

INSTYTUT BIOCHEMII I BIOFIZYKI
Polskiej Akademii Nauk

ul. Pawińskiego 5A
02-106 Warszawa

SPRAWOZDANIE Z DZIAŁALNOŚCI
za 2013 rok

SPIS TREŚCI

Informacja o Instytucie	A
Sprawozdanie merytoryczne	I
Temat nr 1: Synteza, badanie właściwości fizykochemicznych i biologicznych analogów nukleozydów pirymidynowych, potencjalnych substratów/inhibitorów biosyntezy kwasów nukleinowych	
prof. dr hab. T. Kulikowski	I.1
Temat nr 1.1: Nowe związki o działaniu przeciwwirusowym i przeciwnowotworowym	
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. Żołądek	I.15
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.16
Temat nr 25.2: Mechanizmy odpowiedzi komórek <i>Saccharomyces cerevisiae</i> na uszkodzenia DNA	
prof. dr hab. Z. Cieśla	I.17
Temat nr 25.3: Koordynacja procesów naprawy DNA w komórkach eukariotycznych	
prof. dr hab. E. Śledzińska-Gójska	I.18
Temat nr 27: Analiza funkcjonalna genów wybranych plazmidów pochodzących z bakterii o znaczeniu klinicznym	
dr Izabela Kern-Zdanowicz	I.19
Temat nr 28: Chemiczne podstawy mutagenyzy i reperacja adduktów cyklicznych	
prof. dr hab. J. Kuśmierek	I.20
Temat nr 29: Analiza molekularna genów kodujących enzymy katabolizmu argininy u <i>Aspergillus</i>	
prof. dr hab. P. Węgleński	I.21
Temat nr 30: Analiza mutantów typu SUV3 u <i>Saccharomyces cerevisiae</i>	
prof. dr hab. P. Stępień	I.22

Temat nr 31: Studia Doktoranckie	
prof. dr hab. G. Palamarczyk.....	I.23
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.24
Temat nr 32.2: Działalność Zespołu Biomedycyny Molekularnej (IBD PAN, IBB PAN, MIBMiK)	
Białka opiekuńcze w transformacji nowotworowej	
prof. dr hab. M. Żylicz	I.25
Temat nr 33: Mechanizmy aktywnej segregacji niskopiętowego plazmidu P1 do komórek potomnych w czasie podziału komórkowego	
dr hab. M. Łobocka	I.26
Temat nr 34: Udział struktur chromatynowych w regulacji transkrypcji genów	
prof. dr hab. A. Jerzmanowski.....	I.27
Temat nr 35: Ekspresja genów kodujących białka o znaczeniu terapeutycznym w roślinach	
prof. dr hab. A. Sirko.....	I.28
Temat nr 36: Metody informatyczne w biologii molekularnej	
prof. dr hab. P. Zielenkiewicz	I.29
Temat nr 37: Mechanizmy kontrolujące proces patogenezy komórek roślinnych	
prof. dr hab. J. Hennig.....	I.30
Temat nr 38: Funkcjonalna analiza otwartych ramek odczytu z <i>Saccharomyces cerevisiae</i>	
dr B. Rempola	I.31
Temat nr 39: Badanie polimorfizmu mitochondrialnego DNA w populacji polskiej	
prof. dr hab. E. Bartnik.....	I.32
Temat nr 41: Oksydacyjne uszkodzenia DNA	
prof. dr hab. B. Tudek	I.33
Temat nr 42: Mutacje indukowane i adaptacyjne	
prof. dr hab. E. Grzesiuk	I.34
Temat nr 43: Biologia plazmidu RK2 z grupy IncP <i>Escherichia coli</i>	
prof. dr hab. Grażyna Jagura-Burdzy	I.35
Temat nr 44: Środowiskowe Laboratorium Magnetycznego Rezonansu Jądrowego	
prof. dr hab. A. Ejchart.....	I.36
Temat nr 47: Modelowanie struktury i funkcji białek	
prof. dr hab. P. Zielenkiewicz	I.37
Temat nr 48: Badania wczesnych etapów zwijania i agregacji białek	
prof. dr hab. M. Dadlez	I.38
Temat nr 49: Metabolizm cukrów u bakterii mlekowych	
prof. dr hab. J. Bardowski	I.39
Temat nr 50: Przewodzenie sygnału stresu osmotycznego w roślinach	
prof. dr hab. G. Dobrowolska.....	I.40
Temat nr 51: Strukturalne i funkcjonalne konsekwencje modyfikacji potranslacyjnych białek	
dr A. Wysłouch-Cieszyńska	I.41
Temat nr 52: Analiza wybranych genów metabolizmu komórkowego <i>Arabidopsis thaliana</i>	
dr hab. E. Kraszewska	I.42
Temat nr 54: Mechanizmy molekularne działania jonów metali czynnych biologicznie	
prof. dr hab. W. Bal.....	I.43
Temat nr 55: Analiza genetyczna podstaw wybranych chorób dziedzicznych	
dr hab. B. Burzyńska	I.44
Temat nr 56: Genomika <i>Paramecium tetraurelia</i>	
dr Robert Gromadka.....	I.45
Temat nr 57: Mechanizmy wierności replikacji DNA	
dr hab. A. Bębenek.....	I.46
Temat nr 58: Identyfikacja i charakterystyka mikroorganizmów potencjalnie użytecznych w bioremediacji	
dr U. Zielenkiewicz	I.47
Temat nr 60: Mechanizmy podziałów komórkowych	
dr hab. A. Kurlandzka	I.48

Temat nr 61: Dynamika transkryptomu w normie i stresie	
dr hab. Marta Koblowska	I.49
Temat nr 62: Synteza białek biologicznie czynnych w heterologicznych systemach ekspresyjnych	
dr hab. Krystyna Grzelak.....	I.50
Temat nr 63: Dodekahedron adenowirusa jako platforma szczepionkowa	
dr Ewa Szolajska	I.51
Temat nr 64: Posttranslacyjne modyfikacje białek jako mechanizm regulacji szlaków przekazywania sygnału	
dr hab. M. Krzymowska	I.52
Temat nr 65: Modelowanie mechanizmów aktywności biologicznej na podstawie danych strukturalnych	
prof. dr hab. J. Poznański	I.53
Temat nr 66: Metodyka sekwencjonowań genomowych	
dr Robert Gromadka.....	I.54
Temat nr 67: Metabolizm siarki w roślinach	
prof. dr hab. A. Sirko.....	I.55
Temat nr 68: Metabolizm mitochondrialnych RNA u <i>S. cerevisiae</i>	
prof. dr hab. Paweł Golik	I.56
Temat nr 69: Metabolizm RNA u Eucaryota	
dr hab. A. Dziembowski.....	I.57
Temat nr 70: Biologia strukturalna białek służących jako narzędzie modyfikacji genetycznych	
prof. dr hab. Matthias Bochtler.....	I.58
Temat nr 71: Stres środowiskowy jako źródło niestabilności genetycznej	
dr Adianna Skoneczna	I.59
Temat nr 72: Genomika funkcjonalna odpowiedzi komórek eukariotycznych na stresy środowiskowe	
dr hab. Marek Skoneczny	I.60
Zakład Biologii Antarktyki	
dr Katarzyna Chwedorzewska.....	I.61-I.65
Pracownia Analiz Mikromacierzy	
dr hab. Marta Koblowska	I.66
Serwis Bakulowirusa	
dr E. Szolajska.....	I.67
Pracownia Hodowli Komórkowych	
dr E. Szolajska.....	I.68
Pracownia Sekwencjonowania DNA i Syntezy Oligonukleotydów	
dr Robert Gromadka.....	I.69-I.72
Laboratorium Analiz Modyfikacji Genetycznych	
prof. dr hab. Barbara Tudek	I.73
Środowiskowe Laboratorium Magnetycznego Rezonansu Jądrowego	
prof. dr hab. A. Ejchart.....	I. 74
Środowiskowe Laboratorium Spektrometrii Mas	
prof. dr hab. M. Dadlez	I.75
Pracownia Mikroskopii Konfokalnej i Fluorescencyjnej	
dr M. Lichocka	I.76
Publikacje 2013 r.	
Artykuły	II.79-II.100
Abstrakty	II.101-II.131
Habilitacje.....	II.132-II.133
Doktoraty	II.134-II.139
Prace magisterskie	II.140-II.144
Miscellanea	II.145-II.146
Publikacje nieuwzględnione w sprawozdaniu z 2011 r.	II.147-II.148
Informacje o działalności jednostki naukowej PAN w 2012 r.....	III.151-III.187

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 2013 r.:

Przyznane dotacje	61.773.859,90
<i>w tym:</i>	
Działalność statutowa	21.828.460,00
Projekty badawcze: NCN, NCBiR, MNiSW	35.010.619,90
<i>w tym:</i>	
<i>Fundusze strukturalne</i>	13.487.694,66
<i>Programy rozwojowe</i>	1.120.403,71
<i>Projekty Badawcze Strategiczne:</i>	218.658,00
<i>Projekty Badawcze Specjalne</i>	1.025.174,00
<i>Pozostałe projekty badawcze</i>	1.705.726,00
<i>Projekty UE</i>	2.706.296,39
<i>Projekty międzynarodowe współfinansowane</i>	2.761.604,64
<i>Granty</i>	9.860.126,00
<i>SPB</i>	573.934,00
<i>PBS</i>	1.551.002,50
Mobilność	162.000,00
Dotacja celowa dla młodych naukowców	668.480,00
Restrukturyzacja	0,00
SPUB	4.020.000,00
Pomoc materialna dla doktorantów	84.300,00
Inne	97.083,00
<i>w tym:</i>	
PAN – stypendia doktoranckie	47.083,00
FNRNP	50.000,00
Działalność gospodarcza	1.400.805,87
Sprzedaż usług naukowych	2.770.014,13
Konferencje i HORIZON	115.910,69
Działalność finansowa	1.081.062,07
Pozostałe	1.917.963,88
ŁĄCZNIE:	69.156.699,54

Publikacje w roku 2013:

Liczba ogółem	Monografie ¹ (lub rozdziały)	Podr. akadem. ¹ (lub rozdziały)	Publikacje w czasopismach recenzowanych			pozostałe publ. nauk.
			publikacje 1	publikacje 2	publikacje 3	
145	10	-	125	-	5	5

Sprawozdanie merytoryczne

z działalności statutowej

za rok 2013

Temat nr 1: Synteza, badanie właściwości fizykochemicznych i biologicznych analogów nukleozydów pirymidynowych, potencjalnych substratów /inhibitorów biosyntezy kwasów nukleinowych.

Zespół: prof. dr hab. Tadeusz Kulikowski, prof. dr hab. David Shugar

W związku ze śmiercią prof. dr hab. Tadeusza Kulikowskiego temat został zamknięty.

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

Cel badania

Celem projektu jest projektowanie w oparciu o dane literaturowe nowych związków heterocyklicznych i opracowywanie metod ich syntezy. Celem działania związków przeciwwirusowych mogą być białka wirusowe, które mają wpływ na funkcjonowanie szlaków sygnałowych i apoptozę komórek gospodarza. Białka te są często fosforylowane przez kinazy białkowe gospodarza. Również w licznych nowotworach stwierdzono podwyższoną aktywność kinaz, a zahamowanie ich ekspresji za pomocą antysensownych nukleotydów, lub ich aktywności z użyciem inhibitorów, miało działanie przeciwnowotworowe. Celem działania naszych inhibitorów jest kinaza kazeinowa CK2. Badania obejmują zarówno projektowanie, syntezę jak i badanie specyficzności i skuteczności działania inhibitorów za pomocą różnych metod m.in. poprzez badania kinetyczne inhibicji wybranych kinaz białkowych, oraz badanie efektu działania inhibitorów na komórki nowotworowe.

Opis realizowanych prac

Zsyntetyzowano szereg nowych pochodnych 4,5,6,7-tetrabromobenzimidazolu (TBBz) i 4,5,6,7-tetrabromobenzotriazolu (TBBt) podstawionych podstawnikami o różnym charakterze w pierścieniu triazolowym lub imidazolowym, oraz pochodne o mniejszej liczbie atomów bromu w pierścieniu benzenowym. Zbadano wiązanie 6 pochodnych benzotriazolowych i benzimidazolowych z ludzką kinazą CK2a. Pomiary wykonane metodami spektroskopii fluorescencyjnej i DSC wskazują, że większość testowanych związków, silnie wiążąc się z białkiem, podnosi jego stabilność termiczną, co potwierdza, że nowe pochodne TBBt i TBBz również mogą stanowić użyteczne inhibitory kinazy CK2. TBBt najsilniej stabilizuje strukturę CK2. Słabiej na stabilność białka wpływają: TBBz, Br3MeBt (4,5,6-tribromo-7-metylobenzotriazol) oraz Br3MeBz (4,5,6-tribromo-7-metylobenzimidazol). BrMeBt (5-bromo-4-metylobenzotriazol) i BrMeBz (5-bromo-4-metylobenzimidazol) nie wykazują takiej aktywności. Otrzymane wyniki korelują z aktywnością badanych związków w stosunku do kinazy CK2.

Kontynuując badania nad potencjalnymi inhibitorami helikazy HCV opracowano metody syntezy nowych analogów tropolonu m.inn.: 3,5,7-tri tiomorfolino-metyleno) tropolonu, oraz 3,5,7- tri (metyloimidazolo-metyleno) tropolonu, które przekazano do badań do PZH.

Opis najważniejszych osiągnięć

Opracowanie metod syntezy i oczyszczania nowych pochodnych benzimidazolu, benzotriazolu i tropolonu. Pomiary wykonane metodami spektroskopii fluorescencyjnej i DSC wskazują, że większość testowanych związków, silnie wiążąc się z białkiem, podnosi jego stabilność termiczną, co potwierdza, że nowe pochodne TBBt i TBBz również mogą stanowić użyteczne inhibitory kinazy CK2.

Wykorzystanie uzyskanych wyników

Wyniki badań zostaną wykorzystane w publikacjach naukowych.

Publikacja: 4817

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

Temat nr 5.1: Terminalne białko wirusa ziemniaka Y.

Zespół: dr Ewa Szolajska, dr hab. Jadwiga Chroboczek, prof. dr hab. Włodzimierz Zagórski-Ostoja, dr Izabela Wojtal, mgr Małgorzata Białoskórska

Cel badania

Celem badań jest identyfikacja peptydów pochodzących z wirusowego białka VPg jako antagonistów onkogenu, czynnika inicjacji translacji eIF4E.

Opis realizowanych prac

Zidentyfikowaliśmy w strukturze pierwszorzędowej białka VPg fragment odpowiedzialny za interakcję z komórkowym partnerem tego białka, czynnikiem inicjacji translacji eIF4E. Odcinek ten został zdekomponowany na pięć peptydów, z których trzy oddziaływały silniej z eIF4E niż całkowite białko VPg. Najsilniej oddziaływujący z eIF4E peptyd VPg5 (26 reszt aminokwasowych) został włączony do struktury dodekahedronu adenowirusowego (Dd), cząstki wirusopodobnej o niezwykłych zdolnościach penetracyjnych w celu dostarczenia wewnątrzkomórkowego. Jednakże peptyd VPg wyrażony jako część Dd w komórkach owadzych okazał się toksyczny dla tych komórek, podczas gdy ani wektor (Dd) ani całkowite białko VPg nie wywołują tego efektu podczas nadprodukcji w układzie bakulowirusa. Zaobserwowane działanie cytotoksyczne świadczy o silnym oddziaływaniu peptydu VPg z eIF4E.

W celu zbadania aktywności peptydu-VPg w modelu zwierzęcym raka rozpoczęliśmy współpracę z zespołem Prof. François Berger z Clinatcu (Grenoble, Francja). W stosowanym podejściu syntetyczny peptyd VPg będzie wprowadzany przez elektroporację do nowotworu mózgu – glejaka.

Opis najważniejszych osiągnięć

Wyłonienie peptydów VPg oddziałujących silniej z partnerem komórkowym eIF4E niż całkowite białko VPg.

W okresie sprawozdawczym Amerykański Urząd Patentowy przyznał patent “Cell-proliferation inhibiting VPg proteins, fragments or analogs thereof and their applications” Chroboczek J, Grzela R, Zagórski W. (United States Patent 832415/04.12.2013).

Wykorzystanie uzyskanych wyników

Uzyskane wyniki stanowiły część rozprawy doktorskiej dr Izabeli Wojtal, której obrona odbyła się w październiku 2013 roku.

Publikacja: 719/N

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

Zespół: dr hab. Krystyna Grzelak, dr Edyta Kopera

Cel badania

Celem badań była szczegółowa charakterystyka biochemiczna i strukturalna rekombinowanego białka SPI-2 – silnego, owadziego inhibitora proteaz bakteryjnych i grzybowych.

Opis realizowanych prac

W poprzednich latach wykazano, że ten niskocząsteczkowy inhibitor typu Kazala po fuzji z białkami docelowymi zachowuje w pełni swoje cechy inhibitora nie zmieniając właściwości białek docelowych. W badaniach nad „udoskonaleniem” już istniejącej aktywności rSPI-2 otrzymano szereg mutantów zawierających różne aminokwasy w miejscu aktywnym inhibitora (P1). Okazało się, że żaden z mutantów rSPI-2 nie wykazywał aktywności wobec trypsyny. Badania nad strukturą rSPI-2 zakończyły się uzyskaniem kryształów białka o dużej rozdzielczości. Poznano również strukturę przestrzenną inhibitora za pomocą techniki NMR.

Opis najważniejszych osiągnięć

Uzyskanie kryształów rSPI-2 o wysokiej rozdzielczości.

Wykorzystanie uzyskanych wyników

Badania nad inhibitorem mają potencjalną wartość praktyczną. Może być on wykorzystany nie tylko jako inhibitor fuzyjny, ale również mógłby stanowić składnik mieszaniny różnych inhibitorów służącej np. do ochrony białek w trakcie ich nadprodukcji.

Temat nr 5.3: Dodekahedron adenowirusowy – wektor transferu wewnątrzkomórkowego.

Zespół: dr Ewa Szolajska, mgr Małgorzata Białoskórska, doktorantka: mgr Marta Jedynak

Cel badania

Celem naszych badań jest opracowanie metody wykorzystania rekombinowanego dodekahedronu adenowirusowego (Dd) jako wektora dostarczenia wewnątrzkomórkowego niskocząsteczkowych czynników terapeutycznych do tkanek nowotworowych. Ze względu na wysoki koszt otrzymywania Dd w systemie ekspresyjnym bakulowirusa zbadaliśmy możliwość otrzymania wektora w systemie bakteryjnym.

Opis realizowanych prac

W okresie sprawozdawczym prowadziliśmy badania zdolności Dd do przechodzenia między sąsiadującymi komórkami w hodowli *in vitro*. Równolegle rozpoczęliśmy badania nad dystrybucją Dd po podaniu zdrowemu zwierzęciu laboratoryjnemu. Prace prowadzone są we współpracy z zespołem prof. dr hab. Mieczysława Pokorskiego z Instytutu Medycyny Doświadczalnej i Klinicznej im. M. Mossakowskiego PAN w Warszawie. Losy Dd w ciele zwierzęcia laboratoryjnego badamy w zależności od drogi podania przy użyciu specyficznego przeciwciała. Nawiązaliśmy również współpracę dotyczącą badań w zwierzęcych modelach nowotworów. Spodziewamy się, że doświadczenia te umożliwią nam racjonalny wybór nowotworu, który będzie w przyszłości celem innowacyjnej terapii wykorzystującej potencjał penetracyjny Dd.

Opis najważniejszych osiągnięć

1. Wykazaliśmy, że Dd wydajnie przemieszcza się między sąsiednimi komórkami pochodzenia nabłonkowego. Uważamy, że zjawisko to jest podstawą obserwowanej przez nas dobrej dystrybucji Dd w tkankach podczas testów *in vivo* i świadczy o dużym potencjale wektora do rozprzestrzeniania się w obrębie nowotworowych guzów litych.
2. Wykazaliśmy, że Dd nie przenika przez barierę krew-mózg, o czym świadczy nieobecność wektora w mózgu szczurów zarówno po podaniu dożylnym jak i dootrzewnowym. Zakładamy, że brak zdolności Dd do rozluźniania ścisłych połączeń pomiędzy komórkami śródnabłonkowymi bariery krew-mózg, zagwarantuje bezpieczne terapeutyczne zastosowania wektora, bez ewentualnych niepożądanych działań na centralny układ nerwowy.
3. Stwierdziliśmy, że podczas nadprodukcji w systemie bakteryjnym nie dochodzi do spontanicznego formowania Dd.

Wykorzystanie uzyskanych wyników

Wyniki tych badań są przedmiotem pracy wysłanej do czasopisma *Nanomedicine: Nanotechnology, Biology and Medicine* oraz rozprawy doktorskiej Moniki Żochowskiej (obrona 16.04.2013). Były prezentowane podczas 1st Symposium of the Cancer w Lyonie (Francja, 13-15.02.2013).

Publikacje: 3377/A, 708/N

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

Cel badania

Wiroid wrzecionowatości bulw ziemniaka jest patogenem wywołującym swoistą chorobę bulw ziemniaka, ale może także zakażać wiele innych gatunków roślin uprawnych i ozdobnych a także chwastów. Pomimo swojej prostej budowy – jednoniciowe, niekodujące RNA o długości 360 nt. i posiadanej wiedzy na temat struktury RNA wiroidowego i jego auto-replikacji i transportu, mechanizm patogenności nadal pozostaje zagadką. Głównym celem naszych badań jest poznanie tego procesu.

Opis realizowanych prac

Badania ab initio ewolucji RNA wiroida wrzecionowatości bulw ziemniaka (PSTVd)

Kontynuowano analizy składu populacji wiroida otrzymanych z roślin pomidora na różnych etapach infekcji i uprawianego w różnych warunkach temperaturowych. Wykorzystując różne narzędzia bioinformatyczne przeprowadzono optymalizację i wstępną analizę danych otrzymanych z maszynowego sekwencjonowania przeprowadzonego przy użyciu sekwenatora genomowego GS FLX Titanium firmy Roche.

Plastyczność genomu PSTVd

Wykorzystując otrzymane w poprzednich doświadczeniach, w naszym laboratorium, mutanty domeny zmienności (V), rozpoczęto prace nad rolą tej domeny w procesie infekcji wiroidowej. W tym celu rośliny pomidora zostały zainfekowane wybranymi mutantami, a następnie określono stabilność genetyczną, strukturę drugorzędową mutantów jak również ostrość wywoływanych symptomów porażenia.

Opis najważniejszych osiągnięć

Po obróbce bioinformatycznej otrzymano wstępne wyniki charakteryzujące strukturę i zmienność populacji PSTVd w zależności od temperatury i czasu infekcji. Nadrzędna rola struktury drugo- i trzeciorzędowej RNA PSTVd w procesie infekcji.

Wykorzystanie uzyskanych wyników

Otrzymane wyniki zostaną zamieszczone w przygotowywanych artykułach do prestiżowych czasopism naukowych. Ponadto, uzyskana wiedza pozwoli nam na lepsze poznanie mechanizmów patogenności wiroida i w przyszłości do skutecznej walki z tym groźnym patogenem przyczyniającym się do dużych strat w plonach ziemniaka.

Publikacja: 3479/A

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 Anna Buczkowska, dr Małgorzata Gutkowska-Stronkowska, dr Karolina Skorupińska-Tudek, dr Ewa Sosińska, dr Liliana Surmacz, dr Wiesław Jankowski, dr Adam Józwiak, mgr Joanna Siedlecka, mgr Przemysław Surowiecki, doktorantki: mgr Katarzyna Gawarecka, mgr Agata Lipko

Cel badań

1. Ocena wpływu wybranych czynników środowiskowych na biosyntezę i akumulację izoprenoidów,
2. Identyfikacja utlenionych pochodnych związków izoprenoidowych,
3. Opracowanie nowych metod pozyskiwania poliizoprenoidów.

Opis realizowanych prac

Wykazano wpływ czynników środowiskowych na poziom ekspresji cis-prenylotransferaz i akumulację dolicholi w korzeniach *Arabidopsis thaliana*. Zaobserwowano, że stres osmotyczny powoduje zmianę w proporcjach udziału szlaku MEP w syntezie dolicholi i fitosteroli w korzeniach hodowanych *in vitro*. Prowadzono badania nad cross-talk szlaków MVA i MEP *in planta*. Scharakteryzowano cis-prenyltransferazę AtCPT6, badano AtCPT3, AtCPT7 i AtCPT9 oraz Lew1. Prowadzono charakterystykę profili lipidowych linii wybranej populacji mapującej *A. thaliana*. Scharakteryzowano produkty utleniania oligo- i poliprenoli tworzone w różnych warunkach syntezy. Stwierdzono, że aktywność podjednostki beta RabGGT jest niezbędna do zachowania płodności męskiej i wierzchołkowego wzrostu u *A. thaliana*.

Opracowano metodę ekstrakcji poliprenoli z tkanek roślinnych dwutlenkiem węgla w warunkach nadkrytycznych, przygotowano kolejne porcje prenoli do syntezy pochodnych amoniowych i fosforanowych. Kontynuowano działalność Kolekcji Poliprenoli – udostępniono preparaty poliizoprenoidowe kilkunastu grupom badawczym.

Opis najważniejszych osiągnięć

Charakterystyka *in planta* pierwszej roślinnej CPT - AtCPT6. Wykazanie podwyższenia udziału szlaku MEP (kosztem MVA) w biosyntezie poliizoprenoidów i fitosteroli pod wpływem stresu osmotycznego. Wykazanie dużej podatności alkoholi izoprenoidowych na czynniki utleniające.

Wykorzystanie uzyskanych wyników

Opublikowano pięć publikacji oraz trzy dysertacje, przygotowano preparaty izoprenoidowe i standardy do dalszych badań.

Publikacje: 4703, 4708, 4721, 4756, 4797, 3396/A, 3397/A, 3398/A, 3399/A, 3400/A, 3401/A, 3420/A, 3443/A, 3444/A, 3448/A, 3449/A, 3471/A, 3480/A, 3498/A, 715/N, 741/N, 742/N

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

Zespół: prof. dr hab. Grażyna Muszyńska, dr Jadwiga Szczegielniak, doktorantka: mgr Lidia Borkiewicz

Cel badania

Poznanie funkcji specyficznych dla roślin kinaz białkowych zależnych od wapnia (CDPK).

Opis realizowanych prac

Badano wpływ stresów abiotycznych na aktywność i ekspresję zależnej od wapnia kinazy z kukurydzy (ZmCPK11) i jej homologów z rzodkiewnika (AtCPK4 i AtCPK11). Zastosowanie ko-immunoprecypitacji umożliwiło identyfikację białka oddziałującego i fosforylowanego przez ZmCPK11.

Opis najważniejszych osiągnięć

ZmCPK11 oddziałuje i fosforyluje mitochondrialną dehydrogenazę aldehydu (ZmRF2) w sekwencji sygnałowej kierującej białko do mitochondrium, co sugeruje udział ZmCPK11 w transporcie mitochondrialnym ZmRT2.

Wykorzystanie uzyskanych wyników

Publikacje oraz perspektywicznie otrzymanie roślin uprawnych odpornych na stresy.

Publikacja: 722/N

Temat został zamknięty z dniem 01.03.2013.

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

Zespół: prof. dr hab. Bernard Wielgat, dr Lidia Polkowska-Kowalczyk (do 30.04.2013)

Cel badania

Zasadniczym celem badań jest otrzymywanie roślin ziemniaka odpornych na zarazę ziemniaka wywoływaną przez *Phytophthora infestans* oraz molekularna charakterystyka procesu patogenezы. Do realizacji tego celu stosowano technikę somatycznej hybrydyzacji gdzie dawcą cech odporności są dzikie gatunki *Solanum* całkowicie odporne na *P. infestans*. W okresie sprawozdawczym celem badań było ukończenie molekularnej analizy form rodzicielskich i uzyskanych wcześniej mieszańców somatycznych *S. villosum* (+) *S. tuberosum* odpornych na *P. infestans*.

Opis realizowanych prac

Z otrzymanych mieszańców 4x *S. villosum* (+) *S. tuberosum* klon DG 81-68, 5 mieszańców VT posiadało odporność na infekcję *P. infestans*. Ukończono ich charakterystykę molekularną i cytogenetyczną. Określono ploidalność tych mieszańców (5x–6x) oraz pochodzenie chromosomów od form rodzicielskich (GISH). Ukończono też oznaczanie reaktywnych form tlenu (RFT) i kinaz białkowych indukowanych podczas wczesnego okresu infekcji mieszańców tym patogenem. Wykazano, że mechanizmy odporności funkcjonujące w dzikich gatunkach są przekazywane do ich mieszańców somatycznych. Opracowane wyniki zostały zawarte w pracy opublikowanej w końcu 2013r. (4807).

Opis najważniejszych osiągnięć

Uzyskanie kilku klonów mieszańców somatycznych *S. villosum* (+) *S. tuberosum* odpornych na *P. infestans* i poznanie niektórych procesów sygnałnych zachodzących w komórce ziemniaka w odpowiedzi na atak tego patogenu.

Wykorzystanie uzyskanych wyników

Uzyskane i dobrze scharakteryzowane oraz w pełni odporne na *P. infestans* mieszańce somatyczne *S. villosum* (+) *S. tuberosum* zostały przekazane do dalszych prac o charakterze hodowlanym do Instytutu Hodowli i Aklimatyzacji Roślin, Oddział Młochów (cele praktyczne). Wyniki badań o charakterze poznawczym były opublikowane oraz prezentowane na sympozjach.

Publikacje: 4807, 4427/A, 4478/A

Temat został zamknięty z dniem 31.12.2013 r.

Temat nr 18: Molekularne regulacje syntezy glikokoniugatów w komórkach drożdży.

Zespół: prof. dr hab. Grażyna Palamarczyk, dr Anna Janik, doktorantka: mgr inż. Monika Niewiadomska

Cel badania

Poszukiwanie zależności funkcjonalnych pomiędzy metabolizmem dolicholu, glikozylacją białek a morfogenezą *Candida albicans*.

Opis realizowanych prac

Dolichol (Dol), podobnie jak inne lipidy izoprenolowe jest syntetyzowany w szlaku kwasu mewalonowego, którego centralnym metabolitem jest dwufosforan farnezyli ($C_{15}PP$). W jego biosyntezę zaangażowane są cis-prenylotransferazy (białka Rer2p i Srt1) katalizujące kondensację $C_{15}PP$ z pięć węglowymi resztami izoprenolowymi (C_5). W wyniku tej reakcji powstaje liniowy, zawierający szereg podwójnych wiązań, dwufosforan poliprenolu (PolPP). W kolejnych reakcjach syntezy Dol, PolPP ulega defosforylacji i redukcji reszty izoprenowej alfa. Fosforylacja, katalizowana przez CTP zależną kinazę dolicholu prowadzi do powstania DolP, biorącego bezpośredni udział w reakcjach glikozylacji. W powyższym procesie istotną rolę odgrywa etap redukcji reszty izoprenowej alfa. W komórkach ludzkich reakcja ta jest katalizowana przez 5-alfa reduktazę steroli typu 3, kodowaną przez gen SRD5A3.

W trakcie pracy zadaliśmy pytanie czy orf 19.209 *C. albicans*, będący ortologiem genu SRD5A3 oraz genu *DFG 10 S. cerevisiae*, koduje białko biorące udział w biosyntezie dolicholu u *C. albicans*? W tym celu skonstruowaliśmy mutantą *Cadfg10* pozbawionego obu kopii genu *DFG10*. Otrzymany szczep wykazywał zwiększoną wrażliwość na środki przeciwgrzybiczne oraz istotne zmiany w budowie ściany komórkowej i morfogenezie prowadzącej do powstawania form inwazyjnych *C. albicans*.

Natomiast jego zdolność glikozylacji białek *in vivo* była tylko nieznacznie obniżona. Jednakże badania *in vitro* wykazały ok 40% obniżenie poziomu aktywności enzymów biorących udział w N- i O-glikozylacji białek. Analiza HPLC zawartości lipidów izoprenolowych pozwoliła stwierdzić, że delecja obu alleli genu *CaDFG10* prowadzi do obniżenia zawartości Dol i DolP w komórkach *C. albicans* do 30%, w porównaniu ze szczepem kontrolnym. W celu dalszego obniżenia poziomu syntezy dolicholu wyizolowaliśmy ortolog genu *TSC13 S. cerevisiae*, zaangażowanego w redukcję podwójnych wiązań długołańcuchowych kwasów tłuszczowych. Delecja pojedynczej kopii *TSC13* w mutancie „nul” *dfg10*, prowadziła do dalszego obniżenia poziomu dolicholu a delecja obu kopii do letalności szczepu.

Opis najważniejszych osiągnięć

Stwierdzenie, że w *C. albicans* w konwersji poliprenolu do dolicholu biorą udział dwa białka t.j. Dfg10 i Tsc13. Wynik ten wraz z otrzymanymi wcześniej wynikami dla cis-prenylotransferazy *C. albicans* (Rer2p) wskazuje, że zaburzenia w syntezie dolicholu mają istotny wpływ na integralność i morfologię *C. albicans* a także wrażliwość patogena na leki przeciwgrzybiczne.

Wykorzystanie uzyskanych wyników

Powyższe dane są częścią badań nad poszukiwaniem szlaków metabolicznych wrażliwych na działanie leków przeciwgrzybiczych.

Publikacje: 4402/A, 4438/A

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

Zespół: prof. dr hab. Joanna S. Kruszewska, dr Urszula Perlińska-Lenart, dr Patrycja Zembek (do 31.05.13), dr Sebastian Piłsyk, doktorant: mgr Sebastian Graczyk

Cel badania

1. Uzyskanie szczepów *Trichoderma atroviride* o zwiększonej aktywności przeciwgrzybowej i biokontrolnej poprzez manipulację aktywnością szlaku mewalonowego,
2. Określenie struktury dolicholi z *Trichoderma* i badanie przyczyn różnic strukturalnych dolicholi drożdżowych i trichodermowych,
3. Klonowanie i analiza funkcjonalna genu *erg20Tr* z *Trichoderma*,
4. Określenie udziału genu *AstA* i jego produktu w patogenezie *Fusarium* względem roślin uprawnych.

Opis realizowanych prac

- ad 1. Szczepy uzyskano i scharakteryzowano. Stwierdzono znacząco podwyższone właściwości biokontrolne i przeciwgrzybowe w szczepach zmodyfikowanych.
- ad 2. Uzyskano około 0.8 kg biomasy *Trichoderma* i dokonano masywnej izolacji frakcji lipidowej celem izolacji dolicholi do badań HPLC i MS – współpraca z prof. dr hab. Ewą Kula-Świeżewską.
- ad 3. Zbadano skutki nadekspresji genu *rer2* w *T. reesei* i przygotowano publikację.
- ad 4. Transporter *AstA* okazał się niezbędny dla życia komórki *Fusarium*. Trwają prace nad określeniem wpływu mutacji w *AstA* na jego strukturę i transport siarczanu. Badania też sugerują, że transporter może być zlokalizowany w mitochondriach.

Opis najważniejszych osiągnięć

Sklonowano i scharakteryzowano gen *erg20* z *Trichoderma* co daje nowe możliwości regulacji szlaku mewalonowego u *Trichoderma*. Otrzymano szczepy *T. atroviride* *ERG20* i *RER2* o zwiększonych właściwościach biokontrolnych i sporządzono zgłoszenia patentowe.

Wykorzystanie uzyskanych wyników

Uzyskane wyniki stały się podstawą zgłoszeń patentowych i były prezentowane na międzynarodowym zjeździe 27th Fungal Genetics Conference, Asilomar USA.

Zgłoszenia patentowe: P.402603; 14/067,593 (USA); MX/a/2013/012719 (Meksyk) pt.: „Transgeniczne szczepy *Trichoderma* otrzymywanie i zastosowanie tych szczepów jako biofungicydy.”

Publikacje: 4748, 3381/A, 3382/A, 3383/A, 731/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 Rakowska-Boguta, dr Małgorzata Cieśla, dr Monika Hejnowicz, dr Michał Kępka, doktorantki: mgr Ewa Morawiec, mgr Dominika Foretek, mgr Ewa Makala, mgr Marta Żurańska

Cel badania

Określenie związku między transkrypcją tRNA a metabolizmem komórkowym u drożdży *Saccharomyces cerevisiae*.

Opis realizowanych prac

Elementem systemu globalnej regulacji polimerazy III RNA (Pol III) jest generalny represor Maf1. Generalna kontrola Pol III sprzyja koordynacji transkrypcji tRNA z regulacją metabolizmu komórkowego. Poprzednio wykazaliśmy represję Pol III z udziałem Maf1 w warunkach gdy komórka drożdży przestawia się z fermentacji na oddychanie. W ramach badań prowadzonych w 2013 roku na modelu drożdży *Saccharomyces cerevisiae* wykazano związek aktywności Pol III z metabolizmem glukozy i biosyntezą lipidów.

Na podstawie wstępnych wyników genetycznych przewidziano udział aldolazy fruktozo bi- fosforanu, enzymu szlaku glikolizy, w aktywacji transkrypcji z udziałem Pol III. Wykazano, że nadprodukcja aldolazy stymuluje transkrypcję tRNA w mutancie z defektem funkcjonowania katalitycznej podjednostki Pol III, C128. Pokazano lokalizację jądrową oraz fizyczne oddziaływanie aldolazy z kompleksem Pol III. Skonstruowano mutanty z defektem aktywności enzymatycznej aldolazy i stwierdzono, że nadprodukcja zmutowanych form aldolazy nadal powoduje aktywację transkrypcji tRNA. Na tej podstawie wyciągnięto wniosek, że funkcja aldolazy w kontroli Pol III jest niezależna od roli tego enzymu w glikolizie. Wyniki opisano w formie publikacji, która obecnie jest w rewizji.

Z kolei wykonana poprzednio analiza transkryptomiczna w szczepie pozbawionym Maf1 wskazywała na obniżone poziomy mRNA fosfatazy fruktozo dwufosforanu (*FBP1*) oraz karboksykinazy fosfoenolopirogronianu (*PCK1*). Wyniki te potwierdzono stosując techniki molekularne. Geny *FBP1* i *PCK1* są kluczowe dla aktywności glukoneogenezy. Analiza poziomów mRNA tych genów w hodowlach na różnych źródłach węgla pozwoliła na stwierdzenie, że w szczepie pozbawionym Maf1 glukoneogeneza nie jest indukowana. Sprawdzono, że mechanizm molekularny tego efektu nie jest związany z wyciszaniem mRNA *FBP1* przez aktywną transkrypcję sąsiadującego na chromosomie genu tRNA. Prawdopodobnie brak indukcji glukoneogenezy w nieobecności Maf1 związany jest z defektem aktywacji chromatyny przez kompleks zależny od kinazy Snf1 (SAGA). Wyniki opublikowano. We współpracy z pracownią prof. dr hab. Ewy Kula-Świeżewskiej oznaczono poziom lipidów w szczepie pozbawionym Maf1. Wykazano, że w nieobecności Maf1 podwyższony jest poziom kwasu oleinowego (18:1).

Opis najważniejszych osiągnięć

Wykazano sprzężenie transkrypcji tRNA z metabolizmem komórkowym:

1. udział aldolazy fruktozo dwufosforanu, enzymu szlaku glikolizy, w aktywacji transkrypcji tRNA,
2. defekt indukcji glukoneogenezy w szczepie o podwyższonej transkrypcji tRNA,
3. wpływ Maf1, represora transkrypcji tRNA, na biosyntezę lipidów.

Wykorzystanie uzyskanych wyników

Możliwość sterowania metabolizmem komórkowym poprzez zaprogramowane zmiany transkrypcji tRNA.

Publikacje: 4736, 4777, 4818, 4169/A, 4437/A, 4450/A, 4451/A, 4452/A, 737/N, 732/N

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

Zespół: prof. dr hab. Joanna Rytka, dr hab. Róża Kucharczyk, doktorantki: mgr Krystyna Bińko, mgr Anna Kabala, mgr Katarzyna Niedźwiecka, mgr Natalia Skoczeń

Cel badania

1. Badanie mechanizmu regulacji syntezy szóstej podjednostki (Atp6) mitochondrialnej syntazy ATP przez pośrednie subkompleksy powstające w trakcie procesu składania enzymu.

Opis realizowanych prac

W celu zbadania, które z podjednostek syntazy ATP lub białek nie wchodzących w skład kompleksu, ale wpływających na syntezę podjednostek i/lub składanie enzymu, wpływają na poziom ekspresji genu *ATP6*, stworzono kolekcję 20 szczepów delecyjnych. Delecje wprowadzono do szczepu dzikiego (MR6) oraz niosącego mutację *atp6-L183P*, która powoduje podwyższony poziom syntezy białka Atp6. Sprawdzone fenotypy mutantów. Mutanty niosące delecje genów: *ATP1* (podjednostka α syntazy), *ATP3* (podjednostka γ syntazy), *ATP7* (podjednostka γ), *ATP10* (czynnik składania Atp6p), *ATP11* (chaperon podjednostki β), *ATP12* (chaperon podjednostki α), *ATP15* (składnik ramienia centralnego ATP syntazy) i *ATP23* (metaloproteaza odcinająca peptyd sygnałny Atp6p oraz biorąca udział w składaniu syntazy ATP) nie rosną na pożywkach z niefermentowanymi źródłami węgla. W mutantach sprawdzono poziom syntezy białek mitochondrialnych. W szczepach niosących delecję genów *ATP1*, *ATP11* i *ATP12* nie zachodzi synteza Atp6p, co świadczy o regulacji ekspresji mitochondrialnego genu *ATP6* przez domenę F1. W mutantach *atp1Δ* i *atp2Δ* nie dochodzi do podwyższonego poziomu syntezy białka Atp6 w tle *atp6-L183P*. Ze względu na dużą niestabilność mtDNA w szczepach niosących delecje genów *ATP7* i *ATP15* analiza syntezy białek mitochondrialnych jest utrudniona. Uzyskane wyniki nie pozwalają na jednoznaczne określenie wpływu delecji tych genów na syntezę Atp6p. W szczepie *atp6-L183Patp23D* pojawia się efekt podwyższonej syntezy białka Atp6 w jego niedojrzalej formie.

Opis najważniejszych osiągnięć

Wykazanie regulacji ekspresji genu *ATP6* przez pozostałe podjednostki kompleksu syntazy ATP.

Wykorzystanie uzyskanych wyników

Wyniki badań zostaną wykorzystane w publikacjach naukowych.

Publikacje: 4717, 4805, 3457/A, 3458/A

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

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

Cel badania

Analiza skutków deregulacji metabolizmu siarkowego u grzyba *Aspergillus nidulans*: zmiany w transkryptomie i proteomie.

Badanie statystyczne rozkładu peptydów w Naturze i struktury niektórych domen; badanie współwystępowania mutacji w różnych chorobach.

Opis realizowanych prac

Stwierdzono, że jednym z pierwotnych czynników wywołujących reakcje stresowe w warunkach rozregulowania metabolizmu siarkowego jest nadprodukcja siarczku związana z derepresją asymilacji siarczanu. W pracy wykorzystano mutanty prototroficzne stąd wszelkie zmiany metabolizmu powodowane w nich były czynnikami wewnętrznymi. Czynnikami takimi w mutantach może być też niedobór ATP i NADPH naruszające równowagę energetyczną i potencjał redoks. Stwierdzono w mutantach zmianę poziomu transkryptów kilkuset genów. Na uwagę zasługuje podniesienie transkrypcji wielu genów normalnie odpowiedzialnych za reakcje na czynniki stresowe. Świadczy to, że te same reakcje stresowe mogą być indukowane przez egzogenne i endogenne czynniki stresowe. Analiza proteomiczna pozwoliła zidentyfikować ok. 2000 białek, z których w mutantach kilkadziesiąt wykazało zmieniony istotnie poziom w stosunku do szczepu dzikiego, w tym też białek odpowiedzi na stresy.

W ramach części bioinformatycznej zespół zajmował się następującymi tematami:

1. analizą statystyczną pentapeptydów,
2. opracowaniem narzędzia do analizy białek wielodomenowych (MultiDomainer),
3. identyfikowaniem mutacji chorobowych w nowo odkrytych domenach ludzkich białek,
4. analizą białek Atg2 i Vps13 FTO (związanych z transportem wewnątrzkomórkowym) i FTO (czynnik otyłości).

Opis najważniejszych osiągnięć

Poznanie wielostronnej reakcji komórek na wewnętrzne czynniki stresowe generowane na skutek mutacji deregulujących metabolizm siarkowy – zmiany w transkryptomach i proteomach. Scharakteryzowano nowy gen kodujący czynnik transkrypcyjny aktywujący niektóre geny metabolizmu siarkowego i wykazano, że jego transkrypcja podlega metabolicznej represji siarkowej.

W części bioinformatycznej:

1. przy pomocy analizy statystycznej wykazano nielosowy rozkład peptydów w Naturze,
2. odkryto identyczne mutacje współwystępujące w różnych chorobach,
3. pełne opisanie struktury domenowej kilku białek.

Wykorzystanie uzyskanych wyników

Bioinformatyka: projekt MultiDomainer jest na etapie tworzenia narzędzia web dla użytkowników.

Publikacje: 4746, 4747

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

Zespół: prof. dr hab. Teresa Żołądek, dr Joanna Kamińska, dr Krzysztof Flis, doktorantki: mgr Anna Domańska, mgr Weronika Rzepnikowska, mgr Katarzyna Bała

Cel badania

Zbadanie udziału ligazy ubikwitynowej Rsp5 z rodziny Nedd4 w funkcjonowaniu cytoszkieletu aktynowego i autofagii oraz badanie regulacji ligazy Rsp5 przez fosforylację.

Opis realizowanych prac

Ligaza ubikwitynowa Rsp5 ubikwitynuje białka cytoszkieletu aktynowego i wpływa na jego organizację i dynamikę u drożdży. Podobnie ludzka ligaza Nedd4 i jej warianty hamują wzrost komórek drożdży i zmieniają organizację i dynamikę cytoszkieletu aktynowego. Poszukując wielokopijnych supresorów, które przywracają wzrost komórek drożdży produkujących Nedd4w4 wyizolowaliśmy fragment genu *ATG2* kodującego część centralną białka Atg2 niezbędnego w procesie autofagii. *ATG2* pełnej długości nie był aktywny jako supresor. Ponadto fragment kodujący część C-terminalną Atg2 (Atg2-C) zawierający domenę APT1 i ATG-C również poprawiał wzrost i organizację cytoszkieletu aktynowego w szczepie produkującym Nedd4w4. Białko fuzyjne GFP-Atg2-C było zlokalizowane w strukturze punktowej przy wakuoli. Dalsza analiza wykazała, że do supresji defektu wzrostu szczepu produkującego Nedd4w4 oraz do lokalizacji w strukturze punktowej w komórkach drożdży niezbędna jest domena APT1. Ponieważ ekspresja *NEDD4w4* nie wpływała na autofagię i fragmenty *ATG2* nie były funkcjonalne w autofagii więc mechanizm supresji nie jest raczej związany z autofagią lecz z funkcjonowaniem cytoszkieletu aktynowego.

Badania spektrometrii masowej pokazały, że białko Rsp5 jest fosforylowane w kilku miejscach pomiędzy domenami C2 a WW1. Metodą mutagenazy *in vitro* skonstruowano osiem mutantów *rsp5* z podstawieniami aminokwasów w miejscach fosforylacji i zbadano ich wpływ na funkcjonowanie komórek. Substytucja T177A w kanonicznej sekwencji rozpoznawanej przez kinazę białkową A (PKA) powodowała nadwrażliwość komórek na podwyższoną temperaturę oraz wysokie stężenie soli i pH. Substytucja T177D mimikująca fosforylację nie powodowała zmian fenotypowych w badanych warunkach. Wskazuje to, że fosforylacja T177 Rsp5 jest ważna dla funkcjonowania ligazy, zwłaszcza jej odpowiedzi na warunki stresowe. Pozostałe mutacje *rsp5* nie wpływały na funkcjonowanie Rsp5 w badanych warunkach.

Opis najważniejszych osiągnięć

Wyniki wskazują, że białko Atg2 jest zaangażowane nie tylko w autofagię, ale też w funkcjonowanie cytoszkieletu aktynowego u drożdży. Fosforylacja ligazy Rsp5 w miejscu kanonicznej sekwencji dla PKA jest ważna dla jej funkcjonowania.

Wykorzystanie uzyskanych wyników

Praca inżynierska: Izabela Błędowska SGGW „Wpływ domeny ATG-C ludzkich białek hVps13A i hVps13B na organizację cytoszkieletu aktynowego u drożdży *S. cerevisiae*”

Publikacje: 4797, 3403/A, 3453/A, 3458/A, 3489/A, 3490/A, 3391/A, 3511/A

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 Karolina Makiela-Dzbeńska, dr Katarzyna Grabowski, dr Michał Dmowski, dr Małgorzata Alabrudzińska, dr Marta Garbacz

(do 04.2013), doktorantki: mgr Urszula Wrońska, mgr Ewa Grabowska, mgr Anna Zawada, mgr Katarzyna Masłowska, mgr Milena Denkiewicz, mgr Ewa Sz wajczak

Cel badania

Poznanie źródeł powstawania mutacji spontanicznych. Analiza mechanizmów replikacji na nici opóźnionej i wiodącej DNA w komórkach bakteryjnych. Rola niekatalitycznego kompleksu GINS w kontroli wierności replikacji DNA w komórkach drożdży.

Opis realizowanych prac

Badanie mechanizmów utrzymujących wysoką wierność replikacji ma ogromne znaczenie zarówno w badaniach źródeł mutacji spontanicznych jak i procesów ewolucji. Kilka lat temu, badając replikację w komórkach *Escherichia coli*, nasza pracownia wykazała, że wierność replikacji dwóch nici DNA jest różna. W ostatnim roku analizowano poziomy mutagenezy na nici opóźnionej i wiodącej DNA przy użyciu mutantów o zmienionej wewnątrzkomórkowej puli nukleotydów. Użycie mutantu *ndk* i *dcd*, o zdefiniowanej puli dNTP pozwoliło na bardziej bezpośrednie wykazanie, że na nici syntetyzowanej w sposób ciągły powstaje więcej mutacji podczas procesu replikacji (Effect of dNTP pool alterations on fidelity of leading and lagging strand DNA replication in *E. coli* Damian Gawel i inni, 2013 Mutation Research in press).

Badając rolę niedawno odkrytego kompleksu GINS, w komórkach drożdżowych wykazaliśmy, że pełni on bardzo istotną rolę w utrzymaniu wierności replikacji DNA. Analizując wyniki otrzymane w wyniku pomiarów poziomu mutagenezy w różnych mutantach replikacyjnych niosących zmutowane allele *PSF1* (gen kodujący podjednostkę GINS) zaproponowano hipotezę postulującą, że prawidłowe funkcjonowanie GINS jest niezbędne dla oddziaływań z replikazą, polimerazą epsilon DNA, chroni przed dostępem mutatorowej polimerazy zeta DNA oraz umożliwia funkcjonowanie alternatywnego dla funkcji korektorskiej polimerazy epsilon systemu korekcji błędów.

Opis najważniejszych osiągnięć

Zaproponowano hipotezę wyjaśniającą rolę kompleksu GINS w utrzymywaniu stabilności genetycznej.

Wykorzystanie uzyskanych wyników

Otrzymane wyniki będą podstawą prac doktorskich.

Publikacje: 3510/A, 3511/A, 3536/A, 3537/A, 3538/A, 3539/A, 3540/A

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

Zespół: prof. dr hab. Zygmunt Cieśla, dr Aneta Kaniak-Golik, doktorantka: mgr Renata Franczak

Cel badania

Poznanie mechanizmów odpowiedzialnych za naprawę uszkodzeń genomu mitochondrialnego drożdży *Saccharomyces cerevisiae*, jako organizmu modelowego.

Opis realizowanych prac

Mitochondrialny DNA (mtDNA), ze względu na bliskość łańcucha oddechowego, jest szczególnie narażony na uszkodzenia oksydacyjne, które leżą u podłoża szeregu chorób degeneracyjnych. Poprzednio stwierdzono, że powstawanie indukowanych stresem oksydacyjnym dużych delecji mtDNA jest zależne od mitochondrialnej nukleazy Nuc1. Ta obserwacja skłoniła nas do hipotezy, że nukleaza Nuc1 może być odpowiedzialna za selektywne usuwanie poważnie uszkodzonych kopii mtDNA i jest to jeden z mechanizmów zapewniających stabilność genomu mitochondrialnego. Na istotną rolę Nuc1 w utrzymaniu stabilności mtDNA wskazuje poczyniona ostatnio obserwacja, że jednoczesna inaktywacja tej nukleazy mitochondrialnej i nukleazy Rad27, obecnej również w mitochondriach, prowadzi do synergistycznego wzmożenia mutagenyzy mitochondrialnej, mierzonej częstością mutantów opornych na erytromycynę (Ery^R). Wynik ten wskazuje, że nukleazy Rad27 i Nuc1 współdziałają w usuwaniu premutagennych uszkodzeń w mtDNA. W celu zrozumienia mechanizmu tego współdziałania prowadzona jest obecnie sekwencyjna analiza mutantów Ery^R powstających w pojedynczym mutancie *rad27* i podwójnym mutancie *rad27 nuc1*. Ponieważ nukleaza Nuc1 ma swoje ludzkie odpowiedniki EndoG i ExoG, skonstruowano plazmidy drożdżowe niosące cDNA tych nukleaz pod silnym promotorem genu drożdżowego *ADH1*. Stwierdzono, że obecność plazmidu pExoG w komórkach podwójnego mutantu *rad27 nuc1* prowadzi do znaczącego obniżenia mitochondrialnego fenotypu mutatorowego do poziomu obserwowanego w mutancie *rad27*, tak jak to sprawia obecność plazmidu z drożdżowym genem *NUC1*. Tak więc ludzki ortolog Nuc1, ExoG może zastępować funkcję Nuc1 w utrzymaniu stabilności mtDNA. Prowadzone obecnie prace mają na celu ustalenie mechanizmu współdziałania nukleaz Nuc1 i Rad27 w zachowaniu stabilności mtDNA, a w szczególności wyjaśnienie: 1) czy w procesy te zaangażowane są mechanizmy rekombinacji mtDNA, skoro nasze poprzednie badania wykazały, że brak Rad27, a w niektórych warunkach również brak Nuc1, obniżają poziom homologicznej rekombinacji mitochondrialnej, 2) czy nukleazy te są zaangażowane w usuwanie uszkodzonych kopii mtDNA, 3) jakie uszkodzenia są usuwane poprzez łączone aktywności obu nukleaz na podstawie analizy spektrum mutacji Ery^R w mtDNA. Ponadto, prowadzimy poszukiwania innych czynników rekombinacji homologicznej DNA w mitochondriach drożdżowych oraz analizę regulacji tego procesu poprzez sygnałowy szlak „retrograde”.

Najważniejszy wynik badawczy

Ustalenie współdziałania nukleaz Rad27 i Nuc1 w utrzymaniu stabilności mtDNA.

Wykorzystanie uzyskanych wyników

Kaniak-Golik A. i Skoneczna A. Mitochondria-Nucleus Network for Genome Stability. In *Somatic genome variation*. Ed. Xiu-Qing Li, Wiley (in press).

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

Zespół: prof. dr hab. Ewa Śledziowska-Gójska, dr Agnieszka Hałas, dr Justyna McIntyre (*staż podoktorski w USA do 1.10.2013*), doktoranci: mgr Michał Płachta, mgr Michał Krawczyk

Cel badania

Celem naszych badań jest identyfikacja procesów komórkowych zaangażowanych w kontrole stabilności genetycznej.

Opis realizowanych prac

Mechanizmy tolerancji uszkodzeń DNA pełnią zasadniczą rolę w kontroli stabilności genetycznej. Kontynuowaliśmy prace mające na celu identyfikację czynników regulujących działanie uniwersalnie występującej w komórkach eukariotycznych polimerazy TLS, Pol eta, odpowiedzialnej za syntezę DNA poprzez szereg różnych uszkodzeń matrycy, a w szczególności, przez uszkodzenia DNA indukowane promieniowaniem UV. Wykorzystując opracowaną w ubiegłym roku metodę detekcji natywnej Pol eta w komórkach *Saccharomyces cerevisiae*, badaliśmy stabilność tego enzymu w różnych fazach cyklu komórkowego. Stwierdziliśmy, że czas półtrwania Pol eta w fazie G1 wynosi około 25 minut, a rozpoczęcie fazy S powoduje stabilizację tego enzymu, wskazując na regulację stabilności Pol eta w cyklu komórkowym.

Nasze uprzednie badania wykazały wpływ ubikwitynacji lizyny¹²³ histonu H2B na poziom natywnej Pol eta w komórkach drożdży. Stwierdziliśmy dwukrotne obniżenie poziomu tego białka w szczepach pozbawionych enzymów zaangażowanych w ubikwitynację tego histonu, a także w skonstruowanym przez nas mutancie *htbK123A*. Analiza mikroskopowa tych szczepów wykazała kumulację komórek o fenotypie lge (*large*), świadczącym o zatrzymaniu cyklu komórkowego w fazie G1. Taka zmiana przebiegu cyklu komórkowego, wobec wyników pokazujących zwiększoną labilność Pol eta w fazie G1, może tłumaczyć obniżenie poziomu tej polimerazy w mutantach niezdolnych do ubikwitynacji H2B. Sugestia ta wymaga jednak dalszego potwierdzenia.

Aktywacja różnych mechanizmów tolerancji uszkodzeń DNA jest ściśle uzależniona od modyfikacji pierścienia procesywności replikacji PCNA. Uprzednio opublikowane wyniki naszego zespołu wykazały, że w szczepach pozbawionych sumoilacji PCNA (*siz1⁻*), poziom mutacji indukowanych promieniowaniem UV, może być niezależnie stymulowany przez białka Mms2 i Rad5 (działające wspólnie w szczepach *SIZ1⁺*). Sprawdziliśmy czy niezależne działanie Mms2 i Rad5 w stymulacji mutagennej syntezy poprzez uszkodzenia DNA (TLS) jest specyficzne dla uszkodzeń UV czy też dotyczy generalnie mutagennej TLS w komórkach pozbawionych sumoilacji PCNA. Stwierdziliśmy, że badany efekt jest zależny od rodzaju uszkodzeń DNA, gdyż w komórkach drożdży traktowanych czynnikiem alkilującym, MMS, geny *RAD5* i *MMS2* funkcjonują epistatycznie, pod względem poziomu mutagenezy, zarówno w tle genetycznym *SIZ1⁺* jak i *siz1⁻*.

Opis najważniejszych osiągnięć

Stabilność wyspecjalizowanej polimerazy eta jest regulowana w cyklu komórkowym.

Wykorzystanie uzyskanych wyników

Uzyskane wyniki stanowią kolejny krok w rozumieniu mechanizmów tolerancji uszkodzeń DNA.

Publikacje: 4513/A, 740/N

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

Zespół: dr Izabela Kern-Zdanowicz, doktorantka: mgr Katarzyna Obszańska

Cel badania

1. Analiza systemu koniugacyjnego plazmidu pCTX-M3 należącego do grupy niezgodności *IncL/M*. Badanie możliwości wykorzystania skonstruowanego uprzednio szczepu *Escherichia coli* S14, niosącego w chromosomie geny transferu koniugacyjnego, *tra*_{pCTX-M3} i *trb*_{pCTX-M3}, jako szczepu pomocniczego w koniugacji, do mobilizacji plazmidów zawierających *oriT*_{pCTX-M3} oraz gen trucizny, która będąc bezpieczna dla dawcy powodowałaby zabicie biorcy.
2. Oznaczenie typów replikonów plazmidowych w szczepach *Enterobacteriaceae* wytwarzających β-laktamazy o rozszerzonym spektrum – CTX-M lub/i β-laktamazy typu AmpC- CMY, izolowanych z drobiu.

Opis realizowanych prac

- ad. 1 Przygotowano szczepy dawców *Escherichia coli* S14 niosące: 1) plazmidy zawierające *oriT*_{pCTX-M3} oraz gen trucizny Zeta (z systemu trucizna-antidotum plazmidu pSM19035), którego ekspresja jest pod kontrolą konstytutywnego promotora tetracyklinowego lub indukowalnego promotora arabinozowego (gen kodujący represor – *araR* w chromosomie) oraz 2) zgodny z nim, lecz niemobilizowalny, plazmid niosący gen odtrutki Epsilon (z pSM19035) pod kontrolą indukowalnego promotora laktozowego. Jako szczepy kontrolne wykorzystano szczepy *E. coli* S14 niosące takie same plazmidy, z tą różnicą, że w genie trucizny została przerwana ramka odczytu. Biorcą mobilizowanego plazmidu w takiej koniugacji był szczep *E. coli* JE2571rif^R. Koniugacja, w wyniku której dochodzi do mobilizacji plazmidów niosących uszkodzony gen trucizny Zeta zachodzi w płynie z częstością ok. 10^{-3} transkoniuganta(R⁺)/dawcę, a na podłożu stałym 0,8 R⁺/dawcę. Natomiast, gdy mobilizowany jest plazmid niosący nieuszkodzony gen trucizny pod kontrolą promotora arabinozowego, liczba R⁺ spada ponad 4 rzędy wielkości.
- ad. 2 Przeprowadzono analizę typu PBRT wykorzystując genomowy DNA badanych szczepów – we wszystkich preparatach wykryto replikony IncI1, IncFII i IncFIB. W pojedynczych szczepach zidentyfikowano dodatkowo replikony FIA, FIC, N i Y. Żaden z badanych szczepów nie przenosi plazmidu z replikonem *IncL/M* najpowszechniejszym w Polsce wśród *Enterobacteriaceae* izolowanych od ludzi.

Opis najważniejszych osiągnięć

Szczep *E. coli* S14, jest wydajnym szczepem pomocniczym w koniugacji, w której mobilizowane są plazmidy niosące *oriT*_{pCTX-M3}.

Wykorzystanie uzyskanych wyników

Zgłoszenie patentowe PCT: PCT/IB2013/058368 pt.: „The helper plasmid, bacterial strain and the broad host range system for plasmid mobilization and uses thereof.”

Publikacje: 4775, 743/N

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

Zespół: prof. dr hab. Jarosław Kuśmerek, dr Agnieszka Maciejewska, doktoranci: mgr Małgorzata Dylewska, mgr Karol Ruszel (do 30.09.2013)

Zespół zajmuje się określeniem specyficzności substratowej i mechanizmu działania białek z rodziny AlkB. Głównym obiektem badań są ostatnio: 1,N⁶- α -hydroksypropano-adenina (HPA) i 3,N⁴- α -hydroksypropano-cytozyna (HPC) – addukty akroleiny. HPA i HPC zawierają chiralny atom węgla w pierścieniu egzocyklicznym i poszczególne enancjomery oddziałują w różnicowany sposób z białkiem AlkB.

Cel badań

1. Zbadanie mutagennych konsekwencji związanych z obecnością HPA i HPC w DNA.
2. Zbadanie mechanizmu oddziaływania białek typu AlkB z enancjomerycznymi substratami, następnie wyznaczenie struktur 3D białek AlkB z enancjomerami adduktów związanymi w centrum aktywnym.

Opis realizowanych prac

1. Ustalenie specyficzności mutagenезy indukowanej obecnością HPC i HPA w DNA. Określono poziom mutacji indukowanych obecnością HPA w DNA, (tj. A→C, A→T i A→G) przy użyciu plazmidów pIF101, pIF105 i pIF106 oraz poziom mutacji indukowanych obecnością HPC w DNA, (tj. C→A, C→T i C→G) przy użyciu plazmidów pIF104, pIF102 i pIF103.
2. Wyznaczenie parametrów kinetycznych naprawy HPA przez AlkB. Przygotowano substrat zawierający HPA i wyznaczono stałe kinetyczne naprawy.
3. Kokrystalizacja dioksygenazy AlkB z *Escherichia coli* z trimerami DNA zawierającymi HPA lub HPC. Sklonowano gen dioksygenazy AlkB w formie wymaganej do podjęcia krystalizacji (AlkB Δ N11). Opracowano metodę i przeprowadzono preparatykę T(HPA)T i T(HPC)T. W Institute of Research in Biomedicine z zespołem Prof. M. Coll oczyszczono białko AlkB Δ N11 na dużą skalę oraz podjęto pierwszą próbę jego kokrystalizacji z T(HPA)T i T(HPC)T.
4. Eksperymentalna weryfikacja wyników modelowania struktury HPC i HPA. Na podstawie widm NMR potwierdzono w sposób jednoznaczny postulowane formy wyjściowe związków a także stwierdzono, że w środowisku alkalicznym HPA ulega rearanzacji. (współpraca: prof. dr hab. J. Poznański i dr K. Ruszczyńska-Bartnik)
5. Modelowanie struktury ludzkiej dioksygenazy hABH1 i weryfikacja potencjalnej aktywności naprawczej ABH1 wobec HPA i HPC *in silico*. Na podstawie znanych struktur białek homologicznych stworzono model strukturalny ABH1. Obecność seryny w miejscu Asp135, powoduje, że w przypadku ABH1 preferowane będą substraty neutralne (współpraca: prof. dr hab. J. Poznański).
6. 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 możliwą rolę białka AlkB w naprawie różnych adduktów *in vivo*. (Praca doktorska mgr K. Ruszela w przygotowaniu.)

Opis najważniejszych osiągnięć

1. HPA i HPC są mutagenne i są naprawiane przez dioksygenazę AlkB *E. coli in vivo*.
2. HPA ulega rearanzacji w środowisku w środowisku alkalicznym.
3. Ludzki homolog AlkB – ABH1 może preferować inne substraty niż AlkB, ze względu na inny sposób ich wiązania w centrum aktywnym.

Wykorzystanie uzyskanych wyników

Wyniki badań mogą mieć znaczenie dla rozwoju metod diagnostycznych i terapii nowotworów.

Publikacje: 4705, 4806, 3463/A, 3493/A, 3508/A, 3509/A, 745/N

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

Zespół: prof. dr hab. Piotr Węgleński

Cel badania

Celem badań jest poznanie mechanizmów regulacji genetycznej. W badaniach tych wykorzystujemy organizmy modelowe z grupy prostych eukariontów (*Aspergillus*, *Fusarium*).

Opis realizowanych prac

Wykonano analizę efektów mutacji w genie *rrmA* u *A. nidulans* oraz analizę efektów mutacji w genach *areA* i *areB* u *Fusarium fujikuroi*.

Opis najważniejszych osiągnięć

Ustalono mechanizm działania białka Rma jako regulatora stabilności określonych transkryptów w warunkach stresu azotowego i oksydacyjnego. Scharakteryzowano geny *areA* i *areB* u *Fusarium* i wykazano, że pełnią tę samą rolę, co u dobrze pod tym kątem poznanego *Aspergillus nidulans*.

Wykorzystanie uzyskanych wyników

Przygotowano do druku publikację „SUDPRO – the global regulatory protein”

Publikacja: 4798

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

Zespół: prof. dr hab. Piotr P. Stępień

Cel badań

Badania koncentrowały się na analizie funkcji ludzkiej helikazy hSUV3p kodowanej przez jądrowy gen SUPV3L1 (SUV3), który jest ortologiem helikazy SUV3 z *Saccharomyces cerevisiae*. Udowodniliśmy za pomocą szeregu metod współdziałanie helikazy SUV3 i fosforylasy PNP, że oba białka tworzą degradosom mitochondrialny w komórkach ludzkich.

Opis realizowanych prac

Prowadzono badania nad wykorzystaniem nanocząstek do transportu substancji do wnętrza komórek i do mitochondriów. Kropki kwantowe oparte na koloidalnych nanocząstkach ZnO zawierających domieszki wykazywały luminescencję i były importowane przez komórki HeLa w hodowli tkankowej.

Opis najważniejszych osiągnięć

Uzyskane wyniki były opublikowane w trzech pracach eksperymentalnych i jednej przeglądowej.

Wykorzystanie uzyskanych wyników

Wyniki badań zostaną wykorzystane w publikacjach naukowych.

Publikacje: 4711, 4752, 4790, 4791,

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 152 osoby, w tym 115 w IBB PAN, 30 w Międzynarodowym Instytucie Biologii Molekularnej i Komórkowej (MIBMiK), 3 osoby w programie Wellcome FNP na SGGW oraz 4 w „Centrum Nowych Technologii Ochota Uniwersytetu Warszawskiego”. Pierwszoroczni uczestnicy SD (26 osób) zostali przyjęci w wyniku trójstopniowego egzaminu wstępnego, do którego przystąpiło 53 osoby. Egzamin obejmował znajomość języka angielskiego, pisemny test oraz ustną prezentację wyników prac magisterskich, połączoną z rozmową z kandydatami. Egzamin ustny przeprowadziła 16-to osobowa komisja składająca się z samodzielnych pracowników naukowych, reprezentujących poszczególne kierunki badawcze Instytutu. W studiach doktoranckich w IBB PAN uczestniczy 18 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 Rakowska-Boguta. Ponadto 3 osoby uczestniczą w studiach doktoranckich w ramach projektu „Nowoczesne metody, leki i terapie w ochronie zdrowia i gospodarce Europy XXI wieku – interdyscyplinarne kształcenie w obszarze nauk biomedycznych na studiach II i III stopnia” w ramach Programu Operacyjnego Kapitał Ludzki.

W 2013 roku 19-tu doktorantów obroniło prace doktorskie i został im nadany tytuł doktora.

Działalność dydaktyczna:

W roku sprawozdawczym IBB PAN zorganizował następujące cykle wykładów:

- Komputerowe wspomaganie projektowania leków prowadzący prof. dr hab. Sławomir Filipek
- Co nowego w Biotechnologii – wybrane zagadnienia

Zorganizowano również warsztaty ze statystyki dla doktorantów IBB PAN.

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 poza promotorem ocenia dwóch samodzielnych pracowników naukowych IBB PAN. Doktoranci są współautorami 24. pełnych prac naukowych oraz 78. komunikatów lub plakatów przedstawionych na zjazdach krajowych i zagranicznych. Dziesięciu doktorantów otrzymało dodatkowe finansowanie z funduszy SD (6-9 tys. zł) w ramach konkursu na projekty badawcze (mini granty) pisane wg wzorów projektów finansowanych przez Narodowe Centrum 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. 52-ch 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. Dwójka z naszych doktorantów jest laureatami konkursu „Diamantowy Grant”.

Temar 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, dr Anna Szambowska, dr Piotr Golec

Cele badań

1. Celem badania jest poznanie molekularnych mechanizmów regulacji ekspresji genów i replikacji DNA w komórkach prokariotycznych. Modelami badawczymi będą wybrane plazmidy i bakteriofagi oraz ich naturalny gospodarz – bakteria *Escherichia coli*.
2. Celem badania jest poznanie regulacji eukariotycznej inicjacji replikacji DNA.

Opis realizowanych prac

- ad. 1. Realizowane były prace obejmujące badania: proteomiczne oraz transkryptomyczne rozwoju faga T4wt oraz mutantów T4rI i T4rIII w warunkach powolnego rozwoju gospodarza *E. coli*; kinetyki i regulacji rozwoju faga T4wt w warunkach skrajnie wolnego wzrostu gospodarza *E. coli*; badania te prowadzono w systemie chemostatów w których możliwe jest precyzyjne ustalenie tempa wzrostu bakterii; analizujące białka fagowe oraz bakteryjne wytypowane podczas wcześniejszych badań proteomicznych w kierunku ich potencjalnego zaangażowania w regulacji rozwoju faga T4 w wolno rosnących bakteriach *E. coli*.
- ad. 2. Prowadzone były prace badawcze mające na celu dokładne zrozumienie mechanizmów regulacji eukariotycznej replikacji DNA. W szczególności prace prowadzone w Leibniz Institute for Age Research (Niemcy) obejmowały wyjaśnienie biochemicznej funkcji ludzkiego białka Cdc45, który jest istotnym składnikiem replisomu, niezbędnym podczas inicjacji, jak i elongacji eukariotycznej replikacji DNA. Ludzkie białko Cdc45, razem z MCM2-7 helikazą i białkami GINS tworzą kompleks CMG, który z kolei stanowi eukariotyczną replikacyjną helikazę DNA, niezbędną do rozplatania podwójnej helisy DNA w miejscu origin, oraz uczestniczy w rekrutacji polimeraz DNA, odpowiedzialnych za syntezę nici wiodącej i opóźnionej. Ponadto, prowadzone były badania, których celem jest wyjaśnienie, na poziomie biochemicznym, oddziaływania między ludzkim białkiem Cdc45 a RPA (eukariotyczne białko wiążące pojedyncze DNA). Poznanie mechanizmu „rekrutacji” białka RPA na ssDNA, w obecności ludzkiego Cdc45 przyczyni się do szczegółowego wyjaśnienia procesów regulacji eukariotycznej replikacji DNA, a w konsekwencji do poznania mechanizmów, które są odpowiedzialne za stabilność genomu.

Opis najważniejszych osiągnięć

- ad. 1. Optymalizacja oczyszczania całkowitego RNA z wolno rosnących bakterii zainfekowanych fagiem T4; zaprojektowanie mikromacierzy, które można wykorzystywać w badaniach transkryptomu bakterii *E. coli* po infekcji fagiem T4; przeprowadzenie analizy kinetyki rozwoju fagów T4wt, T4rI i T4rIII w wolno rosnących bakteriach *E. coli* z wykorzystaniem technik RNAseq oraz mikromacierzy; ustalenie granicznego tempa rozwoju gospodarza (*E. coli*) potrzebnego do rozwoju faga T4wt; wytypowanie białek fagowych, które mogą brać udział w regulacji rozwoju faga T4 w warunkach wolnego wzrostu bakterii *E. coli*.
- ad. 2. Optymalizacja procedury ekspresji i oczyszczania ludzkiego białka Cdc45, oraz uzyskanie modelu struktury Cdc45. Charakterystyka biochemiczna ludzkiego białka Cdc45. Zbadanie mechanizmu „rekrutacji” białka RPA (ang. Replication protein A) na ssDNA przez Cdc45.

Wykorzystanie uzyskanych wyników

- ad. 1. Postery na konferencjach Phages 2013 Bacteriophage in Medicine, Food & Biotechnology, 10-12.09.2013, Oxford, Anglia, oraz na The 5th Congress of European Microbiologists (FEMS 2013), 21-25.07.2013, Lipsk, Niemcy.
- ad. 2. Postery na Retreat, 06.2013, Niemcy, oraz na konferencji Cold Spring Harbour Laboratory Meeting, 09.2013, USA.

Publikacje: 4782, 3392/A, 223/M

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

Zespół: prof. dr hab. Maciej Żylicz

Cel badania

Celem prowadzonych badań jest poznanie roli białek opiekuńczych w nabywaniu własności onkogennych przez mutacje typu zmiany sensu odczytu w genie *TP53*.

Opis realizowanych prac

Wykazano, że w liniach komórkowych H1299 (niedrobnokomórkowy rak płuca, NSCLC) gen *TP53* zawierający mutacje punktowe koduje zmienione konformacyjnie białka (p53 R175H; R249S; R282W; czy V143A), które oddziałują z paralogami p53, mianowicie p63 oraz p73, tworząc z nimi stabilne kompleksy oraz hamując ich transkrypcyjną aktywność względem pro-apoptotycznego genu *BAX*. Obecność białka opiekuńczego HSP70 powoduje oddysocjowanie p63 z kompleksu ze zmienionym p53 skutkujące w indukcji transkrypcji promotora genu *BAX*. HSP70 nie usuwa jednak p73 z kompleksu ze zmienionym p53 i uczestniczy w tworzeniu agregatów białkowych wewnątrz jądra komórkowego. W tych warunkach nie obserwuje się reaktywacji aktywności transkrypcyjnej genu pro-apoptotycznego *BAX*. Ponadto wykazano, że nadprodukcja MDM2 powoduje usuwanie białek opiekuńczych (HSP70 i HSP40) z kompleksu p53 R175H-p73 prowadząc do utworzenia trójskładnikowego kompleksu zawierającego p53R175H, p73 oraz MDM2. Białka te tworzą w jądrach komórek nowotworowych stabilne struktury amyloidalne.

Opis najważniejszych osiągnięć

Opisano na poziomie molekularnym mechanizm nabywania aktywności onkogennych przez zmienione p53 w obecności HSP70 i MDM2. Białko opiekuńcze HSP70 uczestnicząc w próbie zwijania zmienionego białka p53 R175H rozwija je częściowo, eksponując dotychczas ukryte domeny hydrofobowe p53 R175H. Dzięki tej ekspozycji, w obecności nadmiaru MDM2, następuje agregacja białek i tworzenie się struktur amyloidalnych zawierających p53 R175H, MDM2 oraz p73. Tworzenie takich agregatów powoduje zahamowanie aktywności transkrypcyjnej p73 a tym samym zahamowanie apoptozy komórek nowotworowych zależnej od p73.

Wykorzystanie uzyskanych wyników

Uzyskane wyniki mogą w przyszłości wyjaśnić molekularny mechanizm nabywania przez komórki nowotworowe chemiooporności. Z badań klinicznych wiadomo, że w przypadku nowotworów NSCLC nabywanie chemiooporności jest skorelowane z mutacją w genie *TP53* (P=003).

Publikacje: 3568/A, 35/69/A

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

Zespół: dr hab. Małgorzata Łobocka, doktorantka: mgr Aleksandra Głowacka

Cel badania

Poznanie molekularnych mechanizmów działania systemu aktywnej segregacji (partycji) plazmidu-profaga P1 – modelowego przedstawiciela plazmidowych systemów tego typu, dla stworzenia efektywnie działających kaset stabilizujących wektory plazmidowe wykorzystywane w badaniach bakterii Gram-ujemnych i w przemyśle.

Opis realizowanych prac

W celu stworzenia systemu umożliwiającego monitorowanie wewnątrzkomórkowej lokalizacji heterologicznych plazmidów zawierających *parS*, niezależnego od interakcji białka ParB P1 z *parS*, skonstruowano pochodne niskokopijnego wektora mini-pSC101-*parS*⁺ wzbogacone o tandemowe kopie operatora laktozowego. W komórkach produkujących fluorescencyjnie znakowany represor operonu laktozowego plazmidy te lokalizowały się w centrum komórki lub w rejonach przyszłych centrów komórek potomnych, dowodząc udziału w ich lokalizacji mechanizmu aktywnej segregacji specyficznego dla pSC101. Niespodziewanie białko ParB P1 zaburzało uporządkowaną lokalizację mini-pSC101-*parS*⁺, wskazując na interferencję pomiędzy systemami partycji pSC101 i P1. Zaburzenia w lokalizacji spowodowane przez ParB korelowały z obniżeniem stabilności badanych plazmidów. W celu potwierdzenia hipotezy o interferencji obu systemów partycji konstruowane są pochodne mini-pSC101 pozbawione sekwencji centromeropodobnej tego plazmidu. Dodatkowo, w ramach prac prowadzonych we współpracy z Samodzielnym Zakładem Biologii Mikroorganizmów WRiB SGGW przetestowano zdolność P1 do infekcji i lizogenizacji bakterii środowiskowych rodzaju *Agrobacterium*, *Pantaea* i *Pseudomonas*.

Opis najważniejszych osiągnięć

Uzyskanie pierwszych dowodów na aktywną lokalizację plazmidów pSC101 wewnątrz komórki podczas cyklu komórkowego oraz wykazanie interferencji pomiędzy systemem partycji P1 i pSC101.

Wykorzystanie uzyskanych wyników

Zgłoszenie patentowe Europejskiego Urzędu Patentowego (PCT/EP2013/064870) pt.: „A method of evaluating the therapeutic efficacy of bacteriophages”, oraz zgłoszenie patentowe do Urzędu Patentowego RP (P.406377) pt.: „Zastosowanie endopeptydaz o wysokiej specyficzności”.

Publikacje: 3531/A, 3532/A, 3533/A, 3534/A, 3535/A, 733/N

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

Zespół: prof. dr hab. Andrzej Jerzmanowski, dr hab. Marta Kobłowska, dr Tomasz Sarnowski, mgr Kinga Rutowicz, mgr Daniel Buszewicz, mgr Maciej Lirski, mgr Małgorzata Tybor

Cel badania

Ustalenie molekularnych mechanizmów działających na poziomie chromatyny, odpowiedzialnych za koordynację wzrostu i rozwoju i procesów adaptacji roślin do środowiska.

Opis realizowanych prac

Analizowano udział kompleksów remodelujących chromatynę, typu SWI/SNF, w szlakach sygnalizacji hormonalnej oraz udział histonów typu H1 w gametogenezie i wczesnej embriogenezie u rośliny modelowej *Arabidopsis thaliana*.

Opis najważniejszych osiągnięć

1. ustalono, że kompleks SWI/SNF zawierający ATPazę BRAHMA jest składnikiem systemu regulacji odpowiedzi roślin na gibereliny;
2. ustalono, że kompleksy SWI/SNF zawierające podjednostkę SWI3C uczestniczą w koordynacji ścieżek sygnalizacji hormonalnej giberelin, kwasu abscysynowego, etylenu i brassinosteroidów oraz auksyny;
3. wykazano, że u *Arabidopsis*, podobnie jak u ssaków, somatyczne warianty histonu H1 są eliminowane z chromatyny poprzez selektywną proteolizę, w trakcie wczesnych faz rozwoju embrionalnego oraz w komórce macierzystej megaspory (gamety żeńskiej);
4. pokazano że białko BRM katalityczny składnik kompleksu SWI/SNF bierze udział w regulacji transkrypcji ncRNA u roślin.

Wykorzystanie uzyskanych wyników

Wyniki badań zostaną wykorzystane w publikacjach naukowych.

Publikacje: 4724, 4799, 4810, 3411/A, 3412/A, 3422/A, 3441/A, 3473/A, 706/N

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

Zespół: prof. dr hab. Agnieszka Sirko, dr Anna Góra-Sochacka, mgr Anna Stachyra, doktorantki: mgr Patrycja Redkiewicz, mgr Róża Sawicka, mgr Barbara Kalenik

Cel badania

Celem przeprowadzonych badań była produkcja aktywnych biologicznie rekombinowanych białek o znaczeniu terapeutycznym w dwóch rodzajach roślinnych systemów ekspresyjnych: (1) roślinach transgenicznym, (2) systemie ekspresji przejściowej z zastosowaniem wektorów opartych na wirusach roślinnych. Docelowymi białkami były cytokiny, ludzka interleukina 2 (IL-2) oraz myszy czynnik stymulujący tworzenie kolonii granulocytów i makrofagów (GM-CSF). W celu uzyskania rekombinowanych cytokin o podwyższonej stabilności wytworzono białka chimeryczne będące fuzją cytokiny z inhibitorami proteaz bądź elastyno-podobnym polipeptydem (ELP).

Opis realizowanych prac

Kontynuowane były prace związane z wykorzystaniem roślin do wytwarzania fuzji cytokin hIL-2 i mGM-CSF z inhibitorami proteaz lub ELP składającym się z 30-krotnie powtórnego pentametu VPGVG.

Użycie inhibitorów proteaz jako partnerów fuzyjnych nie wpłynęło w istotny sposób na wydajność produkcji cytokin w roślinach. Niestety w przypadku białek fuzyjnych z ELP zaobserwowano spadek poziomu produkcji. Przeprowadzono testy mające na celu wykazanie oporności rekombinowanych białek fuzyjnych na trawienie trypsyną lub proteinazą K. W tym celu ekstrakty z roślin transgenicznych bądź oczyszczone białka rekombinowane inkubowano z trypsyną w odpowiednio dobranym buforze w temperaturze 37°C. Wyniki analizowano metodą Western blot i ELISA. Potwierdziły one wysoki poziom ochrony rekombinowanych cytokin przed degradacją testowanymi proteazami. Rozpoczęto analogiczne doświadczenia z zastosowaniem surowicy krwi lub oczyszczonej plazminy.

Ponadto, kontynuowano 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). Najbardziej istotne jest zweryfikowanie aktywności oraz specyficzności substratowej fragmentów przeciwciał w celu wyboru przeciwciał najbardziej odpowiednich do produkcji w systemach roślinnych.

Opis najważniejszych osiągnięć

Uzyskano różne białka chimeryczne zawierające cytokiny (hIL-2 lub mGM-CSF) oraz inhibitory proteaz lub ELP wykazujące aktywność biologiczną obu komponentów oraz podwyższoną stabilność.

Wykorzystanie uzyskanych wyników

Na podstawie uzyskanych wyników napisano pracę doktorską, magisterską i inżynierską.

Publikacje: 4828, 4829, 3386/A704/N, 728/N

Temat nr 36: Metody informatyczne w biologii molekularnej.

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

Cel badania: Celem realizacji tematu jest rozwój metod bioinformatycznych umożliwiających analizę dostępnych banków danych sekwencji, struktur, literatury itp.

Opis realizowanych prac:

W oparciu o specjalistyczne środowisko *Mathematica 8*, opracowano:

- matematyczny symulator CEF (Capillary Erythrocyte Flow) oraz
- program obliczeniowy Erythrocyte Calculator.

Symulator CEF pozwala na modelowanie zachowania deformacji erytrocytów poddanych różnego rodzaju naprężeniom (ściskania, zginania, rozciągania i ściskania) w przepływie Binghama, podczas przejścia komórek przez naczynia krwionośne o różnych rozmiarach, w szerokim zakresie zmian gradientu ciśnienia.

Kontynuowano badania ewolucji strategii życiowych zarodźca malarii przy zastosowaniu analizy sekwencyjnej.

Kontynuowano badania mechanizmu buforowania pH w krwi. Przeprowadzono miareczkowania hemoglobiny oraz testowano różne modele obliczeniowe. Postawiono hipotezę dotyczącą roli ATP w przypadkach śmierci łóeczkowej u niemowląt. Ponadto kontynuowano badania w obszarze metagenomiki (współpraca wewnątrz IBB oraz grant z Wydziałem Matematyki, UW).

W trakcie 2013 roku kontynuowano projekt, którego celem była identyfikacja zachowanych i nowych miRNA w liściach kapusty głowiastej (*Brassica oleracea* var *capitata*), a także predykcja ich potencjalnych genów docelowych. Na podstawie przeprowadzonej analizy bioinformatycznej danych otrzymanych z głębokiego sekwencjonowania sRNA wyznaczono szacunkową ilość 261 zachowanych oraz 26 potencjalnych nowych miRNA.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Identyfikacja miRNA u *Brassica oleracea* i znalezienie regulowanych przez nie celów.

Wykorzystanie uzyskanych wyników

Zgłoszenie patentowe P.405125 pt.: „Cząsteczka miR172 pochodzenia roślinnego lub jej syntetyczny ekwiwalent, sposób zmniejszenia proliferacji limfocytów B oraz zastosowanie cząsteczki mi172”

Publikacje: 4710, 4740, 4741, 4746, 4764, 4766, 4776, 4800, 4827, 3423/A, 3459/A, 3550/A, 3553/A 3555/A, 3556/A, 3557/A, 698/N

Temat nr 37: Mechanizmy kontrolujące proces patogenezy komórek roślinnych.

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

Cel badań

Kontynuowaliśmy badania różnych mechanizmów obronnych włączanych podczas odpowiedzi roślin na infekcje mikroorganizmów lub inne niekorzystne czynniki środowiskowe. W tym roku, analizowaliśmy molekularne podstawy odpowiedzi roślin ziemniaka (*Solanum tuberosum* L.) odmiany Rywal i linii PW363 na infekcję wirusem Y ziemniaka (Potato Virus Y, PVY).

Opis realizowanych prac

Wykazaliśmy, że odpowiedź obronna ziemniaka, charakteryzująca się tworzeniem nekroz lokalnych ziemniaka (ang. Hypersensitive Response, HR), na infekcję wszystkich znanych typów izolatów PVY, to jest: 0, N i NTN determinowana jest obecnością dominującego allelu *Ny-1*. Inny typ reakcji obronnej zwanej odpornością krańcową jest determinowany obecnością dominującego allelu *Ry-f_{sto}*. Z wykorzystaniem techniki „głębokiego” sekwencjonowania wykonaliśmy analizy zmian ilościowych i jakościowych w profilach mikro-RNA obu genotypów ziemniaka w różnym czasie (1, 3 i 6 dni) po infekcji PVY.

Opis najważniejszych osiągnięć

Stworzyliśmy katalogi mikro-RNA dla dwu genotypów ziemniaka w warunkach kontrolnych lub po infekcji PVY.

Wykorzystanie uzyskanych wyników

Zgłoszenie patentowe P.403585 pt.: „Sposób uzyskiwania roślin o zwiększonej tolerancji ma ciemną plamistość poudzerzeniową oraz zastosowanie sekwencji aneksyn z ziemniaka do wytwarzania i selekcji roślin o zwiększonej tolerancji na CPP”.

Publikacje: 4702, 4742, 4743, 4796, 3395/A, 736/N, 216/M

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

Zespół: dr Bożenna Rempola

Cel badania

Identyfikacja nowych interakcji genetycznych dla genów *YAF9* i *BDF1*. Badanie metabolizmu 5-fluorouracylu w komórkach *Saccharomyces cerevisiae*.

Opis realizowanych prac

Kontynuowano prowadzone we współpracy z dr Anną Chelstowską badania dotyczące funkcji białka Yaf9, będącego wspólną podjednostką dwóch kompleksów regulujących strukturę chromatyny: NuA4 oraz Swr1. Identyfikowano supresory funkcjonalne podwójnej letalnej delecji genów *YAF9* i *BDF1* metodą zastąpienia uracylowego plazmidu niosącego gen *BDF1* w szczepie $\Delta yaf9\Delta bdf1$ [pBDF] przez wielokopijny leucynowy plazmid z biblioteki genów *S. cerevisiae*, przywracający żywotność podwójnego mutantu. Wykazano, że takimi funkcjonalnymi supresorami letalności szczepu $\Delta yaf9\Delta bdf1$ są geny: *MIH1* kodujący fosfatazę tyrozynową zaangażowaną w regulację cyklu komórkowego oraz gen *HTZ1* kodujący wariant histonu H2AZ.

We współpracy z prof. dr hab. Jarosławem Poznańskim prowadzono prace nad wykorzystaniem drożdży *S. cerevisiae* jako modelowego organizmu w badaniach nad wewnątrzkomórkowym metabolizmem związków fluorowanych. Obiektem badań był 5-fluorouracyl (FU), jego wpływ na komórki drożdży oraz przemiany metaboliczne jakim ulegał *in vivo*, a także jego wtórny katabolizm w homogenacie komórkowym. Opracowano metodykę badania wewnątrzkomórkowego metabolizmu FU z wykorzystaniem spektroskopii ^{19}F NMR.

Opis najważniejszych osiągnięć

Opracowanie protokołu badania metabolizmu FU w komórkach *S. cerevisiae*.

Wykorzystanie uzyskanych wyników

Wyniki badań zostaną wykorzystane w publikacjach naukowych.

Publikacja: 3459/A

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

Zespół: prof. dr hab. Ewa Bartnik

Cel badania

Analiza polimorfizmów mitochondrialnego DNA i częstości występowania poszczególnych haplogrup mitochondrialnych w celu ustalenia, czy jakieś konkretne polimorfizmy i/lub haplogrupy są zasocjowane z chorobami mitochondrialnymi, innymi chorobami lub nowotworami.

Opis realizowanych prac

Przebadano 120 pacjentów z encefalomiopatiami mitochondrialnymi, w mitochondrialnym DNA. Znalaziono 5 delecji w mitochondrialnym DNA, z czego w 2 przypadkach delecje miały charakter wielokrotny. Tak niewielką liczbę wyników pozytywnych tłumaczy fakt, że istotną część pacjentów stanowili pacjenci, dla których podejrzenie choroby mitochondrialnej nie było bardzo silnie uzasadnione klinicznie.

Badania dziedzicznej neuropatii wzrokowej Lebera objęły 17 analiz pacjentów, wykryto 1 mutację w pozycji 11778 u probanda.

Przeprowadzano analizę haplogrup mitochondrialnego DNA u pacjentów z żółtaczką o podłożu autoimmunologicznym, gdyż wstępne dane wskazywały, że rozkład haplogrup w tej grupie może być różny od rozkładu dla populacji ogólnej. Do chwili obecnej zanalizowano 28 próbek pochodzących od tych pacjentów. Dla 20 stwierdzono obecność haplogrupy H, dla 3 - U dla 3 - K oraz po jednej osobie dla haplogrup T i V. Grupa badana jest jeszcze zbyt mała, by przeprowadzić analizę statystyczną.

Wykorzystanie uzyskanych wyników

Nasze badania mają na ogół także aspekt diagnostyczny – czyli wyniki są wykorzystywane do postawienia diagnozy, niestety w przypadku chorób mitochondrialnych nie ma możliwości ich leczenia.

Publikacje: 3384/A, 3385/A, 3387/A, 3388/A, 3390/A, 3434/A, 3464/A, 3465/A, 3467/A, 3487/A, 3527/A, 3529/A, 3530/A

Temat nr 41: Oksydacyjne uszkodzenia DNA.

Zespół: prof. dr hab. Barbara Tudek, dr hab. Elżbieta Speina, dr Paulina Prorok, dr Artur Biela, doktoranci: mgr Jolanta Czerwińska, mgr Dorota Dziuban, mgr Ewelina Szmaja, mgr Hubert Ludwiczak

Cel badania

Celem prowadzonych badań jest poznanie mechanizmów naprawy oksydacyjnych uszkodzeń DNA i ich rola w procesach kancerogenezy i starzenia.

Opis realizowanych prac

1. Badano mechanizm inhibicji bakteryjnych i ludzkich białek naprawy DNA przez analog zasady DNA 2-tioksantynę (2TX), stosując metody krystalograficzne i biochemiczne.
2. Badano naprawę adduktów DNA, wywodzących się z peroksydacji lipidów (LPO), przez wybrane białka szlaku Fanconiego (FA).
3. Badano udział AP-endonukleazy APE1 w naprawie uracylu.
4. Badano ekspresję polimerazy poli(ADP-rybozy)1, PARP1 w raku jelita grubego i jej korelację z ekspresją i polimorfizmem glikozylazy OGG1.

Opis najważniejszych osiągnięć

- ad 1. Wykazano istnienie dwóch mechanizmów hamowania glikozylazy Fpg z *Lactococcus lactis* (LlFpg), kompetycyjnego przy niskich stężeniach 2TX i antykompetycyjnego przy wysokich stężeniach 2TX. Przy wysokich stężeniach, 2TX niszczy palec cynkowy w białkach naprawczych rodziny Fpg/Nei powodując utlenienie dwóch reszt cystein i wytworzenie mostka siarczkowego. 2TX również hamowała naprawę 8-oksyguaniny i 5-hydroksycytozyny w fibroblastach ludzkich.
- ad 2. Zaobserwowano, że w komórkach HeLa jeden z głównych produktów LPO hamował fosforylację szeregu białek odpowiedzi na uszkodzenia DNA (DDR), t.j., Chk1, SMC1, KAP1, RPA i histonu H2AX. Hamowanie to było widoczne do 12 godz. po potraktowaniu komórek HNE, z wyjątkiem kinazy Chk1, której fosforylacja, a w konsekwencji aktywacja, była hamowana przez cały czas eksperymentu, t.j. 72 godz. Ponieważ Chk1 jest jedyną kinazą fosforylującą białka kompleksu rdzeniowego systemu FANC, to może tłumaczyć brak aktywacji systemu niedokrwistości Fanconiego, przez HNE, pomimo obecności uszkodzeń DNA, które mogłyby być substratem FANC. To powodowało zahamowanie cyklu komórkowego w fazie G2 i fragmentację DNA.
- ad 3. Wykazano, że ludzka AP-endonukleaza, APE1 nacina nić DNA od strony 5' dU bez uprzedniego usunięcia uracylu przez glikozylazę DNA. Podobne właściwości wykazuje AP-endonukleaza z *Methanococcus thermautotrophicus*. Niewykluczone, że taki mechanizm naprawy może być bardzo stary i konserwowany od *Archea* do człowieka.
- ad 4. Zaobserwowano znamienny wzrost poziomu mRNA PARP1 w złośliwych guzach i łagodnych polipach jelita grubego w stosunku do niezmienionej tkanki jelita. Zaobserwowano także wysoką pozytywną korelację pomiędzy poziomem mRNA PARP1 i OGG1 w leukocytach, niezmienionej tkance jelitowej i w polipach, ale nie w guzach. Co ciekawe, poziom białka PARP1 był pozytywnie skorelowany z polimorfizmem OGG1 Ser326Cys. To może sugerować wzajemny wpływ PARP1 i OGG1 na ekspresję tych białek.

Wykorzystanie uzyskanych wyników

Wyniki badań zostaną wykorzystane w publikacjach naukowych.

Publikacje: 4809, 716/N, 726/1/N, 217/M, 3462/A, 3470/A, 3492/A, 3517/A, 3518/A, 3519/A, 3520/A, 3521/A, 3522/A

Temat nr 42: Mutacje indukowane i adaptacyjne.

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

Cel badania

1. Określenie roli trimery FTO w rozwoju otyłości; ustalenie funkcji białek ALKBH1-8 w procesie nowotworzenia, ze szczególnym uwzględnieniem ich roli w powstawaniu guzów opornych na chemioterapię typu alkilującego,
2. Określenie roli białek odpowiedzi adaptacyjnej: Ada, AlkA i AlkB w ochronie bakterii *Pseudomonas putida* przed działaniem czynników alkilacyjnych,
3. Analiza metagenomiczna konsorcjum mutagennego metodą 454 pyrosekwencjonowania całkowitego DNA wyizolowanego z próbek hodowli.

Opis realizowanych prac

- ad 1. Analiza ekspresji białek ALKBH 1-8 i FTO w próbkach pobranych od pacjentów i wybranych zwierząt modelowych pozwoliła określić narządy, w których dotychczas nie opisywano wysokiego poziomu homologów AlkB. Wskazuje to na ich nowe funkcje w regulacji metabolizmu całego organizmu. Nowoczesne analizy proteomiczne i biochemiczne wykazały obecność multimeryzacji i modyfikacji posttranslacyjnych dla niektórych z wymienionych białek. Trwają zaawansowane prace nad ustaleniem wpływu tych modyfikacji na aktywność dioksygenazową tychże. W realizacji zadań pomagają nam stypendyści z Anglii, Litwy, Włoch i Ukrainy.
- ad 2. Organizacja regulonu Ada *P. putida* różni się od Ada *Eschericia coli*. Okazało się, że u *P.putida* glikozylaza AlkA pełni główną rolę w naprawie uszkodzeń alkilacyjnych w DNA, a aktywność substratowa tego białka obejmuje też 1meA i 3meC, uszkodzenia najwydajniej naprawiane przez białko AlkB *E. coli*. Odkryliśmy, że białko AlkB *P. putida* jest eksprymowane konstytutywnie, a nie indukowane w obrębie odpowiedzi Ada.
- ad 3. W poprzednich latach opracowano metodę produkcji biowodoru i następnie metanu (biogazu) w wyniku procesów fermentacji melasy w układzie dwustopniowym w hodowlach ciągłych w skali laboratoryjnej. Uzyskane wyniki pokazały, że hodowla produkująca metan z kwaśnego odcieku po fermentacji melasy charakteryzuje się niezwykle bogatą bioróżnorodnością. Tworzą się układy syntroficzne pomiędzy bakteriami rozkładającymi kwasy tłuszczowe do dwutlenku węgla i wodoru należącymi do *Clostridiales*, *Bacteroidales*, *Spirochaetales* a metanogenami hydrogentroficznymi z rzędu *Methanomicrobiales*.

Opis najważniejszych osiągnięć

1. Odkrycie konstytutywnego wyrażenia dioksygenazy AlkB u *P. putida*, w przeciwieństwie do *E. coli*, gdzie ekspresja tego białka jest regulowana przez odpowiedź adaptacyjną indukowaną czynnikami alkilacyjnymi.
2. Określenie rodzajów mikroorganizmów tworzących układy syntroficzne rozkładające kwasy tłuszczowe.

Wykorzystanie uzyskanych wyników

1. Określenie udziału poszczególnych białek odpowiedzi Ada *P. putida* poszerzyło wiedzę nt. odpowiedzi komórki na stres.
2. Określenie roli poszczególnych mikroorganizmów w transformacji kwasów tłuszczowych przyczyni się do podwyższenia metanogenezy i produkcji metanu na skalę półprzemysłową.

Publikacje: 4705, 4801, 4806, 4715, 3474/A, 3509/A, 705/N, 738/N

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

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

Cel badania

Celem badań nad plazmidami koniugacyjnymi o szerokim spektrum gospodarzy BHR (IncP-1, IncU) jest zdefiniowanie mechanizmów (w zakresie replikacji, stabilności i transferu koniugacyjnego) odpowiedzialnych za adaptację tych plazmidów do odległych filogenetycznie gospodarzy. Celem drugiego kierunku naszych badań jest wyjaśnienie pleiotropowego działania chromosomalnie kodowanych białek Par (homologi plazmidowych białek partycyjnych) w *Pseudomonas aeruginosa*.

Opis realizowanych prac

W zakresie procesu transferu koniugacyjnego analizowano skład i funkcje białek relaksosomu plazmidu RA3 (IncU) oraz strukturę *oriT* (origin transferu koniugacyjnego). Badania nad mechanizmami stabilizacyjnymi plazmidów BHR kontynuowano analizując strukturę i właściwości polimeryzacyjne białka KfrA z plazmidów IncP i rolę KorB oraz KorC jako koordynatora funkcji partycji i transferu koniugacyjnego w plazmidzie RA3 (IncU).

Poprzednio przeprowadzono analizę transkryptomiczną mutantów *par* *P. aeruginosa* a także mutantu *parSnull* (z uszkodzonymi podstawowymi 10 miejscami wiązania ParB w chromosomie). Porównanie tych danych doprowadziło do identyfikacji puli genów (ponad 50 operonów) odwrotnie regulowanych w mutantach *parBnull* i *parSnull* („regulon ParB”). Rozpoczęto weryfikację danych transkryptomicznych poprzez klonowanie regionów promotorowych i badania regulacyjne *in vivo* oraz wiązanie ParB *in vitro*. Równolegle zakończono analizę fenotypową kolekcji mutantów *P. aeruginosa* z uszkodzonymi różnymi kombinacjami miejsc wiązania ParB (*parS*). Przeprowadzono też analizę funkcjonalną poprzednio zidentyfikowanych białek-partnerów dla białek ParA i ParB.

Opis najważniejszych osiągnięć

1. Relaksosom plazmidu RA3, składa się z relaksazy Nic, białka pomocniczego MobC i prymazy TraC4, ustalono miejsca wiązania relaksazy Nic i białka MobC w obrębie *oriT* plazmidu RA3,
2. Wstępna analiza „regulonu ParB” w *P. aeruginosa* wykazała, że ParB wiąże się bezpośrednio do niektórych promotorów, a w wiązaniu sdo innych potrzebuje białek partnerskich,
3. Miejsca *parS* w genomie *P. aeruginosa* są nierówno cenne, tylko 4 sekwencje *parS* spośród 10 są zaangażowane w segregację chromosomów, jedno z tych 4 miejsc jest wystarczające do prawidłowego przebiegu tego procesu.

Wykorzystanie uzyskanych wyników

Wyniki badań zostaną wykorzystane w publikacjach naukowych.

Publikacje: 4726, 4727, 4735, 4739, 4767, 4826, 3436/A, 3523/A, 3524/A, 3525/A, 3526/A, 718/N

Temat nr 44: Środowiskowe Laboratorium Magnetycznego Rezonansu Jądrowego

Zespół: prof. dr hab. Andrzej Ejchart, dr hab. Jacek Wójcik, dr Igor Zhukov, dr Beata Toczyłowska

Cel badania

1. Zastosowanie NMR do wyznaczania struktury i dynamiki białek.
Wyjaśnienie zmiany powinowactwa białka S100A1 na skutek tonylacji cysteiny C85.
Wyznaczenie struktury i dynamiki dla pierwszej domeny katalitycznej mysiego enzymu E1.
2. Modelowe badania analogów tryptofanu.
Zbadanie autoasocjacji 1-metyloindolu jako związku modelowego pozwalającego zrozumieć oddziaływania tryptofanu w białkach membranowych.
3. Zastosowania medyczne badań NMR składu płynów ustrojowych i ekstraktów tkankowych.
Opracowanie i sprawdzenie zastosowania metabolomiki opartej o spektroskopię NMR w diagnostyce płynu stawowego w różnicowaniu chorych na zwyrodnieniowe zapalenie stawów i reumatoidalne zapalenie stawów.

Opis realizowanych prac

- ad 1. Wyznaczono strukturę i dynamikę form *apo* i *holo* białka S100A1 oraz białka tonylowanego homocysteiną. Osiągnięto zakładany cel badania dla pierwszej domeny katalitycznej mysiego enzymu E1.
- ad 2. Zakończono prace eksperymentalne autoasocjacji 1-metyloindolu.
- ad 3. Wykonano widma ^1H i ^{31}P NMR płynu stawowego i jego ekstraktów lipidowych pobranego w trakcie zabiegu terapeutycznego – synowiektomii.

Opis najważniejszych osiągnięć

- ad 1. Wyniki pozwoliły na ustalenie, że tonylowanie białka S100A1 zmienia strukturę formy *apo* powodując zwiększenie powinowactwa białka do wapnia.
- ad 2. Przy współpracy z Uniwersytetem AM w Poznaniu po raz pierwszy wyznaczono strukturę krystaliczną 1-metyloindolu.
- ad 3. Potwierdzono przydatność spektrometrii NMR do detekcji markerów niektórych stanów chorobowych stawów.

Wykorzystanie uzyskanych wyników

- ad 1. Wyniki otrzymane dla białka S100A1 opublikowano (4722). Wyniki dla pierwszej domeny katalitycznej mysiego enzymu E1 opublikowano (<http://dx.doi.org/10.1016/j.jsb.2013.10.020>).
- ad 2. W najbliższym czasie przewidywane jest opublikowanie wyników.
- ad 3. Przygotowano manuskrypt pt. "Study of NMR-based metabolomic of knee synovial fluid to differentiate types of arthritis" Planowane wysłanie manuskryptu do *Osteoarthritis and Cartilage*.

Publikacje: 4706, 4712, 4718, 4722, 4725, 4729, 4734, 4763, 4768, 4769, 4785, 4788, 3393/A, 3394/A, 3408/A, 3409/A, 3410/A, 3418/A, 3419/A, 3476/A, 3477/A, 3499/A, 3500/A

Temat nr 47: Modelowanie struktury i funkcji białek.

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

Cel badania: Celem realizacji tematu jest rozwój nowych metod przewidywania struktur i oddziaływań makrocząsteczek jak i ich zastosowanie dla lepszego zrozumienia procesów komórkowych i zastosowania do konstrukcji cząsteczek inhibitorów o pożądanych właściwościach (np. nowe leki).

Opis realizowanych prac:

Jednym z fundamentalnych procesów zachodzących w roślinach jest synteza cysteiny. W proces ten zaangażowane są dwa enzymy: acetyltransferaza serynowa (SAT) i liaza O-acetylserynowa (OAS-Tl) tworząc kompleks syntazy cysteinowej (CS). W celu zbadania funkcji tego kompleksu polegającej na kontroli homeostazy siarki oraz optymalizacji syntezy cysteiny zbudowano modele SAT i OAS-Tl dla mitochondrialnego kompleksu CS z *Arabidopsis thaliana*, co w dalszym postępowaniu pozwoliło na wyznaczenie obszarów białek wchodzących w interakcję.

Opracowano metodykę wykrywania wielu typów interakcji w kompleksach lek-receptor, takich jak: wiązania wodorowe, mostki solne, kontakty hydrofobowe, Π - Π równoległe i prostopadłe, Π -kation. Dostępne są dwie metody estymacji tych oddziaływań: zgrubna i dokładna. Metoda dokładna różni się od zgrubnej tym, że poza kryterium odległości stosuje się również ograniczenia kątów torsyjnych i dwuściennych. Moduł interakcji został zintegrowany z platformą DiSCuS, gdzie możliwe jest filtrowanie zgromadzonych konformacji związków przy użyciu konkretnych interakcji. Możliwe też jest przeszukiwanie konformacji podobnych, co jest zbliżone do przeszukiwania bazy związków farmakoforem konformacji bioaktywnej. Warto podkreślić, że wzory interakcji zaprezentowane są w DiSCuSie w unikalny sposób – przy pomocy kolorowych kodów kreskowych upodabniające je do MSA (*multiple sequence alignment*), co pozwala na szybką ocenę podobieństwa dużej ilości konformacji.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Rozwój platformy DiSCuS

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Znalezione struktury inhibitorów będą opatentowane.

Publikacje: 4738, 4744, 4797, 4812, 4813, 3458/A, 3558/A, 3559/A

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

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

Cel badania

Choroba Alzheimerera jest najczęściej występującym schorzeniem neurodegeneracyjnym. W świetle ostatnich doniesień głównym czynnikiem odpowiedzialnym za powstawanie i rozwój choroby Alzheimerera wydają się być oligomery peptydu A β . Jak dotąd brak jest jednak jednoznacznej wiedzy o mechanizmie neurotoksyczności, wiadomo jedynie, że kluczem do jego zrozumienia jest oddziaływanie oligomerów z błoną lipidową i pośrednio lub bezpośrednio z różnego typu receptorami białkowymi. Zgodnie z tą wiedzą zajmujemy się badaniami strukturalnymi oddziaływania różnych form strukturalnych peptydu Abeta z receptorem RAGE, białkiem prionowym PrP, a także bezpośrednio z błoną lipidową.

Opis realizowanych prac

Zgodnie z tą wiedzą zajmujemy się badaniami strukturalnymi oddziaływania różnych form strukturalnych peptydu Abeta z receptorem RAGE, białkiem prionowym PrP, a także bezpośrednio z błoną lipidową. Badania struktury dimeru pozakomórkowej części receptora RAGE pozwoliły zaproponować nowy model strukturalny oligomerów RAGE (publ. 4821). Uzyskaliśmy też nadekspresję bakteryjną pełnej formy receptora RAGE. Obecnie pracujemy nad protokołem renaturacyjnym tej formy receptora w obecności lipidów, liposomów bądź nanodysków, tak by uzyskać białka z właściwie sparowanymi trzema mostkami dwusiarczkowymi, zakotwiczone w błonie lipidowej. Badania wymiany proton-deuter sprzężone ze spektrometrią mas (HDX MS) pozwolą na porównanie własności strukturalnych białka RAGE w błonie i w roztworze.

Podobnie, rozpoczęliśmy badania struktury formy błonowej białka prionowego PRP i jego kompleksów a peptydem Abeta. Dobierając odpowiedni skład lipidowy stworzyliśmy liposomy z wbudowanym białkiem PRP, z zachowaną zdolnością wiązania peptydu A β . Stosując HDX MS wstępnie scharakteryzowaliśmy zmiany strukturalne w PRP towarzyszące przejściu do środowiska błony.

Oligomery peptydu Abeta, bezpośrednio oddziałując z błoną, tworzą w niej kanały jonowe, które mogą zaburzać homeostazę wapnia, przyczyniając się do rozwoju choroby. Kanały te można odtworzyć *in vitro* w liposomach, co pozwoliło nam (z zastosowaniem HDX MS) wstępnie określić regiony Abeta zaangażowane w oddziaływanie z warstwą lipidową.

Opis najważniejszych osiągnięć

Stworzenie modelu strukturalnego zewnątrzkomórkowej części receptora RAGE, określenie regionów peptydu Abeta osłanianych przed wymianą proton-deuter w kontakcie peptydu z błoną lipidową

Wykorzystanie uzyskanych wyników

Wyniki badań zostaną wykorzystane w publikacjach naukowych.

Publikacja: 4821

Temat nr 49: Metabolizm cukrów u bakterii mlekowych.

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

Cel badania

Biologia molekularna komórki bakterii mlekowych w aspekcie poznawczym i aplikacyjnym.

Opis realizowanych prac

Prowadzone przez nas badania są wielotorowe. Obejmują one charakterystykę molekularną i biochemiczną potencjału metabolicznego komórki bakteryjnej u bakterii mlekowych, identyfikację i funkcjonalność pozachromosomalnej puli genów zlokalizowanych na ruchomych elementach genetycznych u bakterii mlekowych, a także izolację, identyfikację i charakterystykę szczepów bakterii mlekowych, pozyskiwanych z różnych środowisk, pod względem bioróżnorodności i przydatności biotechnologicznej.

Kontynuowano badania nad systemem metabolizmu specyficznym dla transportu i hydrolizy laktozy i celobiozy u *Lactococcus lactis*, a obejmującym białka transportu i fosforylacji cukrów – PtcA, PtcB i CelB (PTS^{Cel-Lac}) oraz hydrolazę BglS o dwójakiej aktywności enzymatycznej – P-β-glukozydazy i P-β-galaktozydazy. Wykazaliśmy, że system ten podlega podwójnej regulacji – przez globalny regulator kataboliczny węgla, białko CcpA oraz przez białko aktywatorowe ClaR, należące do rodziny RpiR regulatorów transkrypcyjnych. Białko ClaR wydajnie aktywuje ekspresję genów *bglS* i *celB* w obecności celobiozy.

W ramach badań nad pozachromosomalną pulą genów wykazaliśmy, że w komórkach szczepu *L. lactis* IBB477 o właściwościach adhezyjnych występuje 5 plazmidów. Poznaliśmy sekwencję nukleotydową tych plazmidów i zaobserwowaliśmy, że utrata zdolności do adhezji koreluje w dużym stopniu z utratą plazmidów. W toku są badania nad identyfikacją genów zaangażowanych w zdolność do adhezji komórek IBB477. Prowadzimy ponadto analizę profili plazmidowych u szczepów bakterii mlekowych występujących w kolekcji bakterii IBB PAN.

W sposób ciągły poszerzamy instytutową kolekcję szczepów bakterii mlekowych, które izolujemy z różnych nisz ekologicznych. Szczepy te charakteryzujemy molekularnie i biochemicznie. Analizujemy także ich potencjalną przydatność biotechnologiczną, określając ich potencjał metaboliczny względem cukrów, potencjał enzymatyczny, zdolność do produkcji egzopolisacharydów i związków zapachowych, wytwarzanie substancji przeciwbakteryjnych (bakteriocyn) oraz zdolność do wzrostu w różnych podłożach naturalnych i sztucznych.

Opis najważniejszych osiągnięć

1. Wykazano pozytywną rolę białka ClaR w regulacji sprzężonego katabolizmu laktozy i celobiozy u *L. lactis*.
2. Zdolność szczepu IBB477 do adhezji jest skorelowana z genami występującymi na plazmidach.

Wykorzystanie uzyskanych wyników

Szczep IBB500, wytwarzający enzym amylolityczny i chroniony patentem międzynarodowym, jest przedmiotem opracowania preparatu probiotycznego oraz preparatu do użycia w piekarnictwie. Pilotażowe badania wykazały przydatność szczepu IBB500 dla takich zastosowań biotechnologicznych.

Publikacje: 4713, 4714, 4719, 4730, 4789, 4811, 3378/A, 3548/A, 3549/A, 3550/A, 3551/A, 3552/A, 3553/A, 3554/A

Temat nr 50: Przewodzenie sygnału stresu osmotycznego w roślinach.

Zespół: prof. dr hab. Grażyna Dobrowolska, prof. dr hab. Grażyna Muszyńska, dr Maria Bucholc, dr Jadwiga Szczegielniak, dr Lidia Polkowska-Kowalczyk, doktorantki: mgr Lidia Borkiewicz, mgr Ewa Krzywińska, mgr Katarzyna Szymańska, mgr Justyna Maszkowska

Cel badania

Celem prowadzonych w naszym zespole badań jest poznanie szlaków przesyłania sygnału stresu u roślin. Nasze badania koncentrują się na poznaniu roli i mechanizmów regulacji aktywności specyficznych dla roślin kinaz białkowych SnRK2 (SNF1-related protein kinases) oraz CPK (Calcium-dependent protein kinases) w odpowiedzi rośliny na niekorzystne warunki środowiska: stres abiotyczny (suszę, zimno, zasolenie, zranienie) oraz stres biotyczny (infekcję *Phytophthora infestans* i *Botrytis cinerea*).

W naszych badaniach wykorzystujemy roślinę modelową rzodkiewnik oraz rośliny uprawne: kukurydzę, tytoń i ziemniaka.

Opis realizowanych prac

1. Analizowano fenotyp mutantów insercyjnych rzodkiewnika, w których brak jest ekspresji wybranych genów kinaz SnRK2 lub CPK: *snrk2.4*, *snrk2.10*, *cpk4*, *cpk11*, mutantu podwójnego *cpk4/cpk11* oraz transgenicznych roślin rzodkiewnika produkujących CPK kukurydzy, ZmCPK11.
2. Analizowano regulację aktywności fosfataz białkowych PP2C z grupy A (negatywnych regulatorów SnRK2) przez kwas fosfatydowy.
3. Badano wpływ fosforylacji na aktywność SCS, białka wiążącego wapń, regulatora kinaz SnRK2.

Opis najważniejszych osiągnięć

1. Badania fenotypowe wyselekcjonowanych mutantów rzodkiewnika wykazały, że kinaza SnRK2.4 wpływa na wrażliwość rośliny na infekcje *B. cinerea* m.in. poprzez regulację akumulacji reaktywnych form tlenu w czasie infekcji. Ponadto wstępne wyniki uzyskane we współpracy z dr Agnieszką Żmieńko (IChB PAN) wskazują, że kinaza ta uczestniczy w regulacji funkcjonowania fotosystemu II w warunkach zasolenia. Kinaza ZmCK11, podobnie jak jej homologi u rzodkiewnika (CPK11 i CK4), reguluje tolerancję roślin na zasolenie. Wykazano, że badane kinazy CPK są elementami szlaku ABA w roślinach, są aktywowane przez ABA i regulują kiełkowanie nasion w obecności ABA.
2. Kwas fosfatydowy oddziałuje z wieloma fosfatazami PP2C z grupy A i negatywnie reguluje ich aktywność, co znacząco wpływa na aktywność kinaz SnRK2.
3. Wykazano, że SnRK2 fosforylują Ser250 w białku SCS. Fosforylacja ta potęguje hamowanie aktywności SnRK2 przez SCS.

Wykorzystanie uzyskanych wyników

Uzyskane wyniki mają znaczenie poznawcze, poszerzają wiedzę na temat szlaków przesyłania sygnałów stresu u roślin. Natomiast w przyszłości mogą być użyteczne do uzyskania roślin o zwiększonej tolerancji niekorzystnych warunków środowiska.

Publikacje: 4807, 3424/A, 3425/A, 3426/A, 3427/A, 3542/A, 3478/A, 721/N, 722/N

Temat nr 51: Strukturalne i funkcjonalne konsekwencje modyfikacji potranslacyjnych białek.
Zespół: dr Aleksandra Wysłouch-Cieszyńska, Liliya Zhukova, mgr Monika Puchalska (do sierpnia 2013)

Cel badania

Identyfikacja przy użyciu metod proteomicznych wykorzystujących spektrometrię mas białek będących celem modyfikacji potranslacyjnych, w szczególności, redokсовых modyfikacji grup tiolowych cystein. Ustalenie roli tych modyfikacji w regulacji aktywności białek związanych z procesami neurodegeneracyjnymi. Badanie zmian strukturalnych i funkcjonalnych białek wywoływanych modyfikacjami cystein.

Opis realizowanych prac

W 2013 roku kontynuowane są prace nad analizą modyfikacji redokсовых białek w różnych systemach biologicznych. Optymalizowano procedury wzbogacania białek modyfikowanych na reszcie cysteiny za pomocą mieszanych dwusiarczków z glutationem oraz poprzez utlenianie do reszt kwasu sulfonowego. Prowadzone są bioinformatyczne analizy danych uzyskanych w eksperymentach.

Opis najważniejszych osiągnięć

Wykazano, że niektóre białka pełniące ważną rolę w regulacji działania mózgu mogą występować jednocześnie w postaci kilku izoform różnie modyfikowanych (nitrozylowanych, glutationyloowanych, sulfonyloowanych) na cysteinach występujących w tym samym miejscu sekwencji białka.

Wykorzystanie uzyskanych wyników

Uzyskane dane przyczyniają się do lepszego zrozumienia słabo poznanego mechanizmu regulacji ścieżek przekazywania sygnału w komórkach, wykorzystującego reaktywność łańcuchów bocznych cystein w białkach, w szczególności w kontekście funkcjonowania synaps w procesach starzenia i rozwoju choroby Alzheimera.

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

Zespół: dr hab. Elżbieta Kraszewska, prof. dr hab. Jerzy Buchowicz, doktorantki: mgr Marta Modzelan, mgr Martyna Kujawa

Cel badania

Ustalenie biologicznej funkcji białek NudC Nudix z *Pseudomonas syringae* i *Pseudomonas aeruginosa*.

Opis realizowanych prac

Kontynuowano analizę funkcjonalną homologicznych białek NudC Nudix z dwóch bakterii patogennych *P. syringae* i *P. aeruginosa*. Korzystając z metody do oznaczania komórkowego poziomu NAD oraz NADH ustalono, że poziom tego ostatniego związku znacząco wzrasta w komórkach *P. syringae* pozbawionych aktywnego białka NudC, co sugeruje, że fizjologicznym substratem białka NudC z *P. syringae* jest NADH. Zgodnie z tą aktywnością białko to jest regulatorem potencjału redox w komórkach *P. syringae*. Natomiast brak białka NudC w komórkach *P. aeruginosa* pozostaje bez wpływu na poziom NAD i NADH co sugeruje, że białko NudC z *P. aeruginosa* pełni inne funkcje biologiczne.

Analiza *in silico* wykazała, że białko NudC *P. syringae* jest kodowane przez gen zlokalizowany w monocistronowym operonie. Wstępne wyniki analizy typu RT-PCR wskazują, na to że transkrypcja genu podlega ścisłej kontroli. Prowadzone są obecnie badania mające na celu ustalenie siły promotora oraz identyfikacji potencjalnych czynników transkrypcyjnych dla tego promotora.

Opis najważniejszych osiągnięć

1. Ustalenie, że fizjologicznym substratem białka NudC z *P. syringae* jest NADH.
2. Ustalenie biologicznej roli białka NudC w bakteriach *P. syringae* – białko to reguluje poziom redox w komórkach bakteryjnych.
3. Gen kodujący białko NudC w *P. syringae* jest zlokalizowany w monocistronowym operonie, a jego transkrypcja podlega ścisłej regulacji.

Wykorzystanie uzyskanych wyników

Wyniki badań zostaną wykorzystane w publikacjach naukowych.

Publikacje: 3414/A, 3421/A

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

Zespół: prof. dr hab. W. Bał, prof. dr hab. Kazimierz Wierzchowski, prof. dr hab. Andrzej Bierzyński, prof. dr hab. Magdalena Fikus, dr Grażyna Goch, dr Małgorzata Różga, dr Ewa Kurowska, dr Agnieszka Polkowska-Nowakowska, dr Agnieszka Belczyk-Ciesielska, dr Małgorzata Makowska, dr Adam Mieczkowski, dr Tomasz Frączyk, dr Arkadiusz Bonna, doktoranci: mgr Hanieh Ariani, mgr Wojciech Goch, mgr Ewa Podobas, mgr Aleksandra Witkiewicz-Kucharczyk, mgr Izabela Zawisza, mgr Dawid Płonka, mgr Nina Wezynfeld, mgr Karolina Bossak, mgr Mariusz Mital

Cel badania

Poznanie mechanizmów molekularnych leżących u podłoża procesów fizjologicznych z udziałem jonów metali, szczególnie miedzi, wapnia i cynku oraz procesów toksycznych z udziałem jonów metali ciężkich i kancerogennych, w tym: niklu, kobaltu, kadmu i palladu oraz praktyczne wykorzystanie wyników.

Opis realizowanych prac

Prowadzono prace nad wyjaśnieniem mechanizmu reakcji hydrolizy wiązania peptydowego pod wpływem jonów metali, jej rolę w toksykologii metali i zastosowaniami w biotechnologii. Efektem tych prac było opublikowanie dwóch artykułów, przedstawiających efekty podstawień aminokwasowych na jej przebieg (4758, 4793) oraz rozprawa doktorska mgr H. Ariani (720/N). Kontynuowano badania modelowe w toksykologii niklu, w ramach których opublikowano artykuł przeglądowy (4834). Wyniki badań eksperymentalnych zostaną opublikowane w 2014 r. W obszarze badań oddziaływań jonów Cu(II) z peptydem A β i układami modelowymi opublikowano pięć artykułów eksperymentalnych. W pierwszym przedstawiono poprawioną wartość stałej wiązania dla kompleksu Cu(II)-A β (4757). W drugim przedstawiono badania tworzenia kompleksów przez analog nowego leku na chorobę Alzheimera (4759). W trzecim zaproponowano serię peptydów kompetycyjnych do wyznaczenia stałych wiązania kompleksów miedziowych, w tym peptydu A β (4704). W czwartym opisano zdolności koordynacyjne wobec Cu(II) buforu ACES, również używanego jako kompetytor dla peptydu A β (4819), a w piątym wyniki analogicznych badań buforu Tris (4833). Opublikowano również artykuł przeglądowy na temat wiązania jonów metali do albuminy (4835). Otwierając nowy kierunek badań, wykazano, że sensory fluorescencyjne dla jonów Zn(II) z serii ZnAF tworzą kompleksy ternarne, co zaburza ich zdolność do ilościowego wykrywania jonów Zn(II) (4816). Badania w toku, których zakończenie jest przewidywane na rok 2014, obejmują m. in. tworzenie kompleksów ternarnych przez peptyd A β , wyjaśnienie podatności białka PARP-1 na stres oksydacyjny, przedstawienie nowej koncepcji molekularnej dla alergii niklowej, rozszerzenie badań sensorów cynkowych oraz przedstawienie opisu teoretycznego reakcji chemicznych w objętościach subkomórkowych.

Opis najważniejszych osiągnięć

Wyznaczenie stałej wiązania dla kompleksów Cu(II) z peptydem A β (4757), wykazanie tworzenia kompleksów ternarnych przez sensory cynkowe ZnAF (4816).

Wykorzystanie uzyskanych wyników

Wyniki badań zostaną wykorzystane w publikacjach naukowych.

Publikacje: 4704, 4757, 4758, 4759, 4793, 4816, 4819, 4833, 4834, 4835, 720/N

Temat nr 55: Analiza genetyczna podstaw wybranych chorób dziedzicznych.

Zespół: dr hab. Beata Burzyńska, dr Monika Góra, doktorantki: mgr Agata Maciejak, mgr Dorota Tułacz, mgr Ilona Warchoł

Cel badania

Celem prac badawczych jest kontynuacja badań genetycznych pacjentów, u których stwierdzono niedokrwistości hemolityczne uwarunkowane genetycznie.

Ponadto realizowaliśmy badania mające na celu stworzenie modelu drożdżowego do testowania inhibitorów wybranych enzymów szlaku kwasu mewalonowego.

Celem nowego kierunku badań była ocena wpływu miesięcznej terapii statynami na stężenie MPO w osoczu u chorych z ostrym zespołem wieńcowym (OZW) oraz stabilną chorobą wieńcową (SChW) – we współpracy z Zakładem Laboratoryjnej Diagnostyki Medycznej WUM.

Opis realizowanych prac

1. W ubiegłym roku otrzymaliśmy materiał genetyczny od ponad 60 rodzin z podejrzeniem talasemii i od około 10 rodzin z podejrzeniem enzymopatii krwinki czerwonej. Zostały przeprowadzone analizy genetyczne.
2. Skonstruowano model drożdżowy do wstępnego testowania inhibitorów ludzkiej syntazy skwalenu.
3. W ramach rozpoczętych badań, od 71 pacjentów z rozpoznaniem OZW z uniesieniem oraz bez uniesienia odcinka ST (STEMI, NSTEMI) oraz pacjentów SChW leczonych pierwotną angioplastyką wieńcową, została pobrana krew w dwóch punktach czasowych: w momencie przyjęcia do szpitala oraz po miesięcznej terapii statynami.

Opis najważniejszych osiągnięć

Scharakteryzowano i opisano dotychczas nie notowane mutacje sprawcze w genie kodującym G6PD oraz w genie CYB5R3.

Przeprowadzono charakterystykę fenotypową i molekularną szczepu z wklonowaną ludzką syntezą skwalenu.

Wykazano istotną statystycznie korelację pomiędzy poziomami ekspresji genu *MPO* a zmianami stężeń MPO w czasie leczenia u pacjentów ze SChW ($R_s = 0.77$, $p < 0.05$) oraz u pacjentów z OZW ($R_s = 0.41$, $p < 0.05$).

Wykorzystanie uzyskanych wyników

Otrzymane wyniki zostały przedstawione w formie publikacji naukowych a ponadto zostały wykorzystywane w pracy klinicznej w kooperujących jednostkach.

Publikacje: 4738, 4797, 4804, 4814, 3435/A, 3439/A, 3440/A, 3495/A, 3515/A, 3516/A

Temar nr 56: Genomika *Paramecium tetraurelia*.

Zespół: dr Robert Gromadka, dr Jacek Nowak, mgr Julita Gruchota (od września 2013 staż w CGM Gif sur-Yvette), doktorantka: mgr Kamila Maliszewska

Cel badania

W *Paramecium tetraurelia* zaprogramowana eliminacja DNA odbywa się w trakcie dojrzewania nowego makronukleusa z generatywnego mikronukleusa i zachodzi równocześnie w bardzo wielu miejscach na genomie. Następuje usunięcie elementów wielokopijnych (m. in. transpozonów i minisatelitów) oraz precyzyjne wycięcie około 45 000 krótkich (26-882 pz), jednokopijnych, nie kodujących sekwencji IES (ang. Internal Eliminated Sequence) obecnych zarówno w obrębie sekwencji kodujących jak i nie kodujących genomu mikronuklearnego. Wzór rearanzacji jest dziedziczony epigenetycznie pomiędzy starym i nowym makronukleusem. W tym procesie zaangażowane 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.

Celem badań było poszukiwanie białek zaangażowanych w zależną od niekodujących RNA regulację rearanzacji genomowych poprzez analizę funkcjonalną genów, które są wyrażane specyficznym podczas procesów płciowych i wykazujących podobieństwo do znanych czynników biorących udział w metabolizmie RNA.

Opis realizowanych prac

Kontynuowaliśmy badanie białek wykazujących podobieństwo do czynników elongacyjnych TFIIS i Spt5. Wykonano globalną analizę eliminacji wszystkich sekwencji IES podczas dezaktywacji genu *TFIIS4*. Wykorzystano w tym celu sekwencjonowanie genomowe (Illumina) DNA wyizolowanego z oczyszczonych nowych makronukleusów pochodzących z komórek poddanych wyciszaniu. Stwierdzono, iż wycinanie około 20 tysięcy (46%) IES-ów jest zaburzone. Obserwowano silniejszy wpływ na dłuższe sekwencje IES, które częściej podlegają kontroli epigenetycznej. Wykonano także badanie dynamicznej lokalizacji w komórce podczas przebiegu procesu płciowego dla białek Spt5 przy wykorzystaniu fuzji z GFP. Wykazano, iż ekspresowane podczas wzrostu wegetatywnego białko Spt501 pojawiało się tylko w makronukleusie, podczas gdy wyrażane w trakcie procesów płciowych białko Spt502 jest specyficzne dla meiotycznych mikronukleusów i nowych makro- i mikronukleusów.

Opis najważniejszych osiągnięć

Wykonanie globalnej analizy wycinania sekwencji IES podczas wyciszania genu *TFIIS4* i wykazanie wpływu dezaktywacji tego genu na sekwencje podlegające matczynej regulacji epigenetycznej.

Wykorzystanie uzyskanych wyników

Wyniki badań zostaną wykorzystane w publikacjach naukowych.

Publikacje: 3445/A, 3446/A, 3447/A

Temat nr 57: Mechanizmy wierności replikacji DNA.

Zespół: dr hab. Anna Bębenek, doktorantka: mgr Izabela Ziuzia-Graczyk

Cel badania

Polimerazy DNA są bardzo istotnymi czynnikami determinującymi wierność replikacji DNA. Błędy popełniane przez polimerazy w czasie replikacji mogą prowadzić do niestabilności genetycznej. W naszej pracowni zajmujemy się badaniem wierności replikacji polimerazy faga RB69. Polimeraza ta jako przedstawiciel rodziny polimeraz B, do której należą także główne replikacyjne polimerazy eukariotyczne, stanowi dobry model badawczy dla tej klasy polimeraz. Dla polimerazy tej istnieje wiele struktur krystalograficznych, ale szczegóły w jaki sposób polimeraza ta osiąga tak wysoką wierność replikacji, wstawiając 1 błąd na 10^8 replikowanych par zasad, nie są dobrze poznane. Wiadomo, że za wysoką wierność replikacji odpowiada selekcja właściwego nukleotydu w centrum aktywnym polimerazy oraz usuwanie niewłaściwie wstawionych nukleotydów w centrum aktywnym egzonukleazy. Interesują nas mechanizmy odpowiedzialne za przekazywanie końca startera pomiędzy domenami polimerazy i egzonukleazy i sposób komunikowania się tych domen. Wykorzystując dane literaturowe o mutantach charakteryzujących się podwyższoną wiernością replikacji (antymutatorach), skonstruowaliśmy mutanty, które powinny znosić aktywność mutatorową mutantów polimerazy RB69 Y567A oraz L561A/Y567A. Mutanty te to odpowiednio; A740V, A740V/Y567A, L420V, L420V/Y567A oraz L420V/L561A/Y567A. Porównując spektra mutacji a także charakteryzując badane mutanty biochemicznie chcemy spróbować określić oddziaływania reszty aminokwasowej L420 znajdującej się w domenie spodu dłoni oraz roli domeny kciuka (reszta A740) w przekazywaniu źle sparowanego końca starter-matrycy do domeny egzonukleazy.

Opis realizowanych prac

W celu określenia czy wprowadzone przez nas mutacje obniżają efekt mutatorowy mutacji Y567A oraz podwójnego mutantu L561A/Y567A określono wpływ tych mutacji na poziom wierności replikacji *in vivo* w teście rewersji w genie *rII* oraz mutagenezy wyprzedzającej w genie *rI*. Silny efekt antymutatorowy obserwowano w mutantach L420V/Y567A oraz L420/L561A/Y567A. Obecność mutacji A740V powoduje istotne obniżenie poziomu mutagenezy w mutancie Y567A. Te same badania będą prowadzone systemie *in vitro*. Kontynuowano także badania nad oddziaływaniem polimerazy RB69 i prymazy. Powstanie kompleksu polimeraza gp43- prymaza gp61 potwierdzono również za pomocą chromatografii size exclusion (filtracja żelowa).

Opis najważniejszych osiągnięć

Reszta aminokwasowa L420 jest zaangażowana w przekazywanie końca startera pomiędzy domenami pol i egzo.

Wykorzystanie uzyskanych wyników

Wyniki badań zostaną wykorzystane w publikacjach naukowych.

Publikacja: 4812

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

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

Cel badania

Izolowanie szczepów mikroorganizmów oraz konsorcjów mikroorganizmów ze środowisk zanieczyszczonych trującymi związkami, zwłaszcza arsenu, uranu oraz innymi metalami ciężkimi.

Opis realizowanych prac

W roku 2013 przeprowadzono identyfikację ok. 30 szczepów promieniowców wyizolowanych z mat bakteryjnych ze zbiorników wody szybu kopalni uranu w Kowarach oraz kilkunastu szczepów bakterii beztlenowych z tych mat i z biofilmu naskalnego z kopalni Złoty Stok. Zidentyfikowane szczepy należą do następujących rodzajów: *Arthrobacter*, *Brachybacterium*, *Cellulomonas*, *Janthinobacterium*, *Leifsonia*, *Microbacterium* (Actinobacteria); *Flavobacterium* (Bacteroidetes) oraz *Pseudomonas*, *Stenotrophomonas* i *Aeromonas* (γ -Proteobacteria). Szczepy zostały scharakteryzowane pod względem wymagań wzrostowych (zakres temperatury, zapotrzebowanie na tlen, wykorzystywanie różnych źródeł węgla), wrażliwości na antybiotyki oraz aktywności antybakteryjnej wobec patogennych szczepów wzorcowych.

W wyizolowanych konsorcjach mikroorganizmów chemolitotroficznych, zdolnych do wzrostu na nieorganicznych źródłach siarki i żelaza, zaobserwowano obecność grzybnii *Fusarium* sp. Zapoczątkowano badania wpływu wzrostu grzybnii na procesy fizjologiczne konsorcjów.

Kontynuowano również badania szczepu *Acinetobacter lwoffii*, wyizolowanego wcześniej z biofilmu naskalnego w Złotym Stoku, który wykazywał bardzo wysoką oporność na jony arsenu. Zsekwencjonowano 8 plazmidów tego szczepu (6 o unikalnych sekwencjach) oraz częściowo 1 megaplazmid. Zmienność fenotypowa badanego szczepu oraz obecność megaplazmidu o nieodnotowanej w bazach danych sekwencji spowodowały podjęcie prac nad sekwencjonowaniem całego genomu *Acinetobacter lwoffii* (prace w toku).

Zakończono analizę funkcjonowania systemu toksyna-antytoksyna ω - ϵ - ζ plazmidu pSM19035 z patogennej bakterii *Streptococcus pyogenes*. W podjętych badaniach *in vitro* mających na celu wskazanie proteazy komórkowej zaangażowanej w degradację odtrutki Epsilon, uzyskano aktywne białka proteaz (LonA, ClpP) oraz białek opiekuńczych (ClpX, ClpC), a następnie ustalono warunki reakcji *in vitro* degradacji białka Epsilon w obecności oczyszczonych białek proteolitycznych. Wykazano, że odtrutka Epsilon jest degradowana przez proteazę ClpP przy udziale podjednostki ClpX. Wynik ten jest zgodny z obserwacjami funkcjonowania badanego systemu TA w szczepach mutantów w genach kodujących odpowiednie proteazy prowadzonymi *in vivo*.

Opis najważniejszych osiągnięć

1. Ustalenie unikalnych sekwencji plazmidów szczepu *Acinetobacter lwoffii*.
2. Wykazanie *in vitro* degradacji odtrutki Epsilon przez kompleks proteolityczny ClpXP.

Wykorzystanie uzyskanych wyników

Analiza sekwencji oraz właściwości szczepów pochodzących ze środowisk skażonych może dać podstawę do zastosowania tych bakterii w bioremediacji, biogórnictwie i biokontroli.

Szczegółowa znajomość funkcjonowania powszechnie występującego u bakterii systemu ω - ϵ - ζ umożliwia użycie go jako modelu dla badania zarówno funkcjonowania innych systemów TA, jak i poszukiwań nowych strategii antybakteryjnych.

Publikacje: 4754, 4764, 3423/A, 3442/A, 746/N, 747/N

Temat nr 60: Mechanizmy podziałów komórkowych.

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

Cel badania

Kontynuowano dwa zagadnienia rozpoczęte w latach poprzednich:

1. Charakterystyka sygnałów importu/eksportu do/z jądra komórkowego ludzkiej kohezyny SA2.
2. Ustalenie funkcji nowoodkrytego białka Imi1 *Saccharomyces. cerevisiae*.

Opis realizowanych prac

- ad 1. Stwierdzono, że główne sygnały lokalizacji jądrowej znajdują się na C-końcu białka. Są tam trzy sekwencje sygnałowe, istotne nie tylko dla importu jądrowego, ale też niezbędne dla stabilności białka. Usunięcie lub zmiana na drodze substytucji aminokwasowej dwóch z trzech sygnałów prowadzi do degradacji SA2, co uniemożliwia dalsze analizy. Usunięcie kolejnego sygnału nie zmienia lokalizacji SA2, ale jego zmiana na drodze substytucji prawdopodobnie także destabilizuje SA2. Celem zbadania autonomicznego funkcjonowania tych sygnałów skonstruowaliśmy geny kodujące fragmenty SA2 zawierające poszczególne sygnały w fuzji z białkiem GFP. Trwają analizy lokalizacji tych białek w komórkach ludzkich. W warunkach ekspresji heterologicznej w *S. cerevisiae* wykazaliśmy, że dwa spośród trzech analizowanych sygnałów tworzą w istocie sygnał dwuczęściowy o nietypowej długości łącznika.
- ad 2. Jedną z prawdopodobnych funkcji białka Imi1 jest udział w metabolizmie glutationu. Brak Imi1 prowadzi do znacznego obniżenia poziomu glutationu w formie zredukowanej. W konsekwencji pojawia się nadmiar formy utlenionej. Zaobserwowane przez nas zaburzenia w funkcjonowaniu mitochondriów towarzyszące brakowi Imi1 są prawdopodobnie spowodowane ich uszkodzeniem przez niedobór glutationu w formie zredukowanej, a nie są bezpośrednim rezultatem braku Imi1.

Opis najważniejszych osiągnięć

Lokalizacja jądrowa kohezyny SA2 wymaga obecności na C-końcu dwuczęściowego sygnału o nietypowej długości łącznika.

Wykorzystanie uzyskanych wyników

Wyniki badań zostaną wykorzystane w publikacjach naukowych.

Publikacje: 4765, 3460/A

Temat nr 61: Dynamika transkryptomu w normie i stresie

Zespół: dr hab. Marta Kobłowska, prof. dr hab. Andrzej Jerzmanowski, dr Roksana Iwanicka-Nowicka, dr Maciej Kotliński, mgr Anna Fogtman

Cel badania

W oparciu o badania z poprzednich lat mające na celu zidentyfikowanie kluczowych genów odpowiedzi na stres zasolenia, do dalszych analiz wytypowano dwa mutanty insercyjne *Arabidopsis thaliana* w nowych genach istotnie zmienionych w pierwszych minutach odpowiedzi komórek rośliny na stres.

Opis realizowanych prac

Wykonano wstępne analizy odpowiedzi mutantów na stresy abiotyczne, uzyskano roślinę nadekspresyjną białko kodowane przez jeden z wybranych genów, prowadzona jest charakterystyka fenotypu uzyskanych roślin.

Kontynuowane są badania typu CHIP-seq z wykorzystaniem wysokoprzepustowego sekwencjonowania w celu ustalenia zmian lokalizacji w genomie modyfikacji histonowych charakterystycznych dla odpowiedzi nukleosomowej oraz enzymu polimerazy II RNA oraz jej fosforylowanej formy w serynie 5. Pozwoli to ustalić, która z badanych modyfikacji histonowych odgrywa rolę w regulacji transkrypcji genów odpowiedzi na stres zasolenia na poziomie chromatyny.

Prowadzenie badań nad lokalizacją deacetylazy histonowej HD2C i białka BRM – składnika kompleksu remodelującego chromatynę pozwoliło zidentyfikować wspólnie regulowane przez te białka geny. Oba białka jednocześnie lokalizują się na chromatynie 549 genów. Wiele z nich to geny odpowiedzi na różnego typu stresy abiotyczne.

Przeprowadzono także analizę transkryptomiczną za pomocą mikromacierzy odpowiedzi na stres cieplny mutantów typu null *hd2c*, *brm* oraz podwójnego mutantu *hd2c/brm*.

Opis najważniejszych osiągnięć

Wyniki dotyczące badań nad rolą deacetylazy histonowej HD2C stały się podstawą rozprawy doktorskiej pana Daniela Buszewicza pt. Identyfikacja, lokalizacja genomowa i charakterystyka funkcjonalna deacetylazy histonowej HD2C z *Arabidopsis*.

Wykorzystanie uzyskanych wyników

Wyniki badań zostaną wykorzystane w publikacjach naukowych.

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

Zespół: dr hab. Krystyna Grzelak, dr Edyta Kopera, doktoranci: mgr Marcin Mielecki, dr Anna Protas, mgr Maria Pietrzak, mgr Sebastian Rowiński, mgr Agnieszka Macioła

Cel badania

1. Otrzymanie hemaglutyniny wirusa grypy H1N1 oraz nowych wariantów hemaglutyniny wirusa grypy H5N1. Badanie ich immunogenności.
2. Badanie oddziaływań kinazy tyrozynowej JAK2 oraz atypowej kinazy RIO 1 z inhibitorami – potencjalnymi lekami przeciwnowotworowymi.

Opis realizowanych prac

- ad 1. Otrzymano dwa nowe warianty hemaglutyniny wirusa grypy H5N1 (rH5): domenę hydrofilową rH5 z delecją miejsca cięcia przez proteazy oraz domenę pozbawioną etykiety His-tag. Immunogenność nowych wersji rH5 sprawdzono na modelu kurzym. Badano również immunogenność hemaglutyniny H1 na modelu mysim. Wyniki wskazują na wysoką immunogenność otrzymanego antygeny.
- ad 2. Badania nad oddziaływaniem kinazy JAK2 z pochodnymi kwasu kawowego (potencjalne inhibitory kinaz JAK) prowadzono za pomocą modelowania molekularnego we współpracy z Pracownią Bioinformatyki IMDiK PAN (prof. dr hab. B. Lesyng). Wyniki tych badań zbliżyły nas do poznania prawdopodobnych miejsc wiązania inhibitorów z cząsteczką enzymu. Natomiast we współpracy z Pracownią Bioanalizy Instytutu Rozrodu Zwierząt i Badań Żywności PAN (prof. dr hab. H. Radecka) opracowano elektrochemiczne bioczuJNIki przeznaczone do badania oddziaływań pomiędzy kinazami RIO1 oraz JAK2, a związkami niskocząsteczkowymi mogącymi spełniać rolę ich inhibitorów. Uzyskane wyniki zostały opublikowane w *Electrochimica Acta* oraz opracowane w formie dwóch publikacji przesłanych do *Sensors & Actuators* oraz *Colloids and Surfaces B: Biointerfaces*.

Opis najważniejszych osiągnięć

- ad 1. Otrzymanie i oczyszczenie, z bardzo wysoką wydajnością, nowych wariantów antygeny H5.
- ad 2. Opracowanie bioczuJNIków do badania oddziaływań kinaza-inhibitor.

Wykorzystanie uzyskanych wyników

- ad 1. Nadrzędnym celem tych badań jest otrzymanie wysoko immunogennych antygenów szczepionkowych.
- Zgłoszenie patentowe pt. „Antygen, szczepionka przeciwko grypie, układ do wytwarzania szczepionki, sposób wytwarzania antygeny oraz zastosowanie antygeny określonego powyżej do wytwarzania szczepionki przeciwko grypie” zostało złożone w Urzędzie Patentowym RP w dniu 18.12.2013.
- ad 2. BioczuJNIki mogłyby służyć jako nowe narzędzie do identyfikacji inhibitorów kinaz – potencjalnych leków przeciwnowotworowych.

Publikacje: 4733, 4761, 4770

Temat nr 63: Dodekahedron adenowirusa jako platforma szczepionkowa.

Zespół: dr Ewa Szolajska, mgr Małgorzata Podsiadła-Białoskórska, doktorantki: mgr Inga Szurgot, mgr Marta Jedynak

Cel badania

Celem badań jest opracowanie szczepionki przeciw grypie indukującej jednocześnie odpowiedź immunologiczną humoralną, to znaczy związaną z produkcją przeciwciał, jak i komórkową, w której główną rolę odgrywają cytotoksyczne limfocyty T, odpowiedzialne za eliminowanie komórek zainfekowanych przez wirusa. Zamierzony cel realizujemy przez odpowiedni dobór antygenów oraz wykorzystanie jako platformy dla ich dostarczenia do komórek układu immunologicznego cząstki wirusopodobnej (VLP), dodekahedronu adenowirusa (Dd).

Opis realizowanych prac

Immunodominujące peptydy zostały wprowadzone do struktury wektora, dzięki czemu uzyskano Dd niosący 60 epitopów M1. Badania funkcjonalności preparatu szczepionkowego odpowiednio *in vitro* oraz *in vivo* zostały przeprowadzone we współpracy z francuskim Laboratorium Stacji Krwiodawstwa w Grenoble oraz Instytutem Weterynarii CODA-CERVA w Brukseli.

Opis najważniejszych osiągnięć

Wykazaliśmy, że Dd-M1 jest prawidłowo przetwarzany i prezentowany przez ludzkie mieloidalne komórki dendrytyczne zarówno w kontekście cząsteczek MHC klasy I jak i MHC klasy II. Preparat Dd zawierających epitopy białka M1 aktywował specyficzne limfocyty cytotoksyczne CD8+ oraz limfocyty pomocnicze CD4+. Doświadczenia przeprowadzone na zdrowych zwierzętach w modelu kurzym (ang specific pathogen-free (SPF) pokazały, że Dd niosący wbudowane epitopy M1 skutecznie indukował immunologiczną odpowiedź komórkową. Długotrwałą odpowiedź immunologiczną uzyskano bez użycia adjuwantów, ponieważ jak pokazaliśmy poprzednio, sam Dd aktywuje komórki układu immunologicznego i wzmacnia prezentację antygenów, eliminując konieczność stosowania potencjalnie szkodliwych substancji.

Analizując potencjalną cytotoksyczność samej platformy szczepionkowej wykazaliśmy, że Dd nawet przy wysokim stężeniu nie wpływa negatywnie na przeżywalność ludzkich komórek jednojądrzastych krwi obwodowej (PBMC). Jest to bardzo ważny wynik w kontekście planowanych terapeutycznych zastosowań VLP.

Wykorzystanie uzyskanych wyników

Wyniki badań zostaną wykorzystane w publikacjach naukowych.

Publikacje: 4774, 4803

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

Zespół: dr hab. Magdalena Krzymowska, dr Rafał Hoser, doktoranci: mgr Fabian Giska, mgr Marcin Piechocki, mgr inż. Marek Żurczak

Cel badania

Bakteryjne choroby roślin uprawnych stanowią w Polsce coraz poważniejszy problem ekonomiczny. Stosowanie dostępnych środków ochrony roślin oraz tradycyjne sposoby uprawy tylko w nieznacznym stopniu pozwalają minimalizować ich skutki. Implikuje to konieczność poszukiwania nowych metod zwalczania infekcji. Obecnie największe nadzieje pokłada się w strategiach opartych o poznanie mechanizmów wirulencji bakterii, w tym działania efektorów w komórkach gospodarza.

Opis realizowanych prac

Efektor HopQ1 wydzielany przez *Pseudomonas syringae* wspomaga rozwój bakteriozy obwódkowej fasoli oraz bakteryjnej cętkowatości pomidora, jednak jego sekrecja uniemożliwia infekcję roślin tytoniu. Tym samym zdolność do syntezy tego czynnika definiuje spektrum roślin kolonizowanych przez daną odmianę chorobotwórczą bakterii. Nasze dotychczasowe badania wykazały, że HopQ1 oddziałuje z roślinnymi białkami z rodziny 14-3-3, co wpływa na stabilność oraz lokalizację subkomórkową efektoru.

W aktualnym okresie sprawozdawczym sprawdziliśmy, jak zdolność HopQ1 do tworzenia kompleksu z białkami 14-3-3 wpływa na zjadliwość bakterii. W tym celu, skonstruowaliśmy plazmidy kodujące, HopQ1 lub jego wariant nie oddziałujący z 14-3-3 (HopQ1-S51A), pod kontrolą konstytutywnego wariantu promotora *tac*. Następnie plazmidy wprowadziliśmy do różnych szczepów bakterii i testowaliśmy poziom namnażania się bakterii w tkance roślinnej. Bakterie syntetyzujące białko HopQ1 dzikiego typu namnażały się znacząco szybciej niż bakterie produkujące HopQ1-S51A. Wpływ mutacji na właściwości bakterii najbardziej był widoczny, kiedy zastosowaliśmy szczep *P. syringae* pozbawiony wszystkich 28 efektorów (pv. *tomato* DC3000Δ28E).

Uzyskane konstrukcje użyte zostały również do zbadania awirulentnych właściwości wariantów HopQ1. W doświadczeniach tych wykorzystaliśmy szczep *P. syringae* pv. *syringae* B728a (PsyB728a), który jest wysoce zjadliwy wobec *Nicotiana benthamiana* i naturalnie nie posiada HopQ1. Obecność któregośkolwiek z wariantów HopQ1 prowadziła do uruchomienia przez rośliny odpowiedzi obronnej i zatrzymania rozwoju choroby, wskazując że interakcja z białkami 14-3-3 nie jest krytyczna dla rozpoznania efektoru przez rośliny. Wyniki te potwierdziliśmy również w innym układzie doświadczalnym.

Opis najważniejszych osiągnięć

Oddziaływanie HopQ1 z białkami 14-3-3 gospodarza przyczynia się do zwiększonej wirulencji bakterii, nie wpływa natomiast na rozpoznawanie przez roślinny system obronny.

Wykorzystanie uzyskanych wyników

Wyniki naszych prac przyczyniają się do wyjaśnienia mechanizmów wirulencji fitopatogennych bakterii. Uzyskane dane mogą w przyszłości być wykorzystane do uzyskiwania nowych odmian roślin o podwyższonej odporności na infekcje bakterii z rodzaju *Pseudomonas*.

Publikacje: 4742, 4796, 3357/A, 3432/A, 3433/A, 3543/A, 3544/A, 701/N

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

Zespół: prof. dr hab. Jarosław Poznański, doktorantki: mgr Maria Winiewska, mgr Katarzyna Cizio

Cel badania

Celem realizacji tematu jest poznanie, na drodze zarówno badań eksperymentalnych jak i obliczeń teoretycznych, zależności pomiędzy strukturami domen białkowych a ich aktywnością biologiczną.

Opis realizowanych prac

Wybrane tematy szczegółowe prowadzonych badań to:

1. *Stabilność domeny σ^{70}_4 polimerazy RNA Escherichia coli*. Publikacja w przygotowaniu.
2. *Molekularne podstawy aktywności dioksygenazy AlkB i jej ludzkich homologów*. 3493/A; 3508/A; publikacja 4705, kolejne w przygotowaniu.
3. *Niestandardowe algorytmy analizy danych biochemicznych*. Współpraca z prof. dr hab. W. Balem, Publikacja 4793, 4819.
4. *Analiza wpływu modyfikacji peptydu A β na kinetykę jego agregacji oraz topologię agregatów*, Współpraca z prof. dr hab. M. Dadlezem, 3468/A, publikacja w przygotowaniu.
5. *Oligomeryzacja receptora RAGE*, Współpraca z prof. dr hab. M. Dadlezem. Stworzony model dimeru i tetrameru receptora RAGE. publikacja 4821.
6. *Analiza roli wiązań halogenenowych w układach białko-ligand*. publikacja 4773, kolejne w przygotowaniu.
7. *Zastosowanie spektroskopii NMR w badaniu szlaków metabolicznych*. publikacje 4710; 3459/A
8. *Molekularne podstawy chorób genetycznych*. Współpraca z prof. dr hab. J. Balem z IMiD w Warszawie. Modele białek niosących odkryte mutacje, publikacje 4772, 4808, 4825.

Opis najważniejszych osiągnięć

1. Zaproponowany molekularny model specyficzności substratowej bakteryjnej dioksygenazy AlkB (4785) jest na tyle uniwersalny, że może zostać przeniesiony na ludzkie homologi enzymu.
2. Wykazanie, że większość dostępnych w literaturze oszacowań energii wiązania halogenowego w układzie białko-ligand może być przeszacowana.
3. Zbudowany model oligomerów A β jest zgodny ze wszystkimi dostępnymi danymi doświadczalnymi.

Wykorzystanie uzyskanych wyników

Ewentualne zastosowania praktyczne – analiza kompleksów białko-ligand może stanowić podstawę do projektowania nowych leków.

Publikacje: 4705, 4710, 4772, 4773, 4793, 4808, 4819, 4821, 4825, 4459/A, 4468/A, 4492/A, 4493/A, 4508/A, 4522/A

Temat nr 66: Metodyka sekwencjonowań genomowych.

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

Cel badania

Poznanie składu konsorcjów bakterii z hałd kopalnianych oraz konsorcjów polarnych. Poznanie sekwencji genomów bakterii polarnych i plazmidów w nich zawartych. Poznanie genomów fagów terapeutycznych i bakterii mlekowych.

Opis realizowanych prac

W ramach współpracy z innymi laboratoriami IBB PAN wyizolowano, a następnie sekwencjonowano genomy oraz plazmidy z różnych organizmów jak również DNA antyczne. Zsekwencjonowano 8 genomów bakteryjnych, 2 genomy bakteriofagów, 42 plazmidy oraz 39 próbek środowiskowych, uzyskując łącznie ok. 4 GB par zasad. Ponadto wykonano dodatkowo sekwencjonowania totalnego DNA z 50 szczepów bakterii psychrofilnych (*Polaromonas* sp.) i jednego szczepu drożdży. Dla każdej próbki uzyskano około 0,5 miliona 2x250 nukleotydowych odczytów (metoda PairEnd-Illumina), czyli średnio 250 Mb par zasad na próbkę. Uzyskano łącznie 15 GB par zasad. Pozwoliło to na złożenie i opracowanie pełnych genomów jak również obecnych w komórkach plazmidów.

Opis najważniejszych osiągnięć

Uzyskanie sekwencji pełnych genomów bakterii psychrofilnych (*Polaromonas* sp.) wraz z przenoszonymi przez nie plazmidami oraz sekwencji fagów terapeutycznych.

Wykorzystanie uzyskanych wyników

Poznanie genomów bakterii polarnych pozwoli na znalezienie genów odpowiedzialnych za adaptację mikroorganizmów do życia w niskich temperaturach. Uzyskane sekwencje posłużą do poszukiwania enzymów o znaczeniu komercyjnym. Poznanie kolejnych genomów fagów pozwoli na bezpieczne wprowadzenie ich do praktycznego wykorzystania w terapii u ludzi.

Publikacja: 4749

Temat nr 67: Metabolizm siarki w roślinach.

Zespół: prof. dr hab. Agnieszka Sirko, dr Anna Wawrzyńska, mgr Milagros Collados Rodriguez, mgr Paweł Sęktas, mgr Anna Znój, doktoranci: mgr Katarzyna Zientara-Rytter, mgr Grzegorz Moniuszko

Cel badania

Siarkę zalicza się do grupy pierwiastków biogennych, czyli odgrywających kluczową rolę w budowie organizmów żywych. Jest ona składową związków pełniących różnorodne funkcje, od strukturalnych po katalityczne. Odpowiednia dostępność nieorganicznej siarki w środowisku ma bardzo duże znaczenie dla optymalnego wzrostu i rozwoju roślin, wydajności i jakości plonów, a także wrażliwości na stresy biotyczne i abiotyczne. Tempo asymilacji siarczanu oraz wszelkie aspekty reakcji roślin na ograniczenie podaży siarki są bardzo ważne zarówno z agronomicznego, jak i ekologicznego punktu widzenia. Celem naszych badań jest poznanie mechanizmów kontrolujących metabolizm siarki w roślinach w zależności od zapotrzebowania oraz podaży w środowisku. Interesuje nas również określenie wzajemnych powiązań pomiędzy metabolizmem różnych składników mineralnych.

Opis realizowanych prac

W naszym zespole bada się głównie rolę białek o nieznannej funkcji, kodowanych przez geny ulegające silnej i specyficznej indukcji w roślinach tytoniu podczas deficytu siarki. Badania nad białkami z rodziny UP9/LSU skłoniły nas do sformułowania hipotezy, że podczas głodzenia siarkowego, mogą one wpływać na poziom i/lub efekty działania hormonów roślinnych, zwłaszcza etylenu. Inne nasze badania wskazują, że etylen może uczestniczyć także w ścieżce sygnałnej wiodącej do aktywacji transkrypcyjnej w warunkach głodzenia siarkowego z udziałem czynników transkrypcyjnych należących do rodziny białek EIL. Zajmujemy się obecnie szczegółową charakterystyką funkcjonalną białka SLIM1 z *Arabidopsis*.

Kontynuowane są także badania dotyczące badania funkcji tytoniowych białek UP15 i UP30 oraz ich homologów z *Arabidopsis*. Badania te są jednak znacznie słabiej zaawansowane.

Aby określić potencjalną funkcję kompleksu syntazy cysteinowej (CS) w utrzymywaniu homeostazy metabolizmu siarkowego roślin, zaprojektowaliśmy peptydy potencjalnie interferujące w oddziaływania białek kompleksu CS. Przeprowadziliśmy analizy biochemiczne roślin *Arabidopsis* stransformowanych wybranym peptydem. Chociaż w nieznacznym stopniu udało nam się zmienić aktywność enzymów wchodzących w skład CS, nasze wyniki potwierdzają funkcjonalność syntetycznego peptydu.

W naszych badaniach wykazaliśmy również, że jednym z istotnych elementów odpowiedzi roślin na głodzenie siarkowe jest indukcja szlaku specyficznej degradacji białek w procesie autofagii. Tytoniowe białko JOKA2, jeden z partnerów białka UP9, specyficzny receptor autofagii. Obecnie zajmujemy się szczegółową charakterystyką domen białka JOKA2 oraz poszukujemy kolejnych białek oddziałujących z JOKA2 oraz homologiem tego białka z *Arabidopsis thaliana*, AtNBR1.

Opis najważniejszych osiągnięć

Wykazanie udziału ścieżki sygnałnej etylenu i samego etylenu w procesie przekazywania sygnału głodu siarkowego w roślinach. Pokazano również, że białka UP9/LSU konieczne są do zwiększenia poziomu etylenu w trakcie głodzenia siarkowego. Wykazanie, że syntetyczny peptyd może interferować w tworzenie się kompleksu syntazy cysteinowej w roślinach *Arabidopsis*.

Wykorzystanie uzyskanych wyników

Na podstawie uzyskanych wyników napisano pracę doktorską i magisterską.

Uzyskano patent P.392772 pt.: Rekombinowana molekula DNA, kaseta ekspresyjna, wektor DNA, plazmid binarny, komórka roślinna, sposób otrzymywania polipeptydu w eukariotycznym gospodarzu oraz zastosowanie rekombinowanej molekuly DNA” (Urząd Patentowy RP)

Publikacje: 4744, 4815, 3475/A, 3488/A, 3501/A, 3502/A, 3503/A, 3504/A, 3431/A, 3430/A, 724/N, 744/N

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

Zespół: prof. dr hab. Paweł Golik

Cel badania:

Celem badań jest zbadanie roli kodowanych jądrowo białek zaangażowanych w metabolizm RNA w mitochondriach, w tym białek z rodziny PPR, helikaz RNA i rybonukleaz u drożdży z gatunków *Saccharomyces cerevisiae*, *Schizosaccharomyces pombe* i *Candida albicans*, a także zrozumienie tego, jaką rolę odgrywała jądrowa kontrola metabolizmu RNA w ewolucji oddziaływań jądrowo-mitochondrialnych.

Opis realizowanych prac:

Prowadzono analizę funkcjonalną nieopisanych wcześniej genów kodujących białka PPR u *S. cerevisiae* – YER077C i MSC6.

Prowadzono analizę funkcjonalną białek z rodzin PPR u *Candida albicans*.

Badano wpływ delecji genu *IRC3*, kodującego potencjalną helikazę mitochondrialną na stabilność mtDNA.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Wykazano, że *Candida albicans* jest dobrym modelem do badania zagadnień związanych z oddziaływaniami jądrowo-mitochondrialnymi, które nie mogą być analizowane w typowych gatunkach modelowych *S. cerevisiae* i *S. pombe* (np. ekspresja mitochondrialnie kodowanych podjednostek kompleksu I). Zidentyfikowano trzy białka PPR *C. albicans* zaangażowane w ekspresję kompleksu I oraz jedno zaangażowane w ekspresję kompleksu III i kompleksu V.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Wyniki badań zostaną wykorzystane w publikacjach naukowych.

Publikacja: 4752

Temat nr 69: Metabolizm RNA i genomika funkcjonalna.

Zespół: prof. nadzw. dr hab. A. Dziembowski, dr hab. Daniel Laubitz, dr Teresa Szczepińska, dr Seweryn Mroczek, dr Roman Szczesny, dr Rafał Tomecki, dr Zbigniew Warkocki, dr Leszek Lipiński, dr Przemysław Płociński, mgr Dorota Adamska, mgr Aleksander Chlebowski, mgr Weronika Jonko, mgr Katarzyna Kowalska, mgr Kamila Kłosowska, mgr Kinga Orłowska, mgr Maria Macios, mgr Emilia Niemiec, mgr Ewelina Patrycja Owczarek, mgr Krystian Stodur, mgr Magdalena Wójcik, doktoranci: mgr Ewa Furmańczyk, mgr Katarzyna Kalisiak, mgr Anna Łabno, mgr Marta Ukleja, mgr Michał Kamiński, mgr Dominik Cysewski, mgr Paweł Krawczyk, mgr Adam Pyzik, mgr Aleksandra Siwaszek, mgr Jacek Miłek

Cel badania

Podstawowym celem badań prowadzonych w ramach tematu jest zrozumienie mechanizmów degradacji RNA u *Eukaryota*.

Opis realizowanych prac

Prowadzono szeroko zakrojoną analizę z wykorzystaniem kilku modeli badawczych: drożdży *Saccharomyces cerevisiae*, ludzkich komórek w hodowli i roślin.

Analiza kompleksu egzozomu: Analizowano rolę poszczególnych podjednostek katalitycznych i mechanizm ich regulacji poprzez centralny kanał pierścienia egzozomu.

Niedawno wykazano, że podjednostka egzozomu Dis3 jest z dużą częstością zmutowana w komórkach szpiczaków mnogich. Prowadzone są analizy mające na celu zrozumienie roli tych mutacji w biologii i patogenezie nowotworu. Rozpoczęliśmy również projekt mający na celu stworzenie nowych leków hamujących rozwój szpiczaków z mutacjami w DIS3.

Analiza Rybonukleazy DIS3L2: Analizowano funkcję genu DIS3L2, którego mutacje powodują rzadką chorobę genetyczną Syndrom Perlmana.

Degradacja RNA w mitochondriach: Analizowano rolę białek SUV3 i PNPase w degradacji RNA w ludzkich mitochondriach.

Analiza sieci interakcji białkowych w Mycobacterium tuberculosis: Prowadzimy analizę proteomiczną kompleksów białkowych *Mycobacterium*.

Analizy Metagenomiczne: Prowadzony jest duży projekt mający na celu poznanie fragmentów genomów (metagenomu) bakterii żyjących w glebach silnie skażonych pestycydami. Uzyskane sekwencje posłużą do poszukiwania enzymów o znaczeniu komercyjnym.

Opis najważniejszych osiągnięć

1. Wykazaliśmy, że kanał nieaktywnego katalitycznego pierścienia kompleksu egzozomu doprowadza substraty do centrów katalitycznych RNazy Dis3.
2. Odkryliśmy nową cytoplazmatyczną ścieżkę degradacji mRNA, nie zależną od egzozomu, przeprowadzaną przez egzonukleazę DIS3L2.
3. Wykazaliśmy, że mutacje w białku DIS3, często występujące w komórkach szpiczaków mnogich, hamują aktywność tego enzymu i zaburzają metabolizm RNA w komórkach.
4. Wykazaliśmy, że mutacje w DIS3 występujące z nowotworach są synetycznie letalne z inaktywacją domeny PIN DIS3. Otwiera to nowe możliwości terapeutyczne.
5. Wykazaliśmy, że degradacja RNA w ludzkich mitochondriach jest zlokalizowana w specyficznych strukturach i jest przeprowadzana przez kompleks białek SUV3 i PNPazy.

Wykorzystanie uzyskanych wyników

Zgłoszenie patentowe: U.S. Prov Appln No.: 61/825,739 pt: "Method for selection of hdis3 pin domain inhibitors and use of hdis3 pin domain inhibitors for cancer treatment"; PZ/1970/AGR/US
Wyniki badań zostaną wykorzystane w publikacjach naukowych.

Publikacje: 4711, 4732, 4737, 4752, 4778, 4822, 4836, 4837, 4838, 4839

Temat nr 70: Biologia strukturalna białek służących jako narzędzia do manipulacji genetycznych.

Zespół: prof. dr hab. Matthias Bochtler, dr Humberto Fernandes, doktoranci: mgr Michał Pastor, mgr Marlena Kisiała

Cel badania

Zespół bada naturalnie występujące enzymy modyfikujące DNA oraz prowadzi prace nad białkami pozyskanymi na drodze inżynierii genetycznej w celu wykorzystania ich do modyfikacji genomu.

Opis realizowanych prac

Nasze badania skupiają się na biologii strukturalnej nukleaz TALEN, które są używane jako narzędzie do modyfikacji genetycznych, ponieważ mogą być zaprojektowane tak, aby przeciąć DNA w pożądanej sekwencji.

Bieżący rok grupa poświęciła na opracowanie bardzo wydajnej metody składania białek TALEN i jest w trakcie testowania uzyskanych nukleaz na nowym modelu owadzie (*Nasonia vitripennis*), ponieważ owady te są idealnym organizmem do badań genetycznych. Ponadto, model ten okazuje się być bardzo atrakcyjny w badaniu wpływu modyfikacji DNA (metylacja i demetylacja) na wczesny rozwój osobniczy, ponieważ owady z rzędu błonkoskrzydłych (*Hymenoptera*), których przedstawicielem jest też *Nasonia* posiadają sprawny system metylacji DNA, oraz - w oparciu o nasze niepublikowane badania - również sprawny system demetylacji DNA. Równolegle zajmujemy się poszukiwaniem nowych metylotransferaz DNA (DNMTs) metylujących cytozynę w wyspach CpG. W celu znalezienia takiej metylotransferazy w bakteriach (innej niż znana już *M.SssI*) użyliśmy długoterminowego wpływu metylacji DNA na genomy. Wiadomo, że metylacja cytozyny pociąga za sobą jej deaminację. Stąd można wnioskować, że metylowane sekwencje CpG będą niedostatecznie reprezentowane w takich genomach. Idąc tym tropem odkryliśmy, że wiele gatunków *Mycoplasma* jest źródłem aktywnych metylotransferaz CpG. Następnie zastosowaliśmy ten sam klucz w poszukiwaniu eukariotycznych metylotransferaz CpG i znaleźliśmy sekwencje, które można określić jako "słabe CpG", co zostało niezależnie od nas zauważone i opisane dla kompleksu eukariotycznego DNMT1-DNA przez grupę prof. Dinshaw Patela. Rola metylotransferaz CpG w mykoplazmach wciąż nie jest poznana, ale podejrzewamy, że pomagają one patogenom uniknąć specyficznej i niespecyficznej odpowiedzi immunologicznej gospodarza. Nasze wyniki zostały opublikowane w PNAS (2013). W kolejnym naszym projekcie badaliśmy mechanizm rozpoznawania zmetylowanego DNA na przykładzie zmetylowanej adeniny i jej rozpoznawania przez enzym restrykcyjny R.DpnI. We wcześniejszej pracy (2012) pokazaliśmy, że białko R.DpnI składa się z dwóch domen: katalitycznej i "winged helix", które niezależnie od siebie rozpoznają sekwencję w DNA i grupę metylową adeniny. W 2013 roku wykrystalizowaliśmy kompleks: białko związane z DNA w domenie katalitycznej i "winged helix" i poznaliśmy więcej szczegółów tego oddziaływania. Badania strukturalne *in silico* (we współpracy z prof. Volkhardem Helmsem) sugerują, że metylacja adeniny poważnie ogranicza mobilność DNA nawet przy braku białka. Co więcej, samo związanie białka wydaje się sprzyjać przecięciu metylowanego DNA przez R.DpnI. Wyniki prac zostały opisane i wysłane do publikacji w Nucleic Acid Research.

Opis najważniejszych osiągnięć

Głównym osiągnięciem w 2013 roku są: (i) zakończenie prac dotyczących odkrycia nowej rodziny specyficznych DNA metylotransferaz CpG oraz (ii) odkrycie nowego mechanizmu rozpoznania modyfikowanego DNA przez enzym R.DpnI.

Wykorzystanie uzyskanych wyników

Nowe metylotransferazy CpG mogą stać się użytecznym biochemicznym narzędziem do badań epigenetycznych.

Publikacja: 4709

Temar nr: 71: Stres środowiskowy jako źródło niestabilności genetycznej.

Zespół: dr Adrianna Skoneczna, mgr Paulina Adamus, doktoranci: mgr Izabela Brózda, mgr Kamil Król

Cel badania

Poznanie mechanizmów komórkowych umożliwiających diploidalnym drożdżom *Saccharomyces cerevisiae* przetrwanie stresu podwójnych pęknięć DNA powstających w wyniku działania zeocyny, oraz poszerzenie stanu wiedzy o możliwych reperkusjach wywołanych tego typu uszkodzeniami DNA, w tym aneuploidyzacji, redukcji albo zwielokrotnienia ploidalności komórek.

Opis realizowanych prac

Przeprowadzone w naszej pracowni doświadczenia genomiczne badające wrażliwość komórek drożdży na stres dwuniciowych pęknięć DNA indukowanych zeocyną, przeprowadzone w oparciu o mikromacierze „molekularnych kodów kreskowych”, z wykorzystaniem diploidalnej kolekcji izogenicznych szczepów delecyjnych drożdży *Saccharomyces cerevisiae* sugerują, że dla przeżycia takiego stresu równie istotny jest sprawny system rozpoznawania uszkodzeń DNA i ich naprawy jak funkcjonalny transport pęcherzykowy. Najprostszym wyjaśnieniem takiego stanu rzeczy jest założenie, że transport pęcherzykowy uczestniczy w pobieraniu i/lub usuwaniu zeocyny. Aby zweryfikować tę tezę przeprowadziliśmy testy supresji wrażliwości na zeocynę zwiększonym zewnątrzkomórkowym stężeniem jonów K^+ . Określiliśmy też poziom zeocyny wewnątrz komórek używając znakowanej trytem zeocyny. Zakładając jednak, że przyczyny nadwrażliwości poszczególnych szczepów delecyjnych na zeocynę mogą być różne, przeprowadziliśmy szereg doświadczeń sprawdzających stan DNA genomowego, oraz zdolność poszczególnych szczepów do naprawy uszkodzeń generowanych przez zeocynę. Wyniki przeprowadzonych testów wrażliwości, testów mutagenyzy, analiza zawartości DNA genomowego metodą cytometrii przepływową (FACS), oraz analiza stanu chromosomów za pomocą elektroforezy pulsacyjnej (PFGE) wskazują na zaangażowanie białek związanych z transportem pęcherzykowym w mechanizmy warunkujące utrzymanie integralności genomu komórkowego w warunkach stresu wywołanego zeocyną.

Opis najważniejszych osiągnięć

Przeprowadzone analizy FACS i PFGE wykazały, że genom szczepów pozbawionych genów, których produkty zaangażowane są w transport pęcherzykowy jest wysoce niestabilny.

Odmierna odpowiedź na szereg czynników genotoksycznych (np. zeocynę, MMS, HU, UV, H_2O_2), oraz zróżnicowane obrazy FACS zawartości DNA genomowego analizowanych szczepów sugerują różną genezę powstawania aberracji genomowych w tych szczepach.

Brak albo jedynie częściowa supresja fenotypu nadwrażliwości na zeocynę spowodowane obecnością w podłożu KCl, oraz oznaczenia wewnątrzkomórkowego poziomu trytowanej zeocyny wskazują na to, że obserwowana wrażliwość nie jest wynikiem zwiększonego pobierania tego radiomimetyku.

Uzyskane dane świadczą o bezpośrednim zaangażowaniu transportu pęcherzykowego w procesy warunkujące stabilność genetyczną komórek.

Wykorzystanie uzyskanych wyników

Skoneczna A. i Skoneczny M. Somatic Genome Instability in Yeast and other Fungi. in *Somatic genome variation*. Ed. Xiu-Qing Li, Wiley. w druku

Kaniak-Golik A. i Skoneczna A. Mitochondria-Nucleus Network for Genome Stability. in *Somatic genome variation*. Ed. Xiu-Qing Li, Wiley. w druku

Publikacje: 3454/A, 3455/A, 3456/A, 3512/A, 3514/A

Temat nr 72: Genomika funkcjonalna odpowiedzi komórek eukariotycznych na stresy środowiskowe.

Zespół: dr hab. Marek Skoneczny, dr Anna Chelstowska, mgr Urszula Natkańska, mgr Błażej Kempieński (od listopada 2013)

Cel badania

1. Analiza funkcjonalna Hsp31p, białka odpowiedzi na stres w drożdżach *Saccharomyces cerevisiae*.
2. Poznanie nowej drogi importu białek do peroksysomów, organelli uczestniczących w ochronie przed stresem oksydacyjnym.
3. Rola ligazy ubikwitynowej Rsp5 w syntezie i stabilności dekarboksylazy uroporfirynogenu (Hem12) w drożdżach *S. cerevisiae* (współpraca z prof. T. Żołądek, temat nr 20.5).

Opis realizowanych prac:

- ad 1. Analizę funkcjonalną białka Hsp31p kontynuowano w kilku wątkach.
1. Analiza promotora *HSP31*. Ustalono, że promotor *HSP31* ulega aktywacji stresem oksydacyjnym w sposób zależny od czynnika transkrypcyjnego Yap1p oraz stresem osmotycznym pod wspólną kontrolą Yap1p i Cad1p. Stosując mutagenezę ukierunkowaną promotora *HSP31* wykazano, że potencjalny motyw dla Yap1p jest autentyczny i funkcjonalny. Tą samą metodą wykazano również funkcjonalność potencjalnego motywu dla czynników transkrypcyjnych Msn2p/Msn4p. Ustalono, że promotor *HSP31* ulega aktywacji pod wpływem stresu wysokiego stężenia etanolu. Żaden z dotychczas testowanych czynników transkrypcyjnych nie ma wpływu na tę aktywację.
 2. Pomiary poziomu białka Hsp31p w odpowiedzi na różne stresy środowiskowe z użyciem specyficznych przeciwciał. W przypadku stresu osmotycznego i etanolowego obserwujemy wysoką korelację między aktywnością promotora *HSP31*, a poziomem Hsp31p. W przypadku stresu oksydacyjnego poziom białka jest nieproporcjonalnie mały do aktywności promotora. Według przyjętej hipotezy roboczej stres oksydacyjny powoduje modyfikację białka, np. utlenienie jego pojedynczej, konserwowanej reszty cysteinowej, co w końcu kieruje białko ku degradacji, ale być może zanim to następuje białko spełnia jakąś rolę, np. sygnałową.
 3. Lokalizacja wewnątrzkomórkowa białka Hsp31p przy pomocy mikroskopii immunofluorescencyjnej i przeciwciał anti-Hsp31p nie powiodła się. Badania lokalizacji wewnątrzkomórkowej Hsp31p będą kontynuowane z zastosowaniem innych podejść: fuzji genowej *HSP31*-GFP i frakcjonowania komórek.
- ad 2. Rozpoczęto nowy projekt, będący kontynuacją wcześniejszych badań nad biogenezą peroksysomów. Zamierzeniem badawczym jest scharakteryzowanie słabo poznanej drogi importu białek do wnętrza peroksysomów, zależnej od sygnału PTS3. Realizację projektu rozpoczęto w listopadzie 2013.
- ad 3. We współpracy z prof. Teresą Żołądek (temat 20.5) badano wpływ ligazy ubikwitynowej Rsp5 na syntezę i stabilność dekarboksylazy uroporfirynogenu (Hem12p) w drożdżach *S. cerevisiae*.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Potencjalny motyw dla czynnika transkrypcyjnego Yap1p w promotorze genu *HSP31* jest autentyczny i funkcjonalny. Ekspresja genu *HSP31* jest regulowana również przez Cad1p i przez Msn2p/Msn4p. Istnieją przesłanki o istnieniu jeszcze innych systemów regulacyjnych, jakim podlega. W warunkach stresu oksydacyjnego poziom białka Hsp31p w komórce jest wypadkową jego syntezy oraz innych zdarzeń, być może jego utlenienia i degradacji.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Otrzymane wyniki zostaną zamieszczone w przygotowywanych artykułach czasopism naukowych.

Publikacje: 4765, 4815, 3381/A, 3389/A, 3454/A, 3455/A, 3456/A, 3458/A, 3512/A, 3514/A

Zakład Biologii Antarktyki

Temat nr 73: Uwarunkowania biologiczne, geochemiczne i genetyczne struktur i funkcjonowania ekosystemów polarnych na tle gwałtownych zmian klimatycznych.

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

Cel badania:

Rejon Półwyspu Antarktycznego jest jednym z najszybciej ocieplających się obszarów na Ziemi. Wyspa Króla Jerzego (Antarktyka Zachodnia) 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.

Opis realizowanych prac:

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. Zbadano liczebność oraz strukturę wiekową ssaków pętlonogich na terenach badawczych.

Opis najważniejszych osiągnięć:

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 zawleczonego w Antarktykę (*Poa annua* L.), wstępną analizę banku nasion w glebie oraz testy żywotności nasion tego gatunku.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Badania gatunek obcego dla tego rejonu *Poa annua* wykazały, że rozwinął on szereg strategii życiowych pozwalających przetrwać i skutecznie się rozmnażać w trudnych warunkach polarnych. Populacja antarktyczna tego gatunku w porównaniu z populacjami europejskimi (centrum zasięgu) wykazuje znaczące różnicowanie morfologiczne szczególnie cech adaptacyjnych, oraz zupełnie inne strategie życiowe.

Publikacje: 4720, 4723, 4771, 4792, 4795, 4802, 3428/A, 3429/A, 3430/A, 3496/A, 218/M, 219/M, 220/M, 221/M

Ekofizjologiczna i molekularna charakterystyka mikroorganizmów polarnych z kolekcji szczepów IBB ZBA PAN.

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

Cel badania

1. Określenie różnorodności zespołów bakterii ze środowisk lodowcowych i postglacialnych gleb tworzących się w wyniku cofania się lodowców w powiązaniu z różnorodnością tych środowisk ze względu na ich właściwości fizykochemiczne i biologiczne.
2. Poszukiwanie szczepów bakterii o właściwościach przydatnych w biotechnologii.

Opis realizowanych prac

Kontynuacja prac związanych z utrzymywaniem oraz sukcesywnym wzbogacaniem kolekcji szczepów psychrofilnych i psychrotrofowych utrzymywanych w temperaturze -80°C (1500 izolatów) oraz przetrzymywanych na skosach agarowych (3000 izolatów). W czasie kolejnej naukowej ekspedycji polarnej (Spitsbergen sierpień 2013) obok bogatego materiału zebranego w ramach realizowanego projektu badawczego, wyizolowano z przeznaczeniem do kolekcji w banku szczepów IBB PAN ok. 300 szczepów bakterii a ponadto kultury drożdżaków i grzybów strzępkowych wyizolowanych w warunkach tlenowych z Lodowców Hansa i Werenskiolda. Część zebranego materiału z tundry, przygotowano do wysiewu w kierunku wyhodowania grzybów i przekazano zespołowi genetycznej modyfikacji grzybów o znaczeniu biotechnologicznym i biokontrolnym w Pracowni Glikobiologii Grzybów. Opiekę nad kolekcją szczepów sprawuje mgr Jakub Grzesiak. Szczepy są charakteryzowane pod kątem właściwości morfo-fizjologicznych w oparciu o system BIOLOG we współpracy z Zakładem Biochemii Drobnoustrojów oraz przynależności taksonomicznej w oparciu o sekwencjonowanie 16S rDNA.

Opis najważniejszych osiągnięć

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 z odległych szerokości geograficznych. W plazmidach szczepów *Psychrobacter* i *Polaromonas* wykryto m.in. oporność na rtęć i promieniowanie ultrafioletowe co niewątpliwie jest korzystną cechą u bakterii narażonych na wzmożone promieniowanie UV, szczególnie w rejonie Antarktyki. Wstępne badania przesiewowe wykonane przez mgr J. Grzesiaka wskazują na zdolności niektórych szczepów do uruchamiania nierozpuszczalnych form fosforu.

Wykorzystanie uzyskanych wyników

Z kolekcji szczepów wykorzystano *Psychrobacter* i *Polaromonas* w badaniach nad plazmidami (współpraca z Zakładem Genetyki Bakterii UW), czego efektem są dwie opublikowane prace.

Publikacje: 4716, 4728, 4745, 4751, 4787, 3541/A, 222/M

**XXXVI POLSKA WYPRAWA ANTARKTYCZNA NA STACJĘ IM. HENRYKA
ARCTOWSKIEGO 2012/2013**

**Sprawozdanie z monitoringu ekologicznego podczas 37. Polskiej Wyprawy Antarktycznej w
sezonie 2012/2013**

Zespół: Radosław Łabno, Ewa Libera, Piotr Gryz

W sezonie 2012/13 monitoring ekologiczny podczas 37. Polskiej Wyprawy Antarktycznej Polskiej Akademii Nauk prowadzony był na obszarze chronionym ASPA 128 przez Radosława Łabno (22.10.2012-01.11.2013) oraz ASPA 151 przez Ewę Liberę i Piotra Gryza (24.10.2012-07.03.2013). Projekt realizowany przez Zakład Biologii Antarktyki IBB PAN w ramach międzynarodowego monitoringu zgodnego z zaleceniami CCAMLR (*Convention of the Conservation of Antarctic Marine Living Resources*), obejmuje obserwację złożonych interakcji pomiędzy cyklami życiowymi zwierząt, obfitością pożywienia, oraz zagęszczeniem drapieżców: ryb, ptaków i ssaków płetwonogich. Obserwatorzy prowadzą systematyczny monitoring tzw. gatunków wskaźnikowych, ptaków na terenach lęgowych i ssaków na terenach linienia oraz wypoczynku. Obserwacje prowadzone są zgodnie z ogólnie przyjętymi standardowymi metodami.

**SPRAWOZDANIE GRUPY MONITORINGUJĄCEJ OBSZAR CHRONIONY ASPA 128
SEZON 2012/2013**

Radosław Łabno

Monitoring ekologiczny podczas 37. Polskiej Wyprawy Antarktycznej Polskiej Akademii Nauk w okolicy Stacji im. Henryka Arctowskiego w sezonie 2012/2013 był prowadzony przez Radosława Łabno. Osobami oddelegowanymi do pomocy przy monitoringu ekologicznym byli dwaj członkowie 37. Wyprawy Antarktycznej: Jacek Czarnul oraz Sylwia Łukawska. W pomoc przy realizacji programu włączali się wszyscy uczestnicy Wyprawy oraz osoby aktualnie przebywające na Stacji.

Monitoring ekologiczny został zrealizowany zgodnie z zaleceniami Konwencji o zachowaniu żywych zasobów morskich Antarktyki - *Convention of the Conservation of Antarctic Marine Living Resources* (CCAMLR) na obszarze ASPA 128 (Antarctic Specially Protected Area No. 128) oraz na terenach przyległych według wytycznych Zakładu Biologii Antarktyki Instytutu Biochemii i Biofizyki PAN (ZBA IBB PAN) potwierdzonych doświadczeniem od 1977 roku. Monitoring ekologiczny, obserwacje gatunków wskaźnikowych (ssaków i ptaków płetwonogich) zgodnie z wytycznymi CCAMLR w oparciu o Stację "Arctowski" (ASPA 128) obejmował rejestr następujących parametrów:

1. Systematyczne zliczanie pięciu gatunków ssaków płetwonogich na terenach rozrodu i wypoczynku (*Mirounga leonina*, *Leptonychotes weddellii*, *Hydrurga leptonyx*, *Lobodon carcinophagus*, *Arctocephalus gazella*)
2. Rejestr haremów *Mirounga leonina*
3. Rejestr oznaczeń płetwonogich na terenach rozrodu i wypoczynku.
4. Regularne obserwacje pojawień wielorybów w wodach Zatoki Admiralicji.
5. Wykaz obrączek ptaków latających i pingwinów na terenach lęgowych i wypoczynku.
6. Rejestr pojawiania się obcych gatunków.
7. Regularny rejestr terytoriów lęgowych dziewięciu gatunków ptaków *Stercorarius antarcticus lonnbergi*, *Stercorarius maccormicki*, *Sterna vittata*, *Larus dominicanus*, *Chionis alba*, *Macronectes giganteus*, *Daption capense*, *Oceanites oceanicus*, *Fregetta tropica*, *Phalacrocorax atriceps bransfieldensis*.
8. Rejestr chronologii wylęgów trzech gatunków *Pygoscelis*.
9. Systematyczne zliczanie gniazd pingwinów w koloniach lęgowych trzech gatunków *Pygoscelis papua*, *P. adeliae*, *P. antarcticus*.

10. Systematyczne zliczanie piskląt pingwinów na terenie w koloniach lęgowych trzech gatunków *Pygoscelis*.

Ponadto:

- **Zbiór, rejestr i przygotowanie do transportu prób pobranych w sezonie 2012/13 według wytycznych.**
- **Obsługa ruchu turystycznego w Centrum Informacji Turystycznej przy Half Moon Cove.**
Prowadzona była statystyka przepływu turystów w okresie sprawozdawczym w trakcie trwania całego sezonu.
- **Codzienne obserwacje meteorologiczne według wytycznych.**
- **Codzienna szczegółowa inwentaryzacja przedmiotów pochodzenia antropogenicznego niebędących składnikami działających instalacji badawczych wzdłuż odwiedzonych odcinków wybrzeża Zatoki Admiralicji.**

ad. 1. Systematyczne zliczanie pięciu gatunków ssaków płetwonogich

W okresie sprawozdawczym przeprowadzono 25 obserwacji (30.10.2012-17.10.2013) wzdłuż 15-stu odcinków wybrzeża. Monitoring ten wzorcowo miał być przeprowadzany w interwałach 10-cio dniowych, lecz ze względu na niekorzystne warunki atmosferyczne lub bardzo krótkie okna pogodowe był realizowany w możliwych terminach przy jak najlepszych warunkach.

Szczegóły i wyniki obserwacji znajdują się w archiwum Zakładu Biologii Antarktyki IBB PAN.

W sezonie 2013/14 monitoring ekologiczny prowadzony na obszarze chronionym ASPA 128, podczas 38. Polskiej Wyprawy Antarktycznej Polskiej Akademii Nauk, kontynuowany będzie przez Bartosza Matuszczaka.

SPRAWOZDANIE GRUPY MONITORINGUJĄCEJ OBSZAR CHRONIONY ASPA 151 SEZON 2012/2013

Ewa Libera, Piotr Gryz

Monitoring ekologiczny podczas 37. Polskiej Wyprawy Antarktycznej Polskiej Akademii Nauk w okolicy Stacji im. Henryka Arctowskiego w sezonie letnim 2012/2013 był prowadzony przez Ewę Liberę i Piotra Gryza.

Monitoring ekologiczny, obserwacje gatunków wskaźnikowych (ssaków i ptaków płetwonogich) zgodnie z wytycznymi CCAMLR w oparciu o Refugium Lions Rump (ASP 151) obejmowało rejestr następujących parametrów:

1. Systematyczne zliczanie pięciu gatunków ssaków płetwonogich na terenach rozrodu i wypoczynku (*Mirounga leonina*, *Leptonychotes weddellii*, *Hydrurga leptonyx*, *Lobodon carcinophagus*, *Arctocephalus gazella*)
2. Rejestr haremów *Mirounga leonina*
3. Rejestr oznaczeń płetwonogich na terenach rozrodu i wypoczynku
4. Regularne obserwacje pojawień wielorybów w wodach Zatoki Króla Jerzego
5. Wykaz obrączek ptaków latających i pingwinów na terenach lęgowych i wypoczynku
6. Rejestr pojawiania się obcych gatunków
7. Regularny rejestr terytoriów lęgowych dziewięciu gatunków ptaków *Stercorarius antarcticus lonnbergi*, *Stercorarius maccormicki*, *Sterna vittata*, *Larus dominicanus*, *Chionis alba*, *Daption capense*, *Oceanites oceanicus*, *Fregetta tropica*, *Phalacrocorax atriceps bransfieldensis*
8. Rejestr chronologii wylęgów *P. adeliae* i *P. papua*
9. Systematyczne zliczanie gniazd pingwinów w koloniach lęgowych trzech gatunków *Pygoscelis papua*, *P. adeliae*, *P. antarcticus*

10. Systematyczne zliczanie piskląt pingwinów na terenie w koloniach lęgowych trzech gatunków *Pygoscelis*
11. Masa ciała piskląt *P. adeliae* opierzonych schodzących do morza.

Ponadto:

- **Zbiór, rejestr i przygotowanie do transportu prób pobranych w sezonie 2012/13 według wytycznych.**
- **Zliczenie ssaków pętononogich w okolicy cypla Low Head jednorożowo.**
- **Prace konserwatorskie refugium „Lions Rump”.**

Szczegóły i wyniki obserwacji znajdują się w archiwum Zakładu Biologii Antarktyki IBB PAN.

W sezonie 2013/14 monitoring ekologiczny prowadzony na obszarze chronionym ASPA 151, podczas 38. Polskiej Wyprawy Antarktycznej Polskiej Akademii Nauk, kontynuowany będzie przez Annę Gasek i Michała Świetlika.

Pracownia Analiz Mikromacierzy

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

W 2013 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 analizowano próby RNA pochodzące z tkanki mięśniowej, tłuszczowej oraz krwi pacjentów ze znanym poziomem insulinooporności i insulinowrażliwości. Wykonano 40 mikromacierzy typu Gene Chip Human Genome U133 Plus 2.0 oraz 79 mikromacierzy typu GeneChip® Human Gene 2.0 ST. Następnie przeprowadzono analizę bioinformatyczną uzyskanych wyników przy użyciu oprogramowania Partek Genomics Suite i Ingenuity.

W ramach projektu kierowanego przez dr hab. Beatę Burzyńską pt. „Analiza genetyczna podstaw wybranych chorób dziedzicznych” wykonano 158 analiz mikromacierzowych z wykorzystaniem macierzy typu GeneChip Human Gene 1.0 ST Array oraz 97 analiz mikromacierzowych dotyczących ludzkiego miRNA z wykorzystaniem macierzy GeneChip® miRNA 2.0 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 25 mikromacierzy typu AGRONOMICS.

Kolejne analizy (21) na macierzach typu AGRONOMICS wykonano we współpracy z grupą dr. Szymona Świeżewskiego z IBB PAN.

Pracownia Analiz Mikromacierzy otrzymała nowy sprzęt do badań mikromacierzy ekspresyjnych firmy Affymetrix - GeneAtlas® Personal Microarray System. Umożliwia on analizę 4 prób RNA na jednym pasku zawierającym 4 mikromacierze. Wykorzystanie tego systemu obniża koszty analizy mikromacierzowej 1 próby RNA o około 20%.

W tym roku wykorzystano ten system do analizy:

1. 42 mikromacierzy ekspresyjnych mysich (Affymetrix® MG-430 PM Array Strip) we współpracy z grupą prof. dr hab. Anna Ciemerych z Uniwersytetu Warszawskiego
2. 9 mikromacierzy ekspresyjnych ludzkich (Affymetrix® HG-U133+ PM Array Strip) we współpracy z dr Patrycją Przygodzką z Łódzkiego Uniwersytetu Medycznego
3. 44 mikromacierzy ekspresyjnych ludzkich (Affymetrix® HG-U133+ PM Array Strip) w ramach realizacji przetargu na wykonanie 156 takich analiz dla grupy prof. dr hab. Katarzyny Koziak z Uniwersytetu Medycznego w Warszawie
4. 44 mikromacierzy ekspresyjnych dla Arabidopsis (Arabidopsis Gene 1.1 ST Array Strip) w ramach tematu statutowego „Dynamika transkryptomu w normie i stresie”.

W sumie w 2013 roku w Pracowni Analiz Mikromacierzy UW/IBB PAN wykonano 559 analiz mikromacierzowych.

Pracownia Analiz Mikromacierzy otrzymała także nowy sprzęt do analiz NGS: Ion Personal Genome Machine® (PGM™) System oraz Ion Proton™ System firmy Life Technologies, który wraz zakupionym wcześniej systemem HiScanSQ firmy Illumina rozszerzył ofertę analiz możliwych do wykonania w naszej Pracowni.

Wykorzystując sekwenator firmy Illumina przeprowadzono następujące analizy:

1. 4 runy sekwencjonowania ChIP-seq (odczyty single-end 50bp)
2. 1 run sekwencjonowania całego genomu (odczyty pair-end 200bp)

Pracownicy zostali przeszkoleni w zakresie obsługi sekwenatorów oraz wykonywania aplikacji na następujących szkoleniach firmy Life Technologies:

1. Ion TargetSeq™ Library Construction training (3 dni, Darmstadt, Niemcy)
2. Ion RNA Library Construction Training (3 dni, Darmstadt, Niemcy)
3. Ion Proton System Workflow Training (3 dni, szkolenie w Pracowni Analiz Mikromacierzy)
4. Ion PGM System Workflow Training (3 dni, szkolenie w Pracowni Analiz Mikromacierzy) oraz na szkoleniu firmy Illumina, dotyczącym wykonywania analiz mikromacierzowych typu Infinium HD BeadChips.

Serwis Bakoluwirusa

Zespół: dr Ewa Szolajska, mgr Małgorzata Podsiadła-Białoskórska

W 2013 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)

2. Białka wirusowe:

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

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

- W ramach działalności usługowej, dla zleceniodawców spoza IBB PAN nadprodukowano:
- ludzką rekombinowaną topoizomerazę I na zamówienie Zakładu Biologii Molekularnej Wydziału Biologii Uniwersytetu Warszawskiego),
- ludzką kinezynę HSET oraz białko NCD *Drosophila melanogaster* dla Instytutu Biologii Doświadczalnej im M. Nenckiego.

Pracownia Hodowli Komórkowych

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

W 2013 roku w Pracowni kontynuowane były doświadczenia, prowadzone przez Zespoły Badawcze IBB PAN, dotyczące następujących zagadnień:

1. Analiza zawartości alkoholi poliizoprenoidowych, lipidowych pochodnych oraz form utlenionych w komórkach HeLa, hodowanych w warunkach normalnej oraz obniżonej zawartości tlenu (grupa prof. dr hab. Ewy Świeżewskiej, Zakład Biochemii Lipidów).
2. Badanie wpływu jonów niklu(II) na linię nieśmiertelnionych keratynocytów ludzkich HaCaT (grupa prof. dr hab. Wojciecha Bala, Zakład Biofizyki).
3. Badanie wpływu fragmentu peptydu beta-amyloidu AB16-23 oraz rekombinowanego białka prionowego PRPc na aktywację receptora RAGE i stymulację szlaków sygnałowych od niego zależnych, w komórkach endotelialnych linii bEnd.3 (grupa prof. dr. hab. Michała Dadleza, Zakład Biofizyki).
4. Rola naprawy DNA i peroksydacja lipidów w stabilności genetycznej oraz w procesach starzenia komórkowego (grupa prof. dr hab. Barbary Tudek, Zakład Biologii Molekularnej).
5. 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).
6. Badanie homologów białka AlkB w komórkach kurzych na linii komórkowej DT 40 (grupa prof. dr hab. Elżbiety Grzesiuk, Zakład Biologii Molekularnej).
7. Zastosowanie wirusopodobnej cząsteczki wektorowej – dodekahedronu adenowirusa jako wektora dla czynników o potencjalnym działaniu terapeutycznym (grupa dr Ewy Szolajskiej, Zakład Biosyntezy Białka).
8. 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 Mutagenезy i Reperacji DNA).
9. Rola ubikwitynacji w regulacji ludzkiej polimerazy iota (dr Justyna McIntyre, Pracownia Mutagenезy i Reperacji DNA).
10. Analiza FACS zawartości DNA genomowego diploidalnych szczepów delecyjnych drożdży *Saccharomyces cerevisiae*, weryfikująca ich zdolność do zachowywania określonej ploidalności i ewentualne zaburzenia cyklu komórkowego (mgr Izabela Brózda, mgr Paulina Adamus i dr Adrianna Skoneczna, Pracownia Mutagenезy i Reperacji DNA).
11. Analiza zmian cyklu komórkowego, potencjału wewnętrznej błony mitochondrialnej oraz indukcji apoptozy za pomocą cytometru przepływowego z użyciem komórek HeLa oraz 293 (grupa prof. dr. hab. Andrzeja Dziembowskiego, Pracownia Biologii RNA i Genomiki Funkcjonalnej oraz grupa prof. dr. hab. Piotra Stępnia Instytut Biotechnologii i Genetyki UW).
12. Analiza porównawcza poziomu wybranych białek w komórkach DT40 z wykorzystaniem cytometru przepływowego (grupa prof. Andrzeja Dziembowskiego, Pracownia Biologii RNA i Genomiki Funkcjonalnej).
13. Analiza wydajności transfekcji (grupa prof. dr. hab. Andrzeja Dziembowskiego, Pracownia Biologii RNA i Genomiki Funkcjonalnej oraz grupa prof. dr. hab. Piotra Stępnia Instytut Biotechnologii i Genetyki UW).
14. Badania onkogennych szlaków sygnałowych w rozwoju nowotworu jajnika z wykorzystaniem technologii mikromacierzowych oraz metod molekularnego modelowania (mgr Agnieszka Lech doktorantka Międzywydziałowych Interdyscyplinarnych Studiów Doktoranckich w zakresie nauk Matematyczno – Przyrodniczych (MISDoMP) Uniwersytetu Warszawskiego, opiekunowie prof. dr hab. Piotr Zielenkiewicz i prof. dr hab. Bogdan Lesyng).

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, dr Anna Trzemecka, dr Piotr Dzierzbicki

W ramach działalności usługowej dla IBB zsyntetyzowano 6 700 oligonukleotydów oraz zsekwencjonowano na aparatach ABI 3730 i ABI 3730 xl 21 100 matryc DNA, co przy średniej długości odczytu 850bp daje 17 935 000 zasad.

Dla 146 zleceniodawców spoza IBB zostały zrealizowane zamówienia na zsekwencjonowanie 42 800 matryc i zsyntetyzowano 24 750 oligonukleotydów.

W 2013 roku na sekwencjonatorze genomowym Roche GS FLX+ zsekwencjonowano dla IBB 6 genomów bakteryjnych, 2 genomy bakteriofagów, 1 plazmid oraz 39 próbek środowiskowych, uzyskując łącznie ok 3 G par zasad. W ramach współpracy z jednostkami spoza Instytutu zsekwencjonowano 2 genomy bakteryjne oraz 37 plazmidów otrzymując ok 500 Mega par zasad.

Dodatkowo w ramach przyznanych minigrantów wykonano 195 sekwencjonowań matryc DNA i 8 000 reakcji analizy polimorfizmu.

Syntezy oligonukleotydów i sekwencjonowanie matryc wykonano dla następujących zakładów IBB:

Zakłady i Pracownie IBB PAN		matryce	oligonukleotydy
1	Zakład Genetyki	625	198
2	Zakład Biochemii Drobnoustrojów	820	175
3	Zakład Biosyntezy Białka	395	140
4	Zakład Biochemii Roślin	520	290
5	Zakład Biofizyki	625	700
6	Zakład Biologii Molekularnej	800	128
7	Zakład Genetyki UW	6 178	1 590
8	Zakład Biochemii Lipidów	300	120
9	Pracownia Mutagenyzy i Reperacji DNA	510	298
10	Pracownia Glikobiologii Grzybów	103	141
11	Pracownia Sekwencjonowania DNA i Syntezy Oligonukleotydów	120	300
12	Pracownia Biologii RNA i Genomiki Funkcjonalnej	10 104	2 620
		21 100	6 700

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

- 1 Centrum Badań Molekularnych i Makromolekularnych PAN w Łodzi
- 2 Centrum Biologii Medycznej i Mikrobiologii PAN
- 3 Centrum Mikrobiologii i Wirusologii PAN
- 4 Centrum Onkologii -Instytut im. Marii Skłodowskiej-Curie Oddział Gliwice
- 5 Instytut "Centrum Zdrowia Matki Polki"
- 6 Instytut Badawczy Leśnictwa
- 7 Instytut Biocybernetyki i Inżynierii Biomedycznej PAN
- 8 Instytut Biologii Doświadczalnej im. M.Nenckiego PAN
- 9 Instytut Biotechnologii i Antybiotyków
- 10 Instytut Centrum Medycyny Doświadczalnej i Klinicznej PAN
- 11 Instytut Chemii Bioorganicznej PAN

- 12 Instytut Chemii i Techniki Jądrowej
- 13 Instytut Dendrologii PAN w Kórniku
- 14 Instytut Farmakologii PAN
- 15 Instytut Genetyki Człowieka PAN
- 16 Instytut Genetyki i Hodowli Zwierząt PAN
- 17 Instytut Genetyki Roślin PAN
- 18 Instytut Gruźlicy i Chorób Płuc
- 19 Instytut Hematologii i Transfuzjologii
- 20 Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin Oddział Poznań
- 21 Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin w Młochowie
- 22 Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin w Radzikowie
- 23 Instytut Immunologii i Terapii i Doświadczalnej PAN
- 24 Instytut Medycyny Pracy w Łodzi
- 25 Instytut Medycyny Wsi im. Witolda Chodźki w Lublinie
- 26 Instytut Oceanologii PAN
- 27 Instytut Ochrony Przyrody PAN
- 28 Instytut Ochrony Roślin w Poznaniu
- 29 Instytut Parazytologii PAN
- 30 Instytut Reumatologiczny
- 31 Instytut Rozrodu Zwierząt i Badań Żywności PAN w Olsztynie
- 32 Instytut Rybactwa Śródlądowego im. Stanisława Sakowicza w Olsztynie
- 33 Instytut Sadownictwa i Kwiaciarstwa w Skierniewicach
- 34 Instytut Sportu, Zakład Badań Antydopingowych, Warszawa
- 35 Instytut Systematyki i Ewolucji Zwierząt PAN w Krakowie
- 36 Instytut Uprawy, Nawożenia i Gleboznawstwa, Puławy
- 37 Instytut Warzywnictwa
- 38 Instytut Zootechniki - Kraków
- 39 Instytut Żywności i Żywienia
- 40 Międzynarodowe Centrum Ekologii PAN
- 41 Międzynarodowy Instytut Biologii Molekularnej i Komórkowej
- 42 Morski Instytut Rybacki w Gdyni
- 43 Muzeum i Instytut Zoologii PAN
- 44 Narodowy Instytut Leków
- 45 Ogród Botaniczny – Centrum Zachowania Różnorodności Biologicznej PAN
- 46 Państwowy Instytut Weterynaryjny
- 47 Państwowy Instytut Weterynaryjny – Zakład Pryszczycy w Zduńskiej Woli
- 48 Państwowy Zakład Higieny, Instytut Naukowo-Badawczy
- 49 Wojskowy Instytut Higieny i Epidemiologii
- 50 Wojskowy Instytut Higieny i Epidemiologii w Warszawie
- 51 Wojskowy Instytut Medycyny
- 52 Zakład Ichtiobiologii i Gospodarki Rybackiej PAN - Gołysz
- 53 Zakład Ornitologii PAN
- 54 Akademia Ekonomiczna w Poznaniu
- 55 Akademia Medyczna im. Karola Marcinkowskiego, Poznań
- 56 Akademia Medyczna w Bydgoszczy

- 57 Akademia Medyczna w Gdańsku, Samodzielna Pracownia Endokrynologii i Diagnostyki
Laboratoryjnej
- 58 Akademia Medyczna w Lublinie
- 59 Akademia Medyczna w Warszawie
- 60 Akademia Medyczna we Wrocławiu
- 61 Akademia Podlaska, Instytut Bioinżynierii i Hodowli Zwierząt w Siedlcach
- 62 Akademia Rolnicza w Krakowie, Katedra Genetyki, Hodowli i Nasiennictwa
Akademia Rolnicza w Lublinie, Wydział Biologii i Hodowli Zwierząt i Wydział
63 Medycyny Weterynaryjnej
- 64 Akademia Rolnicza w Poznaniu
- 65 Akademia Rolnicza w Szczecinie
- 66 Akademia Świętokrzyska im. Jana Kochanowskiego - Kielce
- 67 Akademia Techniczno Rolnicza, Wydział Rolniczy w Olsztynie
- 68 Akademia Wychowania Fizycznego i Sportu im. Jędrzeja Śniadeckiego
- 69 Akademia Wychowania Fizycznego im. Eugeniusza Piaseckiego
- 70 Akademia Wychowania Fizycznego w Katowicach
- 71 Centrum Medyczne Kształcenia Podyplomowego w Warszawie
- 72 Collegium Medium Uniwersytet Jagielloński w Krakowie
- 73 Katolicki Uniwersytet Lubelski
- 74 Międzyuczelniany Wydział Biotechnologii UG-AMG
- 75 Politechnika Gdańska
- 76 Politechnika Lubelska
- 77 Politechnika Łódzka, Wydział Chemii Spożywczej i Biotechnologii
- 78 Politechnika Śląska w Gliwicach
- 79 Politechnika Warszawska, Międzywydziałowe Centrum Biotechnologii
- 80 Pomorska Akademia Medyczna
- 81 Pomorska Akademia Pedagogiczna w Słupsku
- 82 SGGW AR, Katedra Parazytologii i Chorób Inwazyjnych, Katedra Botaniki i inne
- 83 Śląska Akademia Medyczna w Katowicach
- 84 Uniwersytet Gdański, Katedra Biochemii
- 85 Uniwersytet Gdański, Katedra Zoologii Bezkręgowców
- 86 Uniwersytet im. Adama Mickiewicza, Wydział Biologii
- 87 Uniwersytet im. M. Kopernika, Instytut Biologii Ogólnej i Molekularnej
- 88 Uniwersytet Jagielloński, Instytut Biologii Molekularnej
- 89 Uniwersytet Kazimierza Wielkiego
- 90 Uniwersytet Łódzki, Zakład Genetyki Drobnoustrojów
- 91 Uniwersytet Marii Curie-Skłodowskiej
- 92 Uniwersytet Medyczny w Łodzi
- 93 Uniwersytet Opolski
- 94 Uniwersytet Rzeszowski Katedra Biochemii i Biologii Komórki
- 95 Uniwersytet Szczeciński
- 96 Uniwersytet w Białymstoku
- 97 Uniwersytet Warmińsko-Mazurski
- 98 Uniwersytet Warszawski
- 99 Uniwersytet Wrocławski
- 100 Uniwersytet Zielonogórski, Instytut Biotechnologii i Ochrony Środowisk

- 101 Centrum Onkologii-Instytut im Marii Skłodowskiej-Curie
- 102 Główny Inspektorat Inspekcji Ochrony Roślin i Nasiennictwa w Toruniu
- 103 Instytut Kardiologii
- 104 Instytut Matki i Dziecka
- 105 Samodzielny Publiczny Szpital Kliniczny AM NR2
- 106 Samodzielny Publiczny Szpital Kliniczny NR 2 im. Heliodora Święcickiego w Poznaniu
- 107 Szpital Kliniczny NR3, Samodzielny Akademicki Publiczny ZOZ
- 108 Świętokrzyskie Centrum Onkologii w Kielcach
- 109 Wojewódzka Stacja Sanitarno-Epidemiologiczna w Olsztynie
- 110 Wojewódzka Stacja Sanitarno-Epidemiologiczna w Poznaniu
- 111 Wojewódzka Stacja Sanitarno-Epidemiologiczna w Rzeszowie
- 112 Wojewódzki Inspektorat Weterynarii z siedzibą w Krośnie
- 113 Wojewódzki Szpital Zakaźny SPZOZ Wolska 37
- 114 Adamed sp. z o.o. (Pieńków)
- 115 Avicenna Biosystem KKK Sp. z o.o.
- 116 Bio-Diagnostyka sp. z o.o.
- 117 BioTe21, Warszawa
- 118 BOWET Puławy sp. z o.o.
- 119 Centralne Laboratorium Surowic i Szczepionek
- 120 Centrum Alergologii dr med. Teresa Hoffman Centrum Badań DNA sp. z o.o.
- 121 Centrum Badań DNA Sp. z o.o.
- 122 DNA Gdańsk s.c.
- 123 EURx sp. z o.o.
- 124 Fundacja na Rzecz Chorych z Chorobami Krwi
- 125 Genet Reserch Sp. z o.o.
- 126 GENOS s.c.
- 127 Indywidualna Specjalistyczna Praktyka Lekarska – Wojciech Jóźwicki.
- 128 Instytut Badań DNA Sp. z o.o.
- 129 Jednostka Wojskowa NR 4111
- 130 Krzysztof Kucharczyk – Techniki Elektroforetyczne
- 131 Labgen
- 132 Laboratorium Badań Genetycznych Sp. z o.o. Lublin
- 133 Laboratorium Diagnostyki Molekularne Sp. z o.o.
- 134 Laboratorium Kosmetyczne dr Ireny Eris - Piaseczno
- 135 Liga Ochrony Przyrody Zarząd Okręgu w Zielonej Górze
- 136 MedGen -Warszawa
- 137 Medigen
- 138 Piranus PPHU
- 139 Polskie Towarzystwo Kardiologiczne
- 140 Prywatny Gabinet Lekarski lek. Ewa Matuszewska, Poznań
- 141 Wielkopolska Hodowla Buraka Cukrowego sp. z o.o. - Poznań
- 142 Wielkopolskie Towarzystwo Rozwoju Metod Badawczych i Leczenia Niepłodności

Laboratorium Analiz Modyfikacji Genetycznych

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

Cel badania

Analiza obecności materiału transgenicznego w produktach rynkowych, oznaczanie liczby kopii genów, oraz ilościowa analiza mRNA z użyciem PCR w czasie rzeczywistym.

Opis realizowanych prac

Laboratorium służy środowisku naukowemu w analizie ilościowej specyficznych mRNA, a także określaniu liczby kopii kwasów nukleinowych w materiale dostarczonym przez klienta. Laboratorium uczestniczy także w międzylaboratoryjnych badaniach sprawności jakościowej i ilościowej detekcji GMO w środowisku, żywieniu i paszach.

Opis najważniejszych osiągnięć

1. 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.
2. 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 19595 reakcji, łącznie z opracowaniem metodyki analiz i projektowaniem starterów.

Publikacje: 3520/A

Środowiskowe Laboratorium Magnetycznego Rezonansu Jądrowego

Zgodnie ze swymi zadaniami statutowymi w Laboratorium wykonywano pomiary widm NMR dla zespołów naukowych IBB oraz 9 laboratoriów spoza instytutu. Wykorzystanie czasu pracy spektrometru 500 MHz wynosiło 60%, a spektrometru 400 MHz – 59%.

Wykorzystanie spektrometrów NMR w roku 2013:

Wykorzystanie spektrometrów NMR w roku 2013			
Kierownik projektu	Instytucja	Czas przyrządu (godz.)	
		400 MHz	500 MHz
Dr hab. Jemielity	Wydział Fizyki, UW	480	---
Prof. Salińska	IMDiK Warszawa	792	---
Prof. Albrecht	IMDiK Warszawa	144	---
Prof. Kamińska	WUM	336	---
Prof. Olma	Politechnika Łódzka	312	---
Prof. Stolarski	Wydział Fizyki, UW	---	408
Prof. Kierdaszuk	Wydział Fizyki, UW	---	48
Dr Wdowienko		336	---
Prof. Kamieńska	ICHO PAN	---	336
Prof. Poznański	IBB PAN	216	336
Prof. Bal	IBB PAN	---	312
Dr Mieczkowski	IBB PAN	---	480
tajne/poufne	Celopharma	432	480
badania własne	IBB PAN	576	1 728
nowe techniki, szkolenia		290	240
konserwacje, nalewanie ciekłego helu i azotu		170	170
awarie		1 080	720
udokumentowane wykorzystanie czasu w godzinach		5 164	5 258
udokumentowane wykorzystanie czasu w procentach		59%	60%

Środowiskowe Laboratorium Spektrometrii Mas

Zespół: prof. dr hab. Michał Dadlez, dr Magdalena Kaus-Drobek, dr Dominik Domański, dr Monika Zaręba-Kozioł, dr Krzysztof Drabikowski, mgr Jacek Olędzki, mgr Magdalena Bakun, mgr Agnieszka Fabijańska, mgr Piotr Zarębski, mgr Radosław Jaźwiec, dr Włodzimierz Tszysznicki, mgr Agnieszka Borkowska, mgr Emilia Pawłowska, mgr Agata Malinowska, mgr Janusz Dębski, mgr Michał Kistowski, mgr Aiswarya Premchandrar, mgr Aleksandra Skrajna, mgr Aleksandra Kacprzyk, mgr Anna Perzanowska, mgr Katarzyna Bucholc, mgr Magdalena Richter

Cel badania

Laboratorium prowadzi pomiary mas cząsteczek biologicznych, wykonując również zlecenia użytkowników z IBB oraz spoza Instytutu w zakresie pomiarów mas peptydów, oligonukleotydów, białek a także innych związków na przykład takich jak leki i ich metabolity.

Opis realizowanych prac

Proteomiczne zastosowania tych analiz obejmują: 1) identyfikacje białek i ich modyfikacji potranslacyjnych (publ. 4707, 4830, 4796, 4742, 4832). 2) analizy ilościowe, albo w ujęciu globalnych analiz proteomiki różnicowej (np. analiza frakcji jądrowej proteomu kory mózgowej szczura - wsp. z prof. M. Hetmanem, Univ. Louisville, USA, lub publ. 4689, 4823, 4762), albo jako analizy celowane z użyciem techniki MRM, jak na przykład monitorowanie panelu białek, markerów stanu zapalnego w badaniach własności terapeutycznych pochodnych escyny (wsp. z prof. K. Koziak, WUM, W-wa). 3. Badania struktur białkowych wspomagane przez spektrometrię mas, realizowane przez pomiary kinetyki wymiany proton-deuter i mobilności jonów. Techniki te pozwalają uzyskać informacje strukturalne dla białek trudno poddających się klasycznym metodom analizy struktury. Spośród licznych prowadzonych projektów można wymienić: mapowanie obszarów oddziaływania partnerów kompleksów białkowych kinetochoru: Mis12 (wsp. z prof. D. Gloverem, Cambridge University, UK) czy COMA (wsp. z prof. S. Harrisonem, Harvard Medical School, Boston MA, USA), agregujących białek cytoszkieletu, takich jak keratyny 8&18 (wsp. z prof. H. Herrmanem, Germ. Cancer Res. Center, Heidelberg, Niemcy). Przedmiotem tych badań mogą być też białka osadzone w błonie lipidowej, jak np. perfringolizyna (wsp. z prof. Z. Sobotą, Inst. Nenckiego).

Badania metabolomiczne prowadzone w 2013 r. dotyczyły leków immunosupresyjnych i ich metabolitów (publ. 4781), witaminy E (publ. 4831), tamoksifenu (wsp. z prof. J. Ostrowskim, Inst. Onkol. W-wa), leflunomidu (na zlecenie firmy Sandoz), farmakodynamiki przedklinicznej kilku potencjalnych nowych leków przeciwnowotworowych i przeciw chorobom neurodegeneracyjnym (CELON Pharma), analizy czystości leków (Nobilus Ent).

Opis najważniejszych osiągnięć

1. Interaktomika kompleksów białkowych U7 snRNP (4707, 4830), CLN3 (4762)
2. fosfoproteomika białek: PLK4 (4832), HopQ1 (4742), SGT1 (4796)
3. własności strukturalne: dimery receptora RAGE (4821), keratyny 8&18, perfringolizyna, kompleksy białkowe kinetochoru.

Wykorzystanie uzyskanych wyników

Wyniki zostaną wykorzystane w publikacjach

Publikacje: 4689, 4707, 4742, 4762, 4781, 4796, 4813, 4823, 4830, 4831, 4832

Pracownia Mikroskopii Konfokalnej i Fluorescencyjnej

Zespół: dr Małgorzata Lichocka, dr Anna Anielska-Mazur

W okresie sprawozdawczym 01.01.13 – 31.12.13, 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 Nikon TE2000 C1 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 223 godz. do samodzielnej pracy przez użytkowników, którzy przeszli szkolenie z obsługi mikroskopu fluorescencyjnego.

Przeprowadzono szkolenie w trybie indywidualnym kolejnych 9 osób.

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

Mikroskop konfokalny Nikon C1 wykorzystano w wymiarze 345 godz. przez samodzielnych użytkowników po szkoleniu, w ramach usług mikroskopowych PMKiF dla pracowników IBB oraz jednostek zewnętrznych a także w ramach własnych badań związanych z realizacją projektu.

Jednostki zewnętrzne korzystające z usług Pracowni:

1. Instytut Ogródnictwa Zakład Genetyki, Hodowli i Biotechnologii Roślin Warzywnych w Skierniewicach.
2. Instytut Biotechnologii i Antybiotyków w Warszawie
3. Polska Akademia Nauk Ogród Botaniczny –librusl CZRB w Powsinie

Prowadzono nadzór nad stanem technicznym mikroskopów i innego wyposażenia w PMKiF w celu nieprzerwanej funkcjonalności powierzonej pracowni. Część bieżącej konserwacji sprzętu mikroskopowego i komputerowego wykonywałam samodzielnie. Część napraw usterek eksploatacyjnych zlecono serwisowi PRECOPTIC, na podstawie zawartej umowy serwisowej.

Projekt:

Od 26.02.2013 realizacja projektu **2012/05/B/NZ9/00984** finansowanego przez NCN.

„Wielkość nasion rzodkiewnika pospolitego (*Arabidopsis thaliana*) jest regulowana poziomem ekspresji aneksyny 5 - analiza mechanizmu działania AnnAt5 w trakcie rozwoju nasion”.

Kierownik projektu: Małgorzata Lichocka

Publikacje: 4742, 4796

Lista publikacji za rok 2013

II

ARTYKUŁY 2013

4702

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

Structures of an active-site mutant of a plant 1,3- β -glucanase in complex with oligosaccharide products of hydrolysis.

Acta Crystallographica Section D Biological Crystallography (2013) 69(Pt 1): 52-62

IF 14.103

4703

JÓŹWIAK A., PLEŚ M., SKORUPIŃSKA-TUDEK K., KANIA M., DYDAK M.,
DANIKIEWICZ W., ŚWIEŻEWSKA E.

Sugar availability modulates polyisoprenoid and phytosterol profiles in *Arabidopsis thaliana* hairy root culture.

Biochimica et Biophysica Acta - Molecular and Cell Biology of Lipids (2013) 1831(2):

438-447

IF 4.135

4704

NAGAJ J., STOKOWA-SOŁTYS K., ZAWISZA I., JEŻOWSKA-BOJCZUK M., BONNA
A., BAL W.

Selective control of Cu(II) complex stability in histidine peptides by β -alanine.

Journal of Inorganic Biochemistry (2013) 119: 85-89

IF 3.197

4705

MACIEJEWSKA A.M., POZNAŃSKI J., KACZMARSKA Z., KROWISZ B.,
NIEMINUSZCZY J., POLKOWSKA-NOWAKOWSKA A., GRZESIUŁ E., KUŚMIEREK
J.T.

AlkB dioxygenase preferentially repairs protonated substrates: specificity against exocyclic adducts and molecular mechanism of action.

Journal of Biological Chemistry (2013) 288(1): 432-41

IF 4.651

4706

CAL M., JAREMKO M., JAREMKO Ł., STEFANOWICZ P.

Solid phase synthesis of peptide hydroxamic acids on poly(ethylene glycol)-based support.

Journal of Peptide Science (2013) 19(1): 9-15

IF 2.071

4707

YANG X.-C., SABATH I., DĘBSKI J., KAUS-DROBEK M., DADLEZ M., MARZLUFF
W.F., DOMIŃSKI Z.

A complex containing the CPSF73 endonuclease and other polyadenylation factors associates with U7 snRNP and is recruited to histone pre-mRNA for 3' end processing.

Molecular and Cellular Biology (2013) 33(1): 28-37

IF 5.372

4708

SURMACZ L., ŚWIEŻEWSKA E.

What we do and do not know about the cellular functions of polyisoprenoids.

Chapter 21 in: **Isoprenoid Synthesis in Plants and Microorganisms**

New Concepts and Experimental Approaches (p.505) / Eds. Bach, Thomas J., Rohmer

Michel; Springer Science New York 2013, p.307-313, ISBN 978-1-4614-4063-5

4709

WOJCIECHOWSKI M., CZAPIŃSKA H., BOCHTLER M.

CpG underrepresentation and the bacterial CpG-specific DNA methyltransferase M.MpeI.

PNAS-Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America

(2013) 110(1): 105–110

IF 9.737

4710

POZNAŃSKI J., SZCZĘSNY P., RUSZCZYŃSKA K., ZIELENKIEWICZ P., PĄCZEK L.

Proteins contribute insignificantly to the intrinsic buffering capacity of yeast cytoplasm.

Biochemical and Biophysical Research Communicatiuons (2013) 430(2): 741-744

IF 2.406

4711

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

Human mitochondrial RNA decay mediated by PNPase-hSuv3 complex takes place in distinct foci.

Nucleic Acids Research (2013) 41(2): 1223-1240

IF 8.278

4712

KAMIŃSKA-TRELA K., WÓJCIK J.

Applications of spin-spin couplings.

Nuclear Magnetic Resonance (572p.) (2013) 42: 181-229

4713

SZCZEPANKOWSKA A.K., GÓRECKI R.K., KOŁAKOWSKI P., BARDOWSKI J.K.

Lactic acid bacteria resistance to bacteriophage and prevention techniques to lower phage contamination in dairy fermentation.

Chapter 2 in: **Lactic Acid Bacteria - R & D for Food, Health and Livestock Purposes.**

(p.658) Book edited by Marcelino Kongo, ISBN 978-953-51-0955-6; Published: January

2013; p.23-72

4714

ALEKSANDRZAK-PIEKARCZYK T.

Lactose and β -glucosides metabolism and its regulation in *Lactococcus lactis*: A review.

Chapter 20 in: **Lactic Acid Bacteria - R & D for Food, Health and Livestock Purposes.**

(p.658) Book edited by Marcelino Kongo, ISBN 978-953-51-0955-6; Published: January

2013; p.468-486

4715

SIKORA A., BŁASZCZYK M. JURKOWSKI M., ZIELENKIEWICZ U.

Lactic acid bacteria in hydrogen-producing consortia: on purpose or by coincidence?

Chapter 21 in: **Lactic Acid Bacteria - R & D for Food, Health and Livestock Purposes.**

(p.658) Book edited by Marcelino Kongo, ISBN 978-953-51-0955-6; Published: January 2013; p.488-514

4716

MIECZAN T., GÓRNIAK D., ŚWIĄTECKI A., ZDANOWSKI M., TARKOWSKA-KUKURYK M., ADAMCZUK M.

The distribution of ciliates on Ecology Glacier (King George Island, Antarctica): relationships between species assemblages and environmental parameters.

Polar Biology (2013) 36(2): 249-258

IF 1.622

4717

KUCHARCZYK R., GIRAUD M.-F., BRÈTHES D., WYSOCKA-KAPCIŃSKA M., EZKURDIA N., SALIN B., VELOURS J., CAMOUGRAND N., HARAUX F., DI RAGO J.-P.

Defining the pathogenesis of human mtDNA mutations using a yeast model: The case of T8851C.

The International Journal of Biochemistry & Cell Biology (2013) 45(1): 130–140

IF 4.152

4718

CAL M., JAREMKO M., JAREMKO Ł., STEFANOWICZ P.

One-pot efficient synthesis of N^α-urethane-protected β- and γ-amino acids.

Amino Acids (2013) 44: 1085-1091

IF 3.914

4719

ALEKSANDRZAK-PIEKARCZYK T., KOWALCZYK M., BARDOWSKI J.K.

Bacteriocins - alternatives to antibiotics.

Chapter in: **Biotechnology and Animal Food Quality, Part III, Biotechnology and Quality of Animal Products**, (p.160) Peter Chrenek et al., Slovak University of Agriculture in Nitra, Animal Production Research Centre Nitra, Nitra 2013, ISBN 978-80-552-0965-4, p. 99-108

4720

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

Alien invertebrates transported accidentally to the Polish Antarctic Station in cargo and on fresh foods.

Polish Polar Research (2013) 34(1): 55-66

IF 0.745

4721

TRAPANI L., SEGATTO M., JÓŹWIAK A., ŚWIEŻEWSKA E., PALLOTTINI V.

HMG CoA reductase inhibition by Simvastatin gets rat β-Myosin heavy chain disappeared: A statin paradox.

Open Journal of Molecular and Integrative Physiology (2013) 3: 1-5

4722

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

Impact of calcium binding and thionylation of S100A1 protein on Its nuclear magnetic resonance-derived structure and backbone dynamics.

Biochemistry (2013) 52(7): 1149-1159

IF 3.377

4723

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

Pygoscelid penguins breeding distribution and population trends at Lions Rump rookery, King George Island.

Polish Polar Research (2012) 34(1): 87-99

IF 0.745

4724

ARCHACKI R., BUSZEWICZ D., SARNOWSKI T.J., SARNOWSKA E., ROLICKA A.T., TOHGE T., FERNIE A.R., JIKUMARU Y., KOTLIŃSKI M., IWANICKA-NOWICKA R., KALISIAK K., PATRYN J., HALIBART-PUZIO J., KAMIYA Y., DAVIS S.J., KOBLOWSKA M., JERZMANOWSKI A.J.

BRAHMA ATPase of the SWI/SNF chromatin remodeling complex acts as a positive regulator of gibberellin - mediated responses in *Arabidopsis*.

PLOS ONE (2013) 8(3): e58588 (12 p.)

IF 3.730

4725

JAREMKO M., JAREMKO Ł., KIM H.-Y. CHO M.-K., SCHWIETERS CH. D., GILLER K., BECKER S., ZWECKSTETTER M.

Cold denaturation of a protein dimer monitored at atomic resolution.

Nature Chemical Biology (2013) 9(4): 264-270

IF 12.948

4726

DMOWSKI M., JAGURA-BURDZY G.

Active stable maintenance functions in low copy-number plasmids of Gram-positive bacteria. I. Partition systems

Polish Journal of Microbiology (2013) 62(1): 3-16

IF 0.768

4727

DMOWSKI M., JAGURA-BURDZY G.

Active stable maintenance functions in low copy-number plasmids of Gram-positive bacteria. II. Post-segregational killing systems.

Polish Journal of Microbiology (2013) 62(1): 17-22

IF 0.768

4728

ZDANOWSKI M., ŻMUDA-BARANOWSKA M., BORSUK P., ŚWIĄTECKI A.,
GÓRNIAK D., WOLICKA D., JANKOWSKA K.M., GRZESIAK J.
Culturable bacteria community development in postglacial soils of Ecology Glacier, King
George Island, Antarctica.

Polar Biology (2013) 36(4): 511-527

IF 2.006

4729

KOTYNIA A., CZYŻNIKOWSKA Ż., CEBRAT M., JAREMKO Ł., GŁADYSZ O.,
JAREMKO M., MARCINIAK A., BRASUŃ J.

The role of hydroxyl group of tyrosine in copper(II) binding by His-analogs of oxytocin.

Inorganica Chimica Acta (2013) 396(24): 40–48

IF 1.687

4730

ALVAREZ-MARTIN P., ŻYCKA-KRZESIŃSKA J., BARDOWSKI J.K., MAYO B.

Sequence analysis of plasmid pSP02 from *Bifidobacterium longum* M62 and construction of
pSP02-derived cloning vectors.

Plasmid (2013) 69(2): 119-126

IF 1.276

4731

BOGDANOWICZ W., PILOT M., GAJEWSKA MARTA, SUCHECKA E.,
GOLACHOWSKI M.

Genetic diversity in a moulting colony of southern elephant seals in comparison with breeding
colonies.

Marine Ecology Progress Series (2013) 478: 287-300

IF 2.546

4732

SZCZĘSNY R.J., HEJNOWICZ M.S., STECZKIEWICZ K., MUSZEWSKA A.,
BOROWSKI Ł.S., GINALSKI K., DZIEMBOWSKI A.

Identification of a novel human mitochondrial endo-/exonuclease Ddk1/c20orf72 necessary
for maintenance of proper 7S DNA levels.

Nucleic Acids Research (2013) 41(5): 3144-3161

IF 8.278

4733

SZEWIŃSKA J., PRABUCKA B., KRAWCZYK M., MIELECKI M., BIELAWSKI W.

The participation of phytocystatin TrcC-4 in the activity regulation of EP8, the main prolamin
degrading cysteine endopeptidase in triticale seeds.

Plant Growth Regulation (2013) 69(2): 131-137

IF 1.670

4734

KAMYSZ E., KOTYNIA A., CZYŻNIKOWSKA Ż., JAREMKO M., JAREMKO Ł.,
NOWAKOWSKI M., BRASUŃ J.

Sialorphan and its analog as ligands for copper(II) ions.

Polyhedron (2013) 55: 216-224

IF 1.813

4735

ADAMCZYK Z., KUJDA M., NATTICH-RAK M., LUDWICZAK M., JAGURA-BURDZY G., ADAMCZYK M.A.

Revealing properties of the KfrA plasmid protein *via* combined DLS, AFM and electrokinetic measurements.

Colloids and Surfaces B: Biointerfaces (2013) 103: 635–641

IF 3.554

4736

BOGUTA M.

Maf1, a general negative regulator of RNA polymerase III in yeast.

Biochimica et Biophysica Acta - Gene Regulatory Mechanisms (2013) 1829 (3–4): 376–384

IF 5.456

4737

DRAŹKOWSKA K., TOMECKI R., STODUŚ K., KOWALSKA K., CZARNOCKI-CIECIURA M., DZIEMBOWSKI A.

The RNA exosome complex central channel controls both exonuclease and endonuclease Dis3 activities *in vivo* and *in vitro*.

Nucleic Acids Research (2013) 41(6): 3845-58

IF 8.278

4738

RAWA K., CHELMECKA-HANUSIEWICZ L., PŁOCHOCKA D., PAWINSKA-WASIKOWSKA K., BALWIERZ W., BURZYŃSKA B.

Characterization of a novel mutation in the NADH-cytochrome b5 reductase gene responsible for rare hereditary methaemoglobinaemia type I.

Acta Haematologica (2013) 130(2): 122-125

IF 0.894

4739

GUZEK D., GŁĄBSKA D., POGORZELSKI G., KOZAŃ K., PIETRAS J., KONARSKA M., SAKOWSKA A., GŁĄBSKI K., POGORZELSKA E., BARSZCZEWSKI J., WIERZBICKA A.

Variation of meat quality parameters due to conformation and fat class in Limousin bulls slaughtered at 25 to 27 months of age.

Asian-Australasian Journal of Animal Sciences (2013) 26(5): 716-722

IF 0.643

4740

PAWŁOWSKI P.H., KACZANOWSKI S., ZIELENKIEWICZ P.

A kinetic model of the evolution of a protein interaction network.

BMC Genomics (2013) 14: 172 (27 p.)

IF 4.397

4741

GŁADKI A., KACZANOWSKI S., SZCZĘSNY P., ZIELENKIEWICZ P.

The evolutionary rate of antibacterial drug targets.

BMC Bioinformatics (2013) 14: 36 (10 p./electronic only)

IF 3.024

4742

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^{1[C][W][OA]}.

Plant Physiology (2013) 161(4): 2049-2061

IF 6.555

4743

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 a drought-tolerant potato.

Plant Biotechnology Journal (2013) 11(4): 459-469

IF 6.279

4744

WAWRZYŃSKA A.K., KURZYK A., MIERZWIŃSKA M., PŁOCHOCKA D., WIECZOREK G., SIRKO A.

Direct targeting of Arabidopsis cysteine synthase complexes with synthetic polypeptides to selectively deregulate cysteine synthesis.

Plant Science (2013) 207: 148-157

IF 2.922

4745

DZIEWIT Ł., CEGIELSKI A., ROMANIUK K., UHRYNOWSKI W., SZYCH A., NIESIOBEDZKI P., ŻMUDA-BARANOWSKA M., ZDANOWSKI M., BARTOSIK D.

Plasmid diversity in arctic strains of *Psychrobacter* spp.

Extremophiles (2013) 17(3): 433-444

IF 2.203

4746

SZCZĘŚNY P., MYKOWIECKA A., PAWŁOWSKI K., GRYNBERG M.

Distinct protein classes in human red cell proteome revealed by similarity of phylogenetic profiles.

PLOS ONE (2013) 8(1): e54471 (8 p.)

IF 3.730

4747

LENART A., DUDKIEWICZ M., GRYNBERG M., PAWŁOWSKI K.

CLCAs - a family of metalloproteases of intriguing phylogenetic distribution and with cases of substituted catalytic sites.

PLOS ONE (2013) 8(5): e62272 (12 p.)

IF 3.730

4748

KRUSZEWSKA J.S., PIŁSYK S.

Altering the fungal cell wall integrity and practical aspects of these modifications.

Chapter in: **The Fungal Cell Wall** / Ed. Hector Manuel Mora-Montes

Nova Science Publishers, Inc. 2013, p.308

ISBN 978-1-62618-229-5, p.275-287

4749

DREWNIAK Ł., DZIEWIT Ł., CIEŻKOWSKA M., GAWOR J., GROMADKA R.,
SKŁODOWSKA A.

Structural and functional genomics of plasmid pSinA of *Sinorhizobium* sp. M14 encoding genes for the arsenite oxidation and arsenic resistance.

Journal of Biotechnology (2013) 164(4): 479-88

IF 3.183

4750

POPOVIC D., PANAGIOTOPOULOU H., KLESZCZ M., BACA M., RUTKOWSKI R.,
HEESE T., WĘGLEŃSKI P., STANKOVIC A.

Restitution of vimba (*Vimba vimba*, Cyprinidae) in Poland: genetic variability of existing and restored populations.

Ichthyological Research (2013) 60(2): 149-158

IF 0.895

4751

MIECZAN T., GÓRNIAK D., ŚWIĄTECKI A., ZDANOWSKI M., TARKOWSKA-
KUKURYK M., ADAMCZUK M.

Vertical microzonation of ciliates in cryoconite holes in Ecology Glacier, King George Island.

Polish Polar Research (2013) 34(2): 201-212

IF 0.745

4752

SZCZĘSNY R.J., WÓJCIK M.A., BOROWSKI Ł.S., SZEWCZYK M.J., SKROK M.M.,
GOLIK P., STĘPIEŃ P.P.

Yeast and human mitochondrial helicases.

Biochimica et Biophysica Acta (BBA) - Gene Regulatory Mechanisms (2013) 1829(8):
842-53

IF 5.456

4753

SOBIEŚCIAK T.D., ZIELENKIEWICZ P.

Non-specific clustering of histidine tagged green fluorescent protein mediated by surface interactions: the collective effect in the protein-adsorption behaviour.

RSC Advances (2013) 3: 1049-10486

IF 2.562

4754

BRZOZOWSKA I., ZIELENKIEWICZ U.

Regulation of toxin-antitoxin systems by proteolysis.

Plasmid (2013) 70(1): 33-41

IF 1.276

4755

GASIK Z., SHUGAR D., ANTOSIEWICZ J.M.

Resolving differences in substrate specificities between human and parasite phosphoribosyltransferases via analysis of functional groups of substrates and receptors.

Current Pharmaceutical Design (2013) 19(23): 4226-40

IF 3.311

4756

JÓŹWIAK A., BRZOZOWSKI R., BUJNOWSKI Z., CHOJNACKI T., ŚWIEŻEWSKA E.

Application of supercritical CO₂ for extraction of polyisoprenoid alcohols and their esters from plant tissues.

Journal of Lipid Research (2013) 54(7): 2023-2028

IF 4.386

4757

ALIES B., RENAGLIA E., RÓZGA M., BAL W., FALLER P., HUREAU CH.

Cu(II) affinity for the Alzheimer's peptide: tyrosine fluorescence studies revisited.

Analytical Chemistry (2013) 85(3): 1501-1508

IF 5.695

4758

ARIANI H.H.N., POLKOWSKA-NOWAKOWSKA A., BAL J.

Effect of D-amino acid substitutions on Ni(II)-assisted peptide bond hydrolysis.

Inorganic Chemistry (2013) 52(5): 2422-2431

IF 4.593

4759

KENCHE V.B., ZAWISZA I., MASTERS C.L., BAL W., BARNHAM K.J., DREW S.C.

Mixed ligand Cu²⁺ complexes of a model therapeutic with Alzheimer's amyloid- β peptide and monoamine neurotransmitters.

Inorganic Chemistry (2013) 52(8): 4303-4318

IF 4.593

4760

JAROCKI P., PODLEŚNY M., PAWELEC J., MALINOWSKA A., KOWALCZYK S., TARGOŃSKI Z.

Spontaneous release of bacteriophage particles by *Lactobacillus rhamnosus* pen.

Journal of Microbiology and Biotechnology (2013) 23(3): 357-363

IF 1.399

4761

MIELECKI M., WOJTASIK J., ZBOROWSKA M., KURZAŃKOWSKA K., GRZELAK K., DEHAEN W., RADECKI J., RADECKA H.

Oriented immobilization of His-tagged kinase RIO1 protein on redox active N-(IDA-like)-Cu(II) monolayer deposited on gold electrode The base of electrochemical biosensor.

Electrochimica Acta (2013) 96: 147-154

IF 3.777

4762

SCIFO E., SZWAJDA A., DĘBSKI J., UUSI-RAUVA K., KESTI T., DADLEZ M., GINGRAS A.C., TYYNELÄ J., BAUMAN M.H., JALANKO A., LALOWSKI M.
Drafting the CLN3 protein interactome in SH-SY5Y human neuroblastoma cells: a label-free quantitative proteomics approach.

Journal of Proteome Research (2013) 12(5): 2101-2115

IF 5.056

4763

KAMIEŃSKA-TRELA K., WÓJCIK J.

Application of ^{13}C - ^{13}C spin-spin couplings in structural studies on organic compounds.

Chapter in: **High Resolution NMR Spectroscopy: Understanding Molecules and their Electronic Structures**, 1st Edition, Vol. 3 /Elsevier, Editor : R Contreras; ISBN:

9780444594112

Pages: 456; [pp.347-424]

4764

TOMCZYK-ŻAK K., KACZANOWSKI S., DREWNIĄK Ł., DMOCH Ł., SKŁODOWSKA A., ZIELENKIEWICZ U.

Bacteria diversity and arsenic mobilization in rock biofilm from an ancient gold and arsenic mine.

Science of the Total Environment (2013) vol. 461–462: 330–340

IF 3.258

4765

CENA A., SKONECZNY M., CHEŁSTOWSKA A., KOWALEC P., NATORFF R. KURLANDZKA A.

Cohesin Irr1/Scc3 is likely to influence transcription in *Saccharomyces cerevisiae* via interaction with Mediator complex.

Acta Biochimica Polonica (2013) 60(2): 233-238

IF 1.185

4766

PAWŁOWSKI P.H., ZIELENKIEWICZ P.

Theoretical model explaining the relationship between the molecular mass and the activation energy of the enzyme revealed by a large-scale analysis of bioinformatics data.

Acta Biochimica Polonica (2013) 60(2): 239-247

IF 1.185

4767

LUDWICZAK M., DOŁOWY P., MARKOWSKA A., SZARLAK J., KULIŃSKA A., JAGURA-BURDZY G.

Global transcriptional regulator KorC coordinates expression of three backbone modules of the broad-host-range RA3 plasmid from IncU incompatibility group.

Plasmid (2013) 70(1): 131-145

IF 1.276

4768

STANEK J., NOWAKOWSKI M., SAXENA S., RUSZCZYŃSKA-BARTNIK K.,
EJCHART A., KOŹMIŃSKI W.

Selective diagonal-free ^{13}C , ^{13}C -edited aliphatic-aromatic NOESY experiment with non-uniform sampling.

Journal of Biomolecular NMR (2013) 56(3): 217-226

IF 2.845

4769

TOCZYŁOWSKA B., JAMROZIK Z., LIEBERT A., KWIECIŃSKI H.

NMR-based metabonomics of cerebrospinal fluid applied to amyotrophic lateral sclerosis.

Biocybernetics and Biomedical Engineering (2013) 33(1): 21-32

IF 0.208

4770

MIELECKI M., KRAWIEC K., KIBURU I., GRZELAK K., ZAGÓRSKI-OSTOJA W.,
KIERDASZUK B., KOWA K., FOKT I., SZYMAŃSKI S., ŚWIERK P., SZEJA W.,
PRIEBE W., LESYNG B., LA RONDE-LeBLANC N.

Development of novel molecular probes of the Rio1 atypical protein kinase.

Biochimica et Biophysica Acta - Proteins and Proteomics (2013) 1834: 1292-1301

IF 3.733

4771

O'BRIEN C.J., PELOQUIN J.A., VOGT M., HEINLE M., GRUBER N., AJANI P.,
ANDRULEIT H., ARISTEGUI J., BEAUFORT L., ESTRADA M., KARENTZ D.,
KOPCZYŃSKA E., LEE R., POULTON A.J., PRITCHARD T., WIDDICOMBIE C.
Global marine plankton functional type biomass distributions: coccolithophores.

Earth System Science Data (2013) 5: 259-276

IF –

4772

CHARZEWSKA A., NAWARA M., JAKUBIUK-TOMASZUK A., OBERSZTYN E.,
HOFFMAN-ZACHARSKA D., ELERT E., JUREK M. BARTNIK M., POZNAŃSKI J.,
BAL J.

Expanding the phenotype associated with missense mutations of the *ARX* gene.

American Journal of Medical Genetics Part A (2013) 161A: 1813-1816

IF 2.304

4773

POZNAŃSKI J., SHUGAR D.

Halogen bonding at the ATP binding site of protein kinases: Preferred geometry and topology of ligand binding.

Biochimica et Biophysica Acta - Proteins and Proteomics (2013) 1834(7): 1381-1386

IF 3.733

4774

NASKALSKA A., SZOŁAJSKA E., ANDREEV I., PODSIADŁA M., CHROBOCZEK J.

Towards a novel influenza vaccine: engineering of hemagglutinin on a platform of adenovirus dodecahedron.

BMC Biotechnology (2013) 13: 50 (9 p.)

IF 2.165

4775

ZIENKIEWICZ M., KERN-ZDANOWICZ I., CARATTOLI A., GNIADKOWSKI M., CEGŁOWSKI P.

Tandem multiplication of the IS26-flanked amplicon with the *bla*_{SHV-5} gene within plasmid p1658/97.

FEMS Microbiology Letters (2013) 341(1): 27-36

IF 2.049

4776

PAWŁOWSKI P.H., ZIELENKIEWICZ P.

The quantum casimir effect may be a universal force organizing the bilayer structure of the cell membrane.

Journal of Membrane Biology (2013) 246(5): 383-389

IF 2.478

4777

MORAWIEC E., WICHTOWSKA D., GRACZYK D., CONESA CH., LEFEBVRE O., BOGUTA M.

Maf1, repressor of tRNA transcription, is involved in the control of gluconeogenic genes in *Saccharomyces cerevisiae*.

Gene (2013) 526(1): 16-22

IF 2.196

4778

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

RNA decay machines: the exosome.

Biochimica et Biophysica Acta-Gene Regulatory Mechanisms (2013) 1829(6–7): 552–560

IF 5.456

4779

ROŻEK W., KWAŚNIK M., DĘBSKI J., ŻMUDZIŃSKI J.F.

Mass spectrometry identification of granins and other proteins secreted by neuroblastoma cells.

Tumor Biology (2013) 34(3): 1773-1781

IF 2.518

4780

GYENIS L., KUŚ A., BRETNER M., LITCHFIELD D.W.

Functional proteomics strategy for validation of protein kinase inhibitors reveals new targets for a TBB-derived inhibitor of protein kinase CK2.

Journal of Proteomics (2013) 81: 70–79

IF 4.088

4781

TSZYRSZNIC W., BOROWIEC A., PAWŁOWSKA E., JAWIEC R., ŻOCHOWSKA D., BARTŁOMIEJCZYK I., ZEGARSKA J., PĄCZEK L., DADLEZ M.

Two rapid ultra performance liquid chromatography/tandem mass spectrometry (UPLC/MS/MS) methods with common sample pretreatment for therapeutic drug monitoring of immunosuppressants compared to immunoassay.

Journal of Chromatography B (2013) 928: 9–15

IF 2.487

4782

GOLEC P., KARCZEWSKA-GOLEC J., VOIGT B., ALBRECHT D., SCHWEDER T., HECKER M., WĘGRZYN G., ŁOŚ M.

Proteomic profiles and kinetics of development of bacteriophage T4 and its rI and rIII mutants in slowly growing *Escherichia coli*.

Journal of General Virology (2013) 94: 896–905

IF 3.127

4783

JARGIŁO A., GRABOWSKA I., RADECKA H., SULIMA M., MARSZAŁEK I., WYSŁOUCH-CIESZYŃSKA A., DEHAEN W., RADECKI J.

Redox active dipyrromethene-Cu(II) monolayer for oriented immobilization of his-tagged RAGE domains – the base of electrochemical biosensor for determination of A β _{16–23}?

Electroanalysis (2013) 25(5): 1185–1193

IF 2.817

4784

WAWRO A.M., WIELECHOWSKA M., BRETNER M.

Synthesis of new optically pure tetrabromobenzotriazole derivatives *via* lipase-catalyzed transesterification.

Journal of Molecular Catalysis B: Enzymatic (2013) 87: 44–50

IF 2.823

4785

LOZHKO D., STANEK J., KAZIMIERCZUK K., ZAWADZKA-KAZIMIERCZUK A., KOŹMIŃSKI W., ZHUKOV I., KORNELYUK A.I.

¹H, ¹³C, and ¹⁵N chemical shifts assignments for human endothelial monocyte-activating polypeptide EMAP II.

Biomolecular NMR Assignments (2013) 7(1): 25–29

IF 0.636

4786

HERMAN B., GUDRUN A., POTOPALSKY A.I., CHROBOCZEK J., TCHERNIUK S.
Amitozyn impairs chromosome segregation and induces apoptosis *via* mitotic checkpoint activation.

PLOS ONE (2013) 8(3): e57461 (13 p.)

IF 3.730

4787

DZIEWIT Ł., GRZESIAK J., CIOK A., NIECKARZ M., ZDANOWSKI M., BARTOSIK D.
Sequence determination and analysis of three plasmids of *Pseudomonas* sp. GLE121, a psychrophile isolated from surface ice of Ecology Glacier (Antarctica).

Plasmid (2013) 70(2): 254–262

IF 1.276

4788

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

Structural elucidation of transmembrane transporter protein bilitranslocase: Conformational analysis of the second transmembrane region TM2 by molecular dynamics and NMR spectroscopy.

Biochimica et Biophysica Acta- Biomembranes (2013) 1828: 2609–2619

IF 3.389

4789

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

Genome sequence of the probiotic strain *Lactobacillus rhamnosus* (formerly *Lactobacillus casei*) LOCK900.

Genome Announcements (2013) 1(4): e00640-13 (2 p.)

IF –

4790

SIKORA B., FRONC K., KAMIŃSKA I., KOPER K., STĘPIEŃ P.P., ELBAUM D.
Luminescence of colloidal ZnO nanoparticles synthesized in alcohols and biological application of ZnO passivated by MgO.

Journal of Physics: Condensed Matter (2013) 25(19):194104 (8pp.) doi: 10.1088/0953-8984/25/19/194104

IF 2.355

4791

SIKORA B., FRONC K., KAMIŃSKA I., KOPER K., SZEWCZYK S., PATERCZYK B., WOJCIECHOWSKI T., SOBCZAK K., MINIKAYEV R., PASZKOWICZ W., STĘPIEŃ P.P., ELBAUM D.

Transport of NaYF₄:Er³⁺, Yb³⁺ up-converting nanoparticles into HeLa cells.

Nanotechnology (2013) 24(23): 235702 (11pp.)

doi: 10.1088/0957-4484/24/23/235702

IF 3.842

4792

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

Diaspores of the introduced species *Poa annua* L. in Soil Samples from King George Island (South Shetlands, Antarctica).

Arctic, Antarctic, and Alpine Research (2013) 45(3): 415-419

IF 1.429

4793

PROTAS A.M., ARIANI H.H.N., BONNA A., POLKOWSKA-NOWAKOWSKA A., POZNAŃSKI J., BAL W.

Sequence-specific Ni(II)-dependent peptide bond hydrolysis for protein engineering: Active sequence optimization.

Journal of Inorganic Biochemistry (2013) 127: 99-106

IF 3.197

4794

SARNOWSKA E., BALCERAK A., OLSZYNA-SEREMETA M., KOTLAREK D.,
SARNOWSKI T.J., SIEDLECKI J.A.

Kinaza białkowa aktywowana przez AMP (AMPK) jako cel terapeutyczny.

Postępy Higieny i Medycyny Doświadczalnej (2013) 67: 750-760

IF 0.552

4795

LASKOWSKI Z., JEŻEWSKI W., ZDZITOWIECKI K.

Description of a new opecoelid trematode species from nototheniid fish in the Beagle Channel (sub-Antarctica).

Journal of Parasitology (2013) 99(3): 487-489

IF 1.321

4796

HOSER R., ŻURCZAK M., LICHOCKA M., ZUZGA S., DADLEZ M., SAMUEL M.A.,
ELLIS B.E., STUTTMANN J., PARKER J.E., HENNIG J., KRZYMOWSKA M.

Nucleocytoplasmic partitioning of tobacco N receptor is modulated by SGT1.

New Phytologist (2013) 200: 158-171

IF 6.736

4797

MACIEJAK A., LESZCZYŃSKA A., WARCHOŁ I., GÓRA M., KAMIŃSKA J.,
PŁOCHOCKA D., WYSOCKA-KAPCIŃSKA M., TUŁACZ D., SIEDLECKA J.,
ŚWIEŻEWSKA E., SOJKA M., DANIKIEWICZ W., ODOLCZYK N., SZKOPIŃSKA A.,
SYGITOWICZ G., BURZYŃSKA B.

The effects of statins on the mevalonic acid pathway in recombinant yeast strains expressing human HMG-CoA reductase.

BMC Biotechnology (2013) 13: 68 (11p.)

doi:10.1186/1472-6750-13-68

IF 2.165

4798

KRÓL K., MOROZOV I.Y., JONES M.G., WYSZOMIRSKI T., WĘGLEŃSKI P.,
DZIKOWSKA A., CADDICK M.X.

RrmA regulates the stability of specific transcripts in response to both nitrogen source and oxidative stress.

Molecular Microbiology (2013) 89(5): 975–988

IF 4.961

4799

SARNOWSKA E., ROLICKA A.T., BUCIOR E., CWIEK P., TOHGE T., FERNIE A.R.,
JIKUMARU Y., KUMIYA Y., FRANZEN R., SCHMELZER E., PORRI A.,
SACHAROWSKI S., GRATKOWSKA D., ZUGAJ D., TAFF A., ZALEWSKA A.,
ARCHACKI R., DAVIS S.J., COUPLAND G., KONCZ C., JERZMANOWSKI A.J.,
SARNOWSKI T.J.

DELLA-interacting SWI3C core subunit of switch/sucrose nonfermenting chromatin remodeling complex modulates gibberellin responses and hormonal cross talk in *Arabidopsis*.

Plant Physiology (2013) 163(1) 305-317

IF 6.555

4800

SIWIAK M., ZIELENKIEWICZ P.

Transimulation - protein biosynthesis web service.

PLOS ONE (2013) 8(9): e73943 (8 p.)

IF 3.730

4801

SCHWAB R.A., NIEMINUSZCZY J., SHIN-YA K., NIEDŹWIEDŹ W.

FANCI couples replication past natural fork barriers with maintenance of chromatin structure.

Journal of Cell Biology (2013) 201(1): 33-48

IF 10.822

4802

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

An analysis of fungal propagules transported to the Henryk Arctowski Station.

Polish Polar Research (2013) 34(3): 269-278

IF 0.745

4803

SZURGOT I., SZOŁAJSKA E., LAURIN D., LAMBRECHT B., CHAPEROT L.,
SCHOEHN G., CHROBOCZEK J.

Self-adjuvanting influenza candidate vaccine presenting epitopes for cell-mediated immunity on a proteinaceous multivalent nanoplatfrom.

Vaccine (2013) 31(40) 4338-4346

IF 3.492

4804

GÓRA M., KILISZEK M., BURZYŃSKA B.

Will global transcriptome analysis allow the detection of novel prognostic markers in coronary artery disease and heart failure?

Current Genomics (2013) 14: 388-396

IF 2.475

4805

WYSOCKA-KAPCIŃSKA M., TOROCSIK B., TURIK L., TSAPRILIS G., DAVID
C.L., HUNT A., VEKEY K., ADAM-VIZI V., KUCHARCZYK R., CHINOPOULOS C.

The suppressor of AAC2 lethality SAL1 modulates sensitivity of heterologously expressed artemia ADP/ATP carrier to bongkrekate in yeast.

PLOS ONE (2013) 8(9): e74187 (11p.)

IF 3.730

4806

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

Pseudomonas putida AlkA and AlkB proteins comprise different defense systems for the repair of alkylation damage to DNA – *In Vivo*, *In Vitro*, and *In Silico* studies.

PLOS ONE (2013) 8(10): e76198 (24 p.)

IF 3.730

4807

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

Interspecific somatic hybrids *Solanum villosum* (+) *S. tuberosum*, resistant to *Phytophthora infestans*.

Journal of Plant Physiology (2013) 170(17): 1541-1548

IF 2.699

4808

HOFFMAN-ZACHARSKA D., KMIEĆ T., POZNAŃSKI J., JUREK M. BAL J.

Mutations in the *PLP1* gene residue p. Gly198 as the molecular basis of Pelizeaus-Merzbacher phenotype.

Brain & Development (2013) 35(9): 877-880

IF 1,668

4809

PROROK P., ALILI D., SAINT-PIERRE CH., GASPARUTTO D., ZHARKOV D.O., ISHCENKO A.A., TUDEK B., SAPARBAEV M.K.

Uracil in duplex DNA is a substrate for the nucleotide incision repair pathway in human cells.

PNAS - Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America (2013) 110(39): E3695-E3703

IF 9.737

4810

SHE W., GRIMANELLI D., RUTOWICZ K., WHITEHEAD M.W.J., PUZIO M., KOTLIŃSKI M., JERZMANOWSKI A.J., BAROUX C.

Chromatin reprogramming during the somatic-to-reproductive cell fate transition in plants.

Development (2013) 140(19): 4008-4019

IF 6.208

4811

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

Complete genome sequence of the probiotic strain *Lactobacillus casei* (formerly *Lactobacillus paracasei*) LOCK919.

Genome Announcements (2013) 1(5): e00758-13 (2p.)

IF –

4812

JACEWICZ A., TRZEMECKA A., GUJA K.E., PŁOCHOCKA D., YAKUBOVSKAYA E., BĘBENEK A., GARCIA-DIAZ M.

A remote palm domain residue of RB69 DNA polymerase is critical for enzyme activity and influences the conformation of the active site.

PLOS ONE (2013) 8(10): e76700 (14 p.)

IF 3.730

4813

ODOLCZYK N., FRITSCH J., NOREZ C., SERVEL N., FARIA da CUNHA M., BITAM S., KUPNIEWSKA-KOZAK A., WISZNIEWSKI L., COLAS J., TARNOWSKI K.J., TONDELIER D., ROLDAN A., SAUSSEREAU E.L., MELIN-HESCHEL P., WIECZOREK G., LUKACS G., DADLEZ M., FAURE G., HERRMANN H., OLLERO M., BECQ F., ZIELENKIEWICZ P., EDELMAN A.

Discovery of novel potent Δ F508-CFTR correctors that target the nucleotide binding domain.

EMBO Molecular Medicine (2013) 5(10): 1484-1501

IF 7.795

4814

TUŁACZ D., MACKIEWICZ U., MAĆZEWSKI M., MACIEJAK A., GÓRA M., BURZYŃSKA B.

Transcriptional profiling of left ventricle and peripheral blood mononuclear cells in a rat model of postinfarction heart failure.

BMC Medical Genomics (2013) 6:49 (14p.) doi:10.1186/1755-8794-6-49

IF 3.466

4815

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

Tobacco LSU-like protein couples sulphur-deficiency response with ethylene signalling pathway.

Journal of Experimental Botany (2013) 64(16): 5173-5182

IF 5.242

4816

STASZEWSKA A., KUROWSKA E., BAL W.

Ternary complex formation and competition quench fluorescence of ZnAF family zinc sensors.

Metallomics (2013) 5(11): 1483-90

IF 4.099

4817

OCHAL Z., BRETNER M., WOLINOWSKA R., TYSKI S.

Synthesis and *in vitro* antibacterial activity of 5-halogenomethylsulfonyl- benzimidazole and benzotriazole derivatives.

Medicinal Chemistry (2013) 9(8): 1129-36

IF 1.373

4818

WICHTOWSKA D., TUROWSKI T., BOGUTA M.

An interplay between transcription, processing, and degradation determines tRNA levels in yeast.

Wiley Interdisciplinary Reviews: RNA (2013) 4(6): 709-22.

IF 4.186

4819

ZAWISZA I., RÓZGA M., POZNAŃSKI J., BAL W.

Cu(II) complex formation by ACES buffer.

Journal of Inorganic Biochemistry (2013) 129: 58-61

IF 3.197

4820

GYENIS L., TUROWIEC J.P., 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.

Biochimica et Biophysica Acta (BBA) - Proteins and Proteomics (2013)

1834(7): 1352–1358

IF 3.733

4821

SITKIEWICZ E., TARNOWSKI K.J., POZNAŃSKI J., KULMA M., DADLEZ M.

Oligomerization interface of RAGE receptor revealed by MS-monitored hydrogen deuterium exchange.

PLOS ONE (2013) 8(10): e 76353 (16p.)

DOI: 10.1371/journal.pone.0076353

IF 3.730

4822

LUBAS M., DAMGAARD CH.K., TOMECKI R., CYSEWSKI D., JENSEN T. H.,
DZIEMBOWSKI A.

Exonuclease hDIS3L2 specifies an exosome-independent 3'-5' degradation pathway of human cytoplasmic mRNA.

EMBO Journal (2013) 32(13): 1855-68

IF 9.822

4823

KARCZMARSKI J., RUBEL T., MIKUŁA M., WOLSKI J., RUTKOWSKI R.,
ZAGOROWICZ E., DADLEZ M., OSTROWSKI M.

Pre-analytical-related variability influencing serum peptide profiles demonstrated in a mass spectrometry-based search for colorectal and prostate cancer biomarkers.

Acta Biochimica Polonica (2013) 60(3): 417-25

IF 1.185

4824

BAL G., KAMHIEH-MILZ J., STERZER V., AL-SAMMAN M., DĘBSKI J., KLEIN O.,
KAMHIEH-MILZ S., BHAKDI S., SALAMA A.

Proteomic profiling of secreted proteins for the hematopoietic support of interleukin-stimulated human umbilical vein endothelial cells.

Cell Transplantation (2013) 22(7): 1185-99

IF 4.422

4825

HOFFMAN-ZACHARSKA D., KOZIOROWSKI D., ROSS O.A., MILEWSKI M., POZNAŃSKI J., JUREK M. WSZOLEK Z.K., SOTO-ORTOLAZA A., SŁAWEK J., JANIK P., JAMROZIK Z., POTULSKA-CHROMIK A., JASIŃSKA-MYGA B., OPALA G., KRYGOWSKA-WAJS A., CZYŻEWSKI K., DICKSON D.W., BAL J., FRIEDMAN A. Novel A18T and pA29S substitutions in α -synuclein may be associated with sporadic Parkinson's disease.

Parkinsonism & Related Disorders (2013) 19: 1057-1060

IF 3.274

4826

KUJDA M., ADAMCZYK Z., JAGURA-BURDZY G., ADAMCZYK M.A.

KfrA plasmid protein monolayers on latex particles-electrokinetic.

Colloids and Surfaces B: Biointerfaces (2013) 112: 165-170

IF 3.554

4827

ŁUKASIK A., PIETRYKOWSKA H., PĄCZEK L., SZWEYKOWSKA-KULIŃSKA Z., ZIELENKIEWICZ P.

High-throughput sequencing identification of novel and conserved miRNAs in the *Brassica oleracea* leaves.

BMC Genomics (2013) 14: 801 (15 p.)

IF 4.397

4828

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

Single electrode genosensor for simultaneous determination of sequences encoding hemagglutinin and neuraminidase of avian influenza virus type H5N1.

Analytical Chemistry (2013) 85(21): 10167-10173

IF 5.695

4829

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

Electrochemical detection of avian influenza virus genotype using amino-ssDNA probe modified gold electrodes.

Electroanalysis (2013) 25(8): 1871-1878

IF 2.817

4830

SABATH I., SKRAJNA A., YANG X-C., DADLEZ M., MARZLUFF W.F., DOMIŃSKI Z.

3'-End processing of histone pre-mRNAs in *Drosophila*: U7 snRNP is associated with FLASH and polyadenylation factors.

RNA-A Publication of the RNA Society (2013) 19: 1726-1744

IF 5.088

4831

BARTOSZEWICZ Z., KONDRACKA A., JAŚWIEC R., POPOW M., DADLEZ M.,
BEDNARCZUK T.

Can we accurately measure the concentration of clinically relevant vitamin D metabolites in the circulation? The problems and their consequences.

Endokrynologia Polska (2013) 64(3): 238-45

IF 1.070

4832

CUNHA-FERREIRA I. BENTO I., PIMENTA-MARQUES A., JANA S. CH., LINCE-FARIA M., DUARTE P., BORREGO-PINTO J., GILBERTO S., AMADO T., BRITO D., RODRIGUES-MARTINS A., DĘBSKI J., DZHINDZHEV N., BETTENCOURT-DIAS M.
Regulation of autophosphorylation controls PLK4 self-destruction and centriole number.

Current Biology (2013) 23: 2245-2254

IF 9.494

4833

NAGAJ J., STOKOWA-SOŁTYS K., KUROWSKA E., FRĄCZYK T., JEŻOWSKA-BOJCZUK M., BAL W.

Revised coordination model and stability constants of Cu(II) complexes of Tris buffer.

Inorganic Chemistry (2013) 52(24): 13927-13933

IF 4.593

4834

BAL W., SOKOŁOWSKA M., KUROWSKA E., FALLER P.

Binding of transition metal ions to albumin: Sites, affinities and rates.

Biochimica et Biophysica Acta - General Subjects (2013) 1830(12): 5444-5455

IF 3.848

4835

KASPRZAK K.S., BAL W.

Nickel Carcinogenesis.

Chapter in: **Encyclopedia of Metalloproteins** (p.2574) Ed. Robert H. Kretsinger, Vladimir N. Uversky, Eugene A. Permyakov, Springer 2012, p. 1477-1485, ISBN 978-1-4614-1532-9

4836

LARMONIER C.B. LAUBITZ D., HILL F.M., SHEHAB K.W., LIPINSKI L., MIDURA-KIELA M., McFADDEN R.M., RAMALINGAM R., HASSAN K.A., GOŁĘBIEWSKI M., BESSELSSEN D.G., GHISHAN F.K., KIELA P.R.

Reduced colonic microbial diversity is associated with colitis in NHE3-deficient mice.

American Journal of Physiology - Gastrointestinal and Liver Physiology (2013) 305(10): G667-G677

IF 3.649

4837

ORŁOWSKA K.P., KŁOSOWSKA K., SZCZĘSNY R.J., CYSEWSKI D., KRAWCZYK P., DZIEMBOWSKI A.

A new strategy for gene targeting and functional proteomics using the DT40 cell line.

Nucleic Acids Research (2013) 41(17): e167 (13p.)

IF 8.278

4838

MROCZEK S., DZIEMBOWSKI A.

U6 RNA biogenesis and disease association.

Wiley Interdisciplinary Reviews: RNA (2013) 4(5): 581-592

IF 4.186

4839

JANUSZ A., MIŁEK J., PERYCZ M., PACINI L., BAGNI C., KACZMAREK L.,

DZIEMBOWSKA M.

The Fragile X mental retardation protein regulates Matrix Metalloproteinase 9 mRNA at synapses.

The Journal of Neuroscience (2013) 33(46): 18234-18241

IF 6.908

ABSTRAKTY 2013

3376/A

KUPNIEWSKA-KOZAK A., BONNA A., FRĄCZYK T., BITAM S., PRANKE I.,
TARNOWSKI K.J., ROLDAN A., LUKACS G., DADLEZ M., EDELMAN A.
Interaction between Keratin 8 and Cystic Fibrosis Transmembrane Regulator (CFTR):
Structural Studies.

European Cystic Fibrosis Society, New Frontiers in Basic Science of Cystic Fibrosis, Malaga,
Spain, 20-23 March 2013

Conference Programme & Abstract Book p.93

3377/A

ŻOCHOWSKA M., PIGUET A.-M., JEMIELITY J., KOWALSKA J., SZOŁAJSKA E.,
DUFOUR J.F., CHROBOCZEK J.

Novel treatment of hepatocellular carcinoma (HCC).

1st Symposium of the Cancer, Lyon, France 13th-15th February 2013

Program Abstract Book P02-044 p.93

3378/A

ALEKSANDRZAK-PIEKARCZYK T., KOWALCZYK M., BARDOWSKI J.K.

Wpływ drobnoustrojów na bezpieczeństwo i jakość żywności.

Doskonalenie systemu zarządzania bezpieczeństwem żywności-5. Konferencja pod
patronatem Pana Stanisława Kalemby Ministra Rolnictwa i Rozwoju Wsi, Zakopane 14-16
kwietnia 2013

Materiały konferencyjne str. 63-67

3379/A

MAJEWSKA E., GRABOWSKA-JADACH I., BONNA A.

Synteza i zbadanie aktywności biologicznej cyklicznego peptydu.

ChemSession'13, X Warszawskie Seminarium Doktorantów Chemików, Warszawa, 17 maja
2013

Streszczenia str.147

3380/A

WILOCH M.Z., WAWRZYNIAK U.E., BONNA A., WRÓBLEWSKI W., BAL W.

Badania oddziaływań peptydów typu ATCUN i β -amyloidu z jonami miedzi na różnych
stopniach utlenienia.

ChemSession'13, X Warszawskie Seminarium Doktorantów Chemików, Warszawa, 17 maja
2013

Streszczenia str.226

3381/A

BRZYWCZY J., SIEŃKO M., NATORFF R. SKONECZNY M., KRUSZEWSKA J.S.,
PASZEWSKI A.

Sulfur metabolism regulatory mutations induce environmental stress response.

27th Fungal Genetics Conference, Asilomar Conference Grounds, Pacific Grove, USA, 12-17
March 2013

Abstracts p.209

3382/A

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

Elevation of FPP synthase activity in *Trichoderma atroviride* results in higher biocontrol abilities.

27th Fungal Genetics Conference, Asilomar Conference Grounds, Pacific Grove, USA, 12-17 March 2013

Abstracts p.259

3383/A

PIŁSYK S., GAWIŃSKA-URBANOWICZ H., NATORFF R. SIEŃKO M., KRUSZEWSKA J.S.

Functional and molecular analysis of AstA sulfate transporter in pathogenic *Fusarium sambucinum* with respect to its virulence and ability to infect potato.

27th Fungal Genetics Conference, Asilomar Conference Grounds, Pacific Grove, USA, 12-17 March 2013

Abstracts p.254

3384/A

KALISZEWSKA M., PIOTROWSKA A., LUTYK D., FERGIN A., PIKALSKI R., PAULOUSKAYA V., SABAT D., BARTNIK E., TOŃSKA K.

Zaburzenia replikacji ludzkiego mitochondrialnego DNA - przyczyny i skutki.

I Studencka Konferencja Biologii Medycznej, Warszawa 24-26 maja 2013

Książka abstraktów s.38

3385/A

KODROŃ A., KULICKA A., KARWOWSKA K., SENATOR D., STASZCZAK Z., TOŃSKA K., BARTNIK E.

Czy choroby mają płęć?

I Studencka Konferencja Biologii Medycznej, Warszawa 24-26 maja 2013

Książka abstraktów s.39

3386/A

KALENIK B., GÓRA-SOCHACKA A., SIRKO A

RAPIS-metoda szybkiego przeszukiwania fagemidowych bibliotek przeciwciał.

I Studencka Konferencja Biologii Medycznej, Warszawa 24-26 maja 2013

Książka abstraktów s.44

3387/A

KALISZEWSKA M., KRUSZEWSKI J., LUTYK D., SABAT D., BARTNIK E., TOŃSKA K.

Mutacje w genie mitochondrialnej polimerazy γ .

I Studencka Konferencja Biologii Medycznej, Warszawa 24-26 maja 2013

Książka abstraktów s.69

3388/A

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

Mitochondrialny DNA w ostrej białaczce limfo blastycznej.

I Studencka Konferencja Biologii Medycznej, Warszawa 24-26 maja 2013

Książka abstraktów s.70

3389/A

NATKAŃSKA U., SADOWSKA A., SKONECZNY M.

Poszukiwanie funkcji białka Hsp31p drożdży, ortologa ludzkiego białka DJ-1 zaangażowanego w etiologię choroby Parkinsona.

I Studencka Konferencja Biologii Medycznej, Warszawa 24-26 maja 2013

Książka abstraktów s.71

3390/A

KULICKA A., KODROŃ A., KARWOWSKA K., KRAWCZYŃSKI M., KORWIN-RUJNA M., KIERDASZUK B. KAMIŃSKA A., BARTNIK E., TOŃSKA K.

Analiza korelacji fenotyp - genotyp wśród polskich pacjentów z neuropatią wzrokową Lebera.

I Studencka Konferencja Biologii Medycznej, Warszawa 24-26 maja 2013

Książka abstraktów s.75

3391/A

FLIS S., FLIS K., STATKIEWICZ M.

DNA methyltransferase 1 inhibitors can enhance the effect of chemotherapeutic agents in colorectal cancer cells.

11th International Congress on Targeted Anticancer Therapies (TAT 2013) Paris, France, 4–6 March 2013

Annals of Oncology vol. 24, Issue suppl 1 pp. i24

3392/A

WĘGRZYN G., MOSKOT M., MOZOLEWSKI P., JAKÓBKIEWICZ-BANECKA J., GABIG-CIMIŃSKA M.

The molecular mechanism of genistein action in lysosomal storage diseases: A transcriptomic approach.

9th Annual World Symposium of the Lysosomal-Disease-Network (LDN) Orlando, FL, February 12-15, 2013

Molecular Genetics and Metabolism vol. 108 Issue: 2 Pages: S96-S97 DOI:

10.1016/j.ymgme.2012.11.264

3393/A

STANEK J., CEVEC M., PODBEVŠEK P., GEIST L., NOWAKOWSKI M., SAXENA S., RUSZCZYŃSKA-BARTNIK K., EJCHART A., PLAVEC J., KONRAT R., KOŹMIŃSKI W.

Novel four-dimensional experiments with non-uniform sampling for RNA and proteins.

3rd Annual User group Meeting of BioNMR

NMR and Protein Dynamics in Structural Biology, Budapest, Hungary, June 10 - 13, 2013

Abstracts p.107 P-55

3394/A

NOWAKOWSKI M., STANEK J., RUSZCZYŃSKA-BARTNIK K., EJCHART A., KOŹMIŃSKI W.

Determination of protein structure from a set of non uniformly sampled diagonal-free 4D-NOESY spectra.

3rd Annual User Group Meeting of BioNMR

NMR and Protein Dynamics in Structural Biology, Budapest, Hungary, June 10 - 13, 2013

Abstracts p.108 P-56

3395/A

RYMASZEWSKI W., JÓŹWIAK A., ŚWIEŻEWSKA E., HENNIG J., KONOPKA-POSTUPOLSKA D.

Annexins-sentinels of biological membranes.

Plant Lipids: Structure, Metabolism & Function, Galveston, USA, January 27-February 1, 2013

Abstracts BS

3396/A

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

Sugar availability modulates polyisoprenoid and phytosterol profiles in *Arabidopsis thaliana* hairy root culture.

11th International Meeting on Biosynthesis, Function and Biotechnology of Isoprenoids in Terrestrial and Marine Organisms, Crete, Greece, June 1-5, 2013

Abstracts p.152

3397/A

SKORUPIŃSKA-TUDEK K., ROWICKI T., ŚWIEŻEWSKA E.

The influence of phytol epoxide on phytosterols and polyisoprenoid alcohols accumulation in hairy roots of *Arabidopsis thaliana*.

11th International Meeting on Biosynthesis, Function and Biotechnology of Isoprenoids in Terrestrial and Marine Organisms, Crete, Greece, June 1-5, 2013

Abstracts p.165

3398/A

GAWARECKA K., IHNATOWICZ A., ŚWIEŻEWSKA E.

Terpenoid lipid profiles of *Arabidopsis thaliana* ecotypes.

11th International Meeting on Biosynthesis, Function and Biotechnology of Isoprenoids in Terrestrial and Marine Organisms, Crete, Greece, June 1-5, 2013

Abstracts p.166

3399/A

LIPKO A., ROHMER M., KANIA M., DANIKIEWICZ W., ŚWIEŻEWSKA E.

Study on the cross-talk between the MVA and MEP pathways in polyisoprenoid alcohols biosynthesis.

11th International Meeting on Biosynthesis, Function and Biotechnology of Isoprenoids in Terrestrial and Marine Organisms, Crete, Greece, June 1-5, 2013

Abstracts p.176

3400/A

SURMACZ L., KANIA M., DANIKIEWICZ W., ŚWIEŻEWSKA E.

Involvement of *Arabidopsis* cis-prenyltransferase *AtCPT6* in short-chain polyisoprenoids synthesis - studies in yeast and plants.

11th International Meeting on Biosynthesis, Function and Biotechnology of Isoprenoids in Terrestrial and Marine Organisms, Crete, Greece, June 1-5, 2013

Abstracts p.196

3401/A

SOSIŃSKA E., ŚWIEŻEWSKA E.

Thermo-oxidation of short-chain polyisoprenoids alcohols.

11th International Meeting on Biosynthesis, Function and Biotechnology of Isoprenoids in Terrestrial and Marine Organisms, Crete, Greece, June 1-5, 2013

Abstracts p.221

3402/A

JANIK A., NIEWIADOMSKA M., GAWARECKA K., ŚWIEŻEWSKA E.,
PALAMARCZYK G.

Impaired dolichol level affects cell wall and morphogenesis of *Candida albicans*.

30th International Specialised Symposium on Yeast, Stará Lesná, Slovakia, June 18-22, 2013

Abstracts p.41

3403/A

KAMIŃSKA J., POLAK A., RZEPNIKOWSKA W., SIENKO M., GRYNBERG M.,
KALISZEWSKI P., ŻOŁĄDEK T.

Autophagy related protein Atg2 affects organization of the actin cytoskeleton.

30th International Specialised Symposium on Yeast, Stará Lesná, Slovakia, June 18-22, 2013

Abstracts p.77 P18

3404/A

WÓDKIEWICZ M., GALERA H., ZIEMIAŃSKI M., KWIECIEŃ K.

Characteristics of spatial structure of the soil seed bank of *Poa annua* L. in the vicinity of Arctowski Polar Station in South Shetland Islands.

Interdyscyplinarne i Aplikacyjne Znaczenie Nauk Botanicznych, 56 Zjazd Polskiego Towarzystwa Botanicznego, Olsztyn, 24–30 czerwca 2013

Book of Abstracts p.181-182

3405/A

KELLMANN-SOPYŁA W., GIEŁWANOWSKA I., PASTORCZYK M., KICIAK J.

An attempt to use *in vitro* method in propagation of polar vascular plants.

„Interdyscyplinarne i Aplikacyjne Znaczenie Nauk Botanicznych”. 56 Zjazd Polskiego Towarzystwa Botanicznego, Olsztyn, 24–30 czerwca 2013

Book of Abstracts p.299-300

3406/A

KICIAK J., GIEŁWANOWSKA I., KELLMANN-SOPYŁA W.

Cultivation of polar flowering plants under laboratory conditions.

Interdyscyplinarne i Aplikacyjne Znaczenie Nauk Botanicznych, 56 Zjazd Polskiego Towarzystwa Botanicznego, Olsztyn, 24–30 czerwca 2013

Book of Abstracts p.300-301

3407/A

PASTORCZYK M., GIEŁWANOWSKA I., LAHUTA L.B.

Changes in the composition and content of soluble carbohydrates in vegetative tissues of polar Caryophyllaceae and Poaceae under cold stress.

„Interdyscyplinarne i Aplikacyjne Znaczenie Nauk Botanicznych”, 56 Zjazd Polskiego Towarzystwa Botanicznego, Olsztyn, 24–30 czerwca 2013

Book of Abstracts p.402-403

3408/A

STANEK J., CEVEC M., PODBEVŠEK P., NOWAKOWSKI M., SAXENA S., GEIST L.,
RUSZCZYŃSKA-BARTNIK K., EJCHART A., PLAVEC J., KONRAT R., KOŹMIŃSKI
W.

Novel four-dimensional experiments with non-uniform sampling for RNA and proteins.
Magnetic Resonance Conference and Spacialized Colloque AMPERE: Advances in Solid
State Broadband Magnetic Resonance, Hersonissos, Crete, Greece, 30 June - 5 July 2013

Poster Presentation 370 TU

3409/A

SAXENA S., STANEK J., NOWAKOWSKI M., RUSZCZYŃSKA-BARTNIK K.,
EJCHART A., KAZIMIERCZUK K., KOŹMIŃSKI W.

Simulation aided designing of new band-selective diagonal-free 4D ^{13}C , ^{13}C -edited aliphatic-
aromatic noesy experiment.

Magnetic Resonance Conference and Spacialized Colloque AMPERE: Advances in Solid
State Broadband Magnetic Resonance, Hersonissos, Crete, Greece, 30 June - 5 July 2013

Poster Presentation 374TH

3410/A

NOWAKOWSKI M., STANEK J., RUSZCZYŃSKA-BARTNIK K., EJCHART A.,
KOŹMIŃSKI W.

Protein structure determination from a set of non uniformly sampled diagonal-free 4D-noesy
spectra.

Magnetic Resonance Conference and Spacialized Colloque AMPERE: Advances in Solid
State Broadband Magnetic Resonance, Hersonissos, Crete, Greece, 30 June - 5 July 2013

Poster Presentation 498 MO

3411/A

KROTEN M.A., RUTOWICZ K., LIRSKI M., JERZMANOWSKI A.J.

Biological functions of linker histones in Arabidopsis.

38th FEBS Congress 2013, Mechanisms in Biology, Saint Petersburg, Russia, 6-11 July 2013

FEBS Journal (2013) Volume 280 Supplement 1 p.16

3412/A

LIRSKI M., KROTEN M.A., RUTOWICZ K., JERZMANOWSKI A.J.

The effect of linker histones on nucleosome distribution in Arabidopsis.

38th FEBS Congress 2013, Mechanisms in Biology, Saint Petersburg, Russia, 6-11 July 2013

FEBS Journal (2013) Volume 280 Supplement 1 p.23

3413/A

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

REPAIRtoire – a database of DNA repair pathways.

38th FEBS Congress 2013, Mechanisms in Biology, Saint Petersburg, Russia, 6-11 July 2013

FEBS Journal (2013) Volume 280 Supplement 1 p. 56

3414/A

MODZELAN M., KRASZEWSKA E.

Biological function of the NudC Nudix protein from plant pathogen *Pseudomonas syringae* pv. tomato DC3000.

38th FEBS Congress 2013, Mechanisms in Biology, Saint Petersburg, Russia, 6-11 July 2013

FEBS Journal (2013) Volume 280 Supplement 1 p. 100

3415/A

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

Molecular basis of 6-methyladenine recognition by R.*DpnI* restriction endonuclease.

38th FEBS Congress 2013, Mechanisms in Biology, Saint Petersburg, Russia, 6-11 July 2013

FEBS Journal (2013) Volume 280 Supplement 1 p.122

3416/A

SABALA I., JAGIELSKA E., GRABOWSKA M., BOCHTLER M.

Lysostaphin and LytM – how similar and how different are these two peptidoglycan hydrolases.

38th FEBS Congress 2013, Mechanisms in Biology, Saint Petersburg, Russia, 6-11 July 2013

FEBS Journal (2013) Volume 280 Supplement 1 p. 138

3417/A

WYSŁOUCH-CIESZYŃSKA A., PUCHALSKA M., ZHUKOVA L.

H/Dex MS gives insight into RAGE receptor intra and intermolecular interactions.

38th FEBS Congress 2013, Mechanisms in Biology, Saint Petersburg, Russia, 6-11 July 2013

FEBS Journal (2013) Volume 280 Supplement 1 p. 147

3418/A

ZHUKOV I., LUBECKA E., POPENDA L., STODUS K., JURGA S.

Analysis of molecular dynamic the second catalytic cysteine half-domain (SCCH) from ubiquitin-activating enzyme E1 based on 15N relaxation data in solution.

38th FEBS Congress 2013, Mechanisms in Biology, Saint Petersburg, Russia, 6-11 July 2013

FEBS Journal (2013) Volume 280 Supplement 1 p. 161

3419/A

CHOUDHURY A.R., ZHUKOV I., PASSAMONTI S., NOVIČ M.

Membrane transporter bilitranslocase - structural model for transmembrane domains.

38th FEBS Congress 2013, Mechanisms in Biology, Saint Petersburg, Russia, 6-11 July 2013

FEBS Journal (2013) Volume 280 Supplement 1 p. 197

3420/A

RAK M., OCHALEK A., BIELECKA E., MASNYK M., CHMIELEWSKI M., CHOJNACKI T., GAWARECKA K., ŚWIEŻEWSKA E., MADEJA Z.

Efficient, non-toxic gene delivery by negatively charged polyprenyl-based lipoplexes: application in RNA delivery and the effects on cell physiology.

38th FEBS Congress 2013, Mechanisms in Biology, Saint Petersburg, Russia, 6-11 July 2013

FEBS Journal (2013) Volume 280 Supplement 1 p. 340

3421/A

KUJAWA A., KRASZEWSKA E.

Purification of the YgdP Nudix protein, a putative virulence factor from *Pseudomonas aeruginosa*.

38th FEBS Congress 2013, Mechanisms in Biology, Saint Petersburg, Russia, 6-11 July 2013

FEBS Journal (2013) Volume 280 Supplement 1 p. 489

3422/A

GRATKOWSKA D., ROLICKA A.T., BUCIOR E., SARNOWSKA E., SACHAROWSKI S., KONCZ C., JERZMANOWSKI A.J., SARNOWSKI T.J.

The SWI/SNF complex in Arabidopsis responds to environmental changes in temperature – dependent manner.

38th FEBS Congress 2013, Mechanisms in Biology, Saint Petersburg, Russia, 6-11 July 2013

FEBS Journal (2013) Volume 280 Supplement 1 p. 517

3423/A

ZIELENKIEWICZ U., SZCZĘSNY P.

Uranium bioleaching – insight into the structure of microbial consortia from mining tailings.

38th FEBS Congress 2013, Mechanisms in Biology, Saint Petersburg, Russia, 6-11 July 2013

FEBS Journal (2013) Volume 280 Supplement 1 p. 570

3424/A

BORKIEWICZ L., POLKOWSKA-KOWALCZYK L., MUSZYŃSKA G., SZCZEGIELNIAK J.

ZmCKP11, a positive regulator in salt stress tolerance in transgenic *Arabidopsis* plants.

11th POG Conference on Reactive Oxygen and Nitrogen Species in Plants, Warsaw, Poland, 17-19 July 2013

Biotechnologia (2013) 94(2): 165

3425/A

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

Functional and biochemical characterization of *Arabidopsis* calcium sensor SCS a potential regulator of SnRK2 protein kinases.

11th POG Conference on Reactive Oxygen and Nitrogen Species in Plants, Warsaw, Poland, 17-19 July 2013

Biotechnologia (2013) 94(2): 165

3426/A

LEWANDOWSKA-GNATOWSKA E., POLKOWSKA-KOWALCZYK L., BARCISZEWSKA M. Z., SZCZEGIELNIAK J., BARCISZEWSKI J., MUSZYŃSKA G.

Reactive oxygen species and DNA methylation changes in wounded maize leaves.

11th POG Conference on Reactive Oxygen and Nitrogen Species in Plants, Warsaw, Poland, 17-19 July 2013

Biotechnologia (2013) 94(2): 182

3427/A

POLKOWSKA-KOWALCZYK L., OLSZAK K., TARWACKA J., SZCZEGIELNIAK J., MUSZYŃSKA G., WIELGAT B.

Elements of signalling pathways in the response of *Solanum* species to *Phytophthora infestans*.

11th POG Conference on Reactive Oxygen and Nitrogen Species in Plants, Warsaw, Poland, 17-19 July 2013

Biotechnologia (2013) 94(2): 192

3428/A

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

The impact of environmental factors on the development of soil at King George Island (South Shetland Islands).

SCAR Biology Symposium Life in Antarctica Boundaries and Gradients in a Changing Environment, Barcelona, Spain, 15-19 July 2013

Abstracts P-1.12

3429/A

KORCZAK-ABSHIRE M., WĘGRZYN M., ANGIEL P., LISOWSKA M., CHWEDORZEWSKA K.J.

Long-term trends in penguins breeding populations at Lions Rump colony, King George Island.

SCAR Biology Symposium Life in Antarctica Boundaries and Gradients in a Changing Environment, Barcelona, Spain, 15-19 July 2013

Abstracts P-2.15

3430/A

SEKTAS P., MONIUSZKO G., WAWRZYŃSKA A.K., SIRKO A.

Polysphorylation of UP9/LSU as a potential mechanism regulating its function.

BIONUT-ITN Summer School, Biochemical and Genetic Dissection of Control of Plant Mineral Nutrition, Gargnano, Italy, June 23-27, 2013

Abstracts p.41

3431/A

COLLADOS-RODRIGUEZ M., WAWRZYŃSKA A.K., SIRKO A.

A note of warning: the *Arabidopsis* T-DNA insertion line SALK135513 case study.

BIONUT-ITN Summer School, Biochemical and Genetic Dissection of Control of Plant Mineral Nutrition, Gargnano, Italy, June 23-27, 2013

Abstracts p.9

3432/A

GISKA F., TAUBE M., PIECHOCKI M., HOSER R., KOZAK M., HENNIG J., KRZYMOWSKA M.

Interactions of HopQ1, a type III secretion effector from *Pseudomonas syringae*, with host 14-3-3 proteins.

COST FA 1208, Pathogen-Informed Strategies for Sustainable Broad-Spectrum Crop Resistance, 1st Annual Meeting, Birnam, Scotland, 9-11 October 2013

Abstracts p.31

3433/A

HOSER R., ŻURCZAK M., LICHOCKA M., HENNIG J., KRZYMOWSKA M.

Nuclear import of N receptor in tobacco is regulated by posttranslational modification of SGT1 protein.

COST FA 1208, Pathogen-Informed Strategies for Sustainable Broad-Spectrum Crop Resistance, 1st Annual Meeting, Birnam, Scotland, 9-11 October 2013

Abstracts p.77

3434/A

BARTNIK E.

Mitochondria in development.

Puzzles of Development: from the First Divisions to Brain Wiring, Zakopane, Polska, 17-19 maja 2013

Abstract Book p.16

3435/A

GODLEWSKA M., GÓRA M., BUCKLE A.M., PORĘBSKI B.T., KEMP E.H., KRASUSKA W., SUTTON B.J., BANGA J.P., CZARNOCKA B.

The propeptide of human thyroid peroxidase is not required for its cellular, enzymatic or immunological activity.

4th Congress of the Polish Thyroid Association 2013, Łódź, Poland, 11-13 April 2013

Thyroid Research (2013) 6(Suppl 2): A19

3436/A

SZARLAK J., BARTOSIK A.A., GŁĄBSKI K., KULIŃSKA A., JAGURA-BURDZY G.

Pseudomonas putida helper strain in the conjugative mobilization based on conjugation system of RA3 plamid from IncU incompatibility group.

FEMS 2013, 5th Congress of European Microbiologists, Leipzig, Germany, 21-25 July 2013

Abstract Book BS

3437/A

WICHTOWSKA D., HOPPER A.K., BOGUTA M.

tRNA maturation abnormalities connected to stress conditions and transcription deregulation.

The Eighteen Annual Meeting of the RNA Society, Davos, Swiss, 11-16 June 2013

Abstracts BS

3438/A

JANIK A., NIEWIADOMSKA M., GAWARECKA K., PALAMARCZYK G.

Two pools of dolichol phosphate and their availability to the glycosylating enzymes in *Candida albicans*.

30th International Specialised Symposium on Yeast, Stará Lesná, Slovakia, June 18-22, 2013

Abstracts p.76

3439/A

TUŁACZ D., FOGTMAN A., MAĆZEWSKI M., GÓRA M., BURZYŃSKA B.

Differential miRNA expression profiles related to heart failure in an experimental postinfarction rat model.

5th Pan Arab Human Genetics Conference and 2013 Golden Helix Symposium Genomics into Healthcare, Dubai, United Arab Emirates, 17-19 November 2013

Abstract Book P82

3440/A

MACIEJAK A., SYGITOWICZ G., PAWLAK D., PINIEWSKA J., BURZYŃSKA B.

The anti-inflammatory effects of statins therapy in patients with acute myocardial infarction.
5th PAN ARAB Human Genetics Conference and 2013 Golden Helix Symposium Genomics into Healthcare, Dubai, United Arab Emirates, 17-19 November 2013

Abstract Book P99

3441/A

RUTOWICZ K., WILCZYŃSKI B., PUZIO M., LIRSKI M., KOTLIŃSKI M.,
ŚWIEŻEWSKI S.S., KOBLOWSKA M., IWANICKA-NOWICKA R., KROTEN M.A.,
HALIBART-PUZIO J., TIURYN J., JERZMANOWSKI A.J.

Distribution of linker histones in chromatin in normal and limited light.

24th International Conference on Arabidopsis Research (ICAR), Sydney, Australia, 24-28
June 2013

Abstracts BS

3442/A

BRZOZOWSKA I., ZIELENKIEWICZ U.

The fate of streptococcal plasmid Zeta toxin in eukaryotic cells.

FEMS 2013, 5th Congress of European Microbiologists, Leipzig, Germany, 21-25 July 2013

Abstract Book BS

3443/A

GAWRYŚ O., GAWARECKA K., CHOJNACKI T., ŚWIEŻEWSKA E., MASNYK M.,
CHMIELEWSKI M., KOMPANOWSKA-JEZIERSKA E.

Antidiuretic effectiveness of desmopressin encapsulated in newly designed liposomal carriers.
ERA-EDTA 50th Congress, Istanbul, Turkey, 18-21 May 2013

Abstracts BS

3444/A

GAWRYŚ O., OLSZYŃSKI K.H., GAWARECKA K., CHOJNACKI T., ŚWIEŻEWSKA E.,
MASNYK M., CHMIELEWSKI M., RAFAŁOWSKA J., KOMPANOWSKA-JEZIERSKA
E.

Impact of the new derivatives of polyisoprenoid alcohols - new component of drug carriers -
on renal morphology and morphometric analysis of male Sprague-Dawley rats.

ERA-EDTA 50th Congress, Istanbul, Turkey, 18-21 May 2013

Abstracts BS

3445/A

MALISZEWSKA K., GRUCHOTA J., GROMADKA R., DENBY-WILKES C.,
DUHARCOURT S., BETERMIER M., SPERLING L., NOWAK J.K.

The role of TFIIIS4p in synthesis of non-coding RNAs in *Paramecium tetraurelia*.

Ciliate Molecular Biology Conference, Steamboat Springs, Colorado, USA, 7-12 July 2013

Abstract Book BS

3446/A

GRUCHOTA J., DENBY-WILKES C., SPERLING L., NOWAK J.K.

Autogamy induced transcription factor Spt5 influences the process of genome rearrangements in *P. tetraurelia*.

Ciliates as Model Systems to Study Genome Evolution, Mechanisms of Non-Mendelian Inheritance and Environmental Adaptation, Tallinn, Estonia, 12-16 May 2013

Abstracts p.27

3447/A

MALISZEWSKA K., GRUCHOTA J., GROMADKA R., DENBY-WILKES C.,

DUHARCOURT S., BETERMIER M., SPERLING L., NOWAK J.K.

The role of TFIIIS4p in regulation of developmental genome rearrangements by non-coding RNAs in *Paramecium tetraurelia*.

Ciliates as Model Systems to Study Genome Evolution, Mechanisms of Non-Mendelian Inheritance and Environmental Adaptation, Tallinn, Estonia, 12-16 May 2013

Abstracts p.26

3448/A

RAK M., OCHALEK A., BIELECKA E., MASNYK M., CHMIELEWSKI M.,

CHOJNACKI T., GAWARECKA K., ŚWIEŻEWSKA E., MADEJA Z.

Study of the lipofecting and antimicrobial activity of polyprenyltrimethylammonium iodides (PTAI): efficient transfection of various cell types with negatively charged serum compatible lipoplexes.

Contemporary Insights Into Cancer Risks, Perspectives, Expectations, XL Jubilee Winter School Faculty of Biochemistry, Biophysics and Biotechnology, Zakopane, Polska, 16-21 February 2013

Conference Program p.118-119

3449/A

RAK M., OCHALEK A., BIELECKA E., MASNYK M., CHMIELEWSKI M.,

CHOJNACKI T., GAWARECKA K., ŚWIEŻEWSKA E., MADEJA Z.

Study of the lipofecting and antimicrobial activity of polyprenyltrimethylammonium iodides (PTAI): Efficient transfection of various cell types with negatively charged serum compatible lipoplexes and the effects on cell physiology.

22th International Symposium "Molecular and Physiological Aspects of Regulatory Processes of the Organism", Kraków, Polska, 13-14 czerwca 2013

Abstracts p. 237

3450/A

MORAWIEC E., WICHTOWSKA D., GRACZYK D., CONESA CH., LEFEBVRE O., BOGUTA M.

Maf1, repressor of tRNA transcription, is involved in the control of gluconeogenic genes in *Saccharomyces cerevisiae*.

26th International Conference on Yeast Genetics and Molecular Biology, Frankfurt/ Main, Germany, 29 August-3 September 2013

Yeast 2013 vol. 30 Suppl.1 S103 PS2-6

3451/A

CIEŚLA M., MAKAŁA E., ŻURĄŃSKA M.A., BAZAN R., DZIEMBOWSKI A.,
BOGUTA M.

A role of Rbs1 protein in RNA polymerase III assembly and nuclear transport.

26th International Conference on Yeast Genetics and Molecular Biology, Frankfurt/ Main,
Germany, 29 August-3 September 2013

Yeast 2013 vol. 30 Suppl.1 S104 PS2-7

3452/A

MAKAŁA E., KĘPKA M., CIEŚLA M., BOGUTA M.

Maf1, repressor of tRNA transcription, interacts with the N-terminal fragment of RNA
polymerase III largest subunit.

26th International Conference on Yeast Genetics and Molecular Biology, Frankfurt/ Main,
Germany, 29 August-3 September 2013

Yeast 2013 vol. 30 Suppl.1 S104 PS2-8

3453/A

ŻOŁĄDEK T., KAMIŃSKA J., POLAK A., RZEPNIKOWSKA W., SIEŃKO M.,
GRYNBERG M., KALISZEWSKI P.

Autophagy related protein Atg2 affects organization of the actin cytoskeleton.

26th International Conference on Yeast Genetics and Molecular Biology, Frankfurt/ Main,
Germany, 29 August-3 September 2013

Yeast 2013 vol. 30 Suppl.1 S111 PS4-1

3454/A

SKONECZNA A., BRÓZDA I., KRÓL K., SKONECZNY M.

Cellular response to DSB stress encompasses vesicular transport and cell cycle guardians.

26th International Conference on Yeast Genetics and Molecular Biology, Frankfurt/ Main,
Germany, 29 August-3 September 2013

Yeast 2013 vol. 30 Suppl.1 S141 PS8-7

3455/A

NATKAŃSKA U., SKONECZNA A., SKONECZNY M.

Protective role of Hsp31p protein in *Saccharomyces cerevisiae* exposed to various
environmental stresses.

26th International Conference on Yeast Genetics and Molecular Biology, Frankfurt/ Main,
Germany, 29 August-3 September 2013

Yeast 2013 vol. 30 Suppl.1 S150 PS9-25

3456/A

SKONECZNY M., SKONECZNA A., NATKAŃSKA U.

Deficiency of *Saccharomyces cerevisiae* stress response protein Hsp31p affects pseudohyphal
growth.

26th International Conference on Yeast Genetics and Molecular Biology, Frankfurt/ Main,
Germany, 29 August-3 September 2013

Yeast 2013 vol. 30 Suppl.1 S150 PS9-25

3457/A

KUCHARCZYK R., WYSOCKA-KAPCIŃSKA M., TOROCSIK B., TURIK L.,
TSAPRAILIS G., DAVID C.L., HUNT A., VEKEY K., ADAM-VIZI V., CHINOPOULOS
C.

SAL1 modulates sensitivity of heterologously expressed artemia ADP/ATP carrier to
bongkreke in yeast.

26th International Conference on Yeast Genetics and Molecular Biology, Frankfurt/ Main,
Germany, 29 August-3 September 2013

Yeast 2013 vol. 30 Suppl.1 S164 PS10-11

3458/A

CHELSTOWSKA A., JASTRZĘBSKA Ż., SADURSKA A., PŁOCHOCKA D., RYTKA J.,
ŻOŁĄDEK T.

Hem12, the enzyme of heme biosynthetic pathway, is ubiquitinated by Rsp5 ubiquitin ligase
in yeast cells.

26th International Conference on Yeast Genetics and Molecular Biology, Frankfurt/ Main,
Germany, 29 August-3 September 2013

Yeast 2013 vol. 30 Suppl.1 S168 PS10-20

3459/A

REMPOŁA B., KRUPIŃSKI P., POLKOWSKA A., SZCZĘSNY P., PAWŁOWSKI P.H.,
POZNAŃSKI J.

5-Fluorouracil metabolism in *Saccharomyces cerevisiae* by 19F NMR.

26th International Conference on Yeast Genetics and Molecular Biology, Frankfurt/ Main,
Germany, 29 August-3 September 2013

Yeast 2013 vol. 30 Suppl.1 S171 PS10-30

3460/A

KOWALEC P., KURLANDZKA A.

Novel protein Imi1 may serve as a bridge between mitochondrial and nuclear processes in
Saccharomyces cerevisiae.

26th International Conference on Yeast Genetics and Molecular Biology, Frankfurt/ Main,
Germany, 29 August-3 September 2013

Yeast 2013 vol. 30 Suppl.1 S194 PS13-11

3461/A

DZIEMBOWSKI A.

Intracellular ribonucleases in RNA metabolism and disease.

48th Congress of the Polish Biochemical Society, Toruń, Polska, 2nd-5th September 2013

Acta Biochimica Polonica (2013) vol. 60 Supplement 1 p.1

3462/A

TUDEK B., WINCZURA A., CZUBATY A., SPEINA E.

Modification of DNA repair enzymes by oxidative stress and cancer progression.

48th Congress of the Polish Biochemical Society, Toruń, Polska, 2nd-5th September 2013

Acta Biochimica Polonica (2013) vol. 60 Supplement 1 p. 3

3463/A

DYLEWSKA M., MACIEJEWSKA A.M.

Acrolein-induced mutagenesis in *Escherichia coli*: The role of AlkB dioxygenase in repair of 1,N⁶- α -hydroxypropanoadenine and 3,N⁴- α -hydroxypropanocytosine.

48th Congress of the Polish Biochemical Society, Toruń, Polska, 2nd-5th September 2013

Acta Biochimica Polonica (2013) vol. 60 Supplement 1 p. 6

3464/A

KALISZEWSKA M., KRUSZEWSKI J., KIERDASZUK B. JAMROZIK Z., KAMIŃSKA A., TOŃSKA K., BARTNIK E.

Mutations in the gene encoding human mitochondrial polymerase γ .

48th Congress of the Polish Biochemical Society, Toruń, Polska, 2nd-5th September 2013

Acta Biochimica Polonica (2013) vol. 60 Supplement 1 p. 19

3465/A

KODROŃ A., KULICKA A., KARWOWSKA K., KRAWCZYŃSKI M., KORWIN-RUJNA M., KIERDASZUK B. KAMIŃSKA A., BARTNIK E., TOŃSKA K.

To die or not to die, that is the question - analysis of cell death pathways in Leber's hereditary optic neuropathy.

48th Congress of the Polish Biochemical Society, Toruń, Polska, 2nd-5th September 2013

Acta Biochimica Polonica (2013) vol. 60 Supplement 1 p. 20

3466/A

MOZOLEWSKI P., MOSKOT M., JAKÓBKIEWICZ-BANECKA J., KLOSKA A., WĘGRZYN G., GABIG-CIMIŃSKA M.

Non-steroidal anti-inflammatory drugs as potential inhibitors of glycosaminoglycans synthesis and accumulation.

48th Congress of the Polish Biochemical Society, Toruń, Polska, 2nd-5th September 2013

Acta Biochimica Polonica (2013) vol. 60 Supplement 1 p. 23

3467/A

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

Mitochondrial nucleotide metabolism - molecular analysis of ANT1 and RRM2B genes.

48th Congress of the Polish Biochemical Society, Toruń, Polska, 2nd-5th September 2013

Acta Biochimica Polonica (2013) vol. 60 Supplement 1 p. 26

3468/A

KŁONIECKI M., JABŁONOWSKA A.M., POZNAŃSKI J., LANGRIDGE J., GILES K., TOMCZYK N., HUGHES CH., DADLEZ M.

Analysis of A β -40 peptide oligomers using ion mobility separation coupled with MS and factors influencing the peptide structure compaction.

48th Congress of the Polish Biochemical Society, Toruń, Polska, 2nd-5th September 2013

Acta Biochimica Polonica (2013) vol. 60 Supplement 1 p. 45

3469/A

ŻURAŃSKA M.A.

Yeast prion protein Rbs1.

48th Congress of the Polish Biochemical Society, Toruń, Polska, 2nd-5th September 2013

Acta Biochimica Polonica (2013) vol. 60 Supplement 1 p. 62

3470/A

CZERWIŃSKA J., JELENIEWICZ M., NOWAK MAŁGORZATA, BERENTOWICZ P., KOSICKI K., NIEDERNHOFER L., SPEINA E., TUDEK B.

Deregulation of base excision repair by lipid peroxidation in premature aging *Ercc1*^{-/-} mice.

48th Congress of the Polish Biochemical Society, Toruń, Polska, 2nd-5th September 2013

Acta Biochimica Polonica (2013) vol. 60 Supplement 1 p. 65

3471/A

GUTKOWSKA M., WNUK M., LICHOCKA M., STRONKOWSKI M., ŚWIEŻEWSKA E.
Mutations in RGTB genes in *Arabidopsis thaliana* cause polar growth alternations and double mutant is lethal due to male gametophyte defect.

48th Congress of the Polish Biochemical Society, Toruń, Polska, 2nd-5th September 2013

Acta Biochimica Polonica (2013) vol. 60 Supplement 1 p. 119

3472/A

STĘPIEŃ P.P., BOROWSKI Ł.S., DZIEMBOWSKI A., HEJNOWICZ M.S., SZCZĘSNY P.
Focus on Foci: novel mitochondrial structures organize processing and turnover of human mitochondrial RNA.

48th Congress of the Polish Biochemical Society, Toruń, Polska, 2nd-5th September 2013

Acta Biochimica Polonica (2013) vol. 60 Supplement 1 p. 131

3473/A

SARNOWSKI T.J., JERZMANOWSKI A.J.

Chromatin remodeling by SWI/SNF complexes as global regulator of gene expression in eucaryotes.

48th Congress of the Polish Biochemical Society, Toruń, Polska, 2nd-5th September 2013

Acta Biochimica Polonica (2013) vol. 60 Supplement 1 p. 159

3474/A

NIEMINUSZCZY J., SCHWAB R.A., NIEDŹWIEDŹ W.

Suppression of global reorganization of chromatin structure through replication requires Fanconi anemia related helicase FANCI.

Cromatin, Replication and Chromosomal Stability 2013, Copenhagen, Denmark, 17-19 June 2013

Program and Abstract Book BS

3475/A

WAWRZYŃSKA A.K., MIERZWIŃSKA M., SIRKO A.

Arabidopsis cytoplasmic serine acetyltransferase interacts with transcription factor SCL11.

Plant Sulphur Network, 4th Sulphyton Workshop, Athens, Greece, 5-8 September 2013

Abstract Book p.12

3476/A

BUDZIŃSKA M., RUSZCZYŃSKA-BARTNIK K., JAREMKO Ł., JAREMKO M., ZDANOWSKI K., BIERZYŃSKI A., EJCHART A.

Struktura i dynamika wiążącego wapń białka S100A1(C85M).

56 Zjazd Polskiego Towarzystwa Chemicznego i Stowarzyszenia Inżynierów i Techników Przemysłu Chemicznego "Chemia - tradycja i nowe wyzwania", Siedlce, 16-20 września 2013

Materiały zjazdowe s.418

3477/A

NOWAKOWSKI M., EJCHART A.

Diastereometryczne kompleksy (+)-I(-)-fenchonu z α -cyklodekstryną.

56 Zjazd Polskiego Towarzystwa Chemicznego i Stowarzyszenia Inżynierów i Techników Przemysłu Chemicznego "Chemia - Tradycja i Nowe Wyzwania", Siedlce, 16-20 września 2013

Materialy zjazdowe s.427

3478/A

POLKOWSKA-KOWALCZYK L., OLSZAK K., TARWACKA J., SZCZEGIELNIAK J., MUSZYŃSKA G., WIELGAT B.

Components of defence strategy induced in *Solanum* species by elicitor from *Phytophthora infestans*.

6th Conference Polish Society of Experimental Plant Biology, Łódź, Poland, 16-19 September 2013

Biotechnologia (2013) 94(3): 362

3479/A

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

Stability of variable domain of Potato spindle tuber viroid.

International Workshop on Viroids and Satellite RNAs (IWVdS), Beijing, China, 23-25 August 2013

Abstracts p.32

3480/A

JÓŹWIAK A., BRZOZOWSKI R., BUJNOWSKI Z., CHOJNACKI T., ŚWIEŻEWSKA E.

Application of supercritical CO₂ for extraction of polyisoprenoid alcohol from plant tissues.

54th International Conference on the Bioscience of Lipids, Bari, Italy, 17-21 September 2013

Abstracts BS

3481/A

FRĄCZYK T., WEZYNFELD N.E., BOSSAK K., BONNA A., BAL W.

Human annexin A1 as a potential target for Ni(II) ions.

Second EuCheMS Inorganic Chemistry Conference, Jerusalem, Israel, 7-11 July 2013

Abstracts BS

3482/A

FRĄCZYK T., WEZYNFELD N.E., BOSSAK K., BONNA A., BAL W.

Human annexins A1, A2 and A8 as potential targets for Ni(II) and Pd(II) ions.

XVIth International Conference on Biological Inorganic Chemistry, Grenoble, France, 22-26 July 2013

Abstracts BS

3483/A

ZAWISZA I., MITAL M., BAL W.

The impact of synthetic modifications of the histidine side chain on metal dependent peptide bond hydrolysis.

XVIth International Conference on Biological Inorganic Chemistry, Grenoble, France, 22-26 July 2013

Abstracts BS

3484/A

WEZYNFELD N.E., BOSSAK K., BONNA A., BAL W., FRĄCZYK T.

Human annexins A1 and A2 as potential targets for Ni(II) ions.

XVIth International Conference on Biological Inorganic Chemistry, Grenoble, France, 22-26 July 2013

Abstracts BS

3485/A

POLKOWSKA-NOWAKOWSKA A., ARIANI H.H.N., BONNA A., BAL W.

Optical activity of Cu(II) and Ni(II) complexes with tripeptides containing histidine residue - experimental and theoretical study.

XVIth International Conference on Biological Inorganic Chemistry, Grenoble, France, 22-26 July 2013

Abstracts BS

3486/A

BOSSAK K., WEZYNFELD N.E., BONNA A., BAL J., FRĄCZYK T.

Human annexin A8 as a potential target for Ni(II) and Pd(II) ions.

XVIth International Conference on Biological Inorganic Chemistry, Grenoble, France, 22-26 July 2013

Abstracts BS

3487/A

BARTNIK E.

Evolution of mitochondria.

PEC Polish Evolutionary Conference, Kraków, Poland, 19-21 September 2013

Book of Abstract p.5

3488/A

ZIENTARA-RYTTER K., SIRKO A.

Functional analysis of a selective autophagy cargo receptor from tobacco.

European Plant Science Organisation, 7th EPSO Conference Plant for a Greening Economy, Porto Heli, Greece, 1-4 September 2013

Abstracts p.234

3489/A

KAMIŃSKA J.

Ligazy ubikwitynowe z rodziny Nedd4, cytoszkielet aktynowy i transport białek.

Cytoszkielet w Różnych Procesach Komórkowych, Warszawa, Polska, 27 września 2013

Abstrakty str.1

3490/A

ŻOŁĄDEK T.

Autofagia, białko Atg2 i cytoszkielet aktynowy u drożdży.

Cytoszkielet w Różnych Procesach Komórkowych, Warszawa, Polska, 27 września 2013

Abstrakty str.1

3491/A

KOPERA E.

A novel method of protein purification for structural studies: an example of silk protease inhibitor studied at ultrahigh resolution.

Proteins from Birth to Death, Jerusalem, Israel, 29 September - 2 October 2013

Program & Abstract Book p.68

3492/A

SPEINA E., CZERWIŃSKA J., POZNAŃSKI J., DĘBSKI J., BOHR V.A., TUDEK B.

Characterization of HNE modified Werner protein reveals alternations in enzymatic activities and functional dynamics.

Proteins from Birth to Death, Jerusalem, Israel, 29 September - 2 October 2013

Program & Abstract Book p.85

3493/A

MACIEJEWSKA A.M., DYLEWSKA M., KUŚMIEREK J.T., POZNAŃSKI J.

Molecular mechanism of AlkB dioxygenase repair activity against acrolein adducts to adenine and cytosine.

Proteins from Birth to Death, Jerusalem, Israel, 29 September - 2 October 2013

Program & Abstract Book p.76-77

3494/A

CZERWIŃSKA J., BERENTOWICZ P., NOWAK MAŁGORZATA, KOSICKI K., NIEDERNHOFER L., SPEINA E., TUDEK B.

Response of Ercc1 deficient mouse embryonic fibroblasts to 4-hydroxy-2-nonenal, a major lipid peroxidation product.

Proteins from Birth to Death, Jerusalem, Israel, 29 September - 2 October 2013

Program & Abstract Book p. 104

3495/A

GODLEWSKA M., GÓRA M., BUCKLE A.M., PORĘBSKI B.T., KEMP E.H., SUTTON B.J., CZARNOCKA B., BANGA J.P.

A redundant role for propeptide in human thyroid peroxidase protein for its cellular, enzymatic and immunological activity.

37th Annual Meeting of the European Thyroid Association, Leiden, The Netherlands, 7-11 September 2013

European Thyroid Journal (2013) vol. 2 suppl. 1: P01

3496/A

ARAŻNY A., KLEJNA M., SOBOTA I., PISZCZEK J., ŁABNO R.

Warunki meteorologiczne na Stacji H. Arctowskiego (Wyspa Króla Jerzego, Antarktyka) w 2012 roku.

XXIII Ogólnopolskie Seminarium Meteorologii i Klimatologii Polarnej, Gdynia, 10 maja 2013

Abstracts BS

3497/A

SIEDLECKA J.

Chemical oxidation of polyisoprenoids in “dark” and “light” conditions.

Oxidative Stress and Cell Death in Plants: Mechanisms and Implications, Florence, Italy, 26-28 June 2013

Programme and Abstract Book p.35 P13.43

3498/A

SIEDLECKA J., SOSIŃSKA E., KANIA M., KACZOROWSKA E., CMOCH P., MASNYK M., ŁOZIŃSKA I., DEREWIKA D., OBIEDZIŃSKI M., CZARNOCKI Z., DANIKIEWICZ W., ŚWIEŻEWSKA E.

Oxidation of short-chain isoprenoids.

11th International POG Conference Reactive Oxygen and Nitrogen Species in Plants, Warsaw, Poland, 17-19 July 2013

Abstracts P9.17 p.227

3499/A

ZIEMIŃSKA E., TOCZYŁOWSKA B., GOCH G., LIEBERT A.

Interaction between indocyanine green and gadobutrol in cerebellar granule neurons cultures.

11th International Congress of the Polish Neuroscience Society, Poznań, Poland, 15-17 September 2013

Acta Neurobiologiae Experimentalis (2013) vol.73 supplement p.29

3500/A

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

Structural analysis of TM2 and TM3 transmembrane peptide fragments of bilirubin transporter protein in lipid media by NMR spectroscopy.

Trends in Biomolecular Structure, from Chemistry to Function, Ljubljana, Slovenia, 3-5 October 2013

Programme and book of abstracts p.49

3501/A

ZIENTARA-RYTTER K., COLLADOS-RODRIGUEZ M., WAWRZYŃSKA A.K., SIRKO A.

Identification and analysis of plant NBR1-like selective autophagy receptors.

6th European Workshop on Leaf Senescence, Versailles, France, 14-18 October 2013

Abstracts p.73

3502/A

COLLADOS-RODRIGUEZ M., ZIENTARA-RYTTER K., WAWRZYŃSKA A.K., SIRKO A.

In search of the protein partners of AtNBR1, the selective autophagy receptor.

6th European Workshop on Leaf Senescence, Versailles, France, 14-18 October 2013

Abstracts p.143

3503/A

COLLADOS-RODRIGUEZ M.

Characterization of ATNBR1, the selective autophagy receptor.

International Round Table on Biochemical and Genetic Dissection of Control of Plant Mineral Nutrition, Gujarat, India, 23-26 October 2013

Abstract Book p.15

3504/A

SIRKO A.

Selective autophagy in plants.

International Round Table on Biochemical and Genetic Dissection of Control of Plant Mineral Nutrition, Gujarat, India, 23-26 October 2013

Abstract Book p.11

3505/A

WAWRZYNIAK U.E., WILOCH M.Z., BONNA A., BAL W., WRÓBLEWSKI W.

Synthetic oligopeptides for binding of copper(II) ions and studies of interactions with amyloid- β .

64th Annual Meeting of the International Society of Electrochemistry. Electrochemistry for a New Era, Santiago de Queretaro, Mexico, 8-13 September 2013

Abstracts BS

3506/A

WILOCH M.Z., UFNALSKA I., WAWRZYNIAK U.E., BONNA A., BAL W., WRÓBLEWSKI W.

Electrochemical studies of molecular receptor layers formed by various synthetic oligopeptides.

Peptide Arrays, Edinburgh, UK, September 3-4, 2013

Abstracts p.8

3507/A

WILOCH M.Z., WAWRZYNIAK U.E., UFNALSKA I., BONNA A., BAL W., WRÓBLEWSKI W.

Competition study of copper(II) ions between amyloid and specially designed peptides.

XVII euroANALYSIS Analytical Chemistry for Human Well-Being and Sustainable Development, Warsaw, 25-29 August 2013

Book of Abstracts p.636

3508/A

DYLEWSKA M., POZNAŃSKI J., KUŚMIEREK J.T., MACIEJEWSKA A.M.

Acrolein adducts to adenine and cytosine - mutagenic potency and repair by AlkB dioxygenase.

11th International Conference on Environmental Mutagenesis, XI Congress of SBMCTA and IX Congress of ALAMCTA, Foz do Iguaçu, Brazil, 3-8 November 2013

Programm and Abstracts Book p.260

3509/A

MIELECKI D., WRZESIŃSKI M., MACIEJEWSKA A.M., SIKORA A., GRZESIUŁ E.
Pseudomonas putida AlkA and AlkB proteins comprise different defense systems for the repair of alkylation damage to DNA.

11th International Conference on Environmental Mutagenesis, XI Congress of SBMCTA and IX Congress of ALAMCTA, Foz do Iguaçu, Brazil, 3-8 November 2013

Programm and Abstracts Book p.268

3510/A

FIJAŁKOWSKA I.J., GRABOWSKA E., WROŃSKA U., DENKIEWICZ M., JASZCZUR M., RESPONDEK A., ALABRUDZIŃSKA M., SUSKI-GRABOWSKI C., MAJEWSKA M., JONCZYK P.

Proper functioning of gins complex is important for the maintenance of genome stability in yeast cells.

11th International Conference on Environmental Mutagenesis, XI Congress of SBMCTA and IX Congress of ALAMCTA, Foz do Iguaçu, Brazil, 3-8 November 2013

Programm and Abstracts Book p.216

3511/A

JONCZYK P., GARBACZ M., MAKIEŁA-DZBEŃSKA K., ARAKI H., FLIS K., FIJAŁKOWSKA I.J.

Role of DPB2p, the noncatalytic subunit of DNA polymerase epsilon, in maintaining the high fidelity of DNA replication in yeast.

11th International Conference on Environmental Mutagenesis, XI Congress of SBMCTA and IX Congress of ALAMCTA, Foz do Iguaçu, Brazil, 3-8 November 2013

Programm and Abstracts Book p.216

3512/A

BRÓZDA I., KRÓL K., SKONECZNA A., SKONECZNY M.

Saccharomyces cerevisiae cells lacking SWI6 gene present symptoms of genome instability phenotype.

11th International Conference on Environmental Mutagenesis, XI Congress of SBMCTA and IX Congress of ALAMCTA, Foz do Iguaçu, Brazil, 3-8 November 2013

Programm and Abstracts Book p.203

3513/A

PLACHTA M., HAŁAS A., MCINTYRE J., ŚLEDZIEWSKA-GÓJSKA E.

Stability of native polymerase ETA in yeast *S. cerevisiae*.

11th International Conference on Environmental Mutagenesis, XI Congress of SBMCTA and IX Congress of ALAMCTA, Foz do Iguaçu, Brazil, 3-8 November 2013

Programm and Abstracts Book p.203

3514/A

KRÓL K., BRÓZDA I., SKONECZNA A., SKONECZNY M.

Vesicular transport is implicated in the cellular response to DNA double strand breaks in *Saccharomyces cerevisiae*.

11th International Conference on Environmental Mutagenesis, XI Congress of SBMCTA and IX Congress of ALAMCTA, Foz do Iguaçu, Brazil, 3-8 November 2013

Programm and Abstracts Book p.207

3515/A

MACIEJAK A., SYGITOWICZ G., PAWLAK M., PINIEWSKA J., BURZYŃSKA B.

The anti-inflammatory effects of statins therapy in patients with acute myocardial infarction.

Do Science! Opening of the Academic Year 2013/2014 at Biocentrum Ochota, Warsaw, 25 October 2013

Programme and Abstract Book p.34

3516/A

TUŁACZ D., FOGTMAN A., MACKIEWICZ U., MAĆZEWSKI M., MACIEJAK A., GÓRA M., BURZYŃSKA B.

Parallel analysis of mRNA and microRNA expression profiling of failing heart in an experimental postinfarction rat model.

Do Science! Opening of the Academic Year 2013/2014 at Biocentrum Ochota, Warsaw, 25 October 2013

Programme and Abstract Book p.52

3517/A

TUDEK B., WINCZURA A., KOSICKI K., CZUBATY A.

Lipid peroxidation modulates DNA repair and sensitizes cells to genotoxic factors.

XVIIth Gliwice Scientific Meetings 2013, Gliwice, Poland, 15-16 November 2013

Abstracts p.19

3518/A

DZIUBAN D., SIEDLECKA J., NIEDERNHOFER L., ŚWIEŻEWSKA E., TUDEK B.

Analysis of dolichols content in *ERCC1*^{-/-} mice as a model of accelerated aging.

XVIIth Gliwice Scientific Meetings 2013, Gliwice, Poland, 15-16 November 2013

Abstracts p.117

3519/A

CZERWIŃSKA J., BERENTOWICZ P., NOWAK MAŁGORZATA, KOSICKI K.,

NIEDERNHOFER L., SPEINA E., TUDEK B.

Characterization of ERCC1 deficient mouse embryonic fibroblasts in response to 4-hydroxy-2-nonenal, a major lipid peroxidation product.

XVIIth Gliwice Scientific Meetings 2013, Gliwice, Poland, 15-16 November 2013

Abstracts p. 130

3520/A

DZIAMAN T., FOKSINSKI M., GACKOWSKI D., RÓŻALSKI R., ZARAKOWSKA E.,

SZPIŁA A., GUZ J., SIKORSKA B., SIOMEK A., LUDWICZAK H., CIEŚLA J. M.,

CHMIELARCZYK M., WIŚNIEWSKA E., MARSZAŁEK A., TUDEK B., OLIŃSKI R.

8-oxo-7,8-dihydroguanine (8oxoGua) and uric acid as an efficient predictors of survival in colon cancer (CRC) patients. Relationship between the main enzymes (PARP and OGG) responsible for 8oxoGua repair in CRC.

XVIIth Gliwice Scientific Meetings 2013, Gliwice, Poland, 15-16 November 2013

Abstracts p.132

3521/A

KOSICKI K., CZERWIŃSKA J., KUCHARCZYK A., SPEINA E., NIEDŹWIEDŹ W., TUDEK B.

Major lipid peroxidation product 4-hydroxynonenal affects damage response in HeLa cells.
XVIIth Gliwice Scientific Meetings 2013, Gliwice, Poland, 15-16 November 2013

Abstracts p.134

3522/A

SPEINA E., CZERWIŃSKA J., POZNAŃSKI J., DĘBSKI J., BOHR V.A., TUDEK B.

Modification of WRN protein with 4-hydroxynonenal changes its enzymatic activities and functional dynamics.

XVIIth Gliwice Scientific Meetings 2013, Gliwice, Poland, 15-16 November 2013

Abstracts p. 137

3523/A

BARTOSIK A.A., GŁĄBSKI K., JECZ P., FOGTMAN A., KOBLOWSKA M., JAGURA-BURDZY G.

Mutations in parA (soj) and parB (sp0J) cause global changes in the physiology and metabolism of actively dividing cells of *Pseudomonas aeruginosa*.

14th International Conference on Pseudomonas, Lausanne, Switzerland, 7-11 September 2013

Programme and Abstracts p.20

3524/A

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

ParA and ParB interact with MinCDE system, coupling chromosome segregation and cell division in *Pseudomonas aeruginosa*.

14th International Conference on Pseudomonas, Lausanne, Switzerland, 7-11 September 2013

Programme and Abstracts p. 168

3525/A

JECZ P., JAGURA-BURDZY G.

Phenotypic analysis of the *Pseudomonas aeruginosa* parS mutants.

14th International Conference on Pseudomonas, Lausanne, Switzerland, 7-11 September 2013

Programme and Abstracts p. 121

3526/A

JECZ P., JAGURA-BURDZY G.

Three musketeers of ParAB-*parS* bacterial chromosome partitioning system: one for all and all for one!

Chromosome Dynamics, Lucca (Barga), Italy, 26-31 May 2013

Abstracts BS

3527/A

TOŃSKA K., KALISZEWSKA M., PIOTROWSKA A., PAULOUSKAYA V., SITEK E.J., KIERDASZUK B., PIEKUTOWSKA-ABRAMCZUK D., VIZUETA-MORAGA J., KAMIŃSKA A., PRONICKA E., BARTNIK E.

Zaburzenia komunikacji jądrowo - mitochondrialnej jako przyczyna chorób mitochondrialnych.

IV Polski Kongres Genetyki, Poznań, Polska, 10-13 września 2013

Streszczenia str. 17

3529/A

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

Mitochondrialny metabolizm nukleotydów - diagnostyka molekularna mutacji genów *ANT1* i *RRM2B*.

IV Polski Kongres Genetyki, Poznań, Polska, 10-13 września 2013

Streszczenia str. 94

3530/A

KODROŃ A., KULICKA A., KARWOWSKA K., KRAWCZYŃSKI M., KORWIN-RUJNA M., KIERDASZUK B. KAMIŃSKA A., BARTNIK E., TOŃSKA K.

Analiza korelacji genotyp-fenotyp wśród polskich pacjentów z dziedziczną neuropatią wzrokową Lebera.

IV Polski Kongres Genetyki, Poznań, Polska, 10-13 września 2013

Streszczenia str. 117

3531/A

DĄBROWSKI K., GŁOWACKA A., HEJNOWICZ M.S., WEBER-DĄBROWSKA B., ŁOBOCKA M.B.

Genomic characteristic of PS44 - a new member of *Pseudomonas aeruginosa* PB1 - like phages.

Conference and Exhibition PHAGES 2013, Bacteriophage in Medicine, Food and Biotechnology, St. Hilda's College, Oxford, UK, 10-12 September 2013

Abstracts p.24

3532/A

GŁOWACKA A., DĄBROWSKI K., HEJNOWICZ M.S., WEBER-DĄBROWSKA B., ŁOBOCKA M.B.

Genomic characteristic of PS9N - a new member of *Pseudomonas aeruginosa* phi73 - like phages.

Conference and Exhibition PHAGES 2013, Bacteriophage in Medicine, Food and Biotechnology, St. Hilda's College, Oxford, UK, 10-12 September 2013

Abstracts p.27

3533/A

WOŹNICA W., NASIEROWSKA J., CENA A., RADOMSKA S., LI X., GAĞAŁA U., ŁOBOCKA M.B.

Analiza funkcjonalna genów litycznych bakteriofaga P1.

IV Polski Kongres Genetyki, Poznań, 10-13 września 2013

Streszczenia s.221

3534/A

ŁOBOCKA M.B.

Prediction of phage suitability for antibacterial therapies based on results of genomic analysis and simple laboratory tests.

DIAGMOL 2013, XIV Conference on Molecular Biology in Diagnostics of Infectious Diseases and Biotechnology, Warsaw, Poland, 19 October 2013

Abstracts p.29

3535/A

GIERMASIŃSKA K., GAĞAŁA U., PIETRACHA D., ŁOBOCKA M.B.

Variations in the contribution of P1 plasmid-prophage maintenance cassettes to the stability of P1 plasmid-prophage and heterologous plasmids.

DIAGMOL 2013, XIV Conference on Molecular Biology in Diagnostics of Infectious Diseases and Biotechnology, Warsaw, Poland, 19 October 2013

Abstracts p. 63

3536/A

DENKIEWICZ M., SUSKI-GRABOWSKI C., WROŃSKA U., FIJAŁKOWSKA I.J.

GINs complex - a new player involved in the maintenance of genomic stability in *S. cerevisiae*.

Genome Instability, Evolution and Human Diseases, Saint Petersburg, Russia, 14-17 June 2013

Abstracts p.22-23

3537/A

GRABOWSKA A., RESPONDEK A., JASZCZUR M., JONCZYK P., FIJAŁKOWSKA I.J.

Mutation in central part of Psf1p subunit of GINS complex has impact on DNA replication fidelity.

Genome Instability, Evolution and Human Diseases, Saint Petersburg, Russia, 14-17 June 2013

Abstracts p. 27-28

3538/A

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

Control of the *E. coli* error-prone SOS response by intracellular dNTP pools.

Genome Instability, Evolution and Human Diseases, Saint Petersburg, Russia, 14-17 June 2013

Abstracts p.33-34

3539/A

MAKIEŁA-DZBEŃSKA K., GARBACZ M., ARAKI H., FLIS K., JONCZYK P.,

FIJAŁKOWSKA I.J.

Contribution of Dpb2p, the non-catalytic subunit of DNA polymerase epsilon, to the fidelity of DNA replication in *Saccharomyces cerevisiae*.

Genome Instability, Evolution and Human Diseases, Saint Petersburg, Russia, 14-17 June 2013

Abstracts p.45-46

3540/A

ZAWADA A., FLIS K., JONCZYK P., FIJAŁKOWSKA I.J.

Influence of two human POLE2 counterparts on different DPB2 yeast phenotypes.

Genome Instability, Evolution and Human Diseases, Saint Petersburg, Russia, 14-17 June 2013

Abstracts p. 65-66

3541/A

PIOTROWSKA M., OTLEWSKA A., FRĄC M., ZDANOWSKI M., NIECKARZ M.
Microbial functional diversity of antarctic soils from Arctowski Polish Antarctic Station region.

V International Conference on Environmental, Industrial and Applied Microbiology, Madrid, Spain, 2-4 October 2013

Abstracts BS

3542/A

SZYMAŃSKA K., KULIK A., WENDEHENNE D., DOBROWOLSKA G.

ABA-independent SnRK2 kinases are involved in plant response to salinity.

11th POG Conference on Reactive Oxygen and Nitrogen Species in Plants, Warsaw, Poland, 17-19 July 2013

Biotechnologia (2013) 94(2): 197

3543/A

PIECHOCKI M., GISKA F., HENNIG J., KRZYMOWSKA M.

Functional analysis of homologs of bacterial effector HopQ1.

Summer school on Environmental Signalling, Utrecht, The Netherlands, 26-28 August 2013

Abstracts p.34

3544/A

ŻURCZAK M., HOSER R., LICHOCKA M., HENNIG J., KRZYMOWSKA M.

Nuclear import of N receptor in tobacco is regulated by posttranslational modification of SGT1 protein.

Summer school on Environmental Signalling, Utrecht, The Netherlands, 26-28 August 2013

Abstracts p.42

3545/A

PROROK P., ALILI D., SAINT-PIERRE CH., GASPARUTTO D., ZHARKOV D.O.,

ISCHENKO A.A., TUDEK B., SAPARBAEV M.K.

Human nucleotide incision repair pathway participates in removal of uracil residues in DNA.

10th 3R Meeting, Giens peninsula, France, 21-23 May 2013

Abstracts BS

3546/A

PROROK P., ALILI D., SAINT-PIERRE CH., GASPARUTTO D., ISCHENKO A.A.,

TUDEK B., SAPARBAEV M.K.

Repair of DNA damage arising from cytosine and 5-methylcytosine that challenge the stabilities of genome and epigenome in human cells.

Conférences Jacques Monod "Méthylation et déméthylation de l'ADN", Roscoff, France, 14-18 September 2013

Abstracts BS

3547/A

PROROK P., ALILI D., SAINT-PIERRE CH., GASPARUTTO D., ISCHENKO A.A., TUDEK B., SAPARBAEV M.K.

Repair of DNA damage arising from cytosine and 5-methylcytosine that challenge the stabilities of genome and epigenome in human cells.

German-French DNA repair meeting on Epigenetics and Genome Integrity, Strasbourg - Illkirch, France, 7-10 October 2013

Abstracts BS

3548/A

SZATRAJ K., SZCZEPANKOWSKA A.K., SĄCZYŃSKA V., FLORYS K., GROMADZKA B., ŁEPEK K., PŁUCIENNICZAK G., SZEWCZYK B., ZAGÓRSKI-OSTOJA W., BARDOWSKI J.K.

Preliminary animal trial for a potential live vector vaccine against avian influenza virus in *Lactococcus lactis*.

7th International Conference on Gram-Positive Microorganisms, 17th International Conference on Bacilli, Montecatini Terme, Italy, 23-27 June 2013

Abstracts P1

3549/A

SZATRAJ K., SZCZEPANKOWSKA A.K., GÓRECKI R.K., KOWALCZYK M., GROMADZKA B., ŁEPEK K., SZEWCZYK B., GÓRA-SOCHACKA A., SIRKO A., ZAGÓRSKI-OSTOJA W., BARDOWSKI J.K.

New system for efficient expression of avian influenza haemagglutinin (H5) and chicken interleukin 2 (chIL-2) in lactic acid bacteria.

7th International Conference on Gram-Positive Microorganisms, 17th International Conference on Bacilli, Montecatini Terme, Italy, 23-27 June 2013

Abstracts P9

3550/A

KOWALCZYK M., RADZIWIŁŁ-BIEŃKOWSKA J.M., SZCZĘSNY P., BARDOWSKI J.K.

Deep sequencing, assembly and sequence analysis of *Lactococcus lactis* subsp. *Cremoris* IBB477 strain persistent in the rat gastrointestinal tract.

7th International Conference on Gram-Positive Microorganisms, 17th International Conference on Bacilli, Montecatini Terme, Italy, 23-27 June 2013

Abstracts P25

3551/A

ALEKSANDRZAK-PIEKARCZYK T., SZATRAJ K., PIETRZAK M., OSKÓLSKI P., BARDOWSKI J.K.

Systematic phenome analysis of *Lactococcus lactis* deletion mutants in genes coding for transcriptional regulators from the RpiR family.

19^{ème} colloque du Club des Bactéries Lactiques, Bordeaux, France, 16-18 octobre 2013

Abstracts p.86

3552/A

RADZIWIŁŁ-BIEŃKOWSKA J.M., ROBERT V., LOUBIERE P., THOMAS M.S.,
LANGELLA P., MERCIER-BONIN M., BARDOWSKI J.K., KOWALCZYK M.

Identification of molecular factors involved in adhesion of *Lactococcus lactis* subsp. *cremoris* IBB477 to the intestinal mucosa.

19^{ème} colloque du Club des Bactéries Lactiques, Bordeaux, France, 16-18 octobre 2013

Abstracts p.75

3553/A

KOWALCZYK M., RADZIWIŁŁ-BIEŃKOWSKA J.M., SZCZĘSNY P., BARDOWSKI
J.K.

Deep sequencing and sequence analysis of *Lactococcus lactis* subsp. *cremoris* IBB477 strain containing 5 plasmids.

19^{ème} colloque du Club des Bactéries Lactiques, Bordeaux, France, 16-18 octobre 2013

Abstracts p.48

3554/A

KASAREŁŁO K., SZCZEPANKOWSKA A.K., KWIATKOWSKA-PATZER B.,
GADAMSKI R., RAFAŁOWSKA J., BARDOWSKI J.K., LIPKOWSKI A.W.

Effects of *Lactococcus lactis* producing myelin peptides on histopathological changes in spiral cord of rats with experimental allergic encephalomyelitis.

11th International Congress of the Polish Neuroscience Society, Poznań, Poland, 15-17
September 2013

Abstracts p.54

3555/A

GŁADKI A., KACZANOWSKI S.

Distribution of pseudogenes in selected *Plasmodium falciparum* isolates - automated workflow and selected case studies.

Keystone Symposia meeting on Malaria, New Orleans, USA, 20-25 January 2013

Abstracts BS

3556/A

KACZANOWSKI S.

Analiza szybkiej męskiej ewolucji pasożyta malarii *Plasmodium*.

I Ogólnopolskie Sympozjum Interdyscyplinarne Inter-Mix 2013 "Nowe idee w naukach przyrodniczych", Pułtusk, Polska, 21-24 marca 2013

Program i abstrakty str.23-24

3557/A

KACZANOWSKI S.

The private life of malaria parasites.

Polish Evolutionary Conference 2013, Kraków, Poland, 19-21 September 2013

Conference Book p.48

3558/A

FAURE G., BAKOUH N., ODOLCZYK N., XU H., SAUL F., PLANELLES G.,
ZIELENKIEWICZ P., LUKACS G., OLLERO M., EDELMAN A.

Correcting effect of PLA2 subunit of crotoxin on mutated CFTR: original perspective to
investigate the paharmacotherapy of Cystic Fibrosis.

20th Meeting of the French Society of Toxinology (SFET), Paris, France, 10-11 December
2013

Toxicon (2013) vol. 75 special issue p.212

3559/A

ODOLCZYK N., KUPNIEWSKA-KOZAK A., FARIA da CUNHA M., SIMONIN J.,
SERVEL N., BITAM S., TONDELIER D., ROLDAN A., LUKACS G., DADLEZ M.,
SERMET-GAUDELUS I., FRITSCH J., ZIELENKIEWICZ P., EDELMAN A.

Functional correction of F508del-CFTR by compounds discovered by in silico analysis.

The 27th Annual North American Cystic Fibrosis Conference Salt Palace Convention Center,
Salt Lake City, USA, 17-19 October 2013

Pediatric Pulmonology (2013) 48(S36): 294

3560/A

SZAMBOWSKA A., POSPIECH H., KURSULA P., KUTZ J., TESSMER I., GROSSE F.
Structural characterization and DNA-binding analysis of the human Cdc45 protein.

Eukaryotic DNA Replication & Genome Maintenance, Cold Spring Harbor, New York, USA,
9-13 September 2013

Abstracts p.175

3561/A

GOLEC P., KWAŚNICKA K., KARCZEWSKA-GOLEC J., WĘGRZYN G.

The E.6 gene as a putative player in bacteriophage T4 development.

Phages 2013, Bacteriophage in Medicine, Food and Biotechnology, Oxford, UK, 10-12
September 2013

Abstracts p.28

3562/A

KARCZEWSKA-GOLEC J., GOLEC P., MARKERT S., PIOTROWSKI A., SCHWEDER
T., SZALEWSKA-PAŁASZ A.

Towards understanding of molecular mechanisms governing microbial stress responses and
survival in the challenging marine habitat - OMICS studies of Baltic Sea bacteria in single-
and multi-species cultures.

113th General Meeting American Society for Microbiology, Denver, Colorado, USA, 18-21
May 2013

Abstracts BS

3563/A

MOSKOT M., MOZOLEWSKI P., JAKÓBKIEWICZ-BANECKA J., KLOSKA A.,
WĘGRZYN G., GABIG-CIMIŃSKA M.

Flavonoid-modulated gene network regulating lysosomal metabolism.

2nd Lysosomal Diseases Gordon Research Conference, Lucca (Barga), Italy, 14-19 April
2013

Abstracts BS

3564/A

GABIG-CIMIŃSKA M., MOSKOT M., JAKÓBKIEWICZ-BANECKA J., WĘGRZYN G.
Genistein-modulated gene network regulating lysosomal metabolism.
2nd Lysosomal Diseases Gordon Research Conference, Lucca (Barga), Italy, 14-19 April 2013

Abstracts BS

3565/A

SMOLIŃSKA E., MOSKOT M., GABIG-CIMIŃSKA M.

Analiza transkryptomiczna genów związanych z patogenezą łuszczycy w keratynocytach i fibroblastach traktowanych genisteiną.

II Ogólnopolska Konferencja Studentów i Doktorantów Nauk Ścisłych, Gdańsk, Polska, 28 czerwca 2013

Książka Abstraktów str.11

3566/A

KARCZEWSKA-GOLEC J., GRONAU K., ZUEHLKE D., GOLEC P., BERNHARDT J., HESSLING B., BECHER D., WĘGRZYN G., HECKER M., OBUCHOWSKI M.

Arginine/proline metabolism proteins are candidates for PrpE phosphatase co-effectors in *Bacillus subtilis* spore germination and outgrowth.

FEMS 2013, 5th Congress of European Microbiologists, Leipzig, Germany, 21-25 July 2013

Program Book BS

3567/A

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

The development of bacteriophage T4 - the experimental approach vs. the mathematical model.

FEMS 2013, 5th Congress of European Microbiologists, Leipzig, Germany, 21-25 July 2013

Program Book BS

3568/A

WIECH M., OLSZEWSKI M.B., TRACZ Z., WAWRZYNOW B., ŻYLICZ M., ŻYLICZ A.

The impact of HSP70 on the morphology and cytotoxicity of p53 R175H aggregates.

The EMBO Conference "The Biology of Molecular Chaperones: From molecules, organells and cells to misfolding diseases", Santa Margherita di Pula, Italy, 17-22 May 2013

Abstracts p.106

3569/A

TRACZ Z., WIECH M., ŻYLICZ M., ŻYLICZ A.

Molecular chaperones and chemoresistance of cancer cells with mutated TP53.

The EMBO Conference "The Biology of Molecular Chaperones: From molecules, organells and cells to misfolding diseases", Santa Margherita di Pula, Italy, 17-22 May 2013

Abstracts p.125

HABILITACJE 2013

698/N

KACZANOWSKI SZYMON

Zastosowanie metod bioinformatycznych w badaniu procesu ewolucji.

Application of bioinformatics methods for studying evolutionary processes.

2013-02-26

Awarding of the degree of Doctor Habilitatus - February 26, 2013

Research done in IBB PAS.

699/N

SIKORA ANNA

Wybrane procesy zależne od żelaza Fe(II) i Fe(III) w komórkach mikroorganizmów: znaczenie biotechnologiczne oraz efekty zaburzeń w komórce.

Selected processes dependent in iron Fe(II) and Fe(III) in microbial cells: biotechnological significance and effects of disorders in the cell.

2013-07-16

Awarding of the degree of Doctor Habilitatus - June 25, 2013

Research done in IBB PAS.

700/N

SPEINA ELŻBIETA

Mechanizmy modyfikacji systemu naprawy przez wycinanie zasad, ich znaczenie dla wydajności naprawy DNA i rozwoju nowotworów.

Mechanisms of base excision repair modification, their contribution to the efficiency of DNA repair and carcinogenesis.

2013-06-25

Awarding of the degree of Doctor Habilitatus - June 25, 2013

Research done in IBB PAS.

701/N

KRZYMOWSKA MAGDALENA

Dialog molekularny dwóch błyskotliwych adwersarzy - roślin i patogennych bakterii.

Molecular dialog between two ingenious opponents - plants and pathogenic bacteria.

2014-00-03

Awarding of the degree of Doctor Habilitatus - December 3, 2013

Research done in IBB PAS.

702/1/N

CHWEDORZEWSKA KATARZYNA J.

Zmienność genetyczna i epigenetyczna rośliny rodzimej *Deschampsia antarctica* Desv. i obcej *Poa Anna* L. w ekstremalnym środowisku antarktycznym.

Genetic and epigenetic diversity of native *Deschampsia Antarctica* Desv. and alien *Poa annua* L. plants in extreme Antarctic conditions.

2014-00-19

Awarding of the degree of Doctor Habilitatus - December 19, 2013

Research done in University of Warmia and Mazury in Olsztyn and IBB PAS.

702/N

NOWOTNY MARCIN

Analiza strukturalna wybranych mechanizmów naprawy DNA.

Structural analysis of selected mechanisms of DNA repair .

2014-00-03

Awarding of the degree of Doctor Habilitatus - December 3, 2013

Research done in IBB PAS.

ROZPRAWY DOKTORSKIE 2013

703/N

MAKOWSKA MAŁGORZATA

Synteza analogów benzotriazolu i benzimidazolu jako potencjalnych inhibitorów kinazy kazeinowej CK2.

(Synthesis of benzotriazole's and benzimidazole's analogs as potential casein kinase CK2 inhibitors.)

Presented February 12, 2013

Research performed at the Laboratory of Metabolites IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisor: prof. ndzw. dr hab. Maria Bretner

[pol]

704/N

REDKIEWICZ PATRYCJA ANNA

Rośliny jako bioreaktory do wydajnej produkcji rekombinowanych cytokin hIL-2 i mGM-CSF.

(Plants as bioreactors for efficient production of cytokines hIL-2 and mGM-CSF.)

Presented February 12, 2013

Research performed at the Department of Protein Biosynthesis IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Agnieszka Sirko

[pol]

705/N

MIELECKI DAMIAN

Nowe funkcje dioksygenazy AlkB w *Escherichia coli* oraz w wybranych sinicach i *Arabidopsis thaliana*.

(New functions of AlkB dioxygenase in *Escherichia coli* and in selected *Cyanobacteria* and *Arabidopsis thaliana*.)

Presented April 9, 2013

Research done in the Department of Molecular Biology IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Elżbieta Grzesiuk

[pol]

706/N

HALIBART-PUZIO JOANNA

Rola histonu H1.3 w regulacji odpowiedzi roślin na stres-molekularny mechanizm regulacji struktury chromatyny.

(Role of histone H1.3 in the regulation of plant responses to stress-molecular mechanism of chromatin structure regulation.)

Presented February 26, 2013

Research performed at the Department of Protein Biosynthesis IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Andrzej Jerzmanowski

[pol]

707/N

ŻYCKA-KRZESIŃSKA JOANNA

Charakterystyka mikrobiologiczna i molekularna środowiskowych szczepów *Lactococcus lactis* opornych na tetracyklinę.

(Microbiological and molecular characterization of environmental, tetracycline resistant *Lactococcus lactis* strains.)

Presented April 18, 2013

Research done in the Department of Microbial Biochemistry IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Jacek Bardowski

[pol]

708/N

ŻOCHOWSKA MONIKA

Wykorzystanie dodekahedronu adenowirusowego do wprowadzania czynników terapeutycznych do tkanek nowotworowych.

(Use of adenovirus dodecahedron to enter therapeutic agents to tumor tissue.)

Presented April 16, 2013

Research performed at the Department of Protein Biosynthesis IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisor: dr hab. Jadwiga Chroboczek

[pol]

709/N

KOZŁOWSKI PAWEŁ

Zintegrowany serwis bioinformatyczny do analiz białek. Przewidywanie domen i miejsc pozbawionych struktury trzeciorzędowej.

(Integrated bioinformatics platform for protein analysis. Prediction of protein domain and intrinsic protein disorder.)

Presented May 7, 2013

Research performed at the Laboratory of Bioinformatics and Protein Engineering IIMCB.

Ph.D. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Janusz M. Bujnicki

[pol]

710/N

BUDZIŃSKA MONIKA

Wpływ wiązania jonów wapnia oraz modyfikacji Cys85 na konformację ludzkiego białka S100A1.

(Impact of calcium binding and Cys85 modification on the conformation of human S100A1 protein.)

Presented May 28, 2013

Research performed at the Laboratory of Biological NMR IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisor: prof. Andrzej Ejchart

[pol]

711/N

WERNER MARIA

Identyfikacja i charakterystyka ludzkich metylotransferaz działających na koniec 5' RNA.

(Identification and characterization of human methyltransferases that modify 5' end of RNA.)

Presented May 14, 2013

Research performed at the Laboratory of Bioinformatics and Protein Engineering IIMCB and IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisor: prof. Janusz M. Bujnicki

[pol]

712/N

SULEJ AGATA

Inżynieria rybonukleazy H wykazującej specyficzną sekwencyjną.
(Engineering of a sequence-specific ribonuclease H.)

Presented May 28, 2013

Research performed at the Laboratory of Bioinformatics and Protein Engineering IIMCB and IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisor: prof. Janusz M. Bujnicki

[pol]

713/N

WITUSZYŃSKA WERONIKA

Genetyczne oraz molekularne mechanizmy kontrolujące programowaną śmierć komórki oraz przystosowanie roślin w odpowiedzi na stresy abiotyczne.

(Genetic and molecular mechanisms controlling programmed cell death and plant adaptation in response to abiotic stresses.)

Presented June 11, 2013

Research performed at the Department of Plant Genetics, Breeding and Biotechnology, Warsaw University of Life Sciences and IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisor: prof. Stanisław Karpiński

[ang]

714/N

JUCHIMIUK MATEUSZ

Dolicholo-zależna glikozylacja białek u *Candida albicans*.

(Dolichol associated protein glycosylation in *Candida albicans*.)

Presented July 16, 2013

Research performed at the Laboratory of Fungal Glycobiology IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Grażyna Palamarczyk

[ang]

715/N

JÓŹWIAK ADAM

Biosynteza dolicholi u *Arabidopsis thaliana* - wpływ stresu na poszczególne etapy szlaku.

(The biosynthesis of dolichols in *Arabidopsis thaliana* - effect of stress on the subsequent steps of the pathway.)

Presented September 3, 2013

Research performed at the Department of Lipid Biochemistry IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisor: prof. Ewa Świeżewska, dr Liliana Surmacz

[ang]

716/N

PROROK PAULINA

Rola ludzkiego systemu naprawy przez nacinanie nukleotydów w usuwaniu egzocyklicznych adduktów zasad azotowych i uracylu z DNA.

(The role of the human nucleotide incision repair in the removal of exocyclic DNA-base adducts and uracil from DNA.)

Presented October 15, 2013

Research done in the Department of Molecular Biology IBB PAS and UMR 8200, CNRS, Institut Gustave Roussy, Villejuif, France.

Ph.D. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Barbara Tudek

[ang]

717/N

TARNOWSKI KRZYSZTOF JACEK

Sygnały transportu jądrowo-cytoplazmatycznego ludzkich kohezyn SA1 i SA2 wyrażanych w *Saccharomyces cerevisiae* oraz w komórkach ludzkich.

(Nucleocytoplasmic transport signals of human cohesins SA1 and SA2 expressed in *Saccharomyces cerevisiae* and in human cells.)

Presented September 17, 2013

Research done in the Department of Genetics IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisor: dr hab. Anna Kurlandzka

[pol]

718/N

SZARLAK JOLANTA

Analiza systemu koniugacyjnego plazmidu RA3 z grupy niezgodności IncU o szerokim zakresie gospodarzy.

(Analysis of conjugative system from broad host range RA3 plasmid of IncU incompatibility group.)

Presented October 22, 2013

Research done in the Department of Biophysics IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Grażyna Jagura-Burdzy

[pol]

719/N

WOJTAL IZABELA

Badania funkcjonalne i strukturalne białka VPg wirusa Y ziemniaka oraz jego kompleksu z eukariotycznym czynnikiem inicjacji translacji eIF4E.

(Functional and structural studies of potato virus Y terminal protein VPg and its complex with initiation factor eIF4E.)

Presented October 22, 2013

Research performed at the Department of Protein Biosynthesis IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisor: dr hab. Jadwiga Chroboczek, prof. dr hab. Włodzimierz Zagórski-Ostoja

[pol]

720/N

ARIANI HANIEH HOSSEIN NEJAD

Aspekty strukturalne wspomaganej przez Ni(II) hydrolizy wiązania peptydowego.
(Structural aspects of Ni(II) - assisted peptide bond hydrolysis.)

Presented December 19, 2013

Research done in the Department of Biophysics IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Wojciech Bal

[ang]

721/N

KRZYWIŃSKA EWA

Regulacja aktywności kinaz SnRK2 niezależnych od ABA przez fosfatazy białkowe.
(Regulation of ABA-independent SnRK2 activity by protein phosphatases.)

Presented December 10, 2013

Research performed at the Department of Plant Biochemistry IBB PAS

Ph.D. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Grażyna Dobrowolska

[ang]

722/N

BORKIEWICZ LIDIA

Poszukiwanie roli kinaz białkowych zależnych od wapnia w przekazywaniu sygnałów stresów abiotycznych u roślin.

(Searching for the role of Calcium-Dependent Protein Kinases
in abiotic stress signaling in plants.)

Presented December 10, 2013

Research performed at the Department of Plant Biochemistry IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Grażyna Muszyńska

[ang]

723/N

BUSZEWICZ DANIEL GRZEGORZ

Identyfikacja, lokalizacja genomowa i charakterystyka funkcjonalna deacetylazy histonowej HD2C z Arabidopsis.

(Identification, genome localization and functional characterization of Arabidopsis HD2C histone deacetylase.)

Presented December 17, 2013

Research performed at the Laboratory of Plant Molecular Biology IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisor: dr hab. Marta Kobłowska

[ang]

724/N

MONIUSZKO GRZEGORZ

Udział białek z rodziny UP9/LSU w odpowiedzi roślin na głodzenie siarkowe.

(Involvement of proteins from UP9/LSU family in plant response to sulfur deficit.)

Presented December 17, 2013

Research performed at the Department of Protein Biosynthesis IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Agnieszka Sirko

[ang]

725/N

PIĘTAL MICHAŁ

Nowe metody i narzędzia bioinformatyczne do analizy kontaktów wewnątrz- i międzycząsteczkowych w białkach, kwasach nukleinowych i ich kompleksach.

(New bioinformatics methods and tools for the analysis of intra and intermolecular contacts in proteins, nucleic acids and their complexes.)

Presented December 19, 2013

Research performed at the Laboratory of Bioinformatics and Protein Engineering IIMCB and IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisor: prof. Janusz M. Bujnicki

[pol]

726/N

TUSZYŃSKA IRINA

Przewidywanie oddziaływań i struktury kompleksów białek z RNA.

(Prediction of protein - RNA complexes structures and interactions.)

Presented April 9, 2013

Research performed at the Laboratory of Bioinformatics and Protein Engineering IIMCB and IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisor: prof. Janusz M. Bujnicki

[pol]

726/1/N

BIELA ARTUR

Hamowanie enzymów szlaku naprawy przez wycinanie zasad poprzez utlenianie motywu palca cynkowego.

(Base Excision Repair enzymes inhibition by zinc finger (ZnF) oxidation.)

Presented December 17, 2013

Research done in the Department of Molecular Biology IBB PAS and Centre de biophysique moléculaire - UPR 4301, Université d'Orléans, France.

Ph.D. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Barbara Tudek, prof. Bertrand Castaing

[ang]

PRACE MAGISTERSKIE 2013

727/N

ZACZEK MACIEJ

Analiza sygnałów lokalizacji jądrowej C-końcowego fragmentu ludzkiej kohezyny SA2.
(Functional analysis of C-terminal nuclear localization signals of human cohesin SA2.)

Presented June 20, 2013

Research done in Department of Genetics IBB PAS and Faculty of Biology the University of Warsaw.

M.Sc. Thesis Supervisor: dr hab. Jan Fronk, dr hab. Anna Kurlandzka

728/N

JANICKA ZOFIA

Produkcja mysiego czynnika stymulującego tworzenie kolonii granulocytów i makrofagów (mGM-CSF) w roślinnym systemie ekspresji przejściowej magnICON.

(Production of mouse granulocyte-macrophage colony-stimulating factor (mGM-CSF) in plant-based transient expression system magnICON.)

Presented March 13, 2013

Research done in the Department of Protein Biosynthesis IBB PAS and SGGW.

M.Sc. Thesis Supervisor: dr Anna Góra-Sochacka

729/N

WYSOCZAŃSKA JUSTYNA

Badania nad syntezą nowych analogów Arabinocytozyny (AraC).

(Studies on the synthesis of new analogues Arabinocytosine (AraC).)

Presented June 24, 2013

Research done in the Faculty of Chemistry Warsaw University of Technology and IBB PAS.

M.Sc. Thesis Supervisor: dr inż. Mariola Koszytkowska-Stawińska, dr Adam Mieczkowski

730/N

ZAJĄC RAFAŁ

Czy w mitochondriach drożdży *Saccharomyces cerevisiae* działa ścieżka naprawy podwójnych pęknięć DNA poprzez niehomologiczne łączenie końców (ang. non-homologous and joining: NHEJ).

(Does in the mitochondria of yeast *Saccharomyces cerevisiae* works repair pathway double strand breaks by non-homologous and joining (NHEJ).)

Presented July 24, 2013

Research done in Laboratory of Mutagenesis and Plant Repair IBB PAS and Faculty of Agriculture and Biology SGGW.

M.Sc. Thesis Supervisor: dr Aneta Kaniak-Golik

731/N

LICHOTA RENATA NATALIA

Wpływ aktywacji syntazy FPP na proces glikozylacji i sekrecji w *Trichoderma atroviride*.

(FPP synthase activation impact on the process of glycosylation and secretion in *Trichoderma atroviride*.)

Presented July 31, 2013

Research done in Laboratory of Fungal Glycobiology IBB PAS and Faculty of Agriculture and Biology SGGW.

M.Sc. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Joanna Kruszewska

732/N

ŻURAŃSKA MARTA AGNIESZKA

Czy funkcja nowego prionu drożdżowego Rbs1 wiąże się z biogenezą kompleksu polimerazy III RNA?

(Possible effect of a new yeast prion, Rbs1, on the biogenesis of RNA polymerase III complex.)

Presented July 15, 2013

Research done in Department of Genetics IBB PAS and Marian Smoluchowski Institute of Physics,

Faculty of Physics, Astronomy and Applied Computer Science of the Jagiellonian University.

M.Sc. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Magdalena Rakowska-Boguta, prof. Józef Mościcki

733/N

IZAK DARIUSZ

Identyfikacja i analiza ruchomych elementów genetycznych wybranych szczepów

Staphylococcus aureus oraz pozyskanie ich pochodnych bezplazmidowych.

(Identification and analysis of mobile genetic elements in selected *Staphylococcus aureus* strains and the acquisition on their plasmidless derivatives.)

Presented September 9, 2013

Research done in the Faculty of Agriculture and Biology SGGW and IBB PAS.

M.Sc. Thesis Supervisor: dr hab. Małgorzata Łobocka

734/N

BUCHOLC KATARZYNA ANNA

S-nitrozylacja białek zagęszczenia postsynaptycznego w mysich modelach choroby Alzheimer'a.

(S-nitrosylation of the postsynaptic density proteins in mouse models of Alzheimer's disease.)

Presented September 18, 2013

Research done in the Faculty of Biology the University of Warsaw and IBB PAS.

M.Sc. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Michał Dadlez

735/N

PIETRZAK MARIA

Badanie wpływu inaktywacji wybranych genów kodujących hipotetyczne regulatory transkrypcji na funkcje *Lactococcus lactis* IL1403 w podejściu globalnych analiz fenotypowych (Phenotype MicroArrays).

(Assigning the functions for selected putative transcriptional regulators in *Lactococcus lactis* IL1403 in the approach of global phenotypic analysis (Phenotype MicroArrays).)

Presented October 2, 2013

Research done in the Department of Microbial Biochemistry IBB PAS and Faculty of Chemistry Warsaw University of Technology.

M.Sc. Thesis Supervisor: dr hab. Joanna Cieśla, dr Tamara Aleksandrak-Piekarczyk

736/N

SIEMIĄTKOWSKA BEATA

Identyfikacja czynnika awirulencji wirusa Y ziemniaka (PVY) wywołującego reakcję nadwrażliwości w roślinach *Solanum tuberosum* L. posiadających allel Ny-1.

(Identification of avirulence factor of the Potato Virus Y (PVY) responsible for the hypersensitive reaction in *Solanum tuberosum* L. plants carrying the Ny-1 allele.)

Presented September 12, 2013

Research done in the Laboratory of Plant Pathogenesis IBB PAS and SGGW.

M.Sc. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Jacek Hennig

737/N

BAZAN RAFAŁ

Identyfikacja partnerów drożdżowego białka Rbs1 przy użyciu spektrometrii mas.
(Identification of yeast protein Rbs1 partners by using mass spectrometry.)

Presented September 11, 2013

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

738/N

JANKOWSKI TOMASZ

Mikrobiologiczna produkcja metanu z odcieku pofermentacyjnego melasy.
(Microbial production of methane from the effluent postfermentation molasses.)

Presented September 25, 2013

Research done in the Department of Molecular Biology IBB PAS and Faculty of Agriculture and Biology SGGW.

M.Sc. Thesis Supervisor: dr hab. Mieczysław Błaszczak dr hab. Anna Sikora

739/N

PERZANOWSKA ANNA

Stworzenie panelu MRM stanu zapalnego w celu identyfikacji nowego leku naczyniowego wyodrębnionego z pochodnych escyny.

(Development of an inflammation-specific MRM assay for the discovery of novel vascular pharmaceuticals from escin derivatives.)

Presented September 30, 2013

Research done in the Faculty of Biology UW and the IBB PAS.

M.Sc. Thesis Supervisor: prof. Michał Dadlez, dr Dominik Domański

740/N

ZAGRZEJEWSKI MARCIN

Rola Siz1 w mutagenzie indukowanej metanosulfonianem metylowym (MMS) w komórkach *Saccharomyces cerevisiae*.

(Effect of Siz1 in methyl methanesulphonate (MMS) induced mutagenesis in yeast *Saccharomyces cerevisiae*.)

Presented September 27, 2013

Research done in Laboratory of Mutagenesis and Plant Repair IBB PAS and Faculty of Agriculture and Biology SGGW.

M.Sc. Thesis Supervisor: prof. Ewa Sledziwska-Gójska

741/N

CHOROŚ ARTUR

Charakterystyka *cis*-prenylotransferaz *Arabidopsis thaliana* (AtCPT).

(Characteristics of *cis*-prenyltransferase *Arabidopsis thaliana* (AtCPT).)

Presented October 14, 2013

Research performed at the Department of Lipid Biochemistry IBB PAS and Faculty of Chemistry Warsaw University of Technology.

M.Sc. Thesis Supervisor: dr Patrycja Wińska, dr Liliana Surmacz

742/N

GRABSKA NATALIA

Charakterystyka transgeniczných roslin *Arabidopsis thaliana* z nadekspresją homologów *cis*-prenylotransferaz.

(Characteristic of transgenic *Arabidopsis thaliana* plants overexpressing *cis*-prenyltransferases homologues.)

Presented October 14, 2013

Research performed at the Department of Lipid Biochemistry IBB PAS and Faculty of Chemistry Warsaw University of Technology.

M.Sc. Thesis Supervisor: dr Patrycja Wińska, dr Liliana Surmacz

743/N

WĘGRZYŃSKA MONIKA

Próba wykorzystania systemu koniugacyjnego plazmidu pCTX-M3 w terapii przeciwbakteryjnej.

(An attempt to use the pCTX-M3 plasmid conjugative systems in an antimicrobial therapy.)

Presented September 25, 2013

Research done in the Department of Microbial Biochemistry IBB PAS and Faculty of Agriculture and Biology SGGW.

M.Sc. Thesis Supervisor: dr Izabela Kern-Zdanowicz

744/N

SUROWIECKI PRZEMYSŁAW

Analiza wybranych oddziaływań międzybiałkowych i międzydomenowych białka Joka2, receptora selektywnej autofagii w roślinach tytoniu.

(Analysis of the chosen protein-protein and interdomain interactions of Joka2, a selective autophagy receptor from tobacco.)

Presented September 24, 2013

Research done in the Department of Plant Biochemistry IBB PAS and Faculty of Agriculture and Biology SGGW.

M.Sc. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Agnieszka Sirko

745/N

DYLEWSKA MAŁGORZATA

Rola dioksygenazy AlkB z *Escherichia coli* w naprawie 1,N⁶- α hydroksypropanoadeniny w DNA.

(The role of bacterial AlkB dioxigenases from *Escherichia coli* in 1,N⁶- α hydroksypropanoadenine in DNA.)

Presented January 23, 2013

Research done in the Department of Molecular Biology IBB PAS and Faculty of Agriculture and Biology SGGW.

M.Sc. Thesis Supervisor: dr Agnieszka Maciejewska

746/N

JURKOWSKI MARCIN

Analiza bioinformatyczna genów puli plazmidów środowiskowego szczepu *Acinetobacter lwoffii* wyizolowanego z kopalni złota i arsenu w Żłotym Stoku.

(Bioinformatic analysis of the plasmid gene pool of an environmental *Acinetobacter lwoffii* strain isolated from a gold arsenic mine in Żłoty Stok.)

Presented July 15, 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

747/N

SKROBOT JOANNA

Identyfikacja i charakterystyka szczepów z grupy *Actinobacteria* wyizolowanych z mat mikrobiologicznych pochodzących z kopalni uranu w Kowarach.

(Identification and characterization strains from group of *Actinobacteria* isolated from microbial mats from uranium mine in Kowary.)

Presented September 16, 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

MISCELLANEA 2013

216/M

HENNIG J.

O technice fenotypowania. Zielona pomoc dla głodnego świata.

Academia (2013) 1(33): 20-21

217/M

SIEDLECKI J.A., TUDEK B.

Podstawowe pojęcia i definicje w biologii molekularnej nowotworów.

Leczenie ukierunkowane na cele molekularne w onkologii i hematookologii / pod red.

M.Z. Wojtukiewicza i E. Sierko. Via Medica Gdańsk 2013 [566 s.]; ISBN 978-83-7599-622-7, str.2-19

218/A

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

Presja gatunków obcych na lądowe ekosystemy morskiej Antarktyki.

Kosmos (2013) 62(3): 351-358

219/A

OLECH M.A., CHWEDORZEWSKA K.J.

Wiechlina roczna (*Poa annua*) - gatunek inwazyjny we florze naczyniowej Antarktyki.

Kosmos (2013) 62(3): 359-364

220/A

OLECH M.A., WĘGRZYN M., LISOWSKA M., CHWEDORZEWSKA K.J., SŁABY A.

Polarne ekosystemy lądowe w kontekście zmian klimatycznych.

Kosmos (2013) 62(3): 365-372

221/A

KORCZAK-ABSHIRE M., CHWEDORZEWSKA K.J.

Zmiany w populacjach ptaków i ssaków płetwonogich Antarktyki zachodniej.

Kosmos (2013) 62(3): 393-400

222/A

GRZESIAK J., ZDANOWSKI M.

Mikrobiocenozy regionów polarnych w dobie globalnego ocieplenia.

Kosmos (2013) 62(3): 341-349

223/M

ZAGÓRSKI-OSTOJA W.

Boska cząsteczka.

Pauza Akademicka (2013) Rok VI Nr 229 str. 1-2

224/A

SHUGAR D., FABBRO D.

Preface. Inhibitors of protein kinases.

Biochimica et Biophysica Acta (2013) 1834: 1269-1270

225/M

GABIG-CIMIŃSKA M., KLOSKA A., MALINOWSKA M.

Human genetics disorders, part 2 - Diagnosis and Treatment.

Course book prepared as part of the project: "Kształcimy najlepszych - kompleksowy program rozwoju doktorantów, młodych doktorantów oraz akademickiej kadry dydaktycznej Uniwersytetu Gdańskiego", Intercollegiate Faculty of Biotechnology UG & MUG, Gdańsk
2013

**PUBLIKACJE NIEUWZGLĘDNIONE
W SPRAWOZADANU ZA ROK 2012**

ARTYKUŁY

4701

OLECH M.A., SŁABY A.,

The lichen biota of Antarctic Specially Protected Area No. 151, Lions Rump (King George Island).

Chapter in: **Lichen Protection - Protected Lichen Species** (p.345)/ Ed. by Ludwik Lipnicki.

– Gorzów Wlkp. : Sonar Literacki, 2012 ISBN 978-83-63189-19-8; p.67-78

ABSTRAKTY

3373/A

KIELA P.R., RADHAKRISHNAN V.M., THURSTON R.D., LARMONIER C.B.

RAMALINGAM R., LAUBITZ D., GHISHAN F.K.,

Bone loss and renal Ca²⁺ wasting in experimental colitis is accompanied by downregulation of TRPV5 in renal distal convoluted tubules.

Experimental Biology Meeting. San Diego, CA, USA, April 21-25, 2012

Faseb Journal (2012) Vol. 26: 867.28

3374/A

PLAZIŃSKA M.T., KOBYLECKA M., TOCZYŁOWSKA B., MĄCZEWSKA J.,

FRONCZEWSKA-WIENIAWSKA K., KUNIKOWSKA J., KRÓLICKI L.,

(¹H NMR) spectroscopic analysis of lipid profile of synovial fluid in patients with arthritis reported for radiation synovectomy.

25th Annual Congress of the European-Association-of-Nuclear-Medicine (EANM) Milan, Italy, October 27-31, 2012

European Journal of Nuclear Medicine and Molecular Imaging Vol. 39 Supplement 2 p. S316-S316 P0048

3375/1/A

RÓZGA M., ZAWISZA I., BONNA A., BAL W.,

Competition based approach to quantification of protoxic Cu(II)-A β complexes.

244th ACS National Meeting, Philadelphia, PA, USA, 19-23 August 2012

Abstracts BS

3375/2/A

BAL W., RÓZGA M., GOCH W., ZAWISZA I., BONNA A., KUROWSKA E.,

Coordination chemistry in the synaptic cleft. Cooper, A β peptide, neurotransmitters and restricted volumes.

The 6th Asian Biological Inorganic Chemistry Conference (AsBIC-VI), Hong Kong, China, 508 November 2012

Abstracts BS

3375/A

ALBRECHT-STANISŁAWSKA K., ADAMOWICZ-SALACH A., BURZYŃSKA B.,
PAWELEC K., MATYSIAK M.,

Thalassemia - increasingly frequent cause of microcytic anemias in children in Poland.
54th Annual Meeting and Exposition of the American-Society-of-Hematology, Atlanta, USA,
8 November 2012

Blood (2012) 120(21): 5184

MISCELLANEA

211/M

KUROWSKA E.,

Granice kwasowości. Miara pH w strukturach subkomórkowych.

Academia (2012) 4(32): 8-10

212/M

GUZEK D., GŁĄBSKI K., GŁĄBSKA D., POGORZELSKI G., BARSZCZEWSKI J.,
WIERZBICKA A.,

Zastosowanie techniki mikroskopowej do oceny struktury mięsa wołowego przez pomiar
długości sarkomerów.

Postępy Nauki i Techniki (2012) 15: 180-185

213/M

GUZEK D., GŁĄBSKI K., GŁĄBSKA D., PLEWA P., PLEWA R., WIERZBICKA A.,

Comparison of sarcomere length for two types of meat from animal family Sidae - analysis of
measurements carried out by microscopic technique.

Advance in Science and Technology Research Journal (2012) 6(16): 13-17

214/M

ORLIKOWSKI L.B., TRZEWIK A., PTASZEK M., TUŁACZ D.,

Woda źródłem gatunków *Phytophthora* spp.

oraz zagrożenie wynikające z ich występowania dla upraw.

Progressin Plant Protection / Postępy w Ochronie Roślin (2012) 52(3): 646-650

215/M

PANAGIOTOPOULOU H., POPOVIC D., STANKOVIC A., KOLMAN R.,

RACZKOWSKI M., SZCZEPKOWSKI M.,

Badania genetyczne biologicznego materiału wyjściowego do prac nad restytucją jesiota
bałtyckiego (*Acipenser oxyrinchus oxyrinchus* Mitchill) w Polsce.

Komunikaty Rybackie (2012) 6(131): 15-18

Informacje o działalności jednostki naukowej PAN w 2013 r.

Informacje o działalności jednostki naukowej PAN w 2013r.
(sporządzane i przekazywane adresatom wyłącznie w wersji elektronicznej)

Adresaci:

- 1) **Wydział PAN** (właściwy merytorycznie i organizacyjnie)
- 2) **Biuro Upowszechniania i Promocji Nauki PAN**

Termin: 31.01.2014 r.

I. INFORMACJE ORGANIZACYJNE

I.1.

- **Instytut Biochemii i Biofizyki Polskiej Akademii Nauk**
- Kategoria A+, Decyzja nr 203/KAT/2013 z dnia 25.10.2013 r., komunikat z dnia 30 września 2013 r. ogłoszony na stronie Ministerstwa Nauki i Szkolnictwa Wyższego.
- 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 biologiczne 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 białkowym zaangażowanym 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 mutagenezy i naprawy DNA z procesami nowotworowymi. Analizowane są funkcje zarówno znanych jak i nowoodkrytych genów zaangażowanych w procesy mutagenezy 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.

Biofizyczne aspekty oddziaływań biologicznych **podstawowych i toksycznych jonów metali** są badane za pomocą szerokiego wachlarza metod badawczych, obejmującego techniki

eksperymentalne dostarczające informacji o termodynamice badanych procesów (kalorymetrie ITC i DSC, potencjometria, termoforeza kapilarna) i mechanizmie oddziaływań (spektroskopie UV-Vis, CD, fluorescencyjna i NMR, szereg technik MS) oraz obliczenia teoretyczne. Do kluczowych zagadnień poznawczych badanych tymi metodami należy zaliczyć mechanizmy molekularne w etiologii chorób neurodegeneracyjnych, przekazywanie sygnałów biologicznych przez jony Ca^{2+} i Zn^{2+} oraz reakcje metalozależnej hydrolizy wiązania peptydowego. Prowadzone są również badania stosowane, wykorzystujące wyniki badań podstawowych.

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 analizą 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 Instytucie działa **Pracownia Analiz Mikromacierzy (PAM)**. W pracowni tej, we współpracy z innymi laboratoriami, prowadzone są 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.

¹ Definicja - stosownie do kryteriów przyjętych w aktualnym rozporządzeniu MNiSW

Liczba ogółem	Monografie ¹ (lub rozdziały)	Podr. akadem. ¹ (lub rozdziały)	Publikacje w czasopismach recenzowanych			pozostałe publ. nauk.
			publikacje 1	publikacje 2	publikacje 3	
145	10	-	125	-	5	5

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)

II.2. Aktywność wydawnicza jednostki

II.2.1. Wydawnictwa własne jednostki w roku sprawozdawczym (liczbowo, dotyczy wydawnictw, które ukazały się w roku sprawozdawczym)

ogółem wydane		z tego								
		wydawnictwa zwalte		wydawnictwa ciągłe					Pozostałe	
				w tym <u>czasopisma:</u> drukowane		wyłącznie w wersji elektronicznej	Inne wydawnictwa ciągłe			
liczba tytułów	nakład w egz.	liczba tytułów	nakład w egz.	liczba tytułów	nakład w egz.	liczba tytułów	liczba tytułów	nakład w egz.	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): 160

w tym:

Projekt w ramach	Tytuł projektu	Kierownik projektu	Okres realizacji (rok) od-do	Przyznane środki	Instytucja finansująca
II.3.1	1) Charakterystyka tkanek i komórek myszy Ercc1-/- jako modelu do badań nad wpływem stresu oksydacyjnego na procesy starzenia.	Prof. Barbara Tudek	2011-2014	400 000 zł	Narodowe Centrum Nauki
	2) Charakterystyka molekularna i funkcjonalna transportera siarczanowego AstA u grzybowych patogenów roślin uprawnych.	Dr Sebastian Piłsyk	2011-2014	189 320 zł	Narodowe Centrum Nauki
	3) 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

4) 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
5) Analiza funkcjonalna HopQ1, czynnika zwiększającego zjadliwość szczepów <i>Pseudomonas syringae</i> atakujących fasolę.	Dr hab. Magdalena Krzymowska	2011-2014	468 000 zł	Narodowe Centrum Nauki
6) Identyfikacja funkcji biologicznej, mechanizmów działania oraz potencjalnego znaczenia biotechnologicznego nieznanymi dotąd genów wczesnej odpowiedzi transkrypcyjnej na stres abiotyczny u <i>Arabidopsis thaliana</i> .	Prof. Andrzej Jerzmanowski	2011-2014	680 000 zł	Narodowe Centrum Nauki
7) 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
8) 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
9) 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
10) Analiza filogeograficzna populacji jesiotra zachodniego i ostronosego w Europie oraz Ameryce Północnej	Mgr Hanna Panagiotopoulou	2011-2014	226 850 zł	Narodowe Centrum Nauki
11) Komórkowe systemy tolerancji uszkodzeń DNA: Nowe mechanizmy stymulujące syntezę poprzez uszkodzenia DNA.	Prof. Ewa Śledziwska-Gójska	2011-2014	323 830 zł	Narodowe Centrum Nauki
12) Aneksyny jako uniwersalny modulator funkcji błony komórkowej.	Dr Dorota Konopka-Podstupolska	2011-2014	360 000 zł	Narodowe Centrum Nauki
13) 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
14) 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
15) 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

16) 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
17) Rola nie kodujących RNA w adaptacji do warunków lokalnych.	Dr Szymon Świeżewski	2011-2016	1 000 000 zł	Narodowe Centrum Nauki
18) 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
19) 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
20) Krystalografia enzymów naprawy DNA jako narzędzie do badania specyficzności substratowej i mechanizmu hamowania.	Prof. Barbara Tudek	2011-2014	300 000 zł	Narodowe Centrum Nauki
21) 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
22) 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
23) Funkcjonalna i biochemiczna charakterystyka sensowa wapnia SCS u rzodkiewnika.	Dr Maria Bucholc	2011-2014	364 000 zł	Narodowe Centrum Nauki
24) Analiza proteomu rejonów regulatorowych stresindukowalnego genu h1.3, u <i>A. thaliana</i> , z zastosowaniem zmodyfikowanej metody PICH o zwiększonej czułości.	Mgr Maciej Lirski	2011-2015	99 999 zł	Narodowe Centrum Nauki
25) 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
26) Nowe środki alkilujące mniejszą bruzdę helisy DNA – projektowanie, synteza i badanie właściwości przeciwnowotworowych.	Dr Adam Mieczkowski	2011-2014	299 000 zł	Narodowe Centrum Nauki

27) Rola histonów łącznikowych H1 w gametogenezie i embriogenezie u <i>Arabidopsis thaliana</i> .	Mgr Kinga Rutowicz	2011-2013	120 000 zł	Narodowe Centrum Nauki
28) Badania eksperymentalne sprzeczności pomiędzy definicją skali pH i warunkami panującymi w strukturach wewnątrzkomórkowych. Spektroskopia fluorescencyjna i NMR wskaźników molekularnych w liposomach.	Prof. Wojciech Bal	2011-2014	479 700 zł	Narodowe Centrum Nauki
29) Badanie sumoylacji na poziomie całego organizmu w nicieniu <i>Caenorhabditis elegans</i> .	Prof. Michał Dadlez	2012-2015	498 000 zł	Narodowe Centrum Nauki
30) Metagenomiczna, strukturalna i funkcjonalna charakterystyka mikrobiocenozy środowisk lodowcowych.	Dr Marek Zdanowski	2011-2014	527 000 zł	Narodowe Centrum Nauki
31) Genetyczne i epigenetyczne zróżnicowanie <i>Colobanthus quitensis</i> na tle zmiennych warunków środowiska	Dr hab. Katarzyna Chwedorzewska	2011-2014	89 375 zł	Narodowe Centrum Nauki
32) „Projektowalne” nukleazy – badania strukturalne, programowanie specyficzności i próby wykorzystania w inżynierii genomowej.	Prof. Matthias Bochtler	2012-2016	2 500 000 zł	Narodowe Centrum Nauki
33) Stymulacja <i>in ovo</i> mikrobiomu kury – charakterystyka mechanizmów działania prebiotyków i synbiotyków.	Prof. Jacek Bardowski	2012-2014	221 000 zł	Narodowe Centrum Nauki
34) 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.	Prof. Grażyna Dobrowolska	2012-2015	821 660 zł	Narodowe Centrum Nauki
35) Identyfikacja genów drożdży <i>Saccharomyces cerevisiae</i> kontrolujących diploidalność komórek i stabilność genomu.	Dr Adrianna Skoneczna	2012-2015	416 190 zł	Narodowe Centrum Nauki
36) Rola niekatalitycznej podjednostki polimerazy delta DNA, białka Pol32 w kontroli koordynacji replikacji DNA.	Dr Katarzyna Grabowski	2012-2015	291 460 zł	Narodowe Centrum Nauki
37) 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
38) 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

39) Regulacja ekspresji białek ALKBH w nowotworach, znaczenie w terapii.	Prof. Elżbieta Grzesiuk	2012-2015	537 390 zł	Narodowe Centrum Nauki
40) Autofagia i cytoszkielet aktynowy: czy białko Atg2 je łączy?	Prof. Teresa Żołądek	2012-2015	390 600 zł	Narodowe Centrum Nauki
41) 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
42) Nowe substraty dioxxygenaz z rodziny AlkB. Właściwości kodujące, mutageneza i naprawa adduktów skroleiny do adeniny i cytozyny.	Dr Agnieszka Maciejewska	2012-2015	461 760 zł	Narodowe Centrum Nauki
43) 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
44) Nowatorskie koncepcje regulacji transkrypcji tRNA.	Prof. Magdalena Rakowska-Boguta	2012-2016	2 931 000 zł	Narodowe Centrum Nauki
45) Potranskrypcyjna regulacja ekspresji RNA u Eukariotów przy udziale cytoplazmatycznych UTP-transferaz.	Dr Zbigniew Warkocki	2012-2015	612 000 zł	Narodowe Centrum Nauki
46) Nowe czynniki wirulencji <i>Pseudomonas aeruginosa</i> – białka Nudix NudC i YgdP.	Dr hab. Elżbieta Kraszewska	2012-2015	400 400 zł	Narodowe Centrum Nauki
47) Nowe mechanizmy naprawy uszkodzeń alkilacyjnych DNA u bakterii środowiskowych: <i>Shewanella oneidensis</i> i <i>Pseudomonas putida</i> .	Dr Anna Sikora	2013-2016	508 685 zł	Narodowe Centrum Nauki
48) Charakterystyka metagenomiczna plazmidów bakterii glebowych.	Mgr Paweł Krawczyk	2013-2016	150 000 zł	Narodowe Centrum Nauki
49) Wpływ syntetycznych modyfikacji łańcucha bocznego histydyny na własności koordynacyjne analogówN-terminalnego pentapeptydu Histatyny 5 wobec jonów miedzi (II).	Mgr Izabela Zawisza	2013-2015	88 601 zł	Narodowe Centrum Nauki
50) Endogenne czynniki warunkujące fenotyp komórek z uszkodzonym szlakiem niedokrwistości Fanconiego i helikazami rodziny RecQ.	Dr hab. Elżbieta Speina	2013-2016	457 500 zł	Narodowe Centrum Nauki
51) Udział kinaz białkowych zależnych od jonów wapnia (CDPK) w szlakach sygnałowych stresów abiotycznych i biotycznych u ziemniaka (<i>Solanum tuberosum</i>).	Dr Lidia Polkowska-Kowalczyk	2013-2016	497 340 zł	Narodowe Centrum Nauki

52) Wielkość nasion rzodkiewnika pospolitego (<i>Arabidopsis thaliana</i>) jest regulowana poziomem ekspresji aneksyny 5 - analiza mechanizmu działania AnnAt5 w trakcie rozwoju nasion.	Dr Małgorzata Lichocka	2013-2016	470 000 zł	Narodowe Centrum Nauki
53) Białko UP9/LSU jako potencjalny modulator funkcji receptora selektywnej autofagii w roślinach.	Mgr Katarzyna Zientara-Rytter	2013-2014	49 920 zł	Narodowe Centrum Nauki
54) Charakterystyka rodziny aneksyn w odpowiedzi na stres suszy u <i>Arabidopsis thaliana</i>	Mgr inż. Wojciech Rymaszewski	2013-2016	150 000 zł	Narodowe Centrum Nauki
55) Rola aneksyn w wewnątrzkomórkowym krążeniu błon	Dr Dorota Konopka-Podstupolska	2013-2016	900 000 zł	Narodowe Centrum Nauki
56) Reduktaza poliprenolu - nowy gracz w regulacji cyklu dolicholowego w komórkach eukariotycznych.	Prof. Ewa Kula-Świeżewska	2013-2016	950 000 zł	Narodowe Centrum Nauki
57) Utrzymanie stabilności genomu mitochondrialnego w komórkach organizmu modelowego <i>Saccharomyces cerevisiae</i> : współdziałanie wielu nukleaz.	Dr Aneta Kaniak-Golik	2013-2016	420 000 zł	Narodowe Centrum Nauki
58) Wiązanie halogenowe w układach białko-ligand. Badania termodynamiczne i strukturalne dla racjonalnie wybranych kompleksów oraz analiza wszystkich struktur dostępnych w bazie PDB.	Prof. Jarosław Poznański	2013-2016	669 450 zł	Narodowe Centrum Nauki
59) Nowe spojrzenie na karcynogenezę kadmu. Kompleksy Cd(II)XPAzf w łagodnych warunkach utleniających.	Mgr Aleksandra Witkiewicz-Kucharczyk	2013-2014	49 907 zł	Narodowe Centrum Nauki
60) Charakterystyka składu białkowego granul transportujących RNA w neuronach mózgu myszy.	Mgr Jacek Milek	2013-2015	100 000 zł	Narodowe Centrum Nauki
61) Analiza funkcjonalna wybranych genów poliwalentnego bakteriofaga gronkowcowego, w kontekście interakcji fag-bakteria w różnych środowiskach.	Mgr Aleksandra Głowacka	2013-2016	149 500 zł	Narodowe Centrum Nauki
62) Badania tworzenia kompleksów ternarnych przez sensory fluoroscencyjne dla jonów cynkowych	Prof. Wojciech Bal	2013-2016	614 900 zł	Narodowe Centrum Nauki
63) Analiza funkcjonalna genów regulatorowych <i>Streptococcus anginosus</i> .	Mgr Katarzyna Obszańska	2013-2016	149 500 zł	Narodowe Centrum Nauki
64) Nowe elementy węzłowe w metabolizmie izoprenoidów: oddziaływanie pomiędzy cis-prenylotransferazami i ich komórkowymi regulatorami u <i>Arabidopsis</i> .	Prof. Ewa Kula-Świeżewska	2013-2016	977 096 zł	Narodowe Centrum Nauki

Załącznik nr 4

	65) Molekularne podstawy rozwoju oporności na bakteriocynty u <i>Lactococcus lactis</i> .	Prof. Jacek Bardowski	2013-2016	626 600 zł	Narodowe Centrum Nauki
	66) Rola bakteryjnego czynnika HopQ1 w modulowaniu odpowiedzi roślin na infekcję.	Mgr Fabian Giska	2013-2014	100 702 zł	Narodowe Centrum Nauki
	67) Badania nad topogenezą białek PTS3: nowa droga importu białek do peroksysomów.	Dr hab. Marek Skoneczny	2013-2016	632 320 zł	Narodowe Centrum Nauki
	68) Transpozony w genomach pierwszych grzybów lądowych (Zygomycota).	Dr Anna Muszewska	2013-2016	499 800 zł	Narodowe Centrum Nauki
	69) Brakujące ogniwo ewolucji proteasomów. Strukturalna i biochemiczna analiza białka Anbu i białek z nim współwystępujących.	Dr Anna Piasecka-Fricke	2013-2016	612 000 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 hab. Anna Sikora	2012-2015	3 337 595 zł	Narodowe Centrum Badań i Rozwoju
	9) Nowoczesne metody, leki i terapie dla ochrony zdrowia i gospodarki XXI wieku - interdyscyplinarne kształcenie w obszarze biomedycznym na studiach II i III stopnia.	Prof. Monika Hryniewicz	2012-2015	594 198 zł	Narodowe Centrum Badań i Rozwoju

	10) Nowe enzymy do analiz RNA w skali całego transkryptomu i ich wykorzystanie do badania molekularnego mechanizmu antynowotworowego działania 5-fluorouracylu.	Dr Rafał Tomecki	2013-2015	1 199 988 zł	Narodowe Centrum Badań i Rozwoju
	11) Toward structural characterization of novel mechanism of inhibition of SnRK2s activity by calcium sensor (SCS) in plants.	Prof. Grażyna Dobrowolska	2013-2016	2 789 558 zł	Narodowe Centrum Badań i Rozwoju
	12) Role of the FTO dioxygenase in development of obesity - multidisciplinary study on selected model systems.	Prof. Elżbieta Grzesiuk	2013-2016	3 918 470 zł	Narodowe Centrum Badań i Rozwoju
	13) Structural and functional characterization of proteins and protein domains involved in DNA repair and maintenance of genome integrity.	Dr Joanna Krwawicz	2013-2015	405 660 zł	Narodowe Centrum Badań i Rozwoju
	14) A novel approach to monitoring the impact of climate change on Antarctic ecosystems.	Dr hab. Katarzyna Chwedorzewska	2013-2016	3 959 099 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	2010-2014	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 mutagenyzy	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	2010-2014	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	2010-2014	358 800 zł	Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego/ Narodowe Centrum Nauki
	5) Strukturalna analiza N-końcowego obszaru białka Dis3 (Rrp44) odpowiedzialnego za nową endonukleolityczną aktywność głównej rybonukleazy organizmów eukariotycznych, kompleksu egzosomu.	Dr Igor Zhukov	2009-2013	494 000 zł	Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego/ Narodowe Centrum Nauki
	6) 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
	7) Struktura i funkcja genu kodującego ZmCPK11.	Prof. Grażyna Muszyńska	2009-2013	267 000 zł	Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego/ Narodowe Centrum Nauki

8) Zmiany profilu białkowego i transkrypcyjnego w mutantach regulatorowych <i>Aspergillus nidulans</i> jako konsekwencja nadprodukcji lub niedoboru związków siarkowych.	Prof. Andrzej Paszewski	2009-2013	406 900 zł	Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego/ Narodowe Centrum Nauki
9) Udział kompleksu GINS w kontroli wierności replikacji DNA.	Prof. Piotr Jonczyk	2009-2013	300 000 zł	Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego/ Narodowe Centrum Nauki
10) Analiza funkcjonalna regionów centromerowych oraz zakresu partycyjnego plazmidu pSM19035.	Dr Michał Dmowski	2009- 2013	325 000 zł	Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego/ Narodowe Centrum Nauki
11) 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
12) Biologia pałeczki ropy błękitnej – analiza transkryptomyczna mutantów par <i>Pseudomonas aeruginosa</i> .	Dr Aneta Bartosik	2010-2013	369 200 zł	Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego/ Narodowe Centrum Nauki
13) 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
14) 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
15) 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
16) Donosowa szczepionka przeciw grypowej dla zwierząt.	Dr Jadwiga Chroboczek	2010-2013	550 000 zł	Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego/ Narodowe Centrum Nauki
17) Rola niekodujących RNA podczas ustanawiania czasu spoczynkowego nasion.	Dr Szymon Świeżewski	2010-2013	390 000 zł	Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego/ Narodowe Centrum Nauki
18) Kompleksowa analiza proteomiczna maszynerii komórkowej służącej do degradacji RNA u kręgowców.	Dr hab. Andrzej Dziembowski	2010-2013	727 832 zł	Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego/ Narodowe Centrum Nauki
19) <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
20) 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

Załącznik nr 4

21) 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
22) 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
23) 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
24) Eksperymentalna obserwacja zwijania się (foldingu) białek na poziomie atomowym.	Dr Mariusz Jaremkowski	2012-2014	198 000 zł	Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego
25) Badania zdolności niskocząsteczkowych neuroprzekazników 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
26) 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
27) Model obliczeniowy procesu translacji białek.	Mgr Marlena Siwiak	2012-2013	183 800 zł	Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego
28) 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
29) Otrzymanie i charakterystyka antygenu szczepionki ludzkiej przeciw wirusowi grypy A1 H1N1.	Dr Edyta Kopera	2012-2014	252 199 zł	Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego
30) Program Mobilność Plus	Dr Jadwiga Nieminuszczy	2012-2014	324 000 zł	Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego
31) Molekularne podstawy porostania na przykładzie <i>Arabidopsis thaliana</i> .	Dr Szymon Świeżewski	2011-2014	4 485 000 zł	Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego
32) 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
33) 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

34) Identyfikacja nowych mechanizmów sygnałowych regulujących aktywność kompleksów remodelujących chromatynę typu SWI/SNF u <i>Arabidopsis thaliana</i> .	Mgr Paweł Ćwiek	2013-2017	200 000 zł	Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego
35) Centrum biotechnologii produktów leczniczych. Pakiet innowacyjnych biofarmaceutyków dla terapii i profilaktyki ludzi i zwierząt.	Prof. Jacek Bardowski Prof. Agnieszka Sirko	2008-2013	7 953 620 zł	Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego/ Narodowe Centrum Badań i Rozwoju
36) 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
37) Zastosowanie pochodnych poliizoprenoidów jako nośników leków i regulatorów.	Prof. Ewa Świeżewska	2010-2014	5 000 000 zł	Ośrodek Przetwarzania Informacji
38) Dofinansowanie procedury patentowej dla zgłoszenia dotyczącego wywoływania tolerancji na epitopy białek w leczeniu stwardnienia rozsianego (SM).	Prof. Jacek Bardowski	2010-2015	616 000 zł	Ośrodek Przetwarzania Informacji
39) Dofinansowanie procedury patentowej dla zgłoszenia dotyczącego opracowania czynników terapeutycznych w leczeniu mukowiscydozy.	Dr Norbert Odolczyk	2010-2013	505 000 zł	Ośrodek Przetwarzania Informacji
40) Dofinansowanie procedury patentowej dotyczącej sposobu otrzymywania roślin transgenicznych o ulepszonych cechach uprawnych.	Prof. Agnieszka Sirko	2010-2015	600 000 zł	Ośrodek Przetwarzania Informacji
41) Dofinansowanie procedury patentowej dla zgłoszenia dotyczącego opracowania czynników terapeutycznych w leczeniu mukowiscydozy – kontynuacja.	Mgr Norbert Odolczyk	2014-2015	1 534 000 zł	Ośrodek Przetwarzania Informacji
42) Dodekahedron adenowirusa-wektor do wprowadzania czynników terapeutycznych do tkanek nowotworowych.	Dr Ewa Szolajska	2009-2015	568 647 zł	Ośrodek Przetwarzania Informacji
43)Wektorowa cząsteczka wirusopodobna, jako poliwalencyjna platforma pozwalająca na wewnątrzkomórkowe dostarczenie wysokocząsteczkowych substancji terapeutycznych.	Dr Ewa Szolajska	2009-2015	525 850 zł	Ośrodek Przetwarzania Informacji
44) Inżynierowanie szczepów <i>Trichoderma</i> o wzmocnionych właściwościach biokontrolnych.	Dr hab. Joanna Kruszewska	2009-2013	3 153 855 zł	Ośrodek Przetwarzania Informacji
45) Biocentrum Ochota - infrastruktura informatyczna dla rozwoju strategicznych kierunków biologii i medycyny.	Prof. Piotr Zielenkiewicz	2009-2014	6 266 449 zł	Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego/ Narodowe Centrum Badań i Rozwoju
46) Opracowanie metody wykrywania markerów wskazujących na predyspozycję do rozwoju insulino oporności	Dr hab. Marta Kobłowska (Prymakowska- Bosak)	2009-2014	3 738 040 zł	Ośrodek Przetwarzania Informacji

Załącznik nr 4

47) 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
48) Elektrochemiczne bioczuJNIKI do detekcji aktywacji receptorów RAGE – narzędzia taniej terapii.	Prof. Wojciech Bal	2009-2013	2 201 619 zł	Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego/ Narodowe Centrum Badań i Rozwoju
49) 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
50) Krajowe Laboratorium Multidyscyplinarne Nanomateriałów Funkcjonalnych	Prof. Michał Dadlez	2008-2013	5 956 672 zł	Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego/ Narodowe Centrum Badań i Rozwoju
51) Centrum Badań Przedklinicznych i Technologii	Prof. Wojciech Bal	2008-2013	27 159 673 zł	Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego/ Narodowe Centrum Badań i Rozwoju
52) Macromolecular assemblies involved in RNA metabolism.	Dr hab. Andrzej Dziembowski	2009- 2013	1 367 500 zł	Fundacja na rzecz Nauki Polskiej
53) Metal-dependent peptide hydrolysis. Tools and mechanisms for biotechnology, toxicology and supramolecular chemistry.	Prof. Wojciech Bal	2010-2014	1 452 083 zł	Fundacja na rzecz Nauki Polskiej
54) 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
55) 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
56) 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
57) Proteomics in characterization of selected protein assemblies.	Prof. Michał Dadlez	2011-2015	1 425 000 zł	Fundacja na rzecz Nauki Polskiej
58) 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	2012-2013	304 000 zł	Fundacja na rzecz Nauki Polskiej
59) Funkcjonalne zróżnicowanie niekodujących RNA u Eukariota.	Dr Andrzej Dziembowski	2012-2016	938 910 zł	Ośrodek Przetwarzania Informacji
60) New players involved in the maintenance of genomic stability.	Prof. Iwona Fijałkowska	2012-2015	981 666 zł	Fundacja na rzecz Nauki Polskiej
61) Reprogramming of chromatin complexes by nc RNA.	Dr Szymon Świeżewski	2011- 2014	591 195 zł	EBMO

Załącznik nr 4

62) 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
63) Rola kinaz SNRK2 (SNF1-related protein kinases 2) w regulacji wrażliwości roślin na stres deficytu wody i zasolenia	Dr hab. Grażyna Dobrowolska	2009-2013	724 100 zł	Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego/ Narodowe Centrum Nauki
64) System biology of <i>Mycobacterium tuberculosis</i> .	Dr hab. Andrzej Dziembowski	2010-2014	2 348 892 zł	7 program ramowy Unii Europejskiej
65) Biologia systemów <i>Mycobacterium tuberculosis</i> .	Dr hab. Andrzej Dziembowski	2010-2013	779 621 zł	Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego
66) Analiza genetyki populacyjnej pasożytów <i>P. falciparum</i> .	Dr Szymon Kaczanowski	2010-2013	411 144 zł	Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego/ Narodowe Centrum Nauki
67) 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
68) 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
69) BIOchemical and genetic dissection of control of plant mineral NUTrition.	Prof. Agnieszka Sirko	2011-2014	915 074 zł	7 program ramowy Unii Europejskiej
70) BIOchemical and genetic dissection of control of plant mineral NUTrition.	Prof. Agnieszka Sirko	2011-2014	1 309 426 zł	Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego
71) Naukowcy, nauczyciele i inicjatorzy społeczeństwa obywatelskiego na rzecz innowacyjnych metod nauczania młodzieży w zakresie badań mikrobiologicznych żywności.	Dr Marcin Grynberg	2013-2014	200 000 zł	Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego
72) Involvement of the non-catalytic Pol32 subunit of DNA polymerase delta in the polymerase switching mechanisms.	Dr Katarzyna Grabowski	2013-2015	181 992 zł	Fundacja na rzecz Nauki Polskiej
73) Regulation of human DNA polymerase iota by ubiquitination.	Dr Justyna McIntyre	2013-2015	145 000 zł	Fundacja na rzecz Nauki Polskiej
74) Plant-specific methyltransferase DNA structures.	Dr Humberto Fernadez	2013-2015	146 667 zł	Fundacja na rzecz Nauki Polskiej
75) Regulation of gene expression by non-canonical poly(A) and poly(U) polymerases.	Dr Andrzej Dziembowski	2013-2018	6 194 100 zł	7 program ramowy Unii Europejskiej

76) Regulation of gene expression by non-canonical poly(A) and poly(U) polymerases.	Dr Andrzej Dziembowski	2013-2016	50 000 zł	Fundacja na rzecz Nauki Polskiej
77) A whole-systems approach to optimising feed efficiency and reducing the ecological footprint of monogastrics.	Prof. Jacek Bardowski	2013-2017	316 256 zł	7 program ramowy Unii Europejskiej

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;

II.3.2. Projekty finansowane lub dofinansowane ze środków Narodowego Centrum Badań i Rozwoju;

II.3.3. Pozostałe projekty:

- projekty finansowane lub dofinansowane przez Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa, Wyższego na mocy wcześniej obowiązujących zasad finansowania nauki,
- projekty finansowane przez inne organizacje krajowe,
- projekty finansowane przez podmioty/instytucje zagraniczne,
- inne projekty.

II.3.4. Zadania badawcze realizowane w ramach działalności statutowej – **liczba ogółem 61**

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).

1.

Projekt badawczy własny pt.: „Saccharomyces cerevisiae jako modelowy organizm do badania biochemicznych i molekularnych efektów mutacji w syntazie ATP zidentyfikowanych w komórkach nowotworowych.” Kierownik projektu: dr hab. R. Kucharczyk, 2009-2013

Mutacje w genie mitochondrialnym *ATP6*, kodującym podjednostkę syntazy ATP, powodują u człowieka choroby mitochondrialne – NARP i/lub MILS. Ponad 50 mutacji w tym genie zidentyfikowano w komórkach nowotworowych. Ich znaczenie dla procesu nowotworowego nie jest znane i jest obecnie tematem dyskusji naukowych. Celem projektu było wprowadzenie pięciu mutacji w wysoce konserwowanych pozycjach (odpowiadających mutacjom ludzkim opisanym w komórkach guzów) do genu *ATP6* modelowego organizmu drożdży *S. cerevisiae* i zbadanie ich wpływu na metabolizm mitochondriów. Badane mutacje nie zmieniają funkcjonowania systemu OXPHOS i syntazy ATP. Tylko jedna z nich prowadzi do obniżenia syntezy ATP o 60% i ilości syntazy ATP o połowę w mitochondriach w podwyższonej temperaturze. Dwie mutacje prowadzą do większej wrażliwości komórek drożdży na stres co sugeruje, że nie są one obojętne dla komórek drożdży.

2.

Projekt badawczy Marie Curie Training Site 7 Program Ramowy pt.: „Characterization of regulatory roles of SWI/SNF-type chromatin remodeling complexes in the control of development and hormonal, biotic and abiotic stress responses in Arabidopsis”, kierownik dr Tomasz Sarnowski, 2010-2013

W komórkach eukariotycznych kompleksy remodelujące chromatynę (CRCs) typu SWI/SNF zaangażowane są w różnorodne procesy regulacyjne, takie jak kontrola wzrostu, różnicowanie i rozwój.

Głównym celem projektu było: 1/identyfikacja genów bezpośrednio regulowanych przez kompleksy SWI/SNF; 2/ identyfikacja domen w *loci* tych genów rozpoznawanych przez kompleksy SWI/SNF; 3/ analiza funkcji regulatorowych kompleksów SWI/SNF w szlakach sygnałowych odpowiadających na stres i atak patogenów. Wykorzystując nowatorską metodę indukowalnej komplementacji mutacji w genach *SWI3A* i *SWI3B*, opisano po raz pierwszy fenotypy somatyczne powodowane przez te mutacje i określono ich wpływ na transkryptom *Arabidopsis*. Obserwowane zmiany fenotypowe przypominały efekt powodowany przez inaktywację genów związanych z utrzymaniem homeostazy komórkowej wskazując na potencjalne powiązanie tego procesu z remodelingiem chromatyny.

Podczas badań zidentyfikowano domeny rozpoznawane przez kompleksy SWI/SNF w promotorach genów regulowanych poprzez hormony. Badania doprowadziły do odkrycia istotnej funkcji kompleksów SWI/SNF w szlaku biosyntezy i przekazywania sygnału za pomocą giberelin a także pozwoliły na umiejscowienie kompleksów SWI/SNF w sieci zależności pomiędzy szlakami przekazywania sygnału za pomocą różnych hormonów.

3.

Projekt badawczy akcji COST pt.: „Rola kinaz SNRK2 (SNF1-related protein kinases 2) w regulacji wrażliwości roślin na stres deficytu wody i zasolenia”, kierownik prof. dr hab. Grażyna Dobrowolska, 2009-2013

Celem projektu było poznanie roli wybranych kinaz SnRK2 (SNF1-related protein kinases 2), niezależnych od kwasu abscysynowego, w odpowiedzi roślin na stres abiotyczny. Wykazano, że kinazy te biorą udział w odpowiedzi roślin na zasolenie i stres indukowany przez Cd^{2+} ; regulują akumulację reaktywnych form tlenu i ekspresję genów związanych z odpowiedzią roślin na stres i z fotosyntezą. Zidentyfikowano kilka białek partnerskich badanych kinaz

Poszukiwano substratów kinaz SnRK2.4 i SnRK2.10 wykorzystując kilka niezależnych metod badawczych, przede wszystkim fosfoproteomicznych. Zidentyfikowano kilka potencjalnych substratów tych kinaz. Są wśród nich m.in. białka wiążące RNA, białka wiążące wapń, dehydryny (ERD10 i ERD14) oraz niektóre z białek LEA. Dla większości z nich potwierdziliśmy ich fosforylację przez SnRK2 *in vitro*.

- 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).

- 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).

Projekt rozwojowy pt.: „Badania systemowe czynników genetycznych choroby wieńcowej”, kierownik dr hab. Beata Burzyńska, 2009-2013

Istotą projektu było określenie biomarkerów (wyselekcjonowanych na podstawie wysokoprzepustowych eksperymentów transkryptomicznych), w których zmiany w ekspresji mRNA skorelowane są z wartością rokowniczą pacjentów pozawałowych. Badania wykazały zróżnicowanie w profilach transkrypcyjnych w różnych punktach czasowych od wystąpienia zawału. Ponadto wykazaliśmy korelację zmian na poziomie transkrypcji genów oraz miRNA z pozawałową niewydolnością serca.

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),
- wykaz uzyskanych praw ochronnych na wzory użytkowe (tytuł/data decyzji/nr świadectwa/kraj).

Nie było w 2013 r.

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.

Nie było w 2013 r.

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)

Jarosław Poznański - Dziedzina: nauki biologiczne

- 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
Szymon Kaczanowski	Zastosowanie metod bioinformatycznych w badaniu procesu ewolucji.	Dziedzina: nauki biologiczne Dyscyplina: biologia
Anna Sikora	Wybrane procesy zależne od żelaza Fe(II) i Fe(III) w komórkach mikroorganizmów: znaczenie biotechnologiczne oraz efekty zaburzeń w komórce.	Dziedzina: nauki biologiczne Dyscyplina: biologia

Elżbieta Speina	Mechanizmy modyfikacji systemu naprawy przez wycinanie zasad, ich znaczenie dla wydajności naprawy DNA i rozwoju nowotworów.	Dziedzina: nauki biologiczne Dyscyplina: biologia
Magdalena Krzymowska	Dialog molekularny dwóch błyskotliwych przeciwników- roślin i patogennych bakterii	Dziedzina: nauki biologiczne Dyscyplina: biologia
Katarzyna Chwedorzewska	Zmienność genetyczna i epigenetyczna rośliny rodzimej <i>Deschampsia antarctica</i> Desv. i obcej <i>Poa annua</i> L. w ekstremalnym środowisku antarktycznym.	Dziedzina: nauki biologiczne Dyscyplina: biologia

- doktora (imię, nazwisko pracownika, tytuł pracy doktorskiej, dziedzina i zakres nadanego stopnia naukowego)

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
Marcin Nowotny	Analiza strukturalna wybranych mechanizmów naprawy DNA.	Dziedzina: nauki biologiczne, Dyscyplina: biochemia

- doktora

Imię i nazwisko	Tytuł pracy doktorskiej	Dziedzina i zakres nadanego stopnia naukowego
Irina Tuszyńska	„Przewidywanie oddziaływań i struktury kompleksów białek z RNA”	nauki biologiczne dyscyplina naukowa biochemia
Monika Żochowska	„Wykorzystanie dodekahedronu adenowirusowego do wprowadzania czynników terapeutycznych do tkanek nowotworowych”	nauki biologiczne dyscyplina naukowa biochemia
Łukasz Paweł Kozłowski	„Zintegrowany serwis bioinformatyczny do analizy białek. Przewidywanie domen i miejsc pozbawionych struktury trzeciorzędowej”	nauki biologiczne dyscyplina naukowa biochemia
Maria Werner	„Identyfikacja i charakterystyka ludzkich metylotransferaz działających na koniec 5' RNA”	nauki biologiczne dyscyplina naukowa biochemia
Agata Sulej	„Inżynieria rybonukleazy H wykazującej specyficzność sekwencyjną”	nauki biologiczne dyscyplina naukowa biochemia
Weronika Krystyna Wituszyńska	„Genetyczne oraz molekularne mechanizmy kontrolujące programowaną śmierć komórki oraz przystosowanie roślin w odpowiedzi na stresy abiotyczne”	nauki biologiczne dyscyplina naukowa biochemia

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
152	29	114	63

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
Mariusz Jaremko	Struktura i dynamika katalitycznej domeny mysiego enzymu E1 aktywującego ubikwitynę.	nauki biologiczne; dyscyplina naukowa biofizyka
Małgorzata Anna Makowska	Synteza analogów benzotriazolu i benzimidazolu jako potencjalnych inhibitorów kinazy kazeinowej CK2.	nauki biologiczne; dyscyplina naukowa biochemia
Patrycja Anna Redkiewicz	Rośliny jako bioreaktory do wydajnej produkcji rekombinowanych cytokin hIL-2 i mGM-CSF.	nauki biologiczne; dyscyplina naukowa biochemia
Joanna Monika Halibart-Puzio	Rola histonu H1.3 w regulacji odpowiedzi roślin na stres – molekularny mechanizm regulacji struktury chromatyny.	nauki biologiczne; dyscyplina naukowa biochemia
Damian Grzegorz Mielecki	Nowe funkcje dioksygenazy AlkB w <i>Escherichia coli</i> oraz w wybranych sinicach i <i>Arabidopsis thaliana</i> .	nauki biologiczne; dyscyplina naukowa biochemia
Joanna Życka-Krzesińska	Charakterystyka mikrobiologiczna i molekularna środowiskowych szczepów <i>Lactococcus lactis</i> opornych na tetracyklinę.	nauki biologiczne; dyscyplina naukowa biochemia
Monika Budzińska	Wpływ wiązania jonów wapnia oraz modyfikacji Cys85 na konformację ludzkiego białka S100A1.	nauki biologiczne; dyscyplina naukowa biofizyka
Mateusz Henryk Juchimiuk	Dolicholo-zależna glikozylacja białek w <i>Candida albicans</i> .	nauki biologiczne; dyscyplina naukowa biochemia
Adam Piotr Józwiak	Biosynteza dolicholi u <i>Arabidopsis thaliana</i> – wpływ stresu na poszczególne etapy szlaku.	nauki biologiczne; dyscyplina naukowa biochemia
Leszek Jan Tarnowski	Sygnały transportu jądrowo-cytoplazmatycznego ludzkich kohezyn SA1 i SA2 wyrażanych w <i>Saccharomyces cerevisiae</i> oraz w komórkach ludzkich.	nauki biologiczne; dyscyplina naukowa biochemia
Paulina Sylwia Prorok	Rola ludzkiego systemu naprawy przez nacinanie nukleotydów w usuwaniu egzocyklicznych adduktów i uracylu z DNA.	nauki biologiczne dyscyplina naukowa biochemia
Jolanta Szarlak	Analiza systemu koniugacyjnego plazmidu RA3 z grupy niezgodności IncU o szerokim zakresie gospodarzy.	nauki biologiczne; dyscyplina naukowa biochemia
Izabela Elżbieta Wojtal	Badania funkcjonalne i strukturalne białka VPg wirusa Y ziemniaka oraz jego kompleksu z eukariotycznym czynnikiem inicjacji translacji eIF4E.	nauki biologiczne; dyscyplina naukowa 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)
Jadwiga Nieminuszczy	The Weatherall Institute of Molecular Medicine, Oxford University, UK	Staż podoktorski	Od 2010	Journal of Cell Biology 2013, FANCI couples replication past natural fork barriers with maintenance of chromatin structure.
Justyna McIntyre	Laboratory of Genomic Integrity, National Institute of Child Health and Human Development, National Institutes of Health, Bethesda, USA	Staż podoktorski	01.05.2009-30.09.2013	McIntyre et al., Nucleic Acids Res. 2013 41(3):1649-60. Ubiquitin mediates the physical and functional interaction between human DNA polymerases η and ι .
Agnieszka Maciejewska	Institute for Research in Biomedicine, Barcelona, Hiszpania	Współpraca w ramach realizacji grantu NCN Harmonia,	9-29.04.2013	Przeprowadzono pierwsze próby kokryształizacji dioxigenazy AlkB z mieszaniną izomerów R i S badanych substratów HPA i HPC.
Rafał Hoser	NanoTemper Technologies/University of Munich, Niemcy	Szkolenie/staż	12-13 08.2013	Certyfikat eksperta

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
123	52	25	27

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	21	20
a) w uczelniach wyższych	21	10
b) w innych instytucjach	0	10
2. za granicą	3	2

Wykaz krajowych i/lub zagranicznych ośrodków naukowych, w których pracownicy jednostki prowadzili działalność dydaktyczną w roku sprawozdawczym.

lp	Nazwa placówki	Kraj
1	Uniwersytet Warszawski	Polska
2	Heinrich-Heine-Universität Düsseldorf	Niemcy
3	Politechnika Warszawska	Polska
4	Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie	Polska
5	Lycée Français de Varsovie René Gosciny	Polska

II.8. Współpraca z zagranicą

II.8.1. Umowy i porozumienia o współpracy naukowej zawarte przez jednostkę z partnerem zagranicznym

Liczba ogółem: 30

z tego:

Kraj	Partner	Nazwa dokumentu	Okres obowiązywania
Holandia	Prof. Dirk Lefeber, Vrije Universiteit Brussel	Umowa w ramach projektu Harmonia UMO-2012/06/M/NZ3/00155	2013-2016
Francja	prof. Michel Rohmer, Louis Pasteur University, Strasbourg	Umowa w ramach projektu International PhD Program MPD/2009-3/2	2010-2015
Francja	Prof. Olivier Lefebvre, Institute of Biology Technologies - Saclay (iBiTec-S), CEA, Gif Sur Yvette	Umowa w ramach projektu International PhD Program MPD/2009-3/2	2010-2015
USA	Prof. Anita Hopper, Ohio State University, Columbus	Umowa w ramach projektu International PhD Program MPD/2009-3/2	2010-2015
EU	BMBS COST Action BM1307	Współpraca w ramach projektu MOU COST 047/13	2013-2017
Hiszpania	Prof. Miquel Coll, Institute of Research in Biomedicine, Barcelona	Umowa w ramach projektu Harmonia UMO-2012/04/M/NZ1/00068	2012-2015
Norwegia	Prof. Arnie Klungland, Oslo University Hospital, Department of Molecular Biology, Institute of Microbiology	Umowa w ramach projektu Pol-Nor POL-NOR/196258/59/2013	2013-2016
Francja	grupa: DNA repair: structural and functional approaches» Centre de Biophysique Moléculaire, UPR4301, CNRS, Orleans	Agreement for an international joint supervision of a PhD Thesis between University of Orleans – France and Institute of Biochemistry and Biophysics, Polish Academy of Sciences – Warsaw, Poland	2010-2013
Francja	Centre de Génétique Moléculaire – CNRS UPR3404	Umowa w ramach projektu PICS „Epigenetic targeting of programmed DNA elimination in the ciliate <i>Paramecium tetraurelia</i> ”	2011-2013
Niemcy	Prof. Jane Parker, MPIZ Cologne	Umowa w ramach projektu International PhD Program MPD/2009-3/2	2010-2015
Niemcy	Prof. Ruediger Hell, Ruprecht-Karls-Universitat, Heidelberg	Umowa w ramach projektu "BIOchemical and genetic dissection of control of plant mineral NUTrition" PITN-GA-2010-264296	2011-2014
Niemcy	Dr Reiner Hoefgen, Max Planck Institute of Molecular Plant Physiology, Potsdam	Umowa w ramach projektu "BIOchemical and genetic dissection of control of plant mineral NUTrition" PITN-GA-2010-264296	2011-2014
Wielka Brytania	Dr Stanislav Kopriva, Department of Metabolic Biology, Norwich Research Park	Umowa w ramach projektu "BIOchemical and genetic dissection of control of plant mineral NUTrition" PITN-GA-2010-264296	2011-2014

Wielka Brytania	Dr Malcolm Hawkesford, Rothamsted Research	Umowa w ramach projektu "BIOchemical and genetic dissection of control of plant mineral NUTrition" PITN-GA-2010-264296	2011-2014
Francja	Dr Fabien Chardon, Institut Jean-Pierre Bourgin, UMR1318 INRA-AgroParisTech	Umowa w ramach projektu "BIOchemical and genetic dissection of control of plant mineral NUTrition" PITN-GA-2010-264296	2011-2014
Holandia	Dr Luit J. De Kok, Univerisity of Groningen	Umowa w ramach projektu "BIOchemical and genetic dissection of control of plant mineral NUTrition" PITN-GA-2010-264296	2011-2014
Włochy	Prof. Gian Attilio Sacchi, Department of Plant Production, State University of Milan.	Umowa w ramach projektu "BIOchemical and genetic dissection of control of plant mineral NUTrition" PITN-GA-2010-264296	2011-2014
Belgia	Dr Wim Van Camp, Universiteit Antwerpen	Umowa w ramach projektu "BIOchemical and genetic dissection of control of plant mineral NUTrition" PITN-GA-2010-264296	2011-2014
Niemcy	Ruhr-Universitat Bochum	Porozumienie na podstawie listu intencyjnego	od 2013, bezterminowo
Francja	Bertrand Séraphin, PhD, seraphin@igbmc.fr, Institut de Génétique et de Biologie Moléculaire, et Cellulaire (IGBMC), Centre Européen de Recherche en Biologie et en Médecine (CERBMGIE)	Umowa partnerska	2013-2016
Norwegia	Prof. Richard Engh, Norwegian Center for Structure Biology, Institute of Chemistry, University of Tromsø	Umowa w ramach projektu " Toward structural characterization of novel mechanism of inhibition of SnRK2s" nr Pol-Nor/203156/70	2013-2016
Norwegia	Prof.. Rune Karlsen, Północny Instytut Badawczy Tromsø	Umowa w ramach projektu "A novel approach to monitoring the impact of climate change on Antarctic ecosystems" nr POL-NOR/197810/84	2013-2016
USA	Roel Shaaper, National Institute of Environmental Health Sciences, Research Triangle Park	Umowa w ramach projektu International PhD Program MPD/2009-3/2	2010-2015
Francja	Prof. Murat Saparbaev, Institut Gustave-Roussy, Paris	Umowa w ramach projektu International PhD Program MPD/2009-3/2	2010-2015
Hiszpania	Prof. Jose Maria Valpuesta, Centro Nacional de Biotecnologia, Madrid	Umowa w ramach projektu International PhD Program MPD/2009-3/2	2010-2015
Francja	David Wendehenne, Universite de Bourgogne	Umowa w ramach projektu International PhD Program MPD/2009-3/2	2010-2015
UK	Christopher M. Thomas, University of Birmingham	Umowa w ramach projektu International PhD Program MPD/2009-3/2	2010-2015
UK	Prof. David Glover, University of Cambridge	Umowa w ramach projektu International PhD Program MPD/2009-3/2	2010-2015
Francja	Dr Muriel Mercier-Bonin, INRA, Jouy-en-Josas	Umowa w ramach projektu International PhD Program MPD/2009-3/2	2010-2015

II.8.2. Zagraniczne instytucje naukowe, z którymi jednostka współpracuje w sposób ciągły bez zawartego porozumienia – **liczba ogółem 53**

II.8.3. Tematy realizowane we współpracy z zagranicą – **liczba tematów ogółem 55**

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 15 publikacji, 7 kolejnych jest przygotowanych do druku, obroniono 2 wspólne prace doktorskie, opracowano 2 nowe metody badawcze, uzyskano 1 patent w USA oraz zgłoszono 17 wniosków patentowych.

1.

Lubas M, Damgaard CK, Tomecki R, Cysewski D, Jensen TH, Dziembowski A. Exonuclease hDIS3L2 specifies an exosome-independent 3'-5' degradation pathway of human cytoplasmic mRNA. *EMBO Journal* (2013) 32(13): 1855-68, IF 9.822

Abstract

Turnover of mRNA in the cytoplasm of human cells is thought to be redundantly conducted by the monomeric 5'-3' exoribonuclease hXRN1 and the 3'-5' exoribonucleolytic RNA exosome complex. However, in addition to the exosome-associated 3'-5' exonucleases hDIS3 and hDIS3L, the human genome encodes another RNase II/R domain protein-hDIS3L2. Here, we show that hDIS3L2 is an exosome-independent cytoplasmic mRNA 3'-5' exonuclease, which exhibits processive activity on structured RNA substrates in vitro. hDIS3L2 associates with hXRN1 in an RNA-dependent manner and can, like hXRN1, be found on polysomes. The impact of hDIS3L2 on cytoplasmic RNA metabolism is revealed by an increase in levels of cytoplasmic RNA processing bodies (P-bodies) upon hDIS3L2 depletion, which also increases half-lives of investigated mRNAs. Consistently, RNA sequencing (RNA-seq) analyses demonstrate that depletion of hDIS3L2, like downregulation of hXRN1 and hDIS3L, causes changed levels of multiple mRNAs. We suggest that hDIS3L2 is a key exosome-independent effector of cytoplasmic mRNA metabolism.

2.

Metoda ekstrakcji poliizoprenoidów z użyciem dwutlenku węgla w stanie nadkrytycznym. Opracowano nową metodę ekstrakcji związków poliizoprenoidowych z tkanek fotosyntetycznych roślin z użyciem ciekłego dwutlenku węgla w stanie nadkrytycznym (Supercritical Fluid Extraction, SFE). SFE okazała się wydajną metodą ekstrakcji związków poliizoprenoidowych o krótkiej i średniej długości łańcucha. Dla tych związków wydajność SFE była wyższa niż „klasycznej” ekstrakcji z zastosowaniem rozpuszczalników organicznych. Co więcej, ekstrakty uzyskane metodą SFE zawierały mniejszą zawartość zanieczyszczeń (np. chlorofilu) niż ekstrakty pochodzące z tej samej tkanki uzyskane za pomocą rozpuszczalników organicznych. Podwyższenie temperatury i przedłużenie czasu wpływało na zwiększenie wydajności ekstrakcji długołańcuchowych związków poliizoprenoidowych. Dodatek etanolu nie wpływał na podwyższenie wydajności ekstrakcji, za to w takich ekstraktach zwiększona była zawartość zanieczyszczeń. Optymalizacja SFE możliwa dzięki regulacji temperatury i czasu ekstrakcji daje możliwość wstępnego frakcjonowania złożonej mieszaniny poliizoprenoidów gromadzonej w tkankach roślin. Ekstrakty uzyskane metoda SFE są stabilne chemicznie i nie zawierają rozpuszczalników organicznych – mogą być używane bezpośrednio w doświadczeniach nad modyfikacją diety oraz jako wyjściowy materiał do otrzymywania semi-syntetycznych pochodnych poliizoprenoidów, n.p. fosforanów. Wyniki opublikowano w czasopiśmie *J Lipid Res.* (2013) 54: 2023.

3.

W ramach procedury międzynarodowej PCT dotyczącej aplikacji patentowej o nr PCT/PL2011/000060 zatytułowanej: „Compounds as modulators of a mutant cftr protein and their use for treating diseases associated with cftr protein malfunction”, której twórcami są: Odolczyk Norbert, Zielenkiewicz Piotr, Wieczorek Grzegorz, Edelman Aleksander, Tondelier Danielle, Fritsch Janine dokonano następujących zgłoszeń regionalnych (kraj, region/nr aplikacji): USA/13-822,584, Izrael/225166, Chiny/201180048679.6, Kanada/CA 2811265, Australia/2011302715, Europa/ 11736202.0, Nowa Zelandia/609204, Indie/481-MUMNP-2013, Meksyk/Mx-a-2013-002895, Korea Południowa/10-2013-7009595, Japonia/2013-529094

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: 0

z tego:

Nazwa konferencji miejsce, data	Organizator, współorganizatorzy	Rodzaj konferencji		Liczba wystąpień
		krajowa	międzynarod.	
0	0	0	0	0

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 XVII Festiwal Nauki (Warszawa, 20-29 września 2013 r.) pracownicy Instytutu przygotowali i przeprowadzili 3 spotkań festiwalowe:

Arabidopsis: chwast w służbie.

Dzięki badaniom genetycznym nad 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. Uczestnicy wysłuchali wykładu o tym, jak modyfikuje się rośliny, jak wyglądają ciekawe mutanty i jak identyfikować rośliny transgeniczne za pomocą metody PCR. W trakcie warsztatów zostały zaprezentowane i omówione interesujące przykłady roślin transgenicznych i mutantów rzodkiewnika, a także sam proces powstawania takich roślin.

Uczestnicy mogli również zidentyfikować roślinę transgeniczną *Arabidopsis* za pomocą metody PCR.

Jak śledzić białko?

W laboratoriach zajmujących się biologią molekularną stosowane są metody, które pozwalają na identyfikację i obserwację wybranych białek. Dołączenie GFP do wybranego białka pozwala obserwować je we wnętrzu komórki. W trakcie warsztatów uczestnicy mogli obserwować jedno z białek roślinnych z dołączonym znacznikiem GFP. Poznali także technikę elektroforezy, służącą do rozdzielenia mieszaniny tysięcy białek znajdujących się w komórkach.

Analiza molekularna

Analizę wykonano na przykładzie genu *MAF1* drożdży, który koduje potencjalny ortolog ludzkiego supresora nowotworzenia. Uczestnicy samodzielnie wykonali trawienie plazmidów z genem *MAF1* oraz analizę fragmentów DNA na żelu. W trakcie trwania elektroforezy uczestnicy wysłuchali krótkiego wykładu o zasadach analizy restrykcyjnej oraz obejrżeli na ekranie komputera porównanie sekwencji genów *MAF1* z różnych organizmów, od drożdży do człowieka.

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).

II.11.2. Laboratoria, stacje diagnostyczne, obserwatoria, prace terapeutyczne, itp.

- zadania, usługi, świadczenia (rodzaj zadań, usług i świadczeń – krótki opis);

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 36 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.

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 posiada także system **GeneAtlas® Personal Microarray System**. Umożliwia on analizę 4 prób RNA na jednym pasku zawierającym 4 mikromacierze. Pracownia wzbogaciła się również o sprzęt do analiz NGS: Ion Personal Genome Machine® (PGM™) System oraz Ion Proton™ System firmy Life Technologies, który wraz zakupionym wcześniej systemem HiScanSQ firmy Illumina rozszerzył ofertę analiz możliwych do wykonania w Pracowni.

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.

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.

Pracownia Sekwencjonowania DNA i Syntezy Oligonukleotydów

Laboratorium specjalizuje się w maszynowych 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 Sanger, 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). Pracownia wykonuje sekwencjonowanie w ramach programów badawczych wielu grup

instytutowych oraz współpracujących placówek naukowych. Posiadamy doświadczenie w sekwencjonowaniu dla potrzeb diagnostyki medycznej.

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.

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
Nagroda Prezesa Rady Ministrów za wyróżnione rozprawy doktorskie	Praca doktorska pt. „Oddziaływania pomiędzy peptydem AB1-40, albuminą (HSA) i jonami Cu(II). Implikacje dla choroby Alzheimer’a”	Prezes Rady Ministrów	dr Małgorzata Rózga
Stypendium dla Wybitnych Młodych Naukowców	całokształt	Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego	dr Seweryn Mroczek
Nagroda NCN dla młodych naukowców (do 40. roku życia) za znaczące osiągnięcia naukowe dokonane w ramach badań podstawowych	Osiągnięcie naukowe: Odkrycie mechanizmu działania głównej rybonukleazy organizmów eukariotycznych – kompleksu egzozomu oraz poznanie funkcji genu C160RF57, którego mutacje powodują poikilodermę z neutropenią	Narodowe Centrum Nauki	dr hab. Andrzej Dziembowski
Nagroda Rektora GUMed Naukowa Zespołowa II stopnia	Badania nad opracowaniem nowych możliwości terapeutycznych w leczeniu pacjentów z mukopolisacharydozami	Rektor GUMed	prof. dr hab. Magdalena Gabig-Cimińska
Nagroda Zarządu Głównego Polskiego Towarzystwa Genetycznego	Osiągnięcia naukowe w latach 2010-2013 dotyczące badań nad regulacją aktywności polimerazy RNA III	Polskie Towarzystwo Genetyczne	prof. dr hab. Magdalena Rakowska-Boguta, dr Małgorzata Cieśla dr Monika Hejnowicz dr Michał Kępka mgr Ewa Morawiec mgr Dominika Foretek mgr Ewa Makala mgr Marta Żurańska
Nagroda Zarządu Polskiego Towarzystwa Genetycznego	Popularyzacja genetyki	Polskie Towarzystwo Genetyczne	prof. dr hab. Ewa Bartnik
Wyróżnienie za najlepszą publikację w latach 2011-2012	Publikacja pt. „SNF1-Related Protein Kinases Type 2 Are Involved in Plant Responses to Cadmium Stress”	Polskie Towarzystwo Biologii Eksperymentalnej Roślin	prof. dr hab. Grażyna Dobrowolska dr Anna Anielska-Mazur dr Maria Bucholc mgr Katarzyna mgr Szymańska mgr Ewa Krzywińska, mgr Izabela Wawer,
Nagroda im. Jakuba Karola Parnasa za najlepszą polską pracę doświadczalną z zakresu biochemii	Publikacja pt. „C16orf57, a gene mutated in poikiloderma with neutropenia, encodes a putative phosphodiesterase responsible for the U6 snRNA 3' end modification”	Polskie Towarzystwo Biochemiczne	dr hab. Andrzej Dziembowski, dr Seweryn Mroczek, dr Joanna Krwawicz

Mutagenesis Award-NIH	Prezentacja pracy: „Vesicular transport is implicated in the cellular response to DNA double strand breaks in <i>Saccharomyces cerevisiae</i> ”	11th International Conference on Environmental Mutagenesis	mgr Kamil Król
Award for one of the best presented papers at the 5th FEMS Congress of European Microbiologists held in Leipzig, Germany, 21-25.07.2013	Praca pt.: The development of bacteriophage T4 – the experimental approach vs. mathematical model.	Zespół ekspertów oceniających prace prezentowane podczas FEMS 2013	dr Piotr Golec
Wyróżnienie za najlepszą pracę przeglądową	Praca: „Genomics of staphylococcal-Twort-like phages – potential therapeutics of the post-antibiotic era, w <i>Advances in Virus Research</i> , 83: 143-216	Rada Naukowa IBB PAN	dr hab. Małgorzata Łobocka, dr Monika S. Hejnowicz, dr Kamil Dąbrowski, dr Agnieszka Gozdek, dr Jarosław Kosakowski, mgr Magdalena Witkowska, mgr Magdalena I. Ulatowska, mgr Jan Gawor, mgr Helena Kosowska, mgr Aleksandra Głowacka
Wyróżnienie za najlepszą pracę doświadczalną	Praca doświadczalna (publikację) pt. "Transgenic tobacco plants as production platform for biologically active human interleukin 2 and its fusion with proteinase inhibitors"	Rada Naukowa IBB PAN	prof. dr hab. Agnieszka Sirko, dr Patrycja Redkiewicz, mgr Aneta Więsyk, dr Anna Góra-Sochacka.
Wyróżnienie za najlepszego doktora	Praca doktorska pt. „The role of SnRK2 kinases in plant response to cadmium - induced stress and in regulation of iron homeostasis”	Rada Naukowa IBB PAN	dr Anna M. Kulik
Wyróżnienie za najlepszego doktora	Praca doktorska pt. „Analysis of conjugative system from broad host range RA3 plasmid of IncU incompatibility group”	Rada Naukowa IBB PAN	dr Jolanta Szarlak
Wyróżnienie za najlepszego doktora	Praca doktorska pt.: „Analiza metagenomiczna konsorcjum bakterii oraz właściwości fizykochemiczne biofilmu naskalnego z kopalni złota Złoty Stok”	Rada Naukowa IBB PAN	dr Katarzyna Tomczyk-Żak

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).

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	
304	112	33	2	7	0	40	32	192

III.2. Zatrudnienie średnioroczne w przeliczeniu na pełne etaty*:

Liczba ogółem/w tym naukowych.

264,19/102,11

*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 PAN, Warszawski Uniwersytet Medyczny
2	Podstawy zabezpieczenia potrzeb paliwowych polskiej energetyki jądrowej	23.08.2011	Technologie wspomagające rozwój bezpiecznej energetyki jądrowej	Instytut Chemii i Techniki Jądrowej, Instytut Biochemii i Biofizyki PAN, Państwowy Instytut Geologiczny - Państwowy Instytut Badawczy Centralne Laboratorium Ochrony Radiologicznej, Uniwersytet Warszawski

Załącznik nr 4

3.	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
4.	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
5.	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
6.	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 konsorcjum
1.	Konsorcjum realizujące projekt: „A novel approach to monitoring the impact of climate change on Antarctic ecosystems”	02.12.2013	biologia	Instytut Biochemii i Biofizyki PAN, Northern Research Institute Tromsø, Politechnika Warszawska
2.	Konsorcjum realizujące projekt: „Szczepionka przeciw grypie - innowacyjne otrzymywanie antygenów podjednostkowych”	30.12.2013	biochemia	Instytut Biotechnologii i Antybiotyków, Instytut Biochemii i Biofizyki PAN, Uniwersytet Gdański, Instytut Rozrodu Zwierząt i Badań Żywności PAN
3.	Konsorcjum realizujące projekt: „Toward structural characterization of novel mechanism of inhibition of SnRK2s activity by calcium sensor (SCS) in plants”	31.10.2013	biochemia	Instytut Biochemii i Biofizyki PAN, University of Tromsø
4.	Konsorcjum realizujące projekt: “Role of the FTO dioxygenase in development of obesity - multidisciplinary study on selected model systems”	01.07.2013	medycyna	Instytut Biochemii i Biofizyki PAN, Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie, Oslo University Hospital
5.	Konsorcjum realizujące projekt: „Funkcjonalne zróżnicowanie niekodujących RNA u Eukariota”	01.02.2013	biochemia	Instytut Biochemii i Biofizyki PAN, Universite de Geneve, Uniwersytet Warszawski
6.	Konsorcjum realizujące projekt: „Oznaczenie panelu stężeń hormonów steroidowych w ślinie i krwi obwodowej z zastosowaniem LC-MS/MS - nowe narzędzia rutynowej diagnostyki endokrynologicznej”	25.01.2013	medycyna	Instytut Biochemii i Biofizyki PAN, Warszawski Uniwersytet Medyczny, Krzysztof Kucharczyk Techniki Elektroforetyczne Sp z o.o.
7.	„Bio-KNOW”	06.12.2012	biologia	Uniwersytet Warszawski, Instytut Biochemii i Biofizyki PAN, Instytut Biologii Doświadczalnej im. Nenckiego PAN

8.	Konsorcjum CCBMT	12.06.2012	biologia, chemia, medycyna translacyjna	Centrum Onkologii - Instytut im. Marii Skłodowskiej-Curie, Instytut Biochemii i Biofizyki PAN, Instytut Hematologii i Transfuzjologii, Instytut Medycyny Doświadczalnej i Klinicznej PAN, Politechnika Śląska w Gliwicach
9.	Konsorcjum realizujące projekt: „Alternatywna mikrobiologiczna metoda produkcji wodoru i metanu na drodze fermentacji (skala ułamkowa)”	10.10.2012	biotechnologia	Instytut Biochemii i Biofizyki PAN, Krajowa Spółka Cukrowa S.A.
10.	Konsorcjum realizujące projekt: "Optymalizacja pracy dwustopniowego reaktora do wytwarzania wysokometanowego biogazu - opracowanie biostarterów i markerów fermentacji metanowej"	09.10.2012	biotechnologia	Uniwersytet Warszawski, Instytut Chmii i Techniki Jądrowej, Instytut Biochemii i Biofizyki PAN
11	Konsorcjum realizujące projekt: „SUMO modification system in <i>Caenorhabditis elegans</i> - analysis at the level of the entire organism”	11.11.2011	biologia	Instytut Biochemii i Biofizyki PAN, Friedrich Miescher Institute for Medical Research
12.	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
13.	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
14.	Konsorcjum realizujące projekt: „System biology of <i>Mycobacterium tuberculosis</i> ”	01.04.2010	biologia, medycyna	Fundacio Privada Centre de Regulacio Genomica, Max Planck University, Medical Research Council, Centre National de la Recherche Scientifique, Eidgenossische Technische Hochschule Zurich, Instytut Biochemii i Biofizyki PAN, Ustav organicke chemie aq biochemie, European Molecular Biology Laboratory, Universita degli Studi del Piemonte Orientale Amadeo Avogadro, Omnia Molecular S.L., Lionex GmbH, Humboldt-Universitat zu Berlin, Wageningen University

15.	Klaster Alice-Med	18.03.2011	biologia, medycyna	Instytut Medycyny Doświadczalnej i Klinicznej im. Mirosława Mossakowskiego PAN, Instytut Podstawowych Problemów Techniki PAN, Instytut Biocybernetyki i Inżynierii Biomedycznej im. Macieja Nałęcza PAN, Instytut Chemii Organicznej PAN, Międzynarodowy Instytut Biologii Molekularnej i Komórkowej Instytut Biochemii i Biofizyki PAN, Centrum Onkologii - Instytut im. Marii Skłodowskiej-Curie, Stowarzyszenie Polskich Wynalazców i Racjonalizatorów, WTS Rzecznicy Patentowi Eridea, MTZ Clinical Research Sp. z o.o., CELON PHARMA sp. z o.o., Genexo Sp. z o.o., Temapharm Spółka z Ograniczoną Odpowiedzialnością, Bio-Tech Consulting sp. z o.o., IKA POL USP Life Sciences Sp. z o.o., Nes S.J. Dr Piotr Koziej Centrum Kosmetyków sp. j., Fundacja Hospicjum Onkologiczne Św. Krzysztofa, Polski Bank Komórek Macierzystych SA, Centralny Szpital Kliniczny Ministerstwa Spraw Wewnętrznych i Administracji w Warszawie, Prywatna Wyższa Szkoła Businessu, Administracji i Technik Komputerowych ITP S.A.
16.	Konsorcjum realizujące projekt: „Studies of nucleic acids - from basic to applied research”	01.04.2010	biochemia	Instytut Biochemii i Biofizyki PAN, Międzynarodowy Instytut Biologii Molekularnej i Komórkowej, Institute of Biology Technologies of Saclay
17.	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 Wrocłowski
18.	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)²

L.p.	Nazwa	Data powołania	Specjalność naukowa	Jednostki naukowe tworzące
1.	Badania systemowe czynników genetycznych choroby wieńcowej.	01.12.2009 25.06.2010 27.01.2010	medycyna	Instytut Biochemii i Biofizyki Polskiej, Uniwersytet Medyczny w Białymstoku, Warszawski Uniwersytet Medyczny Centrum Medyczne Kształcenia Podyplomowego
2.	Opracowanie metod: profilowania metabolicznego i ilościowego oznaczania w materiale klinicznym panelu leków immunosupresyjnych oraz oceny ryzyka podania pacjentowi azatiopryny	01.12.2010	medycyna	Instytut Biochemii i Biofizyki Polskiej Uniwersytet Warszawski Wydział Biologii, Instytut Genetyki i Biotechnologii
3.	Badanie genomów bakterii probiotycznych <i>L. casei</i> i <i>paracasei</i> .	01.04.2011	biotechnologia	Instytut Biochemii i Biofizyki Polskiej Politechnika Łódzka Instytut Fermentacji i Mikrobiologii

miejsowość, dnia 20 stycznia, 2014 r.

Katarzyna Jagiełło-Wilgat, 22-592-21-41

Imię i nazwisko, telefon do kontaktów osoby sporządzającej informację

² Definicja centrum naukowego uczelni oraz centrum naukowo-przemysłowego instytutu badawczego - stosownie do przepisów obowiązujących ustaw – odpowiednio – o szkolnictwie wyższym, o instytutach badawczych