Gas41 and Myc encoded by amplified genes in nervous system tumours.
Acta Biochimica Polonica (2011) **58(4)**: 529-534
IF 1.234

4589

LARMONIER C.B. LAUBITZ D., THURSTON R.D., BUCKNAM A.L., HILL F.M.,
MIDURA-KIELA M., RAMALINGMAN R., KIELA P.R., GHISHAN F.K.
NHE3 modulates the severity of colitis in IL-10-deficient mice.
American Journal of Physiology - Gastrointestinal and Liver (2011) **300(6)**:G998-G1009
IF 3.522

MISCELLANEA

198/A

BARDOWSKI J.K., GROMADKA R., RYTKA J., ZAGÓRSKI-OSTOJA W.
Le fondement du développement de la génomique en Pologne – Coopération avec le CNRS.
Rayonnement du CNRS (2011) **57**: 23-28

199/M

GROMADKA R., GAWOR J., SZCZĘSNY P., ZAGÓRSKI-OSTOJA W.
Kolejny wielki genom poznany przy udziale polskich laboratoriów. Genom ziemniaka
zsekwencjonowany.
Kosmos (2011) **60(3-4)**: 292-293

200/M

GROMADKA R., GAWOR J., SZCZĘSNY P., ZAGÓRSKI-OSTOJA W.
The potato genome: another eukaryotic genome fully sequenced with the cooperation of
polish laboratories.
Annual Report Polish Academy of Sciences 2011: 35-36

201/M

ZARĘBSKA Z.
Józef Heller – współtwórca polskiej biochemii w latach 1942-1973. Z historii biochemii.
Postępy Biochemii (2011) **57(4)**: 354-364

Informacje o działalności jednostki naukowej PAN w 2012 r.

Informacje o działalności jednostki naukowej PAN w 2012 r.
(sporządzane i przekazywane adresatom wyłącznie w wersji elektronicznej)

Adresaci:

- 1) **Wydział II PAN**
- 2) **Biuro Upowszechniania i Promocji Nauki PAN**

Termin: 31.01.2013 r.

I. INFORMACJE ORGANIZACYJNE

I.1.

- **Instytut Biochemii i Biofizyki Polskiej Akademii Nauk**
- Kategoria jednostki (przyznana przez MNiSW, data i numer komunikatu) – **kategoria 1, Komunikat nr 19 z MNiSW z dnia 30.09.2010 r. o ustalonych kategoriach jednostek naukowych zatwierdzone przez Minister Nauki i Szkolnictwa Wyższego Barbarę Kudrycką dnia 15.12.2010 r.**
- ul. Pawińskiego 5A, 02-106 Warszawa, tel. 22 5922145, 22 5922142, secretariate@ibb.waw.pl, <http://www.ibb.waw.pl>

I.2. Dyrektor, przewodniczący Rady Naukowej (innego organu doradczego)

Piotr Zielenkiewicz prof. dr hab. – Dyrektor

Andrzej Jerzmanowski prof. dr hab. – Przewodniczący Rady Naukowej

(imię i nazwisko, tytuł/stopień naukowy; jeżeli zmiana na stanowisku nastąpiła w ciągu roku sprawozdawczego, należy tę informację podać).

I.3. Uprawiane dyscypliny naukowe i/lub realizowane główne kierunki badawcze (misja).

Biochemia, biofizyka, bioinformatyka, biologia molekularna, genetyka molekularna, genomika, biotechnologia.

Stosując szeroki wachlarz nowoczesnych metod biochemicznych, biofizycznych i genetycznych (w tym inżynierii genetycznej) Zespoły Instytutu od wielu lat prowadzą badania nad wirusami, bakteriami, grzybami niższymi, roślinami oraz owadami. Organizacja Pracowni Kultur Komórkowych spowodowała, że szereg pracowni wykorzystuje do badań kultury komórek ludzkich. Poznawane są struktury i mechanizmy ekspresji genów oraz ich produktów - białek i kwasów rybonukleinowych.

Rozwijane są prace objęte **genomiką**, w tym rozwijane bardzo intensywnie badania z dziedziny **proteomiki** z wykorzystaniem spektrometrii masowej. Stosowane na szeroką skalę podejście genomiczne pozwala na ustalanie sekwencji nukleotydowych wybranych plazmidów, bakteriofagów oraz bibliotek mutantów w badanych genach. Analizowane są sekwencje genomów wiroidów i wirusów roślinnych. Kontynuowana jest analiza

funkcjonalna genomu drożdży oraz *Paramecium tetraurelia*. Badania te są prowadzone wielokierunkowo i obejmują geny, których funkcje są poznane jak i te o funkcjach dotychczas nieustalonych.

Planowanym uzupełnieniem tego kierunku badań będzie podejście eksperymentalne związane z analizą zmian ewolucyjnych w aspekcie genomiki strukturalnej, funkcjonalnej i porównawczej. Wykorzystujące nowoczesne techniki badawcze oparte o analizy „optical mapping” (mapowanie genomów). Ostatnio w Instytucie rozwijane są badania **metagenomiczne** polegające na sekwencjonowaniu DNA izolowanego bezpośrednio z naturalnych środowisk. Metagenomika populacji mikroorganizmów środowiskowych może mieć istotne znaczenie w identyfikacji nowych substancji biologicznie czynnych o znaczeniu biotechnologicznym i medycznym.

Genetyka wybranych procesów metabolicznych poznawana jest m.in. na przykładach przemian związków siarkowych u wybranych bakterii, grzybów niższych i bakterii oraz wykorzystywania związków cukrowych przez bakterie mlekowe. Badania te prowadzone są na poziomie molekularnym i koncentrują się na analizie interakcji białek regulatorowych z odpowiednimi sekwencjami DNA. Wykorzystując model prostych komórek eukariotycznych, jakimi są drożdże analizowane są m.in.: biosynteza hemu i hemoproteidów, regulacyjne aspekty potranslacyjnych modyfikacji białek oraz wewnątrz- i zewnątrzkomórkowy transport białek.

Badania nad **mutagenezą i naprawą DNA** prowadzone są zarówno w systemach prokariotycznych i eukariotycznych. Obecnie uwaga wielu grup badawczych skupia się nad zrozumieniem funkcjonalnym i strukturalnym złożonych kompleksów białkowych zaangażowanych w procesy replikacji DNA i transkrypcji, a także w naprawę i replikację uszkodzonych regionów DNA, ze szczególnym uwzględnieniem oksydacyjnych uszkodzeń DNA. W modelowych układach prokariotycznych badana jest wierność procesu replikacji na obydwu niciach DNA, wyjaśniany jest udział różnych polimeraz DNA w procesie replikacji DNA, a w układach eukariotycznych studiowane są funkcje białek niekatalitycznych wchodzących w skład holoenzymów oraz powiązania mutagenyzy i naprawy DNA z procesami nowotworowymi. Analizowane są funkcje zarówno znanych jak i nowo odkrytych genów zaangażowanych w procesy mutagenyzy i naprawy DNA w chromosomach i mitochondriach drożdży.

Analizowane są procesy **patogenezy roślin**; poznawane są mechanizmy obrony roślin przed infekcjami wirusowymi i grzybicami. Badania te mają charakter kompleksowy i obejmują obserwację różnych procesów przebiegających w zainfekowanych roślinach oraz poznawanie mechanizmów ekspresji genów wybranych wirusów roślinnych. Konstruowane są pełne, infekcyjne genomy wirusowe a także rośliny transgeniczne w celu przeprowadzania różnorodnych badań nad interakcjami roślina-patogen.

Poznawane są **funkcje białek czynnych biologicznie** - tzw. białek opiekuńczych, białkowych kompleksów przeprowadzających replikację DNA, transkrypcję oraz translację. Prowadzone są badania roślinnych kinaz białkowych oraz białek regulujących metabolizm wapnia. Różnorodnej, molekularnej analizie poddawane są białka zaangażowane w stabilne utrzymywanie plazmidów u bakterii.

W Instytucie prowadzone są interdyscyplinarne badania dotyczące mechanizmu działania białek oraz kompleksów białkowych zaangażowanych w **metabolizm RNA** w komórkach eukariotycznych. Do tego celu używane jest szerokie spektrum narzędzi badawczych: genetyki, biologii molekularnej, proteomiki oraz biologii strukturalnej, co pozwala na dogłębne zrozumienie analizowanych zjawisk i procesów. Ważną częścią prac badawczych jest również rozwijanie metodologii służącej do oczyszczania, nadekspresji i analizy kompleksów białkowych.

Struktury wybranych białek i ich kompleksów oraz niektórych związków drobnocząsteczkowych analizowane są zarówno metodami biologicznymi jak i połączonymi metodami fizyko-chemicznymi (w tym jądrowym rezonansem magnetycznym), korelowanymi z obliczeniami mechaniki i dynamiki molekularnej.

Zaawansowane metody chemii organicznej znajdują zastosowanie w pracach nad strukturą i przemianami roślinnych izoprenoidów i syntezami pewnych nukleozydów o funkcjach przeciwwirusowych (HIV i HCV) i przeciwnowotworowych.

Wszystkie omówione badania oparte są na obszernym wykorzystaniu **bioinformatyki**. Rozwijane są teoretyczne metody analizy sekwencji genów, struktur ich produktów, zwijania łańcuchów białkowych, powstawania kryształów białkowych, tworzenia struktur białko-kwas nukleinowy, analiz filogenetycznych, modelowania molekularnego. Prowadzone są prace nad różnicową analiza oddziaływań białko-białko na poziomie komórki (interaktomów) co powinno umożliwić znalezienie kluczowych interakcji dla np. procesów chorobowych. Rozwijane są metody znajdowania inhibitorów oddziaływań białek jako potencjalnych leków w chorobach molekularnych i dla zastosowań w biotechnologii. Badania nad tym zagadnieniem prowadzone są w kierunku opracowania metodologii projektowania takich inhibitorów dającej się zastosować do dowolnych par białek o znanej strukturze.

Przeprowadzane są także symulacje kinetyki ekspresji wybranych genów.

W 2008 roku rozpoczęła w Instytucie działalność **Pracownia Analiz Mikromacierzy (PAM)**. W pracowni tej rozpoczęto, we współpracy z innymi laboratoriami, wielkoskalowe badania ekspresji genów oraz rozpoczęto prace nad genotypowaniem.

Stosowanie w Instytucie wielkoskalowych metod genomiki, proteomiki i transkryptomiki, wykorzystywanych w badaniach zespołów Instytutu, w połączeniu z metodami bioinformatycznymi powoduje uzyskiwanie wyników istotnych dla **biologii systemów**.

II. AKTYWNOŚĆ NAUKOWA JEDNOSTKI

II.1. Publikacje naukowe jednostki, które ukazały się drukiem (liczbowo)

Liczba ogółem, w tym:

- monografie¹ (lub ich rozdziały) autorstwa pracowników jednostki;
- podręczniki akademickie¹ (lub ich rozdziały) autorstwa pracowników jednostki;
- publikacje ukazujące się w czasopismach recenzowanych, wyróżnionych przez Journal Citation Reports (JCR, lista A);
- publikacje ukazujące się w czasopismach recenzowanych, wyróżnionych przez European Reference Index for the Humanities (ERIH, lista C);
- publikacje w innych czasopismach recenzowanych, wymienionych w aktualnym wykazie czasopism punktowanych Ministra Nauki i Szkolnictwa Wyższego (lista B);
- pozostałe publikacje naukowe.

Liczba ogółem	Monografie ¹ (lub rozdziały)	Podr. akadem. ¹ (lub rozdziały)	Publikacje w czasopismach recenzowanych			pozostałe publ. nauk.
			publikacje 1	publikacje 2	publikacje 3	
119	8	1	93	-	5	12

publikacje 1 – ukazujące się w czasopismach recenzowanych, wyróżnionych przez Journal Citation Reports (JCR, lista A)

publikacje 2 – ukazujące się w czasopismach recenzowanych, wyróżnionych przez European Reference Index for the Humanities (ERIH, lista C)

publikacje 3 – ukazujące się w innych czasopismach recenzowanych, wymienionych w aktualnym wykazie czasopism punktowanych Ministra Nauki i Szkolnictwa Wyższego (lista B)

¹ Definicja - stosownie do kryteriów przyjętych w aktualnym rozporządzeniu MNiSW

II.2. Aktywność wydawnicza jednostki

II.2.1. Wydawnictwa własne jednostki w roku sprawozdawczym (liczbowo, dotyczy wydawnictw, które ukazały się w roku sprawozdawczym)

z tego										
ogółem wydane		wydawnictwa zwarte		wydawnictwa ciągłe					Pozostałe	
				w tym <i>czasopisma: drukowane</i>		wyłącznie w wersji elektronicznej	Inne wydawnictwa ciągłe			
		liczba tytułów	nakład w egz.	liczba tytułów	nakład w egz.	liczba tytułów	liczba tytułów	nakład w egz.		
0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0

II.2.2. Czasopisma udostępniane na platformach cyfrowych (Versita/Springer; PAN – Czytelnia Czasopism, Elektroniczna Biblioteka; inne platformy)

Liczba tytułów ogółem, w tym: Nie dotyczy

Tytuł czasopisma, nazwa platformy elektronicznej, na której zostało udostępnione czasopismo.

II.3. Projekty, zadania badawcze realizowane w roku sprawozdawczym

Łączna liczba wszystkich projektów (II.3.1-II.3.3): 140

w tym:

Projekt w ramach	Tytuł projektu	Kierownik projektu	Okres realizacji (rok) od-do	Przyznane środki	Instytucja finansująca
II.3.1	1) Biotechnologiczne zastosowanie hydrolizy wiązania peptydowego z udziałem jonów niklowych	Prof. Wojciech Bal	2011-2013	50 000 zł	Narodowe Centrum Nauki
	2) Wpływ mieszanych narażeń na nikiel i inne metale karcynogenne na integralność palca cynkowego Sp1-3	Prof. Wojciech Bal	2011-2013	60 000 zł	Narodowe Centrum Nauki
	3) Charakterystyka tkanek i komórek myszy Erc1-/- jako modelu do badań nad wpływem stresu oksydacyjnego na procesy starzenia	Prof. Barbara Tudek	2011-2014	400 000 zł	Narodowe Centrum Nauki
	4) Charakterystyka molekularna i funkcjonalna transportera siarczanowego AstA u grzybowych patogenów roślin uprawnych	Dr Sebastian Piłsyk	2011-2014	189 320 zł	Narodowe Centrum Nauki
	5) System transferu koniugacyjnego z plazmidu pCTX-M3 o szerokim zakresie gospodarzy i próba wykorzystania tego systemu do terapii antybakteryjnej	Dr Izabela Kern	2011-2014	380 250 zł	Narodowe Centrum Nauki
	6) Badanie wierności replikacji DNA z udziałem polimerazy DNA faga RB69 oraz badanie oddziaływań polimerazy z białkami replisomu	Dr hab. Anna Bębenek	2011-2014	350 350 zł	Narodowe Centrum Nauki

7) Analiza funkcjonalna HopQ1, czynnika zwiększającego zjadliwość szczepów <i>Pseudomonas syringae</i> atakujących fasolę	Dr Magdalena Krzymowska	2011-2014	468 000 zł	Narodowe Centrum Nauki
8) Identyfikacja funkcji biologicznej, mechanizmów działania oraz potencjalnego znaczenia biotechnologicznego nieznanych dotąd genów wczesnej odpowiedzi transkrypcyjnej na stres abiotyczny u <i>Arabidopsis thaliana</i>	Prof. Andrzej Jerzmanowski	2011-2014	680 000 zł	Narodowe Centrum Nauki
9) Funkcja dioksygenaz AlkB u pro- i eukariota ze szczególnym uwzględnieniem organizmów fotosyntetyzujących	Prof. Elżbieta Grzesiuk	2011-2012	47 400 zł	Narodowe Centrum Nauki
10) Identyfikacja i charakterystyka białek zaangażowanych w regulację rearanżacji genomu <i>Paramecium tetraurelia</i> z udziałem niekodujących RNA	Dr Jacek Nowak	2011-2014	403 000 zł	Narodowe Centrum Nauki
11) Sprzężenie aktywności polimerazy III RNA z metabolizmem glukozy u drożdży <i>Saccharomyces cerevisiae</i>	Prof. Magdalena Rakowska-Boguta	2011-2014	390 000 zł	Narodowe Centrum Nauki
12) Analiza funkcji kompleksów remodelujących chromatynę typu SWI/SNF w regulacji czasu kwitnienia u <i>Arabidopsis</i>	Dr Tomasz Sarnowski	2011-2014	480 000 zł	Narodowe Centrum Nauki
13) Analiza filogeograficzna populacji jesiotra zachodniego i ostronosego w Europie oraz Ameryce Północnej	Mgr Hanna Panagiotopoulou	2011-2014	226 850 zł	Narodowe Centrum Nauki
14) Komórkowe systemy tolerancji uszkodzeń DNA: Nowe mechanizmy stymulujące syntezę poprzez uszkodzenia DNA	Prof. Ewa Śledziewska-Gójska	2011-2014	323 830 zł	Narodowe Centrum Nauki
15) Aneksyny jako uniwersalny modulator funkcji błony komórkowej	Dr Dorota Konopka-Podstupska	2011-2014	360 000 zł	Narodowe Centrum Nauki
16) Rola białka kodowanego przez gen DMR1 drożdży <i>Saccharomyces cerevisiae</i> w ekspresji genów mitochondrialnych	Dr hab. Paweł Golik	2011-2012	50 000 zł	Narodowe Centrum Nauki
17) Funkcjonalna analiza nowego typu modułu koniugacyjnego z plazmidu RA3 o szerokim zakresie gospodarzy z grupy niezgodności IncU	Prof. Grażyna Jagura-Burdzy	2011-2013	50 000 zł	Narodowe Centrum Nauki

18) Opracowanie kultury bakterii do produkcji twarogu z podgęszczanego mleka ze zwróceniem uwagi na zdolność fermentacji mleka, produkcję aromatu, EPS i bakteriocyn	Prof. Jacek Bardowski	2011-2013	120 000 zł	Narodowe Centrum Nauki
19) 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	Prof. Jacek Bardowski	2011-2014	189 000 zł	Narodowe Centrum Nauki
20) Analiza funkcji białek z rodziny RCF-potencjalnych receptorów błonowych szlaku giberelinowego u <i>Arabidopsis</i> ze szczególnym uwzględnieniem regulacji na poziomie chromatyny	Dr Tomasz Sarnowski	2011-2014	890 000 zł	Narodowe Centrum Nauki
21) Rola nie kodujących RNA w adaptacji do warunków lokalnych	Dr Szymon Świeżewski	2011-2016	1 000 000 zł	Narodowe Centrum Nauki
22) Ludzkie aneksyny A1 i A2, wraz z formami ufosforylowanymi, jako cel molekularny matalo-zależnej hydrolizy wiązania peptydowego w kontekście toksykologicznym	Dr Tomasz Frączyk	2011-2014	324 740 zł	Narodowe Centrum Nauki
23) Mechanizm regulacji syntezy podjednostki szóstej mitochondrialnej syntazy ATP przez pośrednie subkompleksy powstające w trakcie procesu składania enzymu	Dr hab. Róża Kucharczyk	2011-2014	420 000 zł	Narodowe Centrum Nauki
24) Krystalografia enzymów naprawy DNA jako narzędzie do badania specyficzności substratowej i mechanizmu hamowania	Prof. Barbara Tudek	2011-2014	300 000 zł	Narodowe Centrum Nauki
25) Przypisywanie funkcji potencjalnym regulatorom transkrypcji u <i>Lactococcus lactis</i> IL1403 przy użyciu globalnych podejść badawczych, takich jak mikromacierze i proteomika różnicowa	Dr Tamara Aleksandrak-Piekarczyk	2011-2014	510 000 zł	Narodowe Centrum Nauki
26) 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>	Dr hab. Marek Skoneczny	2011-2014	365 365 zł	Narodowe Centrum Nauki
27) Funkcjonalna i biochemiczna charakterystyka sensowa wapnia SCS u rzodkiewnika	Dr Maria Bucholc	2011-2014	364 000 zł	Narodowe Centrum Nauki

28) Analiza proteomu rejonów regulatorowych stresaindukowalnego genu h1.3, u <i>A. thaliana</i> , z zastosowaniem zmodyfikowanej metody PICh o zwiększonej czułości	Mgr Maciej Lirski	2011-2014	99 999 zł	Narodowe Centrum Nauki
29) Charakterystyka biochemiczna, strukturalna i funkcjonalna roślinnego kompleksu egzozomu, z wykorzystaniem <i>Arabidopsis thaliana</i> jako organizmu modelowego	Dr Rafał Tomecki	2011-2016	1 000 000 zł	Narodowe Centrum Nauki
30) Nowe środki alkilujące mniejszą bruzdę helisy DNA – projektowanie, synteza i badanie właściwości przeciwnowotworowych	Dr Adam Mieczkowski	2011-2014	299 000 zł	Narodowe Centrum Nauki
31) Rola histonów łącznikowych H1 w gametogenezie i embriogenezie u <i>Arabidopsis thaliana</i>	Mgr Kinga Rutowicz	2011-2013	120 000 zł	Narodowe Centrum Nauki
32) Badanie eksperymentalne sprzeczności pomiędzy definicją skali pH i warunkami panującymi w strukturach wewnątrzkomórkowych. Spektroskopia fluorescencyjna i NMR wskaźników molekularnych w liposomach	Prof. Wojciech Bał	2011-2014	479 700 zł	Narodowe Centrum Nauki
33) Badanie sumoylacji na poziomie całego organizmu w nicieniu <i>Caenorhabditis elegans</i>	Prof. Michał Dadlez	2012-2015	498 000 zł	Narodowe Centrum Nauki
34) Metagenomiczna, strukturalna i funkcjonalna charakterystyka mikrobiocenozy środowisk lodowcowych	Dr Marek Zdanowski	2011-2014	527 000 zł	Narodowe Centrum Nauki
35) Genetyczne i epigenetyczne zróżnicowanie <i>Colobanthus quitensis</i> na tle zmiennych warunków środowiska	Dr inż. Katarzyna Chwedorzewska	2011-2012	89 375 zł	Narodowe Centrum Nauki
36) "Projektowalne" nukleazy – badania strukturalne, programowanie specyficzności i próby wykorzystania w inżynierii genomowej	Prof. Matthias Bochtler	2012-2016	2 500 000 zł	Narodowe Centrum Nauki
37) Stymulacja <i>in ovo</i> mikrobiomu kury – charakterystyka mechanizmów działania prebiotyków i synbiotyków	Prof. Jacek Bardowski	2012-2014	221 000 zł	Narodowe Centrum Nauki

38) Rola kinaz SnRK2 w odpowiedzi roślin na niekorzystne warunki środowiska. Współdziałania kinaz SnRK2, fosfataz PP2C, tlenu azotu i kwasu fosfatydowego w szlakach sygnałowych różnych hormonów roślinnych	Dr hab. Grażyna Dobrowolska	2012-2015	821 660 zł	Narodowe Centrum Nauki
39) Identyfikacja genów drożdży <i>Saccharomyces cerevisiae</i> kontrolujących diploidalność komórek i stabilność genomu	Dr Adrianna Skoneczna	2012-2015	416 190 zł	Narodowe Centrum Nauki
40) Rola niekatalitycznej podjednostki polimerazy delta DNA, białka Pol32 w kontroli koordynacji replikacji DNA	Dr Katarzyna Grabowski	2012-2015	291 460 zł	Narodowe Centrum Nauki
41) Wpływ występowania wielu genów kodujących cis-prenylotransferazy na biosyntezę alkoholi poliizoprenoidowych u <i>Arabidopsis</i> i tolerancję roślin na stres	Dr Liliana Surmacz	2012-2015	400 000 zł	Narodowe Centrum Nauki
42) Mechanizmy adaptacyjne plazmidu koniugacyjnego RA3 z grupy niezgodności IncU warunkujące zdolność replikacji i stabilnego utrzymywania się w szerokim spektrum gospodarzy bakteryjnych	Prof. Grażyna Jagura-Burdzy	2012-2015	589 300 zł	Narodowe Centrum Nauki
43) Regulacja ekspresji białek ALKBH w nowotworach, znaczenie w terapii	Prof. Elżbieta Grzesiuk	2012-2015	537 390 zł	Narodowe Centrum Nauki
44) Autofagia i cytoskielet aktynowy: czy białko Atg2 je łączy?	Prof. Teresa Żołądek	2012-2015	390 600 zł	Narodowe Centrum Nauki
45) Znaczenie ścieżki sygnałnej etylenu w regulacji przyswajania siarki w roślinach <i>Arabidopsis thaliana</i>	Dr Anna Wawrzyńska	2012-2015	372 260 zł	Narodowe Centrum Nauki
46) Nowe substraty dioxigenaz z rodziny AlkB. Właściwości kodujące, mutagenaza i naprawa adduktów skroleiny do adeniny i cytozyny	Dr Agnieszka Maciejewska	2012-2015	461 760 zł	Narodowe Centrum Nauki
47) Poziom ekspresji oraz lokalizacja subkomórkowa dioksygenaz AtALKBH1A, AtALKBH2, AtALKBH6 i AtALKBH9B w komórkach <i>Arabidopsis thaliana</i> traktowanych czynnikami alkilującymi	Mgr Dorota Zugaj	2012-2016	152 100 zł	Narodowe Centrum Nauki
48) Nowatorskie koncepcje regulacji transkrypcji tRNA	Prof. Magdalena Rakowska-Boguta	2012-2016	2 931 000 zł	Narodowe Centrum Nauki

	49) Potranskrypcyjna regulacja ekspresji RNA u Eukariotów przy udziale cytoplazmatycznych UTP-transferaz	Dr Zbigniew Warkocki	2012-2015	612 000 zł	Narodowe Centrum Nauki
	50) Nowe czynniki wirulencji <i>Pseudomonas aeruginosa</i> – białka Nudix NudC i YgdP	Dr hab. Elżbieta Kraszevska	2012-2015	400 400 zł	Narodowe Centrum Nauki
II.3.2	1) Badania systemowe czynników genetycznych choroby wieńcowej	Dr hab. Beata Burzyńska	2009-2013	3 860 000 zł	Narodowe Centrum Badań i Rozwoju
	2) Opracowanie metod: profilowania metabolicznego i ilościowego oznaczania w materiale klinicznym panelu leków immunosupresyjnych oraz oceny ryzyka podania pacjentowi azatiopryny	Prof. Michał Dadlez	2010-2013	2 772 000 zł	Narodowe Centrum Badań i Rozwoju
	3) Badanie genomów bakterii probiotycznych <i>L. casei</i> i <i>paracasei</i> .	Prof. Jacek Bardowski	2011-2014	705 385 zł	Narodowe Centrum Badań i Rozwoju
	4) Podstawy zabezpieczenia potrzeb paliwowych polskiej energetyki jądrowej - zadanie 4 i 7	Dr Urszula Zielenkiewicz	2011-2014	543 083 zł	Narodowe Centrum Badań i Rozwoju
	5) Mechanizmy molekularne warunkujące kiełkowanie na kłosie	Dr Szymon Świeżewski	2010-2013	931 500 zł	Narodowe Centrum Badań i Rozwoju
	6) Nowe leki służące do celowanej terapii szpiczaków mnogich	Dr hab. Andrzej Dziembowski	2012- 2015	3 415 180 zł	Narodowe Centrum Badań i Rozwoju
	7) Optymalizacja pracy dwustopniowego reaktora do wytwarzania wysokometanowego biogazu – opracowanie biostarterów i markerów fermentacji metanowej	Dr Leszek Lipiński	2012-2015	2 014 610 zł	Narodowe Centrum Badań i Rozwoju
	8) Alternatywna mikrobiologiczna metoda produkcji wodoru i metanu na drodze fermentacji (skala ułamkowa)	Dr Anna Sikora	2012-2015	3 337 595 zł	Narodowe Centrum Badań i Rozwoju
	9) Dofinansowanie procedury patentowej dla zgłoszenia dotyczącego wywoływania tolerancji na epitopy białek w leczeniu stwardnienia rozsianego (SM)	Prof. Jacek Bardowski	2010-2015	616 000 zł	Narodowe Centrum Badań i Rozwoju
	10) Dofinansowanie procedury patentowej dla zgłoszenia dotyczącego opracowania czynników terapeutycznych w leczeniu mukowiscydozy	Dr Norbert Odolczyk	20120-2013	505 000 zł	Narodowe Centrum Badań i Rozwoju
	11) Dofinansowanie procedury patentowej dotyczącej sposobu otrzymywania roślin transgeniczných o ulepszonych cechach uprawnych	Prof. Agnieszka Sirko	2010-2015	600 000 zł	Narodowe Centrum Badań i Rozwoju

II.3.3	1) Analiza wierności syntezy holoenzymu polimerazy DNA epsilon - badania <i>in vitro</i> wpływu niekatalitycznej, drożdżowej podjednostki Dpb2p	Prof. Iwona Fijałkowska	2010-2013	448 500 zł	Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego/ Narodowe Centrum Nauki
	2) Badania <i>in vivo</i> udziału drożdżowej podjednostki Dpb2p, polimerazy DNA epsilon, w kontroli wierności replikacji DNA - spektrum mutagenezy	Prof. Iwona Fijałkowska	2010-2013	50 040 zł	Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego/ Narodowe Centrum Nauki
	3) Udział polimerazy DNA epsilon w kontroli prawidłowego przebiegu cyklu komórkowego w drożdżach <i>Saccharomyces cerevisiae</i>	Prof. Piotr Jonczyk	2010-2013	295 750 zł	Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego/ Narodowe Centrum Nauki
	4) Analiza funkcjonalna eukariotycznych homologów bakteryjnych białka AlkB w kurzych limfocytach linii DT40	Dr Jadwiga Nieminuszczy	2010-2013	358 800 zł	Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego/ Narodowe Centrum Nauki
	5) Analiza bioróżności grupy Actinobacteria biofilmu naskalnego z kopalni złota w Złotym Stoku	Prof. Jacek Bardowski	2010-2012	50 000 zł	Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego/ Narodowe Centrum Nauki
	6) Analiza funkcjonalna produktów genów At1g11780, At3g14160 i At5g01780 <i>Arabidopsis thaliana</i> – homologów strukturalnych bakteryjnego białka AlkB	Prof. Elżbieta Grzesiuk	2008-2012	256 400 zł	Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego/ Narodowe Centrum Nauki
	7) Rola białka Nudix AtNUDT7 w odpowiedzi roślin na stres	Dr hab. Elżbieta Kraszevska	2008-2012	330 800 zł	Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego/ Narodowe Centrum Nauki
	8) Strukturalna analiza N-końcowego obszaru białka Dis3 (Rrp44) odpowiedzialnego za nową endonukleolityczną aktywność głównej rybonukleazy organizmów eukariotycznych, kompleksu egzozomu	Dr Igor Zhukov	2009-2013	494 000 zł	Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego/ Narodowe Centrum Nauki
	9) Mechanizmy kontrolujące w komórkach drożdży <i>S. cerevisiae</i> poziom polimerazy eta-polimerazy DNA tolerującej uszkodzenia matrycy	Dr Justyna McIntyre	2009-2012	300 000 zł	Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego/ Narodowe Centrum Nauki
	10) Zastosowanie narzędzi genomiki funkcjonalnej w celu charakterystyki różnych form odporności ziemniaka (<i>Solanum tuberosum</i> L.) na infekcje wirusa PVY	Prof. Jacek Hennig	2009- 2013	468 000 zł	Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego/ Narodowe Centrum Nauki
	11) Struktura i funkcja genu kodującego ZmCPK11	Prof. Grażyna Muszyńska	2009-2012	267 000 zł	Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego/ Narodowe Centrum Nauki

12) Zmiany profilu białkowego i transkrypcyjnego w mutantach regulatorowych <i>Aspergillus nidulans</i> jako konsekwencja nadprodukcji lub niedoboru związków siarkowych	Prof. Andrzej Paszewski	2009- 2012	406 900 zł	Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego/ Narodowe Centrum Nauki
13) Udział kompleksu GINS w kontroli wierności replikacji DNA	Prof. Piotr Jonczyk	2009- 2013	300 000 zł	Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego/ Narodowe Centrum Nauki
14) Analiza funkcjonalna regionów centromerowych oraz zakresu partycyjnego plazmidu pSM19035	Dr Michał Dmowski	2009-2012	325 000 zł	Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego/ Narodowe Centrum Nauki
15) Poliizoprenoidy - biosynteza oraz rola produktów ich utleniania	Prof. Ewa Świeżewska	2009-2012	320 000 zł	Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego/ Narodowe Centrum Nauki
16) Rola histonu H1 w zależnym od polycomb mechanizmie pamięci komórkowej	Dr Szymon Świeżewski	2009-2012	406 500 zł	Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego/ Narodowe Centrum Nauki
17) Wirusowe białko VPg, badania strukturalne i funkcjonalne	Dr Jadwiga Chroboczek	2009-2012	50 000 zł	Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego/ Narodowe Centrum Nauki
18) Koordynacja transkrypcji dojrzewania i kontroli eukariotycznych t RNA	Dr Joanna Towpik	2009-2012	420 000 zł	Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego/ Narodowe Centrum Nauki
19) Identyfikacja miejsca wiązania peptydu AB40 w cząsteczce albumy (HSA)	Mgr Małgorzata Różga	2010-2012	50 000 zł	Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego/ Narodowe Centrum Nauki
20) Peptydowe chelatory kompetycyjne jako narzędzie dla opisu oddziaływań jonu Cu(II) z peptydem Ab. Poszukiwania nowych mechanizmów molekularnych kontroli toksyczności w chorobie Alzheimera	Prof. Wojciech Bal	2010-2012	292 500 zł	Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego/ Narodowe Centrum Nauki
21) Modyfikacje chromatyny odpowiedzialne za zmiany ekspresji genów u roślin w warunkach adaptacji do stresu	Dr hab. Marta Kobłowska (Prymakowska-Bosak)	2010-2013	670 000 zł	Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego/ Narodowe Centrum Nauki
22) Badanie dynamiki białka S100A1 i jego glutationylowanej pochodnej metodą magnetycznej relaksacji jądrowej	Prof. Andrzej Ejchart	2010-2012	50 000 zł	Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego/ Narodowe Centrum Nauki
23) Biologia pałeczki ropy błkitnej – analiza transkryptomiczna mutantów par <i>Pseudomonas aeruginosa</i>	Dr Aneta Bartosik	2010-2013	369 200 zł	Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego/ Narodowe Centrum Nauki
24) Identyfikacja sygnałów importu i eksportu do/z jądra kohezyn SA1 i SA2 człowieka w warunkach ekspresji heterologicznej w <i>Saccharomyces cerevisiae</i> i w hodowlach komórek ludzkich	Dr Anna Kurlandzka	2010-2013	300 000 zł	Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego/ Narodowe Centrum Nauki

25) Glikozylacja białek <i>Candida albicans</i> : wpływ na powstawanie form wirulentnych i wrażliwość na czynniki zewnętrzne	Prof. Grażyna Palamarczyk	2010-2013	350 000 zł	Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego/ Narodowe Centrum Nauki
26) Mitochondrialna rekombinacja homologiczna w komórkach <i>Saccharomyces cerevisiae</i> : charakterystyka zaangażowanych genów i rola w stabilizacji genomu mitochondrialnego	Dr Aneta Kaniak-Golik	2010-2013	300 000 zł	Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego/ Narodowe Centrum Nauki
27) Badanie wpływu inhibitorów szlaku mewalonowego na komórkę przy użyciu drożdży <i>Saccharomyces cerevisiae</i>	Dr hab. Beata Burzyńska	2010-2012	50 000 zł	Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego/ Narodowe Centrum Nauki
28) Donosowa szczepionka przeciw grypowi dla zwierząt	Dr Jadwiga Chroboczek	2010-2013	550 000 zł	Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego/ Narodowe Centrum Nauki
29) Wpływ fosforylacji białka SGT1 na odpowiedź roślin na infekcje	Prof. Jacek Hennig	2010-2012	50 000 zł	Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego/ Narodowe Centrum Nauki
30) Rola niekodujących RNA podczas ustanawiania czasu spoczynkowego nasion	Dr Szymon Świeżewski	2010-2013	390 000 zł	Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego/ Narodowe Centrum Nauki
31) Kompleksowa analiza proteomiczna maszynierii komórkowej służącej do degradacji RNA u kręgowców	Dr hab. Andrzej Dziembowski	2010-2013	727 832 zł	Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego/ Narodowe Centrum Nauki
32) <i>Saccharomyces cerevisiae</i> jako modelowy organizm do badania biochemicznych i molekularnych efektów mutacji w syntazie ATP zidentyfikowanych w komórkach nowotworowych	Dr Róża Kucharczyk	2010-2013	361 400 zł	Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego/ Narodowe Centrum Nauki
33) Analiza strukturalna procesu ubikwitynacji na przykładzie kompleksu domeny katalitycznej enzymu E1 z ubikwitiną metodą spektroskopii NMR	Dr Igor Zhukov	2010-2013	188 500 zł	Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego/ Narodowe Centrum Nauki
34) Udział deacetylaz histonowych w modulacji stanu chromatyny w <i>Arabidopsis thaliana</i>	Prof. Andrzej Jerzmanowski	2010-2013	50 000 zł	Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego/ Narodowe Centrum Nauki
35) Badanie roli kompleksu remodelującego chromatynę typu SWI/SNF w regulacji odpowiedzi <i>Arabidopsis thaliana</i> na stres środowiskowy	Dr Tomasz Sarnowski	2010-2013	470 000 zł	Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego/ Narodowe Centrum Nauki
36) Specyficzna odpowiedź transkryptomu <i>Arabidopsis thaliana</i> Col-0 na uszkodzenia DNA wywołane czynnikiem metylującym MMS	Mgr Damian Mielecki	2010 – 2012	200 000 zł	Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego

37) Zastosowanie hodowli komórkowych do badania regulacji ekspresji genu DOG1, istotnego dla stanu spoczynku nasion <i>Arabidopsis thaliana</i>	Dr Lien Brzeźniak	2012-2014	250 250 zł	Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego
38) Eksperymentalna obserwacja związania się (foldingu) białek na poziomie atomowym	Dr Mariusz Jarek	2012-2014	198 000 zł	Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego
39) Badania zdolności niskocząsteczkowych neuroporęczników do tworzenia trójskładnikowych kompleksów mieszanych z peptydem beta amyloidu (AB) i jonami Cu(II)	Dr Małgorzata Różga	2012-2014	350 000 zł	Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego
40) Opracowanie optymalnych warunków dla metagenizacji kwaśnego odcieku pofermentacyjnego zawierającego niegazowe produkty fermentacji wodorowych	Mgr Aleksandra Chojnacka	2012-2014	215 020 zł	Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego
41) Model obliczeniowy procesu translacji białek	Mgr Marlena Siwiak	2012-2013	183 800 zł	Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego
42) Nowa generacja odpornych na deaminazę cytydynową selektywnych i niskotoksycznych nukleozydowych inhibitorów polimerazy DNA: projektowanie, synteza i badanie aktywności przeciwnowotworowej	Dr Adam Mieczkowski	2012-2014	351 000 zł	Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego
43) Otrzymanie i charakterystyka antygenu szczepionki ludzkiej przeciw wirusowi grypy A1 H1N1	Dr Edyta Kopera	2012-2014	252 199 zł	Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego
44) Program Mobilność Plus	Dr Jadwiga Nieminuszczy	2012-2014	324 000 zł	Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego
45) Molekularne podstawy porastania na przykładzie <i>Arabidopsis thaliana</i>	Dr Szymon Świeżewski	2011-2014	4 485 000 zł	Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego
46) Identyfikacja molekularnych mechanizmów odpowiedzi na stres chłodu z wykorzystaniem mutantów w genach kodujących rdzeniowe podjednostki kompleksu SWI/SNF w <i>Arabidopsis thaliana</i>	Mgr Dominika Gratkowska	2012-2016	200 000 zł	Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego
47) Analiza oddziaływań pomiędzy jednostkami kompleksów białkowych zaangażowanych w metabolizm RNA przy użyciu chemicznego sieciowania	Mgr Dominik Cysewski	2012-2016	200 000 zł	Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego

48) Centrum biotechnologii produktów leczniczych. Pakiet innowacyjnych biofarmaceutyków dla terapii i profilaktyki ludzi i zwierząt	Prof. Jacek Bardowski Prof. Agnieszka Sirko	2008-2012	7 953 620 zł	Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego/ Narodowe Centrum Badań i Rozwoju
49) Optymalizacja charakterystyki i przygotowania preparatów fagowych do celów terapeutycznych	Dr hab. Małgorzata Łobocka	2008-2013	6 576 000 zł	Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego/ Narodowe Centrum Badań i Rozwoju
50) Zastosowanie pochodnych poliizoprenoidów jako nośników leków i regulatorów	Prof. Ewa Świeżewska	2010-2014	5 000 000 zł	Ośrodek Przetwarzania Informacji
51) Inżynierowanie szczepów <i>Trichoderma</i> o wzmocnionych właściwościach biokontrolnych	Dr hab. Joanna Kruszewska	2009-2013	3 153 855 zł	Ośrodek Przetwarzania Informacji
52) Biocentrum Ochota - infrastruktura informatyczna dla rozwoju strategicznych kierunków biologii i medycyny	Prof. Piotr Zielenkiewicz	2009-2013	6 266 449 zł	Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego/ Narodowe Centrum Badań i Rozwoju
53) Opracowanie metody wykrywania markerów wskazujących na predyspozycję do rozwoju insulino oporności	Dr hab. Marta Kobłowska (Prymakowska-Bosak)	2009-2013	3 738 040 zł	Ośrodek Przetwarzania Informacji
54) Platforma informatyczna baz danych dla efektywnego wykorzystania wyników prac badawczych	Prof. Piotr Zielenkiewicz	2010-2013	160 000 zł	Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego/ Narodowe Centrum Badań i Rozwoju
55) Elektrochemiczne bioczujniki do detekcji aktywacji receptorów RAGE – narzędzia taniej teranostyki	Prof. Wojciech Bał	2009-2013	2 201 619 zł	Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego/ Narodowe Centrum Badań i Rozwoju
56) Metagenomy jako źródło nowoczesnych narzędzi biotechnologicznych służących do bioremediacji i biotransformacji	Dr hab. Andrzej Dziembowski	2009-2014	13 110 475 zł	Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego/ Narodowe Centrum Badań i Rozwoju
57) Krajowe Laboratorium Multidyscyplinarne Nanomateriałów Funkcjonalnych	Prof. Michał Dadlez	2008-2013	5 956 672 zł	Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego/ Narodowe Centrum Badań i Rozwoju
58) Centrum Badań Przedklinicznych i Technologii	Prof. Wojciech Bał	2008-2013	27 159 673 zł	Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego/ Narodowe Centrum Badań i Rozwoju
59) Macromolecular assemblies involved in RNA metabolism	Dr hab. Andrzej Dziembowski	2009- 2013	1 367 500 zł	Fundacja na rzecz Nauki Polskiej
60) Metal-dependent peptide hydrolysis. Tools and mechanisms for biotechnology, toxicology and supramolecular chemistry	Prof. Wojciech Bał	2010-2014	1 452 083 zł	Fundacja na rzecz Nauki Polskiej

61) Widespread and potent non-coding RNA in plants, genome regulation, development and evolution	Dr Szymon Świeżewski	2010-2014	1 015 833 zł	Fundacja na rzecz Nauki Polskiej
62) PhD Programme in Molecular Biology: Studies of nucleic acids and proteins – from basic to applied research	Prof. Magdalena Rakowska-Boguta	2010-2015	1 725 079 zł	Fundacja na rzecz Nauki Polskiej
63) New proteins implicated in regulation of tRNA transcription in yeast <i>Saccharomyces cerevisiae</i>	Dr Małgorzata Cieśla	2011- 2014	473 940 zł	Fundacja na rzecz Nauki Polskiej
64) Proteomics in characterisation of selected protein assemblies	Prof. Michał Dadlez	2011-2015	1 425 000 zł	Fundacja na rzecz Nauki Polskiej
65) Development of targeted mass spectrometry-based proteomic assays for the discovery of a novel endothelium-specific pharmaceutical for the treatment of human vascular diseases	Dr Dominik Domanski	2012-2016	304 000 zł	Fundacja na rzecz Nauki Polskiej
66) Funkcjonalne zróżnicowanie niekodujących RNA u Eukariota	Dr Andrzej Dziembowski	2012-2016	938 910 zł	Ośrodek Przetwarzania Informacji
67) New players involved in the maintenance of genomic stability	Prof. Iwona Fijałkowska	2012-2015	981 666 zł	Fundacja na rzecz Nauki Polskiej
68) Molekularne podstawy choroby Alzheimera. Możliwości projektowania nowych inhibitorów agregacji białka Tau	Mgr Mariusz Jaremko	2010-2012	64 000 zł	Fundacja na rzecz Nauki Polskiej
69) Reprogramming of chromatin complexes by nc RNA	Dr Szymon Świeżewski	2011- 2014	591 195 zł	EBMO
70) Enhancing Access and Services To East European users towards and efficient and coordinated pan-European pool of NMR capacities to enable global collaborative research and boost technological advancements	Prof. Andrzej Ejchart	2009- 2013	280 000 zł	7 program ramowy Unii Europejskiej
71) Identyfikacja i weryfikacja paneli markerów chorób układu moczowego i nerek w proteomicznej analizie białek moczu	Prof. M. Dadlez	2009-2012	2 452 306 zł	Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego/ Narodowe Centrum Nauki
72) Rola kinaz SNRK2 (SNF1-related protein kinases 2) w regulacji wrażliwości roślin na stres deficytu wody i zasolenia	Dr hab. Grażyna Dobrowolska	2009-2012	724 100 zł	Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego/ Narodowe Centrum Nauki
73) System biology of Mycobacterium tuberculosis	Dr hab. Andrzej Dziembowski	2010-2014	2 348 892 zł	7 program ramowy Unii Europejskiej

74) Biologia systemów <i>Mycobacterium tuberculosis</i>	Dr hab. Andrzej Dziembowski	2010-2013	779 621 zł	Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego
75) Analiza genetyki populacyjnej pasożytów <i>P. falciparum</i>	Dr Szymon Kaczanowski	2010-2013	411 144 zł	Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego/ Narodowe Centrum Nauki
76) Characterization of regulatory roles of SWI/SNF-type chromatin remodeling complexes in the control of development and hormonal, biotic and abiotic stress responses in <i>Arabidopsis</i>	Dr Tomasz Sarnowski	2010-2013	180 000 zł	7 program ramowy Unii Europejskiej
77) Characterization of regulatory roles of SWI/SNF-type chromatin remodeling complexes in the control of development and hormonal, biotic and abiotic stress responses in <i>Arabidopsis</i>	Dr Tomasz Sarnowski	2011-2013	433 819 zł	SPB Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego
78) BIOchemical and genetic dissection of control of plant mineral NUTrition	Prof. Agnieszka Sirko	2011-2014	916 023 zł	7 program ramowy Unii Europejskiej
79) BIOchemical and genetic dissection of control of plant mineral NUTrition	Prof. Agnieszka Sirko	2011-2014	1 309 426 zł	Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego

W tabeli:

tytuł projektu/ kierownik projektu (stopień/tytuł naukowy, imię i nazwisko)/okres realizacji (rok, od-do)/ środki ogółem przyznane na okres realizacji przez instytucję finansującą projekt (pominąć tę informację, jeżeli umowa o realizacji projektu stanowi inaczej lub z innych powodów podanie tej informacji jest niemożliwe)/ nazwa instytucji finansującej

II.3.1. Projekty finansowane lub dofinansowane ze środków Narodowego Centrum Nauki – **50**

II.3.2. Projekty finansowane lub dofinansowane ze środków Narodowego Centrum Badań i Rozwoju – **11**

II.3.3. Pozostałe projekty – **79**:

- projekty finansowane lub dofinansowane przez Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego na mocy wcześniej obowiązujących zasad finansowania nauki – **61**,
- projekty finansowane przez inne organizacje krajowe – **13**,
- projekty finansowane przez podmioty/instytucje zagraniczne – **5**,
- inne projekty.

II.3.4. Zadania badawcze realizowane w ramach działalności statutowej – **59**

II.3.5. Wyniki prac badawczych:

- Wybrane 3 ważniejsze wyniki uzyskane w ramach projektów/ zadań badawczych (wymienić nawet projektu/ zadania) realizowanych lub zrealizowanych w roku sprawozdawczym (krótki opis, ok. 500 znaków).

Zespół prof. nadzw. dr hab. Andrzeja Dziembowskiego

Mutacje w genie C16ORF57/Usb1 powodują rzadką chorobę genetyczną, poikilodermę z neutropenią. Wykorzystanie genetycznego przeszukania w połączeniu z badaniami funkcjonalnymi w komórkach drożdżowych i ludzkich oraz analizą bioinformatyczną pozwoliło grupie badawczej Andrzeja Dziembowskiego we współpracy z grupą Krzysztofa Ginalskiego poznać funkcje genu Usb1. Usb1 koduje enzym odpowiedzialny za tworzenie cyklicznego fosforanu an 3' końcu małego jądrowego RNA U6 (U6 snRNA), które pełni

kluczową katalityczną rolę w składaniu pre-mRNA. Uzyskane wyniki opublikowane w prestiżowym czasopiśmie *Genes and Development* wykazały nieoczekiwane molekularne podstawy poikilodermy z neutropenią i pozwoliły na zrozumienie mechanizmu formowania 3' końca U6 snRNA.

Zespół dr. Szymona Świeżewskiego

Zakończono prace mapowania przy użyciu techniki ChIP-CHIP w całym genomie *Arabidopsis thaliana* pozycje wszystkich trzech wersji histonu H1.

Analiza bioinformatyczna wykazała, preferencyjną lokalizację histonu H1 w obszarach transkrybowanych. Jego lokalizacja na 5' końcu genów ujawniła zależność od poziomu ekspresji genów. Specyficzny wzór lokalizacji na 3' końcu genów sugeruje niepoznaną dotychczas rolę w terminacji transkrypcji. Nałożenie uzyskanych wyników z lokalizacji H1 w całym genomie na zmiany ekspresji zależne od histonu H1 pokazały rolę wariantów tego histonu w zależności od czynników zewnętrznych regulacji ekspresji genów.

Zespół prof. dr hab. Michała Dadleza

Zakończono dwa projekty których wspólną cechą jest zastosowanie pomiarów stopnia wymiany proton-deuter analizowanego z użyciem spektrometrii mas (MS-HDex) do uzyskania informacji o własnościach strukturalnych białek i ich kompleksów. Pierwszy z nich dotyczył receptora RAGE którego aktywacja jest odpowiedzialna za propagację prozapalnej aktywacji genów w wielu stanach patologicznych. Koniecznym, etapem jego aktywacji jest oligomeryzacja zewnątrzkomórkowej domeny receptora (exRAGE). Uzyskaliśmy kowalencyjnie ustabilizowany dimer exRAGE i pokazaliśmy, które elementy struktury tego białka ulegają stabilizacji podczas tworzenia dimerów exRAGE. Na tej podstawie stworzyliśmy nowy model struktury oligomeru RAGE. Drugi z projektów dotyczył badania struktury heterodimerów cytokeratyn K8/K18, podstawowych składników filamentu pośredniego, np. w komórkach śródbłonna. Te silnie agregujące elementy cytoszkieletu nie poddają się klasycznej analizie strukturalnej. Istnieją jedynie struktury krystalograficzne ich fragmentów. Zastosowanie MS-HDex umożliwiło zmapowanie obszarów labilności strukturalnej w natywnych formach heterodimerów K8/K18. Pozwoliło to zintegrować częściową wiedzę strukturalną, wskazać obszary odpowiedzialne za stabilizację struktur heterodimerycznych i umiejscowić obszary ważnej funkcjonalnie elastyczności strukturalnej w środkowych regionach domen „coiled-coil”. Zakończenie tych dwu projektów pokazało przydatność MS-HDex do badań strukturalnych białek w układach, w których klasyczne podejście nie daje się zastosować lub zawodzi. W obecnie prowadzonych projektach poszerzyliśmy zakres stosowalności MS-HDex o układy białko-błona komórkowa.

- Najważniejsze w roku sprawozdawczym osiągnięcie działalności naukowej jednostki o znaczeniu ogólnospołecznym lub gospodarczym związane z działalnością naukową lub twórczą, jeżeli zjawisko wystąpiło, (krótki opis, ok. 500 znaków).

Zespół Prof. dr hab. Joanny Kruszewskiej

Wiele roślin użytkowych i ozdobnych co roku ulega uszkodzeniu przez zakażenia grzybowe *Fusarium*, *Pythium*, *Botritis cinerea* czy *Phytophthora infestans*. Zakażenia te zwalczą się przy pomocy fungicydów chemicznych i co za tym idzie wprowadza się do środowiska związki chemiczne czego można by uniknąć lub ograniczyć. Celem ataku grzybów patogennych są warzywa, owoce, rośliny ozdobne, drzewa i krzewy. Obok związków chemicznych służących do ochrony roślin można wspomagająco stosować zabiegi biokontrolne. Stwierdzono, że dzięki jednoczesnemu zastosowaniu preparatów na bazie *Trichoderma* i tradycyjnych fungicydów można ograniczyć ilość tych drugich nawet o ponad

20%. W wyniku badań otrzymano zmodyfikowane szczepy *Trichoderma* posiadające wzmocnione właściwości biokontrolne. Szczepy te mogą być stosowane do wydajnej ochrony roślin użytkowych przed patogenami grzybowymi.

- Wybrane ważniejsze zastosowania wyników badań naukowych lub prac rozwojowych o znaczeniu społecznym (np. w zakresie ochrony zdrowia, ochrony środowiska i dziedzictwa przyrodniczego, ochrony zabytków i dziedzictwa kulturowego, inne) i gospodarczym (m.in. nowe technologie, wdrożenia, licencje); działania zwiększające innowacyjność, jeżeli zjawisko wystąpiło, (krótki opis, ok. 500 znaków).

II.4. Działalność jednostki o charakterze innowacyjnym, aplikacyjnym

II.4.1. Ochrona własności intelektualnej (dotyczy uprawnień jednostki z tytułu patentu/prawa ochronnego w myśl obowiązujących aktów prawnych z zakresu ochrony własności przemysłowej), w tym:

- wykaz uzyskanych patentów (tytuł/data decyzji/nr patentu/kraj),

L.p.	tytuł	data decyzji	nr patentu	kraj
1.	Szczep drożdżowy przeznaczony do biologicznej walidacji inhibitorów szlaku kwasu mewalonowanego	31.01.2012	210416	Polska
2.	Trimetyloaminowe pochodne poli-cis i poli-trans liniowych oligomerów izoprenowych, sposób ich wytwarzania oraz ich zastosowanie	20.01.2012	211824	Polska
3.	Nowe, modyfikowane 2', 3'-dideoksy- P 1, P 2 - dinukleotydy o aktywności przeciwko wirusowi ludzkiego niedoboru immunologicznego (HIV-1) oraz zawierające je środki farmaceutyczne	29.02.2012	210600	Polska
4.	Sposób hydrolizy wiązania peptydowego	31.10.2012	EP2102227	Europa
5.	Nowe pochodne epirubicyny, ich nowe zastosowanie medyczne oraz farmaceutycznie akceptowalna postać leku	23.03.2012 08.05.2012	212279 US 8,173,610	Świat

- wykaz uzyskanych praw ochronnych na wzory użytkowe (tytuł/data decyzji/nr świadectwa/kraj)

nie było

II. 5. Działalność jednostki na rzecz terytorialnych struktur samorządowych

(krótki opis)

- prowadzenie, wspieranie badań naukowych i prac rozwojowych z obszaru tematyki regionalnej;
- inicjowanie i prowadzenie prac oraz studiów koncepcyjnych związanych z regionem;
- inne formy działalności jednostki w zakresie współpracy z samorządem terytorialnym.

II.6. Kształcenie i rozwój kadry naukowej

II.6.1. Wykaz uzyskanych tytułów i stopni naukowych pracowników jednostki w roku sprawozdawczym:

- profesora nadany przez Prezydenta RP (imię i nazwisko pracownika)

1. **dr hab. Joanna Kruszewska**
2. **dr hab. Grażyna Dobrowolska**

- doktora habilitowanego (imię i nazwisko pracownika, tytuł pracy habilitacyjnej, dziedzina i zakres nadanego stopnia naukowego)

Imię i nazwisko	Tytuł pracy habilitacyjnej	Dziedzina i zakres nadanego stopnia naukowego
Róża Kucharczyk	Wykorzystanie drożdży <i>Saccharomyces cerevisiae</i> w badaniu efektów mutacji w genie <i>ATP6</i> , powodujących u człowieka wystąpienie syndromu NARP/LEIGH, oraz poszukiwanie potencjalnych leków.	biologia; biochemia
Marcin Maciej Grynberg	Identyfikacja dotychczas niepoznanych systemów biologicznych działających w komórce laseczki wąglika <i>Bacillus anthracis</i> .	biologia; biochemia

- doktora (imię, nazwisko pracownika, tytuł pracy doktorskiej, dziedzina i zakres nadanego stopnia naukowego)

Imię i nazwisko	Tytuł pracy habilitacyjnej	Dziedzina i zakres nadanego stopnia naukowego
Małgorzata Różga	Oddziaływania pomiędzy peptydem Aβ-40 albumin, a (HSA) i jonami Cu (II). Implikacje dla choroby Alzheimer.	biofizyka
Romualda Wąsik	Synteza, właściwości fizykochemiczne i biologiczne oraz rola wiązań halogenowych i oddziaływań hydrofobowych w hamowaniu ludzkiej kinazy CK2α przez wybrane halogenowe pochodne benzotriazolu.	biochemia
Anna Kulik	Rola kinaz SnRK2 w odpowiedzi roślin na stres indukowany jonami kadmu oraz w regulacji homeostazy żelaza.	biochemia
Karolina Tomczyk-Żak	Analiza metagenomiczna konsorcjum bakterii oraz właściwości fizykochemiczne biofilmu naskalnego z kopalni złota Złoty Stok.	biochemia
Tomasz Obtulowicz	Naprawa etenoadduktów, uszkodzeń oksydacyjnych DNA oraz niestabilność genomowa w patogenezie nowotworów jelita grubego.	biochemia
Ewa Kurowska	Potencjalne nośniki toksycznego oddziaływania jonów niklu(II) u człowieka: histatyna 5, trzeci palec cynkowy czynnika transkrypcji SP1 i anhydraza węglanowa II.	biofizyka
Patrycja Zembek	Wykorzystanie drożdżowego genu kodującego syntazę dolichylo-fosfomannozy do optymalizacji właściwości biokontrolnych <i>Trichoderma atroviride</i> .	biochemia
Michał Nowakowski	Struktura i dynamika ludzkiego białka S100A1.	biofizyka
Małgorzata Alabrudzińska	Zastosowanie technologii mikromacierzowej do identyfikacji genów drożdży <i>Saccharomyces cerevisiae</i> odpowiedzialnych za stabilność genomu.	biochemia
Katarzyna Piątek	Modulacja wiązania cynku do palców cynkowych przez małe bioligandy: glutation (GSH), arsenian sodu (AsNaO ₂) i kwas monometyloarsenowy III (MMAIII).	biochemia

II.6.2. Wykaz tytułów i stopni naukowych nadanych przez jednostkę w roku sprawozdawczym innym osobom (niezatrudnionym w jednostce):

- doktora habilitowanego

Imię i nazwisko	Tytuł pracy habilitacyjnej	Dziedzina i zakres nadanego stopnia naukowego
Jan Wojciech Brzeski	Mechanizmy ustanawiania i dziedziczenia stanów chromatyny	biologia; biochemia
Michał Ireneusz Milewski	Struktura i funkcja C- końcowej części białka CFTR w kontekście patogenezy mukowiscydozy oraz chorób agregacyjnych	biologia; mikrobiologia

- doktora
nie było

II.6.3. Studia doktoranckie:

Liczba uczestników studium		Liczba uczestników pobierających stypendia	
Ogółem	w tym: przyjęci w roku sprawozdawczym	ogółem	w tym: przyznane przez jednostkę PAN prowadzącą studium
143	24	117	55

II.6.3.1. Wykaz uzyskanych doktoratów w ramach studiów doktoranckich pod kierunkiem promotora z jednostki PAN:

Imię i nazwisko	Tytuł pracy doktorskiej	Dziedzina i zakres nadanego stopnia naukowego
Marian Siwiak	Rola CFTR w komórce, od poziomu transkryptomiki i interaktomiki do pełnoatomowych modeli przykładowych kompleksów.	biofizyka
Monika Pasikowska	Poszukiwanie funkcji białka <i>Saccharomyces cerevisiae</i> Rot1 w glikozylacji białek.	biochemia
Agata Leszczyńska	Badanie wpływu statyn na komórkę przy użyciu drożdży <i>Saccharomyces cerevisiae</i> .	biochemia
Rasa Monkaityte	Specyficzność gatunkowa Hof1, przedstawiciela rodziny białek zawierających domenę SH3.	biochemia
Agnieszka Belczyk-Ciesielska	Biotechnologiczne zastosowanie reakcji hydrolizy wiązania peptydowego z udziałem jonów niklu(II).	biochemia
Magdalena Wojtas	Rola geranylogeranylation białek Rab u <i>Arabidopsis thaliana</i> .	biochemia
Olga Puchta	Dmr1p i Pet127p – jądrowo kodowane białka zaangażowane w stabilność i obróbkę RNA w mitochondriach drożdży <i>Saccharomyces cerevisiae</i> .	biochemia
Joanna Kraszevska	Udział polimeraz DNA o niskiej wierności w replikacji chromosomowego DNA w drożdżach <i>Saccharomyces cerevisiae</i> .	biochemia

Wojciech Potrzebowski	Modelowanie kompleksów makrocząsteczek biologicznych z wykorzystaniem danych eksperymentalnych o niskiej rozdzielczości.	biochemia
Marta Garbacz	Udział Dpb2p, drożdżowej podjednostki polimerazy DNA epsilon, w kontroli wierności syntezy DNA.	biochemia
Rafał Hoser	Wpływ fosforylacji białka SGT1 na odpowiedź roślin na infekcje.	biochemia

II.6.4. Udział pracowników jednostki w różnych formach kształcenia podoktorskiego w instytucjach zagranicznych (studia, staże, stypendia, inne, ukończone w roku sprawozdawczym). Dotyczy osób, które będąc pracownikami jednostki, uczestniczyły w tych formach kształcenia.

Krótki opis: imię i nazwisko pracownika; zagraniczny ośrodek naukowy; forma kształcenia; okres kształcenia, rok od-do; wybrane uzyskane najważniejsze rezultaty badawcze (ew. publikacje).

Imię i nazwisko pracownika	Zagraniczny ośrodek naukowy	Forma kształcenia	Okres kształcenia, rok od-do	Wybrane uzyskane najważniejsze rezultaty badawcze (ew. publikacje)
Agata Lipko	Institute of Chemistry, University of Strasbourg	staż badawczy	23.01-29.07.2012	Badania nad wczesnymi etapami biosyntezy izoprenoidów
Ewa Morawiec	iBiTec-S CEA/Saclay Francja	Staż badawczy	01.2012-10.2012	Badanie fenotypu szczepu maf1-Δ i powiązania glukoneogenezy z regulacją Polimerazy III.
Dominika Foretek	Ohio State University USA	Staż badawczy	03.01.2012-08.07.2012	Koordynacja transkrypcji i processingu tRNA
Justyna McIntyre	NIEHS Bethesda USA	Staż podoktorski	1.05.2009-30.04.2014	McIntyre et al., Ubiquitin mediates the physical and functional interaction between human DNA polymerases h and i. Nucleic Acids Research, 2012, 1–12
Tomasz Sarnowski	Max Planck Institute for Plant Breeding, Niemcy	Staż naukowy	03.06.2012 09.11.2012	SACHAROWSKI S., ROLICKA A.T., BUCIOR E., PAWLIKOWSKA K.P., SARNOWSKI T.J., JERZMANOWSKI A.J. Analysis of expression and identification of interacting partners of ATSWP73A and ATSWP73B subunits of <i>Arabidopsis</i> SWI/SNF-type chromatin remodeling complex. 22nd IUMB & 37th FEBS Congress, Seville, Spain, 4-9 September 2012 FEBS Journal (2012) Volume 279, Issue Supplement s1, p.83 ROLICKA A.T., BUCIOR E., SARNOWSKA E.,

				GRATKOWSKA D., ARCHACKI R., DAVIS S.J., KONCZ C., SARNOWSKI T.J., JERZMANOWSKI A.J. ATSWI3C subunit of the <i>Arabidopsis</i> SWI/SNF chromatin remodeling complex is involved in the GA response pathway. 22nd IUMB & 37th FEBS Congress, Seville, Spain, 4-9 September 2012 FEBS Journal (2012) Volume 279, Issue Supplement s1, p.84
Jadwiga Nieminuszczy	Department of Oncology and Molecular Oncology, University of Oxford, Anglia	Staż podoktorski	2010-obecnie	Blackford AN, Schwab RA, Nieminuszczy J, Deans AJ, West SC, Niedzwiedz W. The DNA translocase activity of FANCM protects stalled replication forks. Hum Mol Genet. 2012 May 1;21(9):2005-16
Michał Wrzesiński	Department of Oncology and Molecular Oncology, University of Oxford, Anglia	Staż podoktorski	02.2012-04.2012	Konstrukcja linii komórkowej DT40 pozbawionych homologów ludzkich genów kodujących rodzinę białek AlkB.
Anna Kulik	Uniwersytet Burgundzki, Dijon, Francja	Staż podoktorski	02.2012 – obecnie	Badanie wpływu tlenu azotu i reaktywnych form tlenu na odpowiedź roślin na stres środowiska

II.6.5. Opieka nad studentami

Liczba studentów odbywających praktyki w jednostce PAN ogółem	Liczba prac magisterskich wykonanych pod kierunkiem pracowników naukowych jednostki PAN		
	ogółem	w uczelniach macierzystych	w jednostkach PAN
112	52	22	30

II.7. Działalność dydaktyczna pracowników jednostki

wyszczególnienie	Liczba osób prowadzących, ogółem:	
	zajęcia ze studentami (wykłady, ćwiczenia seminaria, itp.)	wykłady (inne, poza zajęciami ze studentami)
1. w kraju	31	17
a) w uczelniach wyższych	24	9
b) w innych instytucjach	7	8
2. za granicą	0	2

Wykaz krajowych i/lub zagranicznych ośrodków naukowych, w których pracownicy jednostki prowadzili działalność dydaktyczną w roku sprawozdawczym.

1. Politechnika Warszawska
2. Uniwersytet Warszawski
3. Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego
4. PIWET Puławy
5. Uniwersytet Technologiczny w Kownie

II.8. Współpraca z zagranicą

II.8.1. Umowy i porozumienia o współpracy naukowej zawarte przez jednostkę z partnerem zagranicznym

Liczba ogółem: 20

z tego:

kraj	partner	nazwa dokumentu	okres obowiązywania
Belgia	Dr Wim Van Camp	PITN-GA-2010-264296	2011-2014
Francja	Dr Murat Saparbaev, Groupe «Réparation de l'ADN», Université Paris Sud, Laboratoire «Stabilité Génétique et Oncogenèse» CNRS, UMR 8200, Institut de Cancérologie Gustave Roussy, F-94805 Villejuif	Partner zagraniczny w ramach projektu <i>Międzynarodowe Studia Doktoranckie</i>	2010-2014
Francja	Dr Bertrand Castaing Centre de Biophysique Moléculaire, UPR4301, CNRS, rue Charles Sadron, 45071 Orléans cedex 02	Umowa dwustronna (IBB PAN – Uniwersytet Orleański) o wspólnym promotorstwie pracy doktorskiej mgr Artura Biela „ <i>doctorat cotutelle</i> ”.	2010-2014
Francja	iBiTec-S CEA/Saclay	MNiSW, Polonium Project N° 27665NJ	2012-2013
Francja	iBiTec-S CEA/Saclay	FNP projekt MPD/2009-3/2	2010-2014
Francja	iBiTec-S CEA/Saclay	FNP projekt POMOST 2010-2/2	2010-2014
Francja	INSA, Toulouse	International PhD program	2010-2015
Francja	INRA, Jouy-en-Josas	Theses en co-tutelle	2011-2014
Francja	CGM CNRS	Projekt PICS „Epigenetic targeting of programmed genome rearrangements in the ciliate <i>Paramecium tetraurelia</i> ”	2011-2013
Francja	CGM CNRS	Project GDRE “Paramecium Genome Dynamics and Evolution”	2010-2013
Francja	Dr Fabien Chardon	PITN-GA-2010-264296	2011-2014
Holandia	Dr Luit J. De Kok	PITN-GA-2010-264296	2011-2014
Hiszpania	Prof. Miquel Coll, Institute of Research in Biomedicine, Barcelona	Umowa w ramach projektu Harmonia 2012/04/M/NZ1/00068, kierownik dr Agnieszka Maciejewska	2012-2015
kraje Unii Europejskiej	COST	BM0802	2010-2013
Niemcy	Prof. Ruediger Hell	PITN-GA-2010-264296	2011-2014
Niemcy	Dr Reiner Hoefgen	PITN-GA-2010-264296	2011-2014
Hiszpania	Prof. Miquel Coll, Institute	Umowa w ramach projektu	2012-2015

	of Research in Biomedicine, Barcelona	Harmonia 2012/04/M/NZ1/00068, kierownik dr Agnieszka Maciejewska	
USA	Anita Hopper, Ohio State University	MPD/2009-3/2	2010-2014
Wielka Brytania	Dr Stanislav Kopriva	PITN-GA-2010-264296	2011-2014
Wielka Brytania	Dr Malcolm Hawkesford	PITN-GA-2010-264296	2011-2014
Włochy	Prof. Gian Attilio Sacchi	PITN-GA-2010-264296	2011-2014

II.8.2. Zagraniczne instytucje naukowe, z którymi jednostka współpracuje w sposób ciągły bez zawartego porozumienia – liczba ogółem **52**

II.8.3. Tematy realizowane we współpracy z zagranicą – **50**

II.8.4. Uzyskane rezultaty współpracy:

- wybrane rezultaty współpracy, np. wspólne publikacje, patenty, nowe metody badawcze i technologie (krótki opis 3 wybranych wyników).
- We współpracy opublikowano 26 publikacji, 8 kolejnych jest przygotowanych do druku, uzyskano 1 patent w USA i zgłoszono 1 wniosek patentowy

W wyniku współpracy z Uniwersytetem Wiedeńskim zbadano zdarzenia horyzontalnego transferu w ewolucji aerolizyn, toksyn tworzących kanały w błonach. Wykazano co najmniej sześć takich zdarzeń pomiędzy odległymi ewolucyjnie organizmami. W konsekwencji zaproponowano model określający warunki, które musi spełniać gen, jeśli organizm docelowy ma na stałe włączyć go do repertuaru własnych genów i gen musi produkować białko, które może funkcjonować samodzielnie oraz funkcja tego białka musi być bezpośrednio korzystna dla ekologii organizmu [MORAN Y., FREDMAN D., SZCZESNY P., GRYNBERG M., TECHNAU U. Recurrent horizontal transfer of bacterial toxin genes to eukaryotes. *Molecular Biology and Evolution* (2012) 29(9): 2223-2230].

Wieloletnia współpraca z pracownią dr Roela Schaapera dotyczy wyjaśnienia mechanizmów procesu replikacji DNA, zastępowania się polimeraz DNA podczas elongacji i mechanizmów kontrolujących stabilność genetyczną organizmów. Efektem tej współpracy jest zaproponowanie modelu wyjaśniającego jak w trakcie normalnej syntezy chromosomu bakteryjnego 5 różnych polimeraz DNA obecnych w komórkach *Escherichia coli* może zarówno „współdziałać” jak i „konkurować” ze sobą. Niezmiernie interesującym jest również wykazanie, że ta „gra” polimeraz zachodzi preferencyjnie na jednej z dwóch replikowanych nici DNA. Na nici replikowanej w sposób nieciągły gdzie dysocjacja polimeraz od DNA zachodzi prawdopodobnie częściej niż na nici kopiowanej w sposób ciągły. [Fijałkowska *et al.* (2012) DNA replication fidelity in *Escherichia coli*: a multi-DNA polymerase affair. *FEMS Microbiology Reviews*. 36:1105-1121]

Współpraca naukowa z zespołami z kilku krajów europejskich dotyczyła badań nad bioróżnorodnością złożonych, naturalnych populacji mikroorganizmów, właściwościami probiotycznymi wybranych bakterii z grupy LAB (bakterie fermentacji mlekowej) oraz analizy ruchomych elementów genetycznych w komórkach LAB. Jest to tematyka, która ma także znaczenie biotechnologiczne, z uwagi na szerokie wykorzystywanie bakterii LAB w przemyśle spożywczym, rolnictwie i farmacji. Wyniki tej współpracy opisano w trzech artykułach:

1. Alvarez-Martín P, Zycka-Krzesińska J, Bardowski J, Mayo B. 2012. [Sequence analysis of plasmid pSP02 from *Bifidobacterium longum* M62 and construction of pSP02-derived](#)

- [cloning vectors](#). Plasmid. 2012 Dec 7. doi:pii: S0147-619X(12)00113-8. 10.1016/j.plasmid. 2012.11.006.
2. Maiorano G, Sobolewska A, Cianciullo D, Walasik K, Elminowska-Wenda G, Sławinska A, Tavaniello S, [Zylinska J, Bardowski J, Bednarczyk M](#). 2012. [Influence of in ovo prebiotic and synbiotic administration on meat quality of broiler chickens](#). Poult. Sci. 91(11):2963-9.
 3. Alegria A, [Szczesny P](#), Mayo B, [Bardowski J, Kowalczyk M](#). 2012. [Biodiversity in Oscypek, a traditional Polish cheese, determined by culture-dependent and - independent approaches](#). Appl. Environ. Microbiol. 78(6):1890-8.

Metagenomiczne podejście, z użyciem techniki pyroseqwencjonowania DNA, pozwoliło na ustalenie składu i stopnia bioróżnorodności mikroorganizmów biorących udział w wytwarzaniu oscypka, tradycyjnego polskiego sera. Badania te, prowadzone były we współpracy z zespołem dr. Baltasara Mayo z IPLA-CSIC w Villaviciosa w Hiszpanii. Kontynuacja tej współpracy, związana z tematyką plazmidową, zaowocowała poznaniem sekwencji plazmidu pSP02, występującego w komórkach bifidobakterii. Plazmid ten posłużył jako cząsteczka wyjściowa do konstrukcji serii wektorów do klonowania genów w *Bifidobacterium*. Wyniki badań podstawowych nad LAB zostały zweryfikowane w badaniach na zwierzętach. Badania te wykazały, że niektóre szczepy probiotyczne podawane w towarzystwie probiotyków, tzw. synbiotyki, wpływają korzystnie na chów zwierząt i jakość ich mięsa, wykorzystywanego w produkcji żywności.

II.9. Międzynarodowe centra naukowe (działające w strukturze jednostki)

II.9.1. Dane organizacyjne:

- nazwa centrum/rok założenia/ dyrektor/przewodniczący Rady Naukowej.

II.9.2. Działalność naukowa:

- łączna liczba opublikowanych prac;
- wybrane wyniki działalności naukowej (krótki opis 3 wybranych wyników).

II.9.3. Działalność dydaktyczna:

- krótki opis działalności dydaktycznej.

II.9.4. Pozostałe informacje, wynikające ze specyfiki działania centrum (krótki opis).

II.10. Upowszechnianie i promocja osiągnięć naukowych

II.10.1. Konferencje naukowe (debaty, dyskusje, inne formy spotkań naukowych) organizowane/ współorganizowane przez jednostkę,

Liczba ogółem: 4

z tego:

Nazwa konferencji miejsce, data	Organizator, współorganizatorzy	Rodzaj konferencji		Liczba wystąpień
		krajowa	międzynarod.	
Inhibitor of Protein Kinases, Warszawa, 24-27.08.2012	Instytut Biochemii i Biofizyki Polskiej Akademii Nauk, Uniwersytet Warszawski, Międzynarodowy Instytut Biologii Molekularnej i Komórkowej, Instytut Medycyny Doświadczalnej i Klinicznej im. M. Mossakowskiego PAN, Komitet IBB PAN		X	4

42nd European Environmental Mutagen Society annual conference, Warszawa, 16-20.09.2012	Instytut Biochemii i Biofizyki Polskiej Akademii Nauk, Uniwersytet Warszawski, Komitet IBB PAN, Komitet EEMS,		X	4
5th Annual Meeting of COST ACTION FA0804 "Molecular farming: plants as production platform for high value proteins", Warszawa, 05-07.09.2012	European Commission (EU RTD Framework Programme), Instytut Biochemii i Biofizyki Polskiej Akademii Nauk (Agnieszka Sirko)		X	3
Integracyjne Sympozjum Międzynarodowych Projektów Doktoranckich, Pułtusk, 05-08.10.2012	Instytut Biochemii i Biofizyki Polskiej Akademii Nauk, Uniwersytet Warszawski, Politechnika Warszawska, Międzynarodowy Instytut Biologii Molekularnej i Komórkowej	X		3

W tabeli: liczba wystąpień – łączna liczba wszystkich rodzajów wystąpień konferencyjnych przedstawionych przez pracowników jednostki.

II.10.2. Udział jednostki w przedsięwzięciach promujących i popularyzujących wyniki badań naukowych (np. festiwale i pikniki naukowe, wystawy i targi, w tym targi książki, artystyczne, inne): nazwa i miejsce imprezy, ewentualne wyróżnienia związane z udziałem jednostki w tej imprezie (krótki opis).

W ramach XVI Festiwal Nauki (Warszawa, 21-30 września 2012 r.) pracownicy Instytutu przygotowali i przeprowadzili 6 spotkań i lekcji festiwalowych:

Arabidopsis - chwast w służbie nauki

Dzięki badaniom genetycznym nad małą rośliną, *Arabidopsis thaliana* (rzodkiewnik pospolity), dokonano wielu ważnych odkryć w biologii. Niezwykle cennymi narzędziami badawczymi są rośliny do których wprowadzono obcy gen lub w których określony gen został uszkodzony. W trakcie warsztatów zostaną zaprezentowane i omówione interesujące przykłady roślin transgenicznych i mutantów rzodkiewnika, a także sam proces powstawania takich roślin. Uczestnicy będą również mogli zidentyfikować roślinę transgeniczną *Arabidopsis* za pomocą metody PCR.

Analiza molekularna genu

Analizie będzie poddany gen MAF1 drożdży, który koduje potencjalny ortolog ludzkiego supresora nowotworzenia. Uczestnicy samodzielnie wykonają trawienie plazmidów z genem MAF1 oraz analizę fragmentów DNA na żelu.

Jak śledzić białko?

W laboratoriach zajmujących się biologią molekularną stosowane są metody, które pozwalają na identyfikację i obserwację wybranych białek. Jednym z powszechnie stosowanych narzędzi jest wykazujące fluorescencję białko GFP. Dołączenie GFP do wybranego białka pozwala obserwować je we wnętrzu komórki. W trakcie warsztatów uczestnicy będą obserwować jedno z białek roślinnych z dołączonym znacznikiem GFP. Poznają także technikę elektroforezy, służącą do rozdzielania mieszaniny tysięcy białek znajdujących się w komórkach.

Genetyczne Zoo

Niezwykłe Zoo, w którym zaprezentowane zostaną bakterie, grzyby, fagi, komórki zwierzęce, nowotworowe, komórki macierzyste i roślinne, które na co dzień są wykorzystywane w badaniach naukowych, a w przemyśle biotechnologicznym m. in. do produkcji leków i wielu innych ważnych substancji. Jako dodatkową atrakcję proponujemy wyhodowanie własnych mikrobów (np. z odcisku palca, śliny, powietrza).

Jak „zobaczyć” geny plazmidowe u bakterii mlekowych?

Fermentowane artykuły spożywcze, otrzymywane przy udziale bakterii mlekowych, są nie tylko smacznymi produktami odżywczymi, ale mogą korzystnie wpływać na kondycję człowieka. Bakterie te są także źródłem różnych genów i enzymów wykorzystywanych w biotechnologii. Wiele z użytecznych przemysłowo właściwości zapisanych jest w plazmidach. Pokażemy, jak można wykryć obecność bakterii mlekowych i obejrzymy ich komórki. Dowiemy się także, co i w jaki sposób mówią nam o sobie bakterie mlekowe. Zajrzemy do wnętrza komórki bakteryjnej i zobaczymy jak wygląda ich DNA. Wyizolujemy chromosom bakteryjny oraz DNA plazmidowy i zobaczymy jak różnią się one między sobą.

Czym są plazmidy i jaką rolę odgrywają u bakterii te cząsteczki DNA?

Problem nabywania oporności na antybiotyki przez bakterie i jej rozprzestrzeniania w środowisku jest w ostatnich latach szczególnie niepokojący. Coraz częściej antybiotyki stosowane do leczenia ludzi są nieskuteczne. Dlaczego bakterie stają się niewrażliwe na antybiotyki i co mają do tego plazmidy? Czym są plazmidy i jaką rolę odgrywają u bakterii te cząsteczki DNA? Na spotkaniu z uczniami gimnazjum odpowiemy na te pytania oraz poruszymy zagadnienie przekazywania plazmidów między komórkami bakterii. Opowiemy też o sposobach, dzięki którym plazmidy nie mogą zostać „zgubione” przez komórkę bakterii i o tym, co z tego wszystkiego wynikać może.

II.11. Działalność zaplecza naukowego jednostki, o charakterze ogólnoodrodowiskowym, w tym:

II.11.1. Muzea, wystawy, kolekcje specjalne i eksponaty, banki zasobów m.in. genetycznych, i in. w strukturze jednostki

- eksponaty, kolekcje – działy, grupy – krótki opis nabytków w roku sprawozdawczym
- udostępnianie zbiorów kolekcji i zasobów (rodzaj zadań i usług specjalistycznych – krótki opis).

KOLEKCJA SZCZEPÓW IBB PAN „COLIBB”

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 2012 kontynuowano prace nad usprawnieniem wprowadzania rekordów i wyszukiwania danych w istniejących podgrupach kolekcji, oraz nad rozbudową kolejnych dwóch podgrup szczepów (Bakteriofagi oraz Izolanty Środowiskowe). Kontynuowano również przebudowę strony kolekcji w celu poprawienia jej funkcjonalności (np. przez umożliwienie dodawania zdjęć szalek, wprowadzenie nowych rekordów umożliwiających szczegółową charakterystykę deponowanych szczepów). Ponadto prowadzono dalszą rozbudowę podgrupy – Izolatów Środowiskowych, w skład której wchodzi szczepy (bakterie i grzyby) izolowane ze środowisk naturalnych, m.in. szczepów wyizolowanych z kopalni złota w Złotym Stoku, a w przygotowaniu są kolejne szczepy bakteryjne oraz grzyby. Wymienione szczepy poddawane są dokładnej analizie mającej na celu ich charakterystykę. W 2012 założono nową podgrupę dla psychrofilnych szczepów Arktycznych i Antarktycznych.

Pod koniec 2012 roku zasoby kolekcji „COLIBB” wynosiły: 3023 szczepów bakteryjnych, 3871 szczepów drożdżowych, 2089 plazmidów, 300 izolatów środowiskowych, 260 szczepów arktycznych i antarktycznych. W przygotowaniu do zdeponowania jest około 200 szczepów bakteryjnych i 130 plazmidów. W ramach współpracy z Siecią Biologii i Biotechnologii Bakteriofagów, wprowadzane są do zasobów kolekcji IBB referencyjne szczepy bakteriofagowe niezbędne do prowadzenia badań nad fagami i określania ich specyficzności.

Kolekcja COLIBB i informacje o jej zasobach są dostępne na stronie internetowej IBB PAN: <http://kolekcja.ibb.waw.pl>.

Gatunki bakterii zdeponowane w kolekcji:

Acinetobacter Baumannie, *Aeromonas sp.*, *Arthrobacter sp.*, *Bacillus subtilis*, *Bifidobacterium longum*, *Brevundimonas sp.*, *Chryseobacterium sp.*, *Cryobacterium sp.*, *Enterococcus faecalis*, *Escherichia coli*, *Gelidobacter sp.*, *Flarobacterium sp.*, *Hymenobacter sp.*, *Lactobacillus sp.*, *Lactobacillus casei*, *Lactobacillus paracasei*, *Lactobacillus plantarum*, *Lactobacillus rhamnosus*, *Lactococcus cremoris*, *Lactococcus garvieae*, *Lactococcus hordniae*, *Lactococcus lactis*, *Lactococcus raffinolactis*, *Leifsonia sp.*, *Micrococcus sp.*, *Paracoccus marcusii*, *Planococcus sp.*, *Polaromonas sp.*, *Pseudomonas aeruginosa*, *Psychobacter sp.*, *Rhodococcus sp.*, *Salmonella typhimurium*, *Sejongia sp.*, *Serratia grimesii*, *Shewanella sp.*, *Sinorhizobium sp.*, *Sphingomonas sp.*, *Sporosarcina sp.*, *Staphylococcus aureus*, *Stenotrophomonas sp.*, *Streptococcus agalactiae*, *Streptococcus bovis*, *Streptococcus equisimilis*, *Streptococcus pyogenes*, *Streptococcus thermophilus*, *Streptomyces sp.*, *Yersinia sp.*

Gatunek drożdży zdeponowany w kolekcji:

Saccharomyces cerevisiae.

<http://kolekcja.ibb.waw.pl/search> nazwa użytkownika: ibb; hasło: kolekcja

II.11.2. Laboratoria, stacje diagnostyczne, obserwatoria, prace terapeutyczne, itp.

– zadania, usługi, świadczenia (rodzaj zadań, usług i świadczeń – krótki opis);

1. Polska Stacja Antarktyczna im. H. Arctowskiego

Zakład Biologii Antarktyki wraz ze Stacją Antarktyczną im. H. Arctowskiego zostały włączone w strukturę instytutu 01.01.2012 r.

Stacja im. H. Arctowskiego jest jedyną działającą, polską stacją antarktyczną. Działa ona w systemie całorocznym nieprzerwanie od 35 lat. Dzięki założeniu stałej Stacji, Polska stała się trzynastym, pełnoprawnym członkiem Układu Antarktycznego.

Dzięki działalności Stacji im. H. Arctowskiego prowadzone są badania naukowe w następujących dziedzinach: oceanografia, geologia, glaciologia, geomorfologia, klimatologia, mikrobiologia, botanika, ekologia, ornitologia, genetyka, biologia i chemia morza, kartografia i inne.

Antarktyda i otaczający ją Ocean Południowy są rejonem, w którym prowadzić można unikalne badania dotyczące roli regionów polarnych w obecnych i przyszłych zmianach globalnych środowiska, ewolucji i biologicznej adaptacji organizmów do życia w środowisku ekstremalnym, tektonicznej ewolucji litosfery Ziemi, oraz interakcji Słońce – Ziemia.

Przeważająca większość polskich badań naukowych w Antarktyce jest prowadzona dzięki działalności Stacji „Arctowski”. Z infrastruktury Stacji lub materiałów naukowych tam zebranych korzystają zespoły badawcze należące do wielu polskich jednostek naukowych.

Badania obszarów polarnych, ich waga naukowa, geopolityczna i ekonomiczna są przedmiotem aktywnego zainteresowania wielu państw, czego wyrazem są specjalne naukowe programy rządowe.

2. Pracownia Analiz Mikromacierzy

Pracownia jest wyposażona w system **GeneChip®Scanner 3000 Targeted Genotyping System** firmy **Affymetrix**, który wykorzystuje wysokiej gęstości płytki zawierające sondy oligonukleotydowe umożliwiające (między innymi) przeprowadzanie globalnej analizy stanu aktywności transkrypcyjnej tysięcy, a nawet dziesiątków tysięcy genów jednocześnie lub analizę polimorfizmów pojedynczych nukleotydów (SNP – single nucleotide polymorphisms). Przykładowo, do analizy profilu ekspresji genów dostępne są gotowe mikromacierze dla ponad 25 gatunków, w tym człowieka, myszy, szczura, *Arabidopsis* i drożdży. Analiza na poziomie DNA przy pomocy posiadanego przez nas systemu umożliwia prowadzenie takich badań jak: badania nierównowagi sprzężeń (*ang.* linkage disequilibrium); kompleksowe badania związków SNPs z fenotypem (*ang.* whole-genome association studies) oraz analizę zmienności liczby kopii (CNV- copy number variation).

Pracownia Analiz Mikromacierzy zatrudnia specjalistów w zakresie analizy transkryptomu oraz analiz SNP. Integralną część grupy stanowi Zespół Bioinformatyczny, który zajmuje się analizą otrzymanych wyników z wykorzystaniem publicznie dostępnego oprogramowania oraz programu „PARTEK” zalecanego przez firmę Affymetrix.

3. Serwis Bakulowirusa

System bakulowirusa jest wydajnym eukariotycznym systemem ekspresyjnym, przy pomocy którego można uzyskać około 100 mg białka z 1 litra hodowli. Nadprodukowane w tym systemie białka wykazują aktywność biologiczną porównywalną z białkami natywnymi. Działający w Zakładzie Biosyntezy białka IBB Serwis Bakulowirusa oferuje wysokiej jakości usługi zarówno dla pracowników IBB jak i innych placówek naukowych.

Wykonuje klonowanie genu do wektora pośredniego, produkcję i amplifikację zrekombinowanego bakulowirusa, testy nadprodukcji oraz przygotowujemy komórki nadprodukujące białko. Dla białek klonowanych z etykietką histydynową, dodatkowo proponujemy oczyszczanie białka. Można zamawiać zarówno całą procedurę otrzymywania i oczyszczania zrekombinowanego białka jak również jej poszczególne etapy.

4. Pracownia Sekwencjonowania DNA i Syntezy Oligonukleotydów

Laboratorium specjalizuje się w masywnych sekwencjonowaniach genomowych DNA i genomice funkcjonalnej. Prowadzimy anotacje zidentyfikowanych sekwencji oraz analizy funkcjonalne wybranych genów. Nasze kompetencje obejmują dziedziny klasycznej i molekularnej genetyki bakterii, drożdży i orzęsków. Laboratorium wyposażone jest w wysokoprzepustowe sekwenatory do klasycznego sekwencjonowania metodą Sangera, a od 2008 roku został zainstalowany i pracuje w pełnym zakresie sekwenator genomowy GS FLX Titanium (454) firmy Roche. Zespół brał udział w sekwencjonowaniu chromosomów z genomu *Saccharomyces cerevisiae*, a następnie pierwszego chromosomu oraz pełnego genomu *Paramecium tetraurelia*. Zespół brał udział w realizacji narodowego projektu sekwencjonowania genomu ziemniaka w ramach współpracy w Konsorcjum Sekwencjonowania Genomu Ziemniaka (PGSC The Potato Genome Sequencing Consortium). Prowadzimy sekwencjonowanie w ramach programów badawczych wielu grup instytutowych oraz współpracujących placówek naukowych. Posiadamy doświadczenie w sekwencjonowaniu dla potrzeb diagnostyki medycznej.

5. Środowiskowe Laboratorium Magnetycznego Rezonansu Jądrowego

Środowiskowe Laboratorium Magnetycznego Rezonansu Jądrowego wykonuje pomiary widm magnetycznego rezonansu jądrowego (NMR) związków organicznych i

biologicznych. Oferowane są pomiary widm 1D, 2D i 3D, zarówno izotopu ^1H a także homo i heterojądrowe wielowymiarowe widma NMR izotopów ^{13}C i ^{15}N oraz widma jednowymiarowe wszystkich izotopów z przedziału częstości rezonansowych od ^{14}N do ^{31}P . Pracownicy Laboratorium służą ekspertyzą w szeregu niestandardowych pomiarów niezbędnych do określania struktury i dynamiki takich biopolimerów jak białka, oligonukleotydy i oligosacharydy. Ze względu na duże doświadczenie w tematyce NMR pracownicy Laboratorium organizują kursy i szkolenia z wykorzystania spektrometrii NMR w badaniach naukowych w dowolnym zakresie.

6. Środowiskowe Laboratorium Spektrometrii Mas

Laboratorium Spektrometrii Mas wykonuje pomiary mas cząsteczkowych peptydów, białek oligonukleotydów i innych ważnych biologicznie związków. Masy cząsteczkowe peptydów tryptycznych stanowią na przykład podstawę do identyfikacji białek wraz z ich modyfikacjami potranslacyjnymi. Natomiast pomiary amplitudy sygnału w widmach MS pozwalają na relatywne, a przy użyciu standardów wewnętrznych również absolutne, pomiary stężeń związków w złożonych preparatach biologicznych. Pomiary relatywnych stężeń białek stanowią podstawę proteomiki różnicowej, gdzie proteomika pozwala na określenie różnic w składzie białkowym próbek.

Laboratorium wykonuje projekty proteomiczne korzystając z najnowszej dostępnej na rynku aparatury – spektrometrów mas: Q-ToF Premier, LTQ FTICR, Orbitrap Velos. Próbkę dostarczane przez współpracowników to najczęściej prążki z żeli poliakrylamidowych ale także frakcje chromatografii cieczowej, czy mieszaniny białkowe będące efektem immunoprecypitacji, a celem doświadczenia jest określenie składu białkowego próbki.

Identyfikacja i lokalizacja modyfikacji potranslacyjnych stanowi trudniejsze wyzwanie, ale również jest z powodzeniem wykonywana. Średnio, laboratorium wykonuje 200-250 analiz tego typu miesięcznie. Wiele projektów zakłada porównanie składu białkowego złożonych mieszanin – subproteomów. Wymaga to użycia odpowiednich narzędzi informatycznych, nie są one dostępne komercyjnie, tworzenie nowych narzędzi informatycznych na potrzeby proteomiki jest również prowadzone w Laboratorium.

- uzyskane certyfikaty za wdrożenia systemów jakości, międzynarodowych, przyjętych w UE (opis);
- uzyskane akredytacje Polskiego Centrum Akredytacji lub równorzędnego, systemy jakości (opis).

II.12. Nagrody i wyróżnienia naukowe uzyskane przez pracowników jednostki w roku sprawozdawczym

II.12.1. Nagrody krajowe i zagraniczne przyznane za działalność naukową
nazwa-rodzaj nagrody/za co przyznana/przez kogo/komu

(m.in. Prezydenta RP, Prezesa Rady Ministrów, nagrody PAN, nagrody akademii nauk i instytucji równorzędnych, nagrody resortowe, uczelni wyższych, fundacji, towarzystw, instytucji oraz osób działających na rzecz nauki, nagrody przyznawane przez jednostkę).

Nazwa/rodzaj nagrody	Za co przyznana	Przez kogo przyznana	Komu przyznana
Krzyż Kawalerski Orderu Odrodzenia Polski	Osiągnięcia naukowe i popularyzacja nauki	Prezydent RP	E. Bartnik
Order Palm Akademickich	Za zasługi dla społeczności akademickiej i świata szkolnictwa, które przyczyniły się do intelektualnej, naukowej i artystycznej ekspansji Francji w świecie	Ministra Edukacji Narodowej Francji	W. Zagórski-Ostoja
Nagroda II Wydziału Nauk Biologicznych i Rolniczych PAN	Cykl prac badawczych na temat „Molekularny mechanizm regulacji aktywności polimerazy III RNA przez białko MafI	II Wydział PAN	M. Boguta
Wyróżnienie (konkurs im. K. Bassalika)	Najlepsza publikacja wykonana w laboratorium polskim i opublikowana w 2011 roku p.t.: „Adaptative potential of the <i>Lactococcus lactis</i> IL594 strain encoded in its 7 plasmids.” PLoS One (2011) 6(7) : e22238 [12 p.]	Komitet Mikrobiologii PAN	R.K. Górecki, A. Koryszewska-Bagińska, M. Gołębiewski, J. Żylińska, M. Grynberg, J.K. Bardowski
I nagroda za najlepszą prezentację plakatową	Plakat p.t.: “The effect of chloroacetaldehyde on M13mp18 phage replicated in <i>Escherichia coli</i> JM 105 alkB strain”	16th Gliwice Scientific Meetings, Gliwice, Poland, 16-17.11.2012	K.P. Ruszel, P. Kowalczyk, A. M. Maciejewska, J. T. Kuśmierek
Wyróżnienie za prezentację plakatową	Plakat p.t.: “Biochemical and structural studies of BER enzymes inhibition by DNA-base analogues”	12 International Workshop on Radiation Damage to DNA, Praga, 02-06.06.2012	A. Biela
Wyróżnienie za prezentację plakatową	Plakat p.t.: „The nucleotide incision repair pathway participates in the removal of highly mutagenic exocyclic DNA adducts in human cells.	EEMS 42 Zjazd Europejskiego Towarzystwa Mutagenezy Środowiskowej, Warszawa, 16-20.09.2012	P. Prorok
I nagroda za najlepszą prezentację plakatową	Nagroda za zdobycie pierwszego miejsca w prezentacji plakatowej, sesja farmaceutyczna	Zarząd Studenckiego Towarzystwa Naukowego przy Uniwersytecie Jagiellońskim, Collegium Medicum International Medical Students' Conference 2012, 12-14 kwietnia 2012, Kraków	A. Maciejak
Nagroda za prezentację plakatową	“Phosphorylation of HopQ1, a type III effector from <i>Pseudomonas syringae</i> , creates a binding site for host 14-3-3 proteins”	30th New Phytologist Symposium on “Immunomodulation by plant associated organism”, 16-19.09.2012, Fallen Leaf Lake, CA, USA.	F. Giska, M. Lichocka, M. Piechocki, M. Dadlez, E. Schmelzer, J. Hennig, M. Krzymowska
Nagroda Rady Naukowej IBB PAN	Za pracę przeglądową „Faithful chaperones”. Cell Mol Life Sci. 2011 68 : 3307-3322	Rada Naukowa IBB PAN	E. Szolańska, J. Chroboczek

Nagroda Rady Naukowej IBB PAN	Publikacja: Casein kinase II-mediated phosphorylation of general repressor Maf1 triggers RNA polymerase III activation. Proc. Natl. Acad. Sci USA (2011) 108 : 4926-4931	Rada Naukowa IBB PAN	D. Graczyk, J. Dębski, G. Muszyńska, M. Bretner, O. Lefebvre, M. Boguta
Wyróżnienie Rady Naukowej IBB PAN	Publikacja: RNA polymerase III under control: repression and de-repression. Trends in Biochemical Sciences (2011) 36 : 451-456	Rada Naukowa IBB PAN	D. Graczyk, M. Boguta
Nagroda Rady Naukowej IBB PAN	Publikacja: Identification and functional analysis of Joka2, a tobacco member of the family of selective autophagy cargo receptors. Autophagy (2011) 7 : 1145-1158	Rada Naukowa IBB PAN	K. Zientara-Rytter, J. Łukomska, G. Moniuszko, M. Lewandowska, A. Wawrzyńska, A. Sirko
Nagroda Specjalna Rady Naukowej IBB PAN	Za współautorstwo publikacji: Genome sequence and analysis of the tuber crop potato. Nature (2011) 475 : 189-195	Rada Naukowa IBB PAN	R. Gromadka, P. Szczesny, J. Gawor, W. Zagórski-Ostoja
Nagroda Rady Naukowej IBB PAN najlepszą pracę doktorską obronioną w 2011r.	Praca doktorska pt.: „Synteza nowych inhibitorów NTP-azy/helikazy wirusa HCV oraz kinazy kazeinowej CK2”	Rada Naukowa IBB PAN	A. Najda-Bernatowicz

II.12.2. Nagrody i wyróżnienia przyznane za praktyczne zastosowanie wyników B+R

nazwa-rodzaj nagrody/za co przyznana/przez kogo/komu

(m.in. Prezydenta RP, Prezesa Rady Ministrów, nagrody PAN, nagrody resortowe, uczelni wyższych, fundacji, towarzystw, instytucji oraz osób działających na rzecz nauki, krajowych izb gospodarczych, medali i wyróżnień przyznanych na targach krajowych i zagranicznych, nagrody przyznawane przez jednostkę).

Nazwa/rodzaj nagrody	Za co przyznana	Przez kogo przyznana	Komu przyznana
Mikroprzedsiębiorca roku 2012, kategoria progres	Działalność naukowa i analityczna w firmie Phage Consultants oraz działalność B+R firmy Phage Consultants	Fundacja Kronenberga	Wyróżnienie dla dr Piotra Golca

III. ZATRUDNIENIE

III.1. Zatrudnienie według stanu na 31 grudnia roku sprawozdawczego (w jednostce PAN jako podstawowym miejscu pracy, jeśli dotyczy)*.

Zatrudnienie według stanowisk

ogółem w osobach	pracownicy naukowcy							pozostali pracownicy
	razem	profesorowie zwyczajni	w tym czł. PAN	profesorowie nadzwyczajni	profesorowie wizytujący	adiunkci	asystenci	
302	115	33	2	11	-	38	33	187

III.2. Zatrudnienie średnioroczne w przeliczeniu na pełne etaty*:
Liczba ogółem/w tym naukowych.

248,98/130,25

*zgodnie z obowiązującymi przepisami.

IV. INNE FORMY ZRZESZENIA JEDNOSTEK NAUKOWYCH PAN
– powołane dla potrzeb wspólnych przedsięwzięć naukowych lub prac rozwojowych
(centra doskonałości, centra PAN, sieci i konsorcja naukowe, centra naukowe uczelni
wyższych, centra naukowo-przemysłowe instytutów badawczych, inne)

IV.1. Działające w jednostce Centra Doskonałości:

Centrum Doskonałości – Genomika / 16.09.2004 /status nadany przez KBN

IV.2. Przynależność jednostki do centrów PAN (definicja centrum stosownie do przepisów obowiązującej ustawy o Polskiej Akademii Nauk)

Nazwa/data powołania centrum PAN /specjalność naukowa/ jednostki naukowe tworzące centrum – brak

IV.3. Przynależność jednostki do sieci naukowych (definicja sieci naukowej stosownie do przepisów obowiązującej ustawy o zasadach finansowania nauki):

Nazwa/ data powołania sieci naukowej/ specjalność naukowa/ jednostki naukowe tworzące sieć

L.p.	Nazwa	Data powołania sieci naukowej	Specjalność naukowa	Jednostki naukowe tworzące sieć
1.	Zastosowanie systemów bioinformatycznych, biologicznych i biotechnologicznych do poszukiwania nowych związków obniżających stężenie cholesterolu.	22.09.2011	Badania obejmujące opracowanie i przebadanie nowych związków chemicznych hamujących szlak biosyntezy cholesterolu.	Instytut Biochemii i Biofizyki Polskiej Akademii Nauk, Warszawski Uniwersytet Medyczny
2.	Krajowa Sieć Informacji o Bioróżnorodności (Global Biodiversity Information Facility GBIF) http://www.gbif.edu/p/09.12.2003 , GBIF-2001/	28.08.2008	Poznanie i ochrona różnorodności biologicznej, ze szczególnym uwzględnieniem obszaru Polski, a także gromadzenia, przetwarzania i udostępniania danych o bioróżnorodności	Uniwersytet Warszawski; Centrum Badań Ekologicznych PAN, Instytut Badawczy Leśnictwa, Instytut Biochemii i Biofizyki PAN; Instytut Dendrologii PAN, Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin; Instytut Ochrony Przyrody PAN, Instytut Systematyki i Ewolucji Zwierząt PAN, Morski Instytut Rybacki, Muzeum i Instytut Zoologii PAN, Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego, Uniwersytet Gdański, Uniwersytet Jagielloński, Uniwersytet Mikołaja Kopernika, Uniwersytet Opolski, Uniwersytet Śląski,

				Uniwersytet w Białymstoku, Uniwersytet Wrocławski, Zakład Badania Ssaków PAN
3.	Sterowanie programem rozwoju układu pokarmowego i ekosystemu jelitowego noworodków dla poprawy zdrowia dorosłych zwierząt i człowieka	27.05.2008	Badania zajmujące się problematyką z zakresu rozwoju struktury i funkcji przewodu pokarmowego, mikrobiologii przewodu pokarmowego, żywienia nowo narodzonych ssaków, jak również ich praktycznym wykorzystaniem w rolnictwie i medycynie.	Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego, Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie, Uniwersytet Jagielloński – Collegium Medicum, Instytut Genetyki i Hodowli Zwierząt PAN, Instytut Biochemii i Biofizyki PAN, Uniwersytet Medyczny – Collegium Medicum im. Ludwika Rydygiera w Bydgoszczy, Katolicki Uniwersytet Lubelski, Uniwersytet Rolniczy im. Hugona Kołłątaja
4.	Metabolizm RNA u eukariota	20.02.2008	Badania metabolizmu RNA u eukariota.	Uniwersytet Warszawski, Uniwersytet Adama Mickiewicza, Uniwersytet Marii Curie-Skłodowskiej, Instytut Biochemii i Biofizyki PAN, Instytut Biologii Doświadczalnej im. M. Nenckiego PAN, Instytut Chemii Bioorganicznej PAN, Instytut Fizyki PAN, Centrum Onkologii – Instytut
5.	Nowe zastosowania spektroskopii magnetycznego rezonansu jądrowego w chemii, biologii, farmacji i medycynie	20.05.2008	Działalność na rzecz rozwoju metodologii pomiarów magnetycznego rezonansu jądrowego, mającą na celu wdrożenie i komercjalizację badań NMR w chemii organicznej, bioorganicznej i farmaceutycznej oraz biologii i medycynie oraz diagnostyce medycznej <i>in vitro</i>	Centrum Badań Molekularnych i Makromolekularnych PAN; Instytut Chemii Bioorganicznej PAN; Instytut Chemii Organicznej PAN; Instytut Chemii Fizycznej PAN; Uniwersytet Warszawski, Wydział Chemii; Politechnika Warszawska, Szkoła Zaawansowanych Technologii Chemicznych i Materiałowych, Wydział Chemiczny; Politechnika Łódzka, Wydział Chemiczny; Instytut Biochemii i Biofizyki PAN; Narodowy Instytut Leków; Instytut "Pomnik - Centrum Zdrowia Dziecka"

IV.4. Przynależność jednostki do konsorcjów naukowych (definicja konsorcjum naukowego stosownie do przepisów obowiązującej ustawy o zasadach finansowania nauki):

Nazwa/ data powołania konsorcjum naukowego/ specjalność naukowa/ jednostki tworzące konsorcjum

L.p.	Nazwa	Data powołania	Specjalność naukowa	Jednostki naukowe tworzące sieć
1.	Konsorcjum CBFPE	17.12.2010	biologia	Instytut Biochemii Biofizyki PAN; Instytut Systematyki i Ewolucji Zwierząt PAN; Instytut Nauk Geologicznych PAN; Uniwersytet Wrocławski PAN; Uniwersytet Warszawski
2.	POL-OPENSREEN	11.2010	biochemia	Instytut Biologii Medycznej PAN; Instytut Biochemii i Biofizyki PAN; Instytut Chemii Bioorganicznej PAN; Instytut Farmakologii PAN; Instytut Farmaceutyczny PAN; Centrum Badań Molekularnych i Makromolekularnych PAN
3.	Centrum Systemowej Biotechnologii Roślin, Fotosyntezy i Paliw Odnawialnych	15.04.2009	biotechnologia	Instytut Biochemii i Biofizyki PAN, Instytut Dendrologii PAN, Instytut Fizjologii Roślin PAN, Politechnika Łódzka, Politechnika Warszawska, Politechnika Wrocławska, Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego, Uniwersytet im. Adama Mickiewicza, Uniwersytet Łódzki, Uniwersytet Wrocławski
4.	Biocentrum Ochota	28.12.2007	biologia, medycyna, bioinżynieria	Instytut Biochemii i Biofizyki PAN; Instytut Biocybernetyki i Inżynierii Biomedycznej PAN, Instytut Biologii Doświadczalnej PAN, Instytut Medycyny Doświadczalnej i Klinicznej PAN, Instytut Podstawowych Problemów techniki PAN, Międzynarodowy Instytut Biologii Molekularnej i Komórkowej

IV.5. Udział jednostki w pracach innych form zrzeszeń powołanych dla potrzeb wspólnych przedsięwzięć naukowych lub prac rozwojowych (centra naukowe uczelni wyższych, centra naukowo-przemysłowe instytutów badawczych, inne)¹

miejsowość, dnia 31.01.2012 r.

Imię i nazwisko, telefon do kontaktów osoby sporządzającej informację
Katarzyna Jagiello-Wilgat, tel. 22-592-21-41

¹ Definicja centrum naukowego uczelni oraz centrum naukowo-przemysłowego instytutu badawczego - stosownie do przepisów obowiązujących ustaw – odpowiednio – o szkolnictwie wyższym, o instytutach badawczych