

INSTYTUT BIOCHEMII I BIOFIZYKI
Polskiej Akademii Nauk

ul. Pawińskiego 5A
02-106 Warszawa

SPRAWOZDANIE Z DZIAŁALNOŚCI
za 2014 rok

SPIS TREŚCI

Informacja o Instytucie.....	A
Sprawozdanie merytoryczne	I
Temat nr 5: Regulacja ekspresji genowej, synteza i struktura białek	
Temat nr 5.1: Terminalne białko wirusa ziemniaka Y	
dr hab. E. Szołajska	I.1
Temat nr 5.3: Dodekahedron adenowirusowy – wektor transferu wewnątrzkomórkowego	
dr hab. E. Szołajska	I.2
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.3
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.4
Temat nr 18: Molekularne regulacje syntezy glikokoniugatów w komórkach drożdży	
prof. dr hab. G. Palamarczyk.....	I.5
Temat nr 18.1: Genetyczna modyfikacja grzybów i ich znaczenie w procesach biotechnologii i biokontroli	
prof. nadzw. dr hab. J. Kruszewska.....	I.6
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.7
Temat nr 20.2: Genetyczna regulacja metabolizmu w drożdżach <i>S. cerevisiae</i>	
prof. dr hab. J. Rytka	I.8
Temat nr 20.3: Genetyczna kontrola szlaków metabolizmu siarkowego u grzybów	
prof. dr hab. A. Paszewski	I.9
Temat nr 20.5: Mechanizmy transportu białek u drożdży <i>Saccharomyces cerevisiae</i>	
prof. dr hab. T. Żołądek.....	I.10
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.11
Temat nr 25.2: Mechanizmy odpowiedzi komórek <i>Saccharomyces cerevisiae</i> na uszkodzenia DNA	
prof. dr hab. Z. Cieśla.....	I.12
Temat nr 25.3: Koordynacja procesów naprawy DNA w komórkach eukariotycznych	
prof. dr hab. E. Śledziwska-Gójska	I.13
Temat nr 27: Analiza funkcjonalna genów wybranych plazmidów pochodzących z bakterii o znaczeniu klinicznym	
dr I. Kern-Zdanowicz	I.14
Temat nr 28: Chemiczne podstawy mutagenyzy i reperacja adduktów cyklicznych	
prof. dr hab. J. Kuśmierek	I.15
Temat nr 29: Analiza molekularna genów kodujących enzymy katabolizmu argininy u <i>Aspergillus</i>	
prof. dr hab. P. Węgleński.....	I.16

Temat nr 30: Analiza mutantów typu SUV3 u <i>Saccharomyces cerevisiae</i>	
prof. dr hab. P. Stępień	I.17
Temat nr 31: Szkoła Biologii Molekularnej, Studium Doktoranckie przy IBB PAN	
prof. dr hab. G. Palamarczyk	I.18
Temat nr 32.1: Działalność Pracowni Biologii Molekularnej (afiliowanej przy UG). Regulacja ekspresji genów i innych procesów związanych z funkcjami DNA w komórkach bakteryjnych	
prof. dr hab. M. Gabig-Cimińska	I.19-20
Temat nr 32.2: Działalność Zespołu Biomedycyny Molekularnej (IBD PAN, IBB PAN, MIBMiK) Białka opiekuńcze w transformacji nowotworowej	
prof. dr hab. M. Żylicz	I.21
Temat nr 33: Mechanizmy aktywnej segregacji niskopiętowego plazmidu P1 do komórek potomnych w czasie podziału komórkowego	
dr hab. M. Łobocka	I.22
Temat nr 34: Udział struktur chromatynowych w regulacji transkrypcji genów	
prof. dr hab. A. Jerzmanowski	I.23
Temat nr 35: Ekspresja genów kodujących białka o znaczeniu terapeutycznym w roślinach	
prof. dr hab. A. Sirko	I.24
Temat nr 36: Metody informatyczne w biologii molekularnej	
prof. dr hab. P. Zielenkiewicz	I.25
Temat nr 37: Mechanizmy kontrolujące proces patogenezy komórek roślinnych	
prof. dr hab. J. Hennig	I.26
Temat nr 38: Funkcjonalna analiza otwartych ramek odczytu z <i>Saccharomyces cerevisiae</i>	
dr B. Rempola	I.27
Temat nr 39: Badanie polimorfizmu mitochondrialnego DNA w populacji polskiej	
prof. dr hab. E. Bartnik	I.28
Temat nr 41: Oksydacyjne uszkodzenia DNA	
prof. dr hab. B. Tudek	I.29
Temat nr 42: Mutacje indukowane i adaptacyjne	
prof. dr hab. E. Grzesiuk	I.30
Temat nr 43: Biologia plazmidu RK2 z grupy IncP <i>Escherichia coli</i>	
prof. dr hab. G. Jagura-Burdzy	I.31
Temat nr 44: Środowiskowe Laboratorium Magnetycznego Rezonansu Jądrowego	
prof. dr hab. A. Ejchart	I.32
Temat nr 47: Modelowanie struktury i funkcji białek	
prof. dr hab. P. Zielenkiewicz	I.33
Temat nr 48: Badania wczesnych etapów związania i agregacji białek	
prof. dr hab. M. Dadlez	I.34
Temat nr 49: Metabolizm cukrów u bakterii mlekowych	
prof. dr hab. J. Bardowski	I.35
Temat nr 50: Przewodzenie sygnału stresu osmotycznego w roślinach	
prof. dr hab. G. Dobrowolska	I.36
Temat nr 51: Strukturalne i funkcjonalne konsekwencje modyfikacji potranslacyjnych białek	
dr A. Wyslouch-Cieszyńska	I.37
Temat nr 52: Analiza wybranych genów metabolizmu komórkowego <i>Arabidopsis thaliana</i>	
dr hab. E. Kraszevska	I.38

Temat nr 54: Mechanizmy molekularne działania jonów metali czynnych biologicznie	
prof. dr hab. W. Bal.....	I.39
Temat nr 55: Analiza genetyczna podstaw wybranych chorób dziedzicznych	
dr hab. B. Burzyńska.....	I.40
Temat nr 56: Genomika <i>Paramecium tetraurelia</i>	
dr R. Gromadka.....	I.41
Temat nr 57: Mechanizmy wierności replikacji DNA	
dr hab. A. Bębenek.....	I.42
Temat nr 58: Identyfikacja i charakterystyka mikroorganizmów potencjalnie użytecznych w bioremediacji	
dr U. Zielenkiewicz.....	I.43
Temat nr 60: Mechanizmy podziałów komórkowych	
dr hab. A. Kurlandzka.....	I.44
Temat nr 61: Dynamika transkryptomu w normie i stresie.	
dr hab. M. Kobłowska.....	I.45
Temat nr 62: Synteza białek biologicznie czynnych w heterologicznych systemach ekspresyjnych	
prof. nadzw. dr hab. K. Grzelak.....	I.46
Temat nr 63: Dodekahedron adenowirusa jako platforma szczepionkowa	
dr hab. E. Szolajska.....	I.47
Temat nr 64: Posttranslacyjne modyfikacje białek jako mechanizm regulacji szlaków przekazywania sygnału	
dr hab. M. Krzymowska.....	I.48
Temat nr 65: Modelowanie mechanizmów aktywności biologicznej na podstawie danych strukturalnych	
prof. dr hab. J. Poznański.....	I.49
Temat nr 66: Metodyka sekwencjonowań genomowych	
dr R. Gromadka.....	I.50
Temat nr 67: Metabolizm siarki w roślinach	
prof. dr hab. A. Sirko.....	I.51
Temat nr 68: Metabolizm mitochondrialnych RNA u <i>S. cerevisiae</i>	
dr hab. P. Golik.....	I.52
Temat nr 69: Metabolizm RNA u Eucaryota	
dr hab. A. Dziembowski.....	I.53
Temat nr 70: Biologia strukturalna białek służących jako narzędzie modyfikacji genetycznych	
prof. dr hab. M. Bochtler.....	I.54-I.55
Temat nr 71: Stres środowiskowy jako źródło niestabilności genetycznej	
dr A. Skoneczna.....	I.56
Temat nr 72: Genomika funkcjonalna odpowiedzi komórek eukariotycznych na stresy środowiskowe	
dr hab. M. Skoneczny.....	I.57
Temat nr 73: Uwarunkowania biologiczne, geochemiczne i genetyczne struktur i funkcjonowania ekosystemów polarnych na tle gwałtownych zmian klimatycznych	
dr hab. K. Chwedorzewska.....	I.58-I.59
Sprawozdanie grupy monitoringującej obszar chroniony aspa 151 sezon 2013/2014	
A. Gasek, M. Świetlik.....	I.60-I.65

Sprawozdanie z monitoringu ekologicznego obszaru specjalnej ochrony nr 128 (ASPA 128) w sezonie 2013/14

B. Matuszczak I.66-I.70

Laboratorium Analiz Modyfikacji Genetycznych

prof. dr hab. B. Tudek I.71

Pracownia Mikroskopii Konfokalnej i Fluorescencyjnej

dr A. Anielska-Mazur, dr M. Lichocka I.72

Pracownia Analiz Mikromacierzy

dr hab. M. Kobłowska I.73

Serwis Bakoluwirusa

dr hab. E. Szolajska I.74

Pracownia Hodowli Komórkowych

dr hab. E. Szolajska I.75

Pracownia Sekwencjonowania DNA i Syntezy Oligonukleotydów

dr R. Gromadka I.76-I.80

Środowiskowe Laboratorium Spektrometrii Mas

prof. dr hab. M. Dadlez I.81

Kolekcja Szczepów IBB PAN „COLIBB”

prof. dr hab. P. Jonczyk I.82

Lista seminariów pracowników IBB PAN I.83-I.85

Lista publikacji..... II

Artykuły II.87-II.111

Abstrakty II.111-II.144

Rozprawy habilitacyjne..... II.144-II.145

Rozprawy doktorskie..... II.145-II.150

Prace magisterskie..... II.150-II.156

Miscellanea..... II.156-II.157

Publikacje, abstrakty, miscellanea, które nie znalazły się w sprawozdaniu za rok 2013..... II.157-II.161

Informacje o działalności jednostki naukowej PAN w 2014r..... III

Podstawowe dane III.163-III.165

Publikacje naukowe jednostki, które ukazały się drukiem (liczbowo) III.165

Aktywność wydawnicza jednostki III.166

Projekty, zadania badawcze realizowane w roku sprawozdawczym III.166-III.181

Zadania badawcze realizowane w ramach działalności statutowej III.181

Wyniki prac badawczych III.181-III.184

Działalność jednostki o charakterze innowacyjnym, aplikacyjnym..... III.184-III.185

Kształcenie i rozwój kadry naukowej III.185-III.191

Współpraca z zagranicą..... III.191-III.197

Międzynarodowe centra naukowe (działające w strukturze jednostki)..... III.198

Upowszechnianie i promocja osiągnięć naukowych..... III.198-III.199

Działalność zaplecza naukowego o charakterze ogólnoodrodowiskowym III.199

Nagrody, wyróżnienia naukowe uzyskane przez pracowników PAN w roku sprawozdawczym III.199-III.203

Zatrudnienie III.203

Inne formy zrzeszenia jednostek naukowych PAN III.203-207

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 2014 r.:

Przyznane dotacje:	66 099 974,19
<i>w tym:</i>	
Działalność statutowa	26 066 970,00
Projekty badawcze: NCN, NCBiR, MNiSW, FNP, OPI i inne	31 222 004,19
<i>w tym:</i>	
<i>Fundusze strukturalne</i>	<i>12 457 418,62</i>
<i>Programy rozwojowe</i>	<i>0,00</i>
<i>Projekty Badawcze Strategiczne</i>	<i>84 670,00</i>
<i>Projekty Badawcze Specjalne</i>	<i>133 438,64</i>
<i>Pozostałe projekty badawcze</i>	<i>1 512 396,00</i>
<i>Projekty UE</i>	<i>615 213,01</i>
<i>Projekty międzynarodowe współfinansowane</i>	<i>1 157 566,66</i>
<i>Granty</i>	<i>11 027 608,00</i>
<i>SPB</i>	<i>521 002,00</i>
<i>PBS</i>	<i>3 712 691,26</i>
<i>Mobilność</i>	<i>281 500,00</i>
<i>Dotacja celowa dla młodych naukowców</i>	<i>883 600,00</i>
<i>SPUB Analizy wieloskalowe</i>	<i>1 052 000,00</i>
<i>SPUB Stacja Antarktyczna</i>	<i>6 541 600,00</i>
<i>Pomoc materialna dla doktorantów</i>	<i>52 300,00</i>
Inne	7 646 474,96
<i>w tym:</i>	
<i>Prawa do wynalazku</i>	<i>20 000,00</i>
<i>Działalność gospodarcza</i>	<i>1 321 179,51</i>
<i>Sprzedaż usług naukowych</i>	<i>3 383 343,73</i>
<i>Konferencje i HORIZON</i>	<i>161 248,80</i>
<i>Działalność finansowa</i>	<i>704 508,96</i>
<i>Pozostałe</i>	<i>2 056 193,96</i>
ŁĄCZNIE:	73 746 449,15

Publikacje w roku 2014:

Liczba ogółem	Monografie ¹ (lub rozdziały)	Podr. akadem. ¹ (lub rozdziały)	Publikacje w czasopismach recenzowanych			pozostałe publ. nauk.
			publikacje 1	publikacje 2	publikacje 3	
175	8	-	147	-	4	16

Sprawozdanie merytoryczne
z działalności statutowej
za 2014 rok

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

Temat nr 5.1: Regulacja ekspresji genowej, synteza i struktura białek. Terminalne białko wirusa ziemniaka Y

Zespół: dr hab. Ewa Szolajska, dr hab. Jadwiga Chroboczek, dr Izabela Wojtal, mgr Małgorzata Podsiadła-Białoskórska

Cel badania

Celem badań jest identyfikacja peptydów pochodzących z wirusowego białka VPg jako antagonistów onkogeny, czynnika inicjacji translacji eIF4E i ocena ich efektu cytotoksycznego w komórkach linii nowotworowych oraz w zwierzęcych modelach nowotworów.

Opis realizowanych prac

Nasze wcześniejsze badania wykazały, że białko terminalne VPg wirusa roślinnego, którego partnerem komórkowym jest czynnik translacyjny (i onkogen) eIF4E, unieruchamia ten czynnik w cytoplazmie, w wyniku czego zostaje zakłócona rola proonkogenna eIF4E, co owocuje zatrzymaniem wzrostu oraz śmiercią komórek rakowych. Niedawno zidentyfikowaliśmy peptydy pochodzące z białka VPg oddziałujące silniej z eIF4E niż całkowite białko VPg.

W okresie sprawozdawczym prowadziliśmy prace zmierzające do przygotowania modelu *in vivo* do oceny efektu terapeutycznego peptydów VPg. Wybraliśmy zwierzęcy model raka mózgu – glejaka, który wykorzystywaliśmy już podczas wcześniejszych badań aktywności całkowitego białka VPg. Na podstawie analizy całkowitego poziomu czynnika eIF4E oraz jego dystrybucji między frakcją cytoplazmatyczną i jądrową zgodnie z założeniem, że to jądrowa frakcja czynnika pełni rolę proonkogenną, do dalszych badań wytypowaliśmy komórki ludzkie U251 oraz szczurze F98 o podwyższonym poziomie eIF4E w jądrze. Peptydy VPg, które samodzielnie nie wnikają do komórek będą dostarczane do guzów glejaka poprzez elektroporację. Równolegle uzyskaliśmy w systemie bakteryjnym rekombinowane peptydy VPg, które są niezdolne do oddziaływania z eIF4E i będą wykorzystywane jako kontrola negatywna zarówno podczas doświadczeń *in vivo* jak i *in vitro*.

W 2014 roku, podjęliśmy również próbę opracowania alternatywnej metody wydajnego dostarczenia peptydów VPg do tkanek nowotworowych przy użyciu nowego, oryginalnego wektora peptydowego. Wykazaliśmy zdolności penetracyjne znakowanego fluorescencyjnie, skonstruowanego przez nas syntetycznego peptydu przy zastosowaniu metod spektrofлуorometrycznych i mikroskopii konfokalnej.

Opis najważniejszych osiągnięć

1. Zostały wytypowane komórki nowotworowe do skonstruowania modelu zwierzęcego raka mózgu, glejaka.
2. Zaprojektowaliśmy syntetyczny peptyd wykazujący zdolności penetracyjne, który zostanie przebadany w celu wykorzystania jako wektor dla dostarczenia peptydów VPg do komórek w hodowli *in vitro* oraz do tkanek nowotworowych *in vivo*.

Wykorzystanie uzyskanych wyników

Prace te pozwolą na skonstruowanie modelu zwierzęcego raka mózgu, glejaka, niezbędnego do przeprowadzenia doświadczeń *in vivo*, mających na celu ocenę efektu terapeutycznego peptydów VPg.

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

Temat nr 5.3: Regulacja ekspresji genowej, synteza i struktura białek. Dodekahedron adenowirusowy – wektor transferu wewnątrzkomórkowego

Zespół: dr hab. Ewa Szołajska, dr hab. Jadwiga Chroboczek (konsultant), mgr Marta Jedynak (doktorantka), mgr Małgorzata Podsiadła-Białoskórska (technik)

Cel badania

Celem naszych badań jest opracowanie metody wykorzystania rekombinowanej cząstki wirusopodobnej (VLP) - dodekahedronu adenowirusowego jako wektora dostarczenia wewnątrzkomórkowego niskocząsteczkowych czynników terapeutycznych do tkanek nowotworowych.

Opis realizowanych prac

Planowane badania potencjału dodekahedronu (Dd) w zwierzęcych modelach nowotworów wymagają przygotowania znacznych ilości homogennych preparatów. W związku z tym w ciągu roku sprawozdawczego zbadaliśmy możliwość optymalizacji produkcji oraz oczyszczania Dd. W tym celu do nadprodukcji VLP w komórkach owadzych wykorzystaliśmy dotychczas nie stosowany w naszym laboratorium komercyjny system ekspresyjny FlashBAC™ (Oxford Expression Technologies), w którym z wektora bakulowirusowego usunięty został gen kodujący proteazę cysteinową. Równolegle podjęliśmy próbę uproszczenia i skrócenia stosowanej dotychczas dwuetapowej procedury oczyszczania z zastosowaniem ultrawirowania w gradiencie sacharozy oraz chromatografii jonowymiennej. Czasochłonny etap gradientu sacharozowego, został zastąpiony przez filtrację żelową (*ang. Size Exclusion Chromatography*, SEC), co umożliwiło zredukowanie czasu oczyszczania z 3 dni do ok. 5 godzin oraz zwiększenie skali procesu. Opracowaliśmy również procedurę zagęszczania preparatów Dd przy użyciu glikolu polietylenowego.

Opis najważniejszych osiągnięć

1. Stwierdziliśmy, że wykorzystanie systemu ekspresyjnego FlashBAC™ umożliwia uzyskanie wysokiego poziomu produkcji cząstek dodekahedrycznych o zwiększonej trwałości.
2. Opracowanie nowej dwuetapowej metody wykorzystującej filtrację żelową (SEC) oraz niskociśnieniową chromatografię jonowymienną umożliwiło zwiększenie wydajności oraz znaczące skrócenie czasu otrzymywania wysokiej jakości homogennych preparatów Dd.

Wykorzystanie uzyskanych wyników

Wyniki tych badań są przedmiotem pracy „VLP can be purified without sucrose density gradient centrifugation” wysłanej do czasopisma *Molecular Biotechnology*. Amerykański Urząd Patentowy przyznał patent „Adenovirus dodecahedron particles for delivery of pharmaceutical agents” (US8765666 B2/01. 07. 2014)

Patent

United States Patent: US8765666 B2“Adenovirus dodecahedron particles for delivery of pharmaceutical agents”

Publikacje

5007, 748/N

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

Temat nr 6.1: Sekwencjonowanie genomów wybranych szczepów wiroidów i wirusów roślinnych oraz ich detekcja. Molekularne podstawy infekcji wiroidowej

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

Cel badania

Wiroidy to najmniejsze dotychczas poznane czynniki chorobotwórcze. Wywołują wiele ważnych pod względem ekonomicznym chorób różnych gatunków roślin. Przyjmuje się, że patogeny wpływ wiroidowego RNA na roślinę wynika z bezpośredniego oddziaływania sekwencji wiroida lub/i jego struktury drugorzędowej lub/i struktury trzeciorzędowej tego RNA na jakieś składniki komórki gospodarza jak białka, kwasy nukleinowe czy inne cząsteczki. Celem naszych badań jest poznanie interakcji wiroid – roślina, których to mechanizm jest nadal zagadką.

Opis realizowanych prac

Kontynuowano analizę wybranych mutantów wiroida wrzecionowatości bulw ziemniaka (PSTVd), które charakteryzowały się insercją lub delecją 3 nukleotydów (221-223 nt) w domenie zmienności (V) i jedno-nukleotydowymi zmianami w obrębie domeny V lub w innych domenach wiroida. Badania dotyczyły porównania stabilności genetycznej mutantów występujących w części nadziemnej – liście i części podziemnej rośliny – korzenie. Do tej pory większość naszych badań dotyczyła tylko nadziemnych części roślin zwłaszcza części wierzchołkowych, gdzie poziom wiroida jest największy. Mutanty, które charakteryzowały się stabilnością genetyczną w części nadziemnej, były również stabilne w części podziemnej pomidora. Natomiast te, które charakteryzowały się zmiennością genetyczną w tkance liściowej również były niestabilne w tkance korzenia. Jednak, porównania stabilności genetycznej genomu wiroida wskazały na większą zmienność genomu PSTVd występującego w tkankach liścia części wierzchołkowej niż w części podziemnej.

Opis najważniejszych osiągnięć

Analiza stabilności genomu PSTVd w zainfekowanych pomidorach odmiany "Rutgers" wskazuje na większą zmienność genetyczną wiroida w tkankach części nadziemnej roślin niż w części podziemnej czyli korzeniach.

Wykorzystanie uzyskanych wyników

Otrzymane wyniki zostaną zamieszczone w przygotowywanej publikacji. Ponadto, uzyskana wiedza pozwoli nam na lepsze poznanie mechanizmów patogenności wiroida i pozwoli spojrzeć na badany problem w szerszym aspekcie.

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

Zespół: prof. dr hab. Ewa Kula-Świeżewska, dr Anna Buczkowska, dr Daniel Buszewicz, prof. dr hab. Tadeusz Chojnacki, dr Małgorzata Gutkowska-Stronkowska, mgr Katarzyna Gawarecka, dr Wiesław Jankowski, dr Adam Jóźwiak, mgr Joanna Komasyło, mgr Agata Lipko, dr Adriana Mika, dr Karolina Skorupińska-Tudek, dr Ewa Sosińska, dr Liliana Surmacz, mgr Przemysław Surowiecki, Katarzyna Madej (magistrantka, PW), Paweł Kubski (inżynierant, PW)

Cel badania

Kontynuowano badania nad biologiczną rolą poliizoprenoidów:

1. Badania końcowego etapu biosyntezy dolicholi – konwersję poliprenoli do dolicholi poprzez redukcję podwójnego wiązania. Badania będą prowadzone w modelu roślinnym (*Arabidopsis thaliana*) i zwierzęcym – uzyskane zostaną komórki HEK z warunkowym wyciszeniem genu reduktazy poliprenolu SRD5A3.
2. Analizy składu lipidowego populacji mapującej ekotypów *A. thaliana* wybranej do analizy zależności biochemiczno-genetycznych (współpraca dr A. Ihnatowicz, UG).
3. Zakończono analizy strukturalne utlenionych pochodnych prenyli-10 uzyskanych w reakcji z tlenem singletowym w warunkach „jasnych” i „ciemnych”.
4. Badania nad *cis*-prenylotransferazami i RabGGTazą rzodkiewnika.
5. Badania nad zastosowaniem kationowych pochodnych poliizoprenoidów jako nośników leków i materiału genetycznego.

Opis realizowanych prac

Uzyskano linie komórkowe HEK i HeLa z nadekspresją zmutowanych form reduktazy hSDR5A3, przeprowadzono badania ekspresji promotorów roślinnych homologów reduktazy, scharakteryzowano biochemicznie reduktazy rzodkiewnika. Scharakteryzowano *cis*-prenylotransferazę AtCPT6 *in planta*, badano także wpływ stresu cieplnego na ekspresję AtCPT, charakteryzowano inne AtCPTzy. Opracowano metodykę oznaczania poliizoprenoidów w siewkach rzodkiewnika, przeprowadzono oznaczenia składu lipidowego ok. 150 linii populacji mapującej Est1xCol0. Wykazano, że podjednostka beta AtRabGGTazy jest istotna dla płodności męskiej i wzrostu wierzchołkowego korzenia. Opracowano nową metodę analizy strukturalnej utlenionych pochodnych poliizoprenoidów, przeprowadzono analizy składu lipidowego produktów krylo-pochodnych. Przeprowadzono serię badań nad efektem spironolaktonu podawanego w liposomach zawierających kationowe pochodne poliizoprenoidów. Złożono dwa zgłoszenia patentowe w UP PR. Kontynuowano działalność Kolekcji Poliprenoli – udostępniono preparaty poliizoprenoidowe kilkunastu grupom badawczym.

Opis najważniejszych osiągnięć

Wykazanie, że sole prenylo-trimetyloamoniowe są efektywnymi składnikami systemów do przenoszenia leków i materiału genetycznego do komórek ssaczych (dwa zgłoszenia patentowe).

Wykorzystanie uzyskanych wyników

Opracowano dwa zgłoszenia patentowe dotyczące zastosowania soli prenylo-trimetyloamoniowych jako składników lipopleksów użytecznych do przenoszenia materiału genetycznego do komórek.

Publikacje

4867, 4871, 4927, 4929, 4930, 4931, 4932, 4965, 3582/A, 3603/A, 3604/A, 3605/A, 3606/A, 3607/A, 3608/A, 3611/A, 3641/A, 3642/A, 3668/A, 239/M, 778/N

Temar nr 18: Molekularne regulacje syntezy glikokoniugatów w drożdżach

Zespół: prof. dr hab. Grażyna Palamarczyk

Cel badania

Kontynuacja badań nad poznaniem zależności funkcjonalnych pomiędzy przebiegiem poszczególnych etapów glikozylacji białek *Candida albicans* a integralnością ściany komórkowej, zdolnością do tworzenia struktur opornych na leki (biofilny) a także morfogenezą prowadzącą do powstawania strzępek, zdolnych do kolonizacji nowych powierzchni.

Opis realizowanych prac

Zbadanie zależności pomiędzy poziomem syntezy dolicholu (Dol) i jego fosforanu (DolP) a właściwościami powierzchni komórek wyrażonymi wrażliwością na czynniki zewnętrzne i zdolnością tworzenia biofilmów a także powstawaniem form strzępkowych.

Wykorzystanie szczepu o obniżonym poziomie N-glikozylacji (ograniczony poziom syntezy DolPPGlcNAc₂ na skutek ograniczenia ekspresji genu *alg14*) oraz O-mannozytacji (ograniczona ekspresja genów *dpm1-3*) do wyjaśnienia zmian powierzchniowych komórek *C. albicans* (porównaj punkt wyżej).

Opis najważniejszych osiągnięć

Stwierdzenie, że każda zmiana przebiegu syntezy Dol lub N- czy O-glikozylacji skutkuje zwiększoną wrażliwością na leki, ograniczeniem przyczepności komórek do podłoża i tworzenia biofilmów a także utratą zdolności do normalnej morfogenezy.

Wykorzystanie uzyskanych wyników

Uważamy, że realizacja tego tematu wzbogaci nie tylko wiedzę podstawą o poznanie mechanizmów jednej z najbardziej skomplikowanych post-translacyjnych modyfikacji białek jaką jest glikozylacja, lecz również zbliży nas do znalezienia procesów komórkowych decydujących o patogenności *C.albicans*.

Publikacje

4916

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 Sebastian Piłsyk, mgr Sebastian Graczyk

Cel badania

1. Charakterystyka szczepów *T. atroviride* o zwiększonej aktywności przeciwgrzybowej i biokontrolnej uzyskanych poprzez zmiany aktywności szlaku mewalonowego.
2. Identyfikację struktury dolicholi z *Trichoderma* i badanie przyczyn różnic strukturalnych dolicholi drożdżowych i pochodzących z grzybów strzępkowych.
3. Klonowanie i analiza funkcjonalna genu *erg20Tr* z *Trichoderma* - prace zakończone.
4. Określenie udziału genu *AstA* i jego produktu w patogenezie *Fusarium* względem roślin uprawnych.
5. Badania poziomu polioli w odpowiedzi na stres u *Aspergillus nidulans* spowodowany mutacjami w szlaku metabolizmu siarkowego – współpraca z grupą prof. Paszewskiego.

Opis realizowanych prac

Ad 1) Podjęto próby oznaczenia ekspresji genów szlaku mewalonowego w szczepach *T. atroviride* metodą RT PCR. Trwają próby standaryzacji primerów.

Ad 2) Dokonano masywnej hodowli *Aspergillus nidulans* i izolacji frakcji dolicholowej, która posłuży jako standard w oznaczeniach struktury dolicholi *Trichoderma*.

Ad 4) Zbadano ekspresję *AstA* w *Fusarium* podczas infekcji ziemniaka.

Opis najważniejszych osiągnięć

Klonowanie i charakterystykę funkcji genu *erg20* z *Trichoderma* zakończono publikacją.

Stwierdzono uaktywnienie ekspresji *AstA* w *Fusarium* podczas infekcji ziemniaka.

Stwierdzono, że *AstA* z *Fusarium* jest funkcjonalnym ortologiem *AstA A. nidulans*.

Stwierdzono podwyższanie poziomu polioli (mannitol, erytrytol, arabitol) w *A. nidulans* niosących mutacje w szlaku metabolizmu siarkowego.

Wykorzystanie uzyskanych wyników

Wyniki zaprezentowano na Kongresie BIO2014, Warsztatach Polskiego Towarzystwa Mykologicznego i Ogólnopolskiej Konferencji Naukowej – Mikroorganizmy w ochronie roślin i zagospodarowaniu odpadów organicznych.

Publikacje

4885, 4898, 3666/A, 3667/A, 3704/A, 3705/A, 3706/A, 3707/A, 3708/A, 3730/A, 3731/A, 3732/A, 792/N, 793/N

Temat nr 20: Genetyka i biologia molekularna grzybów

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

Zespół: prof. dr hab. Magdalena Boguta, dr Małgorzata Cieśla, dr Monika Hejnowicz, dr Michał Kępka, dr Ewa Skowronek, mgr Ewa Morawiec, mgr Dominika Foretek, mgr Ewa Makala, mgr Marta Żurańska

Cel badania

Wykazanie roli białka Rbs1 w regulacji transkrypcji tRNA u drożdży.

Opis realizowanych prac

Polimerazy RNA są wieloskładnikowymi kompleksami białkowymi. Podczas gdy struktura i mechanizm funkcjonowania polimeraz RNA były i są nadal przedmiotem intensywnych badań w czołowych laboratoriach biologii molekularnej, niewiele wiadomo o biogenezie tych kompleksów. Wykazano, że w komórce drożdży polimeraza II RNA jest przynajmniej częściowo składana w cytoplazmie i transportowana do jądra jako kompleks. W naszym laboratorium po raz pierwszy podjęto badania nad biogenezą polimerazy III RNA (Pol III). Scharakteryzowano mutant *missense rpc128-1007* o obniżonym poziomie transkrypcji tRNA i fenotypie wrażliwości na niskie temperatury (cs). Mutację zlokalizowano w części C-terminal drugiej co do wielkości podjednostki Pol III, dla C128, w rejonie oddziaływania C128 z podjednostkami AC40 i AC19. W mutancie stwierdzono obniżony poziom oddziaływania między podjednostkami, ich zmniejszoną stabilność oraz osłabienie intensywności sygnału świadczącego o lokalizacji w jądrze. Wykazano w ten sposób, który defekt składania kompleksu Pol III w zmutowanych komórkach. W celu znalezienia białek uczestniczących w składaniu Pol III przeprowadzono klonowanie supresorów fenotypu cs mutantu *rpc128-1007*. Wyselekcjonowano geny kodujące ABC10β, podjednostkę wspólną dla wszystkich trzech polimeraz RNA oraz białko Rbs1. Opublikowane wcześniej wyniki wskazywały na rolę ABC10β w składaniu polimeraz (co potwierdza wiarygodność selekcji supresorów), zaś funkcja Rbs1 nie była znana. Genetycznej supresji przez Rbs1, towarzyszyło zwiększenie *de novo* transkrypcji tRNA w mutancie *rpc128-1007*, które było skorelowane ze zwiększoną stabilnością podjednostek Pol III i ich jądrową lokalizacją. Nadprodukcja Rbs1 w komórce *rpc128-1007* spowodowała również zwiększenie asocjacji pomiędzy elementami kompleksu Pol III. Pokazaliśmy, że białko Rbs1 fizycznie oddziałuje z podjednostkami Pol III, AC19, AC40 i ABC27/Rpb5. Wykazaliśmy również, że Rbs1 jest zdolne do zmiany lokalizacji z cytoplazmatycznej na jądrową i zmiana ta zależy od aktywności eksportyny Crm1. Według zaproponowanego modelu, białko Rbs1 jest czynnikiem wspomagającym składanie Pol III w cytoplazmie, wiąże się z kompleksem lub sub-kompleksem Pol III i jest wraz z nim importowane do jądra. W jądrze białko Rbs1 dysocjuje od Pol III, po czym jest transportowane do cytoplazmy z udziałem eksportyny Crm1.

Opis najważniejszych osiągnięć

Zidentyfikowanie funkcji białka Rbs1 u drożdży jako czynnika stymulującego składanie kompleksu polimerazy III RNA i jego import do jądra.

Wykorzystanie uzyskanych wyników

Wyniki pozwalają na stworzenie modelu składania kompleksu polimerazy III RNA z udziałem białka Rbs1.

Publikacje

4908, 3691/A, 3767/A, 3774/A, 3775/A, 3776/A, 3777/A, 3778/A, 3779/A, 801/N, 802/N

Temat nr 20: Genetyka i biologia molekularna grzybów

Temat nr 20.2: Genetyka i biologia molekularna grzybów. Genetyczna regulacja metabolizmu w drożdżach *Saccharomyces cerevisiae*

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

Cel badania

1. Zbadanie mechanizmów kontroli ekspresji mitochondrialnego genu *ATP9*, kodującego dziewiątą podjednostkę mitochondrialnej syntazy ATP.
2. Zbadanie efektów mutacji w drożdżowym genie *ATP6*, odpowiadających mutacjom 8932C>T i 8716A>G opisanym w mtDNA komórek nowotworowych. Poszukiwanie funkcji motywu prolinowego w zmutowanym białku Atp6.

Opis realizowanych prac

Ad 1) Sprawdzone rolę białek Aep1, Aep2 i Atp25 w procesie syntezy białka Atp9. Skonstruowano stabilne genetycznie szczepy z delecjami genów kodujących te białka w tle genomu mitochondrialnego typu dzikiego i z delecją genu *ATP9* (*atp9::ARG8*). Zbadano poziom syntezy białka Atp9 w szczepach z delecjami genów *AEP1*, *AEP2* i *ATP25* oraz przy ich nadekspresji. Udowodniono, że białka Aep1, Aep2 and Atp25 są niezbędne do ekspresji genu *ATP9*. Ponadto wykazano, że synteza podjednostki Atp9 podlega autoregulacji w celu dostosowania produkcji białka Atp9 do poziomu podjednostek Atp6, Atp1, Atp2 i domeny F1.

Ad 2) Skonstruowano szczepy drożdży niosące mutacje w genie *ATP6*, odpowiadające mutacjom zidentyfikowanym w mtDNA komórek nowotworowych. Spośród pięciu mutacji dwie odpowiadające mutacjom 8932C>T i 8716A>G, które w białku drożdży prowadzą do zmiany Atp6-P163S i Atp6-K90E, powodują podwyższoną wrażliwość komórek drożdży na nadtlenek wodoru, rapamycynę i nystatynę. W komórkach szczepów niosących te mutacje stwierdziliśmy podwyższony poziom wolnych rodników (ROS). Zanalizowaliśmy położenie zmutowanych aminokwasów białka Atp6. Aminokwasy te są zlokalizowane w wysoce konserwowanym motywie bogatym w proliny w wystającej do macierzy mitochondrialnej pętli pomiędzy helisami III i IV lub w pobliżu tego motywu. Dotychczasowe badania zmierzające do poznania znaczenia prolinowego motywu dla funkcjonowania syntazy ATP wskazują, że mutacje te nie zaburzają znacząco funkcji syntazy ATP i OXPHOS natomiast mają znaczący wpływ na reakcję komórki na stresy.

Rozpoczęto poszukiwanie białek oddziałujących z fragmentem białka Atp6 zawierającego motyw prolinowy typu dzikiego oraz z mutacją P163S w systemie dwu-hybrydowym i metodą co-immunoprecypitacji.

Opis najważniejszych osiągnięć

Zaproponowano mechanizm regulacji ekspresji genów mitochondrialnych *ATP6* i *ATP9* kodujących podjednostki syntazy ATP przez niekompletny sub-kompleks syntazy dostosowując poziom ich syntezy do obecności innych składników kompleksu syntazy ATP.

Wykorzystanie uzyskanych wyników

Wyniki badań zostaną wykorzystane w publikacjach naukowych i wejdą w skład dwóch prac doktorskich.

Publikacje

4897, 3734/A

Temat nr 20: Genetyka i biologia molekularna grzybów

Temat nr 20.3: Genetyka i biologia molekularna grzybów. Genetyczna kontrola szlaków metabolizmu siarkowego u grzybów

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

Cel badania

Poznanie wpływu deregulacji metabolizmu siarkowego na zmiany transkryptomu i proteomu szczepów *Aspergillus nidulans*.

Bioinformatyka: Analiza świata peptydów.

Opis realizowanych prac

Porównywano transkryptomy trzech mutantów mających zdereprymowany metabolizm siarkowy, zwłaszcza drogę asymilacji siarczynu z transkryptomem szczepu dzikiego. Stwierdzono w mutantach podwyższenie poziomu kilkuset transkryptów, głównie dla genów kodujących białka odpowiedzi na różne stresy.

Podobnie porównywano proteomy tych samych szczepów. Stwierdzono podwyższony poziom kilkudziesięciu białek, wśród nich dużą grupę stanowiły różne oksydoreduktazy, co wiąże się z zakłóceniem potencjału oksydoredukcyjnego komórki na skutek dużej syntezy siarczku i zmianach w ilości glutationu i cysteiny w szczepach mutantów.

Scharakteryzowano nowy czynnik transkrypcyjny aktywujący niektóre geny metabolizmu siarkowego. Ekspresja tego genu zależy od głównego czynnika transkrypcyjnego dla genów siarkowych – METR.

Poddano analizie informatycznej dwa podzbiory peptydów, tych z sekwencji domen białkowych i tych spoza domen. Zaobserwowano znaczące różnice między tymi zbiorami. Publikacja na ten temat jest w przygotowaniu.

Wykazano obecność sekwencji prawdopodobnej bakteriocyny na plazmidzie pXO1 *Bacillus anthracis* wraz z genami kodującymi dwa inne białka związane z obroną komórki przed innymi bakteriami oraz z wiązaniem do przestrzeni międzykomórkowej gospodarza.

Opis najważniejszych osiągnięć

Wykazanie, że zaburzenie metabolizmu siarkowego może prowadzić do indukcji odpowiedzi stresowych identycznych do tych powodowanych czynnikami zewnętrznymi.

Wykazanie, że niemal wszystkie peptydy w Naturze są poddane presji selekcyjnej.

Wykorzystanie uzyskanych wyników

Wyniki badań zostaną wykorzystane w publikacjach naukowych.

Publikacje

4885, 4989

Temat nr 20: Genetyka i biologia molekularna grzybów

Temat nr 20.5: Genetyka i biologia molekularna grzybów. Mechanizmy transportu białek u drożdży *Saccharomyces cerevisiae*

Zespół: prof. dr hab. Teresa Żołądek, dr Joanna Kamińska, dr Krzysztof Flis, 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

Wcześniejsze badania wykazały, że w mutantach temperaturowrażliwych *rsp5* jest spowolniona selektywna autofagia. Metodą mikroskopii konfokalnej pokazano kolokalizację GFP-Rsp5 w strukturze preautofagosomalnej (PAS) z białkiem niezbędnym do autofagii mCherry-Atg8. W w domenie HECT ligazy Rsp5 znaleziono jeden motyw 641-KEYVEL-646 o sekwencji zgodności do motywów LIR (W/Y/FXXL/I/V) wiążących Atg8. W ludzkiej ligazie Nedd4 znaleziono trzy takie motywy, w tym 589-PGWVVL-594 przy domenie WW1. Metodą dwuhybrydową pokazano interakcję fragmentu Nedd4 niosącego domeny WW1-WW4 oraz motyw LIR z drożdżowym Atg8. Natomiast całe Rsp5, ani fragment niosący domeny WW1-WW3, ani fragment domeny HECT niosący LIR, nie wykazywały interakcji w tym systemie. Nie jest więc jasne czy Rsp5 wiąże Atg8. Dotychczas nie udało się nam wykazać ubikwitynacji zależnej od Rsp5 żadnego z białek Atg ze struktury PAS. Stwierdzono natomiast, że w mutancie *sla1Δ* pozbawionym białka cytoszkieletu Sla1, które jest ubikwitynowane przez Rsp5, selektywna autofagia jest spowolniona i obserwujemy defekt dojrzewania preApe1. Zbadano komplementację tego defektu przez plazmidy niosące różne fragmenty genu *SLA1*. Stwierdzono, że do wydajnego transportu i dojrzewania preApe1 potrzebny jest fragment *SLA1* kodujący aa 420-627 z domeną SHD1. Z literatury wiadomo, że fragment Sla1, aa 420-720, wiąże się z Rsp5. Badano też udział Rsp5 w autofagii nieselektywnej. Mierzono aktywność markera, wakuolarniej fosfatazy Pho8, której ekspresja z genomu zachodziła spod konstytutywnego promotora *TDH3*. Do analizy skonstruowano szczepy *rsp5-1* (mutacja w domenie HECT), *rsp5-19* (mutacja w WW3) i szczep kontrolny, każdy z delecjami: *pho8Δ60* i *pho13Δ*. W szczepie *rsp5-1* autofagia nieselektywna w warunkach głodzenia azotowego w temperaturze 28°C oraz po przeniesieniu do 37°C nie różniła się znacząco od kontroli. Natomiast w szczepie *rsp5-19* w tych warunkach obserwowano zaburzenie autofagii nieselektywnej. W mutancie *rsp5Δ* obserwowano podwyższony poziom białka GFP-Atg8 i spowolnioną jego degradację w wakuoli do GFP w warunkach głodzenia azotowego. Wskazuje to na zaburzenie transportu drogą nieselektywnej autofagii. Nie obserwowano zmian w transporcie GFP-Atg8 w mutantach *rsp5-1*, *rsp5-T761A* i *rsp5-T761D* w porównaniu do szczepu typu dzikiego.

W Rsp5 jest pięć miejsc potencjalnie fosforylowanych przez kinazę białkową A (PKA). Badano fosforylację Rsp5 metodą immunoprecypitacji Rsp5 przy użyciu przeciwciała anty-Nedd4 rozpoznającego Rsp5 i analizy Western blot przy użyciu przeciwciała rozpoznającego miejsca fosforylowane przez PKA (RRxS*/T*) w szczepie typu dzikiego. Obserwowano fosforylację Rsp5 przez PKA w szczepie typu dzikiego w warunkach wzrostowych.

Opis najważniejszych osiągnięć

Funkcjonalne białko Sla1 (w tym domena SHD1) jest niezbędne do poprawnego transportu preApe1 do wakuoli podczas autofagii selektywnej. Ligaza ubikwitynowa Rsp5 może wpływać na selektywną autofagię przez oddziaływanie z białkiem Sla1.

Wykorzystanie uzyskanych wyników

Obroniona praca doktorska Ż. Jastrzębskiej (07.2014) i magisterska A. Jeznach (12.2014).

Publikacje

4888, 3722/A, 3727/A, 3737/A, 3745/A, 3742/A, 758/N, 800/N

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 Bartosz Wawrzynow, mgr Anna Zawada (doktorantka), mgr Katarzyna Masłowska (doktorantka), mgr Milena Denkiewicz (doktorantka), mgr Ewa Szwajczak (doktorantka)

Cel badania

Poznanie źródeł i mechanizmów powstawania mutacji spontanicznych. Rola niekatalitycznych białek wchodzących w skład replisomu w kontroli wierności replikacji DNA w komórkach drożdży.

Opis realizowanych prac

Kontynuowano badania system SOS w komórce *E.coli*. System ten jest doskonałym modelem do badania udziału nisko-wiernych polimeraz DNA w replikacji DNA i efektu mutatorowego obserwowanego w trakcie indukcji tego systemu. W ostatnim okresie badaliśmy rolę puli dNTP w indukcji systemu SOS. Wykazaliśmy, że w szczepach niosących mutacje w genach *ndk* (kinaza difosfonukleozydów) lub *dcd* (deaminaza dCTP), kodujących dwa kluczowe enzymy uczestniczące w syntezie dezoksyrybonukleotydów, indukcja systemu SOS jest suprymowana. Otrzymane wyniki wykazują, że zaburzenia w puli dNTP mają wpływ na indukcję regulonu SOS i efekt mutatorowy związany z indukcją genów kodujących 3 polimerazy: Pol II, Pol IV i Pol V.

Kontynuowano prace w celu określenia roli kompleksu GINS w kształtowaniu wierności replikacji chromosomalnego DNA. Badania prowadzono wykorzystując dwa mutanty, *psf1-1* i *psf1-100* w genie kodującym podjednostkę Psf1 kompleksu GINS. Przyjmując, że kompleks GINS pełni funkcje platformy stabilizującej pracę Pol ε w widelkach replikacyjnych otrzymane poprzednio wyniki sugerowały, że za obserwowany fenotyp mutatorowy może być odpowiedzialna zmieniona stabilność Pol ε na DNA. W celu potwierdzenia tej hipotezy zostało wykonane spektrum mutagenyzy dla 800 niezależnych mutantów w genie reporterowym *CAN1* w 10 różnych szczepach niosących różne allele *PSF1* oraz mutacje prowadzące do inaktywacji Pol ζ lub 3'-5' egzonukleazy edytorskiej Pol ε. Otrzymane wyniki wykazały, że efekt mutatorowy obserwowany w szczepach niosących allel *psf1-100* jest prawie całkowicie zależny od aktywności nisko-wiernej Pol ζ. Natomiast w przypadku szczepów niosących allel *psf1-1* podwyższenie częstości powstawania mutacji spontanicznej jest w 60% zależne od Pol ζ. Jednocześnie otrzymane wyniki z mutantami nie posiadającymi funkcjonalnej glikozylazy Ogg1p wykluczyły przypuszczenie, że *psf1*-zależny efekt mutatorowy jest związany ze zmienionym udziałem kompleksu GINS w naprawie uszkodzeń oksydacyjnych (4894).

Opis najważniejszych osiągnięć

Wykazano, że pula dNTP obecna w komórce ma kluczowe znaczenie w odpowiedzi komórek bakteryjnych na stres genotoksyczny.

Wykorzystanie uzyskanych wyników

Otrzymane wyniki będą podstawą dwóch przygotowywanych prac doktorskich oraz publikacji w renomowanych czasopismach naukowych.

Publikacje

4870, 4894, 3737/A, 3751/A, 752/N, 755/N, 781/N, 782/N

Temat nr 25: Odpowiedzi komórek bakteryjnych i komórek drożdży na uszkodzenia DNA
Temat nr 25.2: Mechanizmy odpowiedzi komórek *Saccharomyces cerevisiae* na uszkodzenia DNA

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

Cel badania

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

Opis realizowanych prac

Kontynuowano badania mechanizmów odpowiedzialnych za naprawę uszkodzeń genomu mitochondrialnego drożdży *S. cerevisiae*, jako organizmu modelowego. Uszkodzenia mtDNA i dysfunkcja mitochondriów leżą u podłoża szeregu chorób neurodegeneracyjnych. W poprzednich naszych badaniach wykazano, że jednoczesna inaktywacja endo/egzonukleazy Nuc1 (ortologa ssaczych nukleaz EXOG i ENDOG) i nukleazy Rad27 (ortologa ssaczej nukleazy FEN1) prowadzi do synergistycznego podwyższenia mutagenезy mitochondrialnej. Tak więc, obie te nukleazy współzawodniczą o podobny substrat podczas naprawy mtDNA. W celu dokładniejszego scharakteryzowania mitochondrialnej funkcji nukleazy Rad27, która wykazuje trzy aktywności nukleazowe: 5'-flap endonukleazy, 5' → 3' egzonukleazy oraz gap endonukleazy, wprowadzono osobno do genu kodującego tę nukleazę dwie mutacje: jedną (G67S) w N-terminalnej domenie nukleazowej i drugą, w środkowej domenie nukleazowej (G240D). Dotychczasowe doniesienia wskazywały, że mutacje te w odmienny sposób zmieniały różne aktywności Rad27. Okazało się jednak, że obecne na plazmidach allele z tymi mutacjami komplementowały bardzo podobnie, w około 80%, defekt mitochondrialny mutantu *rad27Δ*. Co ciekawe, inny allel *rad27*, z niezmiennymi domenami nukleazowymi, ale bez części C-terminalnej niosącej domenę wiążącą Pol30 (PCNA) i sekwencję sygnałową importu do jądra, jak oczekiwano, nie komplementował mutagenезy jądrowej *Can^r* mutantu *rad27Δ*, natomiast komplementował tylko w 50% mutagenезę mitochondrialną. Wynik ten może wskazywać na jeszcze nieznaną rolę mitochondrialną Pol30 w komórkach drożdży. Mitochondrialną funkcję Pol30 sugerował także nasz wcześniejszy wynik wskazujący na mitochondrialną lokalizację tego białka. Prowadzono również prace nad modyfikacją testu mitochondrialnej rekombinacji allelicznej w genie *arg8^m*, którego wyniki wskazywały na udział obu nukleaz Rad27 i Nuc1 w rekombinacji homologicznej mtDNA. Kontynuowano także badania nad funkcją ludzkich odpowiedników nukleazy Nuc1, EXOG i ENDOG. Stwierdzono, że nukleaza EXOG wyrażana w komórkach drożdżowych jest preferencyjnie zlokalizowana we frakcji mitochondrialnej tych komórek, a jej ekspresja przeciwdziała mitochondrialnemu fenotypowi mutatorowemu obserwowanemu w podwójnym mutancie *nuc1Δ rad27Δ*. Tak więc ludzki ortolog Nuc1, EXOG może zastępować funkcję Nuc1 w utrzymaniu stabilności mtDNA.

Podczas badań nad udziałem nukleazy Nuc1 w utrzymanie stabilności mtDNA okazało się, że mutant *nuc1*, pozbawiony aktywności tej nukleazy, wykazuje w warunkach stresu oksydacyjnego wywołanego działaniem H₂O₂, nie tylko podwyższoną częstość mutacji mitochondrialnych tzw. mutacji *petite*, które charakteryzują się dużymi rearanżacjami genomu mitochondrialnego, ale również zwiększoną w stosunku do szczepu typu dzikiego częstość mutacji jądrowych *Can^r*. Obserwacja ta wykazuje, że nukleaza Nuc1 jest bezpośrednio lub pośrednio zaangażowana również w utrzymanie stabilności jądrowego DNA. Obserwacja ta wydaje się ciekawa w świetle uprzednich doniesień wykazujących, że podczas stresu prowadzącego do apoptozy, nukleaza Nuc1 ulega relokalizacji z mitochondriów do jądra.

Opis najważniejszych osiągnięć

Ustalenie, że ludzki ortolog nukleazy Nuc1, EXOG funkcjonuje w utrzymaniu stabilności mtDNA komórek *S. cerevisiae*.

Wykorzystanie uzyskanych wyników

Wyniki badań zostaną wykorzystane w publikacjach naukowych.

Publikacje

3624/A

Temat nr 25: Odpowiedzi komórek bakteryjnych i komórek drożdży na uszkodzenia DNA

Temat nr 25.3: Koordynacja procesów naprawy DNA w komórkach eukariotycznych

Zespół: prof. dr hab. Ewa Śledziewska-Gójska, dr Agnieszka Hałas, dr Justyna McIntyre, mgr Michał Płachta, mgr Michał Krawczyk, mgr Aleksandra Sobolewska

Cel badania

Celem naszych badań jest identyfikacja procesów komórkowych zaangażowanych w kontrolę stabilności genetycznej. W szczególności chcemy poznać mechanizmy zaangażowane w procesy tolerancji uszkodzeń DNA.

Opis realizowanych prac

System tolerancji uszkodzeń DNA pełni zasadniczą rolę w kontroli stabilności genetycznej. Główny mechanizm tego systemu, synteza poprzez uszkodzenia matrycy (TLS) angażuje wyspecjalizowane polimerazy DNA określane jako polimerazy TLS, w większości należące do rodziny Y. W naszym laboratorium zajmujemy się dwoma przedstawicielami tej rodziny; polimerazą eta (Pol eta), której brak odpowiada za predyspozycję rakową XP-V, oraz polimerazą iota (Pol iota), której defekt wiązany jest ze zwiększeniem częstości nowotworów mezynchematycznych.

Kontynuowaliśmy prace nad rolą cyklu komórkowego w regulacji poziomu Pol eta w modelowych komórkach drożdży. Wykorzystując opracowaną w naszym laboratorium metodę detekcji natywnej Pol eta ustaliliśmy, że poziom tej polimerazy TLS w cyklu komórkowym jest regulowany zasadniczo różnie w stosunku do polimeraz replikacyjnych. Pol eta występuje na niskim poziomie w fazach G1 i wczesnej S, po czym jej poziom wzrasta w późnej fazie S i G2, co sugeruje zwiększony potencjał komórki do TLS w tej fazie. Ustaliliśmy też, że regulacja poziomu Pol eta przebiega na poziomie stabilności białka, a nie transkrypcji.

Rozpoczęliśmy analizę postreplikacyjnej regulacji Pol iota w ludzkich liniach komórkowych HEK293T. W dotychczasowych badaniach udało nam się stwierdzić, że badana polimeraza ulega poliubikwitinacji w odpowiedzi na działanie naftochinonów, związków o szerokim spektrum działania przeciwrakowego, przeciwzapalnego, przeciwgrzybicznego itd. Do tej grupy związków należy czynnik oksydacyjny menadion, ale nasze badania wykazały, że aktywność oksydacyjna tego związku nie jest odpowiedzialna za poliubikwitinację Pol eta.

Kontynuujemy badania niekanonicznej roli białka MMS2 w TLS, w komórkach drożdży. Stwierdziliśmy, że nadprodukcja tego białka jest źródłem mutagenyzy zależnej od polimerazy zeta. Udało nam się także ustalić, że obserwowany efekt mutatorowy angażuje nieznany dotąd mechanizm związany z aktywnością enzymu koniugującego ubikwitynę Ubc4 i ligazą ubikwitynową Rad5.

Opis najważniejszych osiągnięć

Poziom wyspecjalizowanej polimerazy eta wzrasta po zakończeniu replikacji DNA w komórkach drożdży.

Polimeraza iota ulega poliubikwitinacji po działaniu naftochinonów w komórkach ludzkich.

Wykorzystanie uzyskanych wyników

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

Publikacje

3590/A, 3591/A, 3735/A, 3736/A

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

Zespół: dr Izabela Kern-Zdanowicz, mgr Katarzyna Obszańska

Cel badania

Analiza poziomu transkrypcji genów *nikA* i *nikB* w plazmidzie pCTX-M3orf35::cat. Plazmid pCTX-M3, jak również pochodne tego plazmidu pozbawione genu *orf35* lub *orf46* ulegają transferowi koniugacyjnemu z komórek dawcy do biorcy z tą samą częstością. Plazmidy te są zdolne do mobilizowania innych plazmidów niosących *oriT_{pCTX-M3}*, z tym, że mobilizacja w obecności plazmidu pozbawionego *orf35* (pCTX-M3orf35::cat) jest 1000 razy bardziej wydajna, niż w obecności pCTX-M3 dzikiego typu. W celu wyjaśnienia tego zjawiska została przeprowadzona analiza poziomu transkrypcji genów *nikA* i *nikB* w plazmidach pCTX-M3 i pCTX-M3orf35::cat oraz zbadane zostały oddziaływanie pomiędzy białkami potencjalnie tworzącymi kompleks relaksosomu.

Opis realizowanych prac

Przeprowadzono analizę poziomu transkrypcji genów *nikA* i *nikB* w plazmidach pCTX-M3 i pCTX-M3orf35::cat. Ponadto przy użyciu bakteryjnego systemu dwuhybrydowym wykazano dimeryzację białek NikA i Orf35, silne oddziaływanie białek NikA i NikB, NikA i Orf35, oraz nieco słabsze oddziaływanie NikB z Orf35.

Opis najważniejszych osiągnięć

Wykazaliśmy, że białko, będące produktem genu *orf35* jest represorem transkrypcji genów *nikA* i *nikB*. Ponadto ulega ono dimeryzacji oraz oddziałuje z białkami kompleksu nikazy, NikA i NikB. Białko to nazwaliśmy MobR.

Publikacje

4963, 3741/A, 3743/A

Temat nr 28: Chemiczne podstawy mutagenyzy i reperacja adduktów cyklicznych

Zespół: prof. dr hab. Jarosław Kuśmierek, dr Agnieszka Maciejewska, mgr Małgorzata Dylewska (doktorantka)

Zespół zajmuje się właściwościami mutagennymi i naprawą adduktów egzocyklicznych do zasad DNA. Głównymi obiektami badań są ostatnio: 1,N⁶- α -hydroksypropano-adenina (HPA) i 3,N⁴- α -hydroksypropano-cytosyna (HPC) – addukty akroleiny. HPA i HPC zawierają chiralny atom węgla w pierścieniu egzocyklicznym i poszczególne enancjomery oddziałują w zróżnicowany sposób z enzymami naprawczymi.

Cel badania

1. Ustalenie specyficzności substratowej glikozylazy AlkA wobec HPA i HPC *in vivo*.
2. Zbadanie mechanizmu oddziaływania białek typu AlkB z enancjomerycznymi substratami, następnie wyznaczenie struktur 3D białek z rodziny AlkB (ludzkich homologów ABH1, ABH2, ABH3) z enancjomerami adduktów związanymi w centrum aktywnym.

Opis realizowanych prac

1. Ustalenie specyficzności substratowej glikozylazy AlkA wobec HPC i HPA w DNA *in vivo*.
W szczepach *AlkB⁻ E.coli* po indukcji odpowiedzi adaptacyjnej następuje obniżenie poziomu mutagenyzy indukowanej obecnością HPA i HPC w DNA, co wskazuje na zaangażowanie kolejnego enzymu naprawczego. Przy użyciu modyfikowanych akroleiną plazmidów pIF101- 106, wykazano, że HPA i HPC są naprawiane przez glikozylazę AlkA *in vivo*.
2. Modelowanie struktury glikozylazy AlkA i weryfikacja potencjalnej aktywności naprawczej AlkA wobec HPA i HPC *in silico*.
Wykazano, że HPA i HPC mogą być wiązane w centrum aktywnym AlkA. Obecność reszt argininy w otoczeniu związanych substratów wskazuje, że AlkA będzie wydajniej naprawiać HPA i HPC w formie neutralnej (współpraca: prof. J. Poznański -Zakład Biofizyki, IBB).
3. Badanie aktywności naprawczej ABH3 wobec HPA i HPC.
Przygotowano pentamerowe substraty zawierające HPA lub HPC i ustalono optymalne warunki naprawy. ABH3 naprawia HPA i HPC, jednak ze znacznie niższą wydajnością, niż AlkB.
4. Kokrystalizacja ludzkich dioksygenaz ABH1, ABH2, ABH3 z trimerami DNA zawierającymi HPA, HPC, ϵ A, ϵ C i 3meC oraz analogicznymi nukleozydami. Sklonowano geny badanych dioksygenaz w formie wymaganej do podjęcia krystalizacji. W Institute of Research in Biomedicine (Barcelona) oczyszczono badane białka na dużą skalę oraz podjęto próbę ich kokrystalizacji z nukleozydami i trimerami T(X)T, gdzie X oznacza modyfikowaną zasadę. Otrzymano ko-kryształy z ABH2 i ABH3, które, niestety, nie dały oczekiwanej dyfrakcji (współpraca Prof. M. Coll, IRB).
5. Modelowanie struktury ludzkiej dioksygenazy hABH3 i weryfikacja potencjalnej aktywności naprawczej ABH3 wobec HPA i HPC *in silico*.
Analiza dostępnej, zamkniętej struktury krystalograficznej ABH3 wskazuje, że obecność utlenionej formy Leu177 powoduje zmiany strukturalne dezaktywujące enzym. Na podstawie znanych struktur białek homologicznych stworzono model strukturalny aktywnej dioksygenazy ABH3, potwierdzający możliwość wiązania HPA i HPC przez ABH3 (współpraca: prof. J. Poznański - Zakład Biofizyki IBB).

Opis najważniejszych osiągnięć

1. HPA i HPC są naprawiane przez glikozylazę AlkA *E. coli* *in vivo*.
2. HPA i HPC są naprawiane przez ludzką dioksygenazę ABH3.

Wykorzystanie uzyskanych wyników

Projekt dotyczy badań podstawowych, choć jego wyniki mogą mieć znaczenie dla rozwoju metod diagnostycznych i terapii nowotworów.

Publikacje

4926, 3592/A, 3594/A, 3595/A, 777/N

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

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

Cel badania

Poznanie mechanizmu regulacji ekspresji genów. Wykonanie analizy transkryptomów szczepu suDpro (kodującego składnik kompleksu KEOPS) i szczepu dzikiego w celu ustalenia funkcji tego kompleksu.

Opis realizowanych prac

Przy pomocy chromatografii powinowactwa i analizy proteomicznej poszukiwano białek oddziałujących z RrmA (regulator stabilności transkryptów) oraz z AreB (ogólny regulator transkrypcji).

Wykonano doświadczenia w celu optymalizacji wyników analizy transkryptomicznej (wybór i optymalizacja metody izolacji RNA, ocena jakości RNA przy pomocy metody RT-qPCR dla genów katabolizmu argininy, wybór metody usuwania rRNA i DNA z preparatów całkowitego RNA). Wykonano wstępną analizę transkryptomiczną dla mutantu kaeA (suDpro).

Opis najważniejszych osiągnięć

Analiza w warunkach represji azotowej wskazuje, że RrmA oddziałuje z białkiem Lsm7, biorącym udział w degradacji mRNA.

Analiza proteomiczna dla szczepu AreB::T-Sapphire, wskazuje, że AreB oddziałuje z ogólnym regulatorem transkrypcji (kompleksem CAAT) oraz kilkoma kinazami i fosfatazami, co sugeruje fosforylację AreB.

Wykazano, że mutacja w genie kaeA(suDpro) prowadzi do zmian w poziomie ekspresji wielu genów związanych z metabolizmem aminokwasów, metabolizmem energetycznym, translacją i regulacją transkrypcji.

Wykorzystanie uzyskanych wyników

Wyniki badań zostaną wykorzystane w publikacjach naukowych.

Publikacje

4864

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

Zespół: prof. dr hab. Piotr P. Stępień, prof. dr hab. Ewa Bartnik, mgr Maciej Szewczyk

Cel badania

Badania koncentrowały się na analizie funkcji ludzkiej helikazy hSUV3p kodowanej przez jądrowy gen SUPV3L1 (SUV3), który jest ortologiem helikazy SUV3 z *Saccharomyces cerevisiae* oraz na badaniach nanocząstek wnikających do ludzkich komórek in vitro.

Opis realizowanych prac

Ustalono warunki, w jakich helikaza SUV3 lokalizuje się preferencyjnie w jądrze komórkowym, zamiast w mitochondriach. Ustalono warunki syntezy spineli - nanocząstek opartych na tlenkach cynku i glinu z domieszkami Er i Yb. Spinele pokryte PVP były zdolne do wnikania do komórek HeLa.

Opis najważniejszych osiągnięć

Uzyskane wyniki były opublikowane w czterech pracach eksperymentalnych.

Wykorzystanie uzyskanych wyników

Wyniki badań zostaną wykorzystane w publikacjach naukowych.

Publikacje

3690, 4790, 4791, 4992

Temat nr 31: Szkoła Biologii Molekularnej, Studium Doktoranckie przy IBB PAN

Kierownictwo Studium: prof. dr hab. Grażyna Palamarczyk (Kierownik Studium),
prof. dr hab. Piotr Jonczyk, prof. dr hab. Monika Hryniewicz

Na studiach doktoranckich (SD) w IBB PAN zarejestrowano 147 osób, w tym 109 w IBB PAN, 32 w Międzynarodowym Instytucie Biologii Molekularnej i Komórkowej (MIBMiK) oraz 6 w „Centrum Nowych Technologii Ochota Uniwersytetu Warszawskiego”. Pierwszoroczni uczestnicy SD (20 osób) zostali przyjęci w wyniku trójstopniowego egzaminu wstępnego, do którego przystąpiło 58 osób. Egzamin obejmował znajomość języka angielskiego, pisemny test oraz ustną prezentację wyników prac magisterskich, połączoną z rozmową z kandydatami. Egzamin ustny przeprowadziła 13-to osobowa komisja składająca się z samodzielnych pracowników naukowych, reprezentujących poszczególne kierunki badawcze Instytutu. W studiach doktoranckich w IBB PAN uczestniczy 16 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 2014 roku 28-u doktorantów obroniło prace doktorskie i został im nadany tytuł doktora.

Działalność dydaktyczna:

W roku sprawozdawczym IBB PAN zorganizował następujące cykle wykładów i kursów:

- "Metody wielkoskalowe (genomiczne, transkryptomyczne i proteomiczne) w badaniach podstawowych i aplikacyjnych" prowadzący: dr hab. Marta Kobłowska, dr Roksana Iwanicka-Nowicka, dr Maciej Kotliński
- "Podstawowa analiza danych" - dr Leszek Sieczko
- Szkolenie MS Excel Analiza Danych - Marcin Grzeszczak

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 ok. 30. pełnych prac naukowych oraz 98. komunikatów lub plakatów przedstawionych na zjazdach krajowych i zagranicznych. Siedmiu 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, 150 000 zł. Z tych funduszy sfinansowano mini granty oraz pokrywano częściowo udział doktorantów w konferencjach naukowych. 61 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 „Diamentowy Grant”.

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

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

Cel badania

1. Poznanie molekularnego mechanizmu działania substancji modulujących poziom związków organicznych spichrzanych w komórkach pacjentów z LChS w aspekcie potencjalnego zastosowania w leczeniu genetycznie uwarunkowanych lizosomalnych chorób spichrzeniowych.
2. Poznanie profilu ekspresji genów związanych z patogenezą łuszczycy ludzkich keratynocytów oraz monocytów, pod wpływem działania genisteiny.
3. Poznanie regulacji eukariotycznej inicjacji replikacji DNA.
4. Poznanie molekularnych mechanizmów regulacji ekspresji genów i replikacji DNA w komórkach prokariotycznych.

Opis realizowanych prac

Ad. 1. (A) Badano wpływ flawonoidów na aktywność (i) genów zaangażowanych w regulację cyklu komórkowego oraz replikację DNA, a także (ii) genów kontrolujących metabolizm sfingolipidów fibroblastów ludzkich dzikiego typu HDFa.

(B) Prowadzono dalsze prace dotyczące efektów działania niesteroidowych leków przeciwzapalnych, NLPZ (tj. acetaminofenu, indometacyny i nimesulidu) na metabolizm złogów komórkowych (tj. glikozoaminoglikanów, GAG) występujących u chorych z neurologicznymi formami mukopolisacharydoz (MPS), zaliczanych do lizosomalnych chorób spichrzeniowych (LChS).

Ad. 2. Kontynuowano badania nad wpływem genisteiny na aktywność genów ważnych z punktu widzenia rozwoju łuszczycy celem znalezienia nowych, bądź uzupełnienia listy istniejących markerów genetycznych dla tej choroby. Prowadzono prace na opracowaniu protokołów dla stworzenia 2 typów łuszczycowych modeli komórkowych.

Ad. 3. Badano mechanizm regulacji eukariotycznej helikazy DNA (the CMG complex).

Ad. 4. Realizowano prace obejmujące badania: i) konstrukcją i izolacją fagów eksponujących peptydy wiążące nanocząstki złota, srebra, terbu, ceru i europu; ii) izolacją bakterii chorobotwórczych od zwierząt i ich identyfikacją oraz charakterystyką; iii) izolacją i charakterystyką bakteriofagów wykazujących potencjał do zwalczania wyizolowanych bakterii chorobotwórczych; iv) analizą proteomiczną i transkryptomiczną odpowiedzi na stres oksydacyjny bakterii morskich. Modelami badawczymi będą wybrane plazmidy i bakteriofagi oraz bakterie modelowe takie jak *E. coli*, bakterie chorobotwórcze wyizolowane od zwierząt, a także bakterie morskie.

Opis najważniejszych osiągnięć

Ad. 1. (A) Stwierdzono, że spośród wszystkich testowanych flawonoidów, genisteina, kemferol oraz ich mieszanina modulują aktywność zarówno genów uczestniczących w regulacji cyklu komórkowego i replikację DNA, jak również genów kontrolujących metabolizm sfingolipidów fibroblastów HDFa.

(B) Stwierdzono, że wykorzystywane w badaniach NLPZ nie wykazują wobec fibroblastów HDFa i MPS istotnych właściwości cytotoksycznych w zakresie analizowanych stężeń; ustalono, iż kinetyka syntezy GAG jest procesem uzależnionym od typu stosowanej linii komórkowej; wybrano do dalszych badań 2 związki spośród testowanych NLPZ: indometacynę oraz nimesulid.

Ad. 2. Stwierdzono, że genisteina istotnie moduluje poziom ekspresji genów *AURKA*, *AURKB*, *EZH2* i *FOXO1* będących wskaźnikami wysiewów łuszczycowych, a także innych genów szlaków zaangażowanych w patomechanizm łuszczycy, co w efekcie umożliwiło wyselekcjonowanie 30 markerów keratynocytarnych i posłużyło do opracowania łuszczycowego panelu screeningowego real-time qRT-PCR (*ang.* psoriasis screening real-time qRT-PCR array); opracowano 2 różne procedury stworzenia łuszczycowych modeli komórkowych z wykorzystaniem zarówno keratynocytów HaCaT, jak i materiału ze zdrowej skóry ludzi chorych na łuszczycę.

Ad. 3. Poznano funkcje biochemiczne eukariotycznego białka Cdc45 *in vitro*; uzyskano model strukturalnego białka Cdc45; poznano mechanizm regulacji promotora p_o bakteriofaga lambda i jego wpływ na replikację DNA faga; uzyskano strukturę C-terminalnej domeny, *ang.* Winged helix domain kompleksu MCM z *Archaea*.

Ad. 4. Skonstruowano, wyizolowano oraz scharakteryzowano bakteriofagi M13 eksponujące peptydy wiążące nanocząstki ZnO, Au, EuO₂, TbO₂; wyizolowano i scharakteryzowano 116 chorobotwórczych odzwierzęcych szczepów bakteryjnych należących do rodzajów: *Escherichia*, *Staphylococcus*, *Pseudomonas*, *Streptococcus*, *Klebsiella* i inne; wyizolowano i scharakteryzowano na poziomie morfologii oraz podstawowych parametrów rozwoju ponad 40 bakteriofagów rozwijających się na wyizolowanych bakteriach chorobotwórczych.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Wyniki badań zostaną wykorzystane w publikacjach naukowych.

Zgłoszenia patentowe:

1. Węgrzyn, G., Gabig-Cimińska, M., Jakóbkiewicz-Banecka, J., Moskot, M., Smolińska, E. (2014) Sposób identyfikowania odpowiedzi chorego na łuszczycę na leczenie genisteiną, molekularny test oraz zastosowanie ekspresji genów do wykrywania *in vitro* łuszczycy; registr. no.: PL 410 454.
2. Szot, K., Golec, P., Leśniewski, A., Węgrzyn, G., Łoś, M. (2014) Białko pIII z mutacją delecyjną bakteriofaga filamentowego M13; registr. no.: PL 408 805.

Publikacje

4879, 4880, 4940, 4850, 4954

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 w genie *TP53* w niedrobnokomórkowym raku płuca (NSCLC).

Opis realizowanych prac

1. Tworzenie w jądrze komórkowym linii H1299 (NSCLC) trójskładnikowych kompleksów zawierających TAp73-p53-R175H-MDM2, które w obecności inhibitora proteasomu tworzą amyloidalne agregaty białkowe. Zbadano udział białek opiekuńczych w tworzeniu takiego kompleksu oraz wpływ tworzenia tego kompleksu na apoptozę komórek indukowaną przez cisplatynę i etopozyd oraz nabywanie chemiooporności komórek linii H1299. Rozpoczęto także próby prowadzące do uwolnienia z kompleksu mutp53-TAp73-MDM2 aktywnego TAp73 i zaindukowania w ten sposób apoptozy komórek nowotworowych.
2. Nabywanie chemiooporności komórek H1299 dzięki stymulacji naprawy dwuniciowych pęknięć DNA wywołanych przez cytostatyki. Zbadano indukcję naprawy dwuniciowych pęknięć DNA w komórkach H1299 (*TP53*^{-/-}) nadprodukujących MDM2. Indukcję naprawy pęknięć DNA monitorowano określając poziom fosforylacji kinazy białkowej ATM oraz fosforylacji histonu H2AX, a także NBS1, BRCA1, białek uczestniczących w naprawie pęknięć zachodzącej na drodze homologicznej rekombinacji.
3. Nabywanie przez mutacje genu *TP53* aktywności onkogennych poprzez stymulowanie angiogenezy. Badanie mechanizmu alternatywnego składania mRNA kodującego VEGF (*Vascular Endothelial Growth Factor*) w obecności mutacji zmieniającej sens odczytu genu *TP53*.

Opis najważniejszych osiągnięć

1. Nadprodukcja białka MDM2 lub zmienionego wariantu p53 R175H w komórkach H1299 (*TP53*^{-/-}) hamuje apoptozę oraz indukuje chemiooporność na cisplatynę i etopozyd. Zastosowanie peptydu SIMP6 o specyficznej sekwencji pochodzącej z TAp73α powoduje uwolnienie TAp73α z kompleksu p53 R175H-TAp73α, indukcję apoptozy zależnej od TAp73α i częściowe zahamowanie procesu nabywania chemiooporności przez komórki H1299. Gdy obydwa geny, *MDM2* i *TP53 R175H* ulegają ekspresji w tej samej komórce, efekty na apoptozę i nabywanie chemiooporności komórek nowotworowych są spotęgowane. W tych warunkach tworzy się w jądrze komórkowym trójskładnikowy kompleks TAp73-p53-R175H-MDM2. Peptyd SIMP6 w tym przypadku nie uwalnia TAp73α z trójskładnikowego kompleksu i nie ma wpływu na poziom zahamowania apoptozy. Białka opiekuńcze Hsp70 i Hsp40 są niezbędne do tworzenia trójskładnikowego kompleksu, jednakże nie wchodzi w skład finalnego produktu tej reakcji.
2. W nieobecności p53 (linia nowotworowa H1299, *TP53*^{-/-}), nadprodukcja MDM2 stymuluje naprawę uszkodzeń DNA spowodowanych chemioterapią. W tym przypadku naprawa DNA zachodzi dzięki stymulowanej przez MDM2 aktywacji kinazy białkowej ATM, która następnie jest zaangażowana w fosforylację histonu H2AX oraz białek NBS1 i BRCA1. Reakcja ta powoduje częściowe zahamowanie apoptozy i zwiększa chemiooporność komórek H1299. Mutacja w genie *MDM2 K454A*, znosząca aktywność opiekuńczą białka, hamuje aktywację naprawy zachodzącej drogą homologicznej rekombinacji poprzez hamowanie fosforylacji ATM, H2AX, NBS1 i BRCA1.
3. Opisano nowy mechanizm nabywania właściwości onkogennych (GOF) przez zmienione formy białka p53. Zaobserwowano, że produkty białkowe zmutowanego genu *TP53 R175H* i *TP53 R273H*, poprzez oddziaływanie z białkami ID4 i ASF/SF2 oraz długim niekodującym RNA MALAT1, powodują nadekspresję pro-angiogennej izoformy *VEGF*₁₆₅ obniżając jednocześnie ekspresję izoformy anty-angiogennej *VEGF*_{165b}. Zjawisko to ma kluczowe znaczenie w procesie nowotworzenia, ponieważ pobudza tworzenie nowych naczyń krwionośnych w obrębie guza nowotworowego. Zmienione białko p53, razem z ID4, stabilizują oddziaływanie ASF/SF2 z MALAT1, przez co wpływają na jego aktywność w procesie alternatywnego składania mRNA *VEGF*.

Wykorzystanie uzyskanych wyników

Uzyskane wyniki mogą w przyszłości wyjaśnić molekularny mechanizm nabywania przez komórki nowotworowe chemiooporności i indukcji angiogenezy. W 2015 r. stanowiąc będą podstawę dysertacji doktorskich przygotowywanych przez Zuzannę Tracz-Gaszewską, Magdalenę Pruszkę oraz Martę Małuszek.

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

Zespół: dr hab. Małgorzata Łobocka, mgr Aleksandra Głowacka, mgr Dariusz Izak, mgr Agnieszka Zalewska, mgr Wioletta Woźnica

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 ramach prac prowadzonych we współpracy z Samodzielnym Zakładem Biologii Mikroorganizmów WRiB SGGW oraz z Pracownią Sekwencjonowania DNA i Syntezy Oligonukleotydów IBB kontynuowano badania nad przetestowano zdolność P1 do infekcji i lizogenizacji bakterii środowiskowych rodzaju *Agrobacterium*, *Pantoea* i *Pseudomonas*. Wykazano utrzymywanie się P1 w komórkach *Agrobacterium tumefaciens* jako plazmidu. Na bazie niskokopijnego wektora o replikonie RK2 pozbawionego własnego systemu partycyjnego i zawierającego polilinker otoczony miejscami wiązania operatora operonu laktozowego, skonstruowano plazmidy zawierające kasetę partycyjną plazmidu P1 otoczoną fragmentami DNA o różnej długości. Fragment zawierający kasetę partycyjną z krótkim dodatkowym fragmentem DNA tylko nieznacznie przeciwdziałał utracie z komórek macierzystego plazmidu, natomiast działanie stabilizujące fragmentu zawierającego dłuższy fragment dodatkowego DNA było znaczące. Większe działanie stabilizujące obu fragmentów zaobserwowano w warunkach wiązania represora laktozowego do rejonów operatorowych okalających fragment z kasetą partycyjną. Badania nad optymalizacją długości dodatkowego fragmentu DNA w celu dalszego zwiększenia stabilności badanych plazmidów są w toku.

Opis najważniejszych osiągnięć

Wykazanie zależności pomiędzy długością fragmentu DNA w rejonie kasety partycyjnej P1 dostępnego dla wiązania ParB, a aktywnością kasety partycyjnej w stabilizacji heterologicznych plazmidów.

Wykorzystanie uzyskanych wyników

Zgłoszenie patentowe do Europejskiego Urzędu Patentowego (PCT/PL2014/000134) pt.: „Use of highly specific-endoribonucleases”.

Publikacje

4933, 3614/A, 3615/A, 3616/A, 3617/A, 3618/A, 3761/A, 3762/A, 3763/A, 3764/A, 3765/A, 3766/A, 3773/A, 785/N, 798/N

Temat nr 34: Udział struktur chromatynowych w regulacji transkrypcji genów

Zespół: prof. dr hab. Andrzej Jerzmanowski, dr hab. Marta Kobłowska, dr hab. Tomasz Sarnowski, dr Roksana Iwanicka-Nowicka, dr Kinga Rutowicz, dr Szymon Świeżewski

Cel badania

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

Opis realizowanych prac

Badano udział kompleksów remodelujących chromatynę w regulacji genów odpowiedzialnych za morfogenezę organów w trakcie rozwoju i w integracji ścieżek hormonalnych na poziomie chromatyny oraz udział stresu-indukowalnego histonu H1 w odpowiedzi adaptacyjnej rośliny modelowej *Arabidopsis thaliana* na stresy abiotyczne.

Opis najważniejszych osiągnięć

1. Ustalono, że kompleks SWI/SNF zawierający ATPazę BRAHMA współuczestniczy w regulacji rozwoju liścia poprzez oddziaływanie z czynnikiem transkrypcyjnym Augustifolia.
2. Ustalono, że podjednostka rdzeniowa kompleksu SWI/SNF, SWP73B, warunkuje pozycjonowanie nukleosomów na promotorach kluczowych genów kontrolujących rozwój kwiatów.
3. Wyznaczono rolę histonów typu H1 w globalnej dystrybucji metylacji DNA i lokalizacji nukleosomów w genomie *Arabidopsis*.

Wykorzystanie uzyskanych wyników

Wyniki badań zostaną wykorzystane w publikacjach naukowych.

Publikacje:

4874, 3584/A, 3585/A, 3639/A, 3641/A, 3643/A, 3655/A, 3657/A, 3658/A, 3659/A, 3682/A, 3746/A, 3747/A, 3748/A

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

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

Cel badania

Celem przeprowadzonych badań była produkcja aktywnych biologicznie rekombinowanych białek o znaczeniu terapeutycznym w roślinnych systemach ekspresyjnych. 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.

Opis realizowanych prac

Kontynuowane były prace związane z wykorzystaniem roślin do wytwarzania fuzji cytokin hIL-2 i mGM-CSF z inhibitorami proteaz. Jak wykazano już wcześniej użycie inhibitorów proteaz jako partnerów fuzyjnych nie wpływa w istotny sposób na wydajność produkcji cytokin w roślinach. Co więcej przeprowadzone testy wykazały oporności rekombinowanych białek fuzyjnych na trawienie trypsyną lub proteinazą K. Ostatnio przeprowadzono badania stabilności rekombinowanych białek chimerycznych w surowicy krwi lub w obecności oczyszczonej plazminy. Analiza wyników metodą Western blot i ELISA nie dała jednoznacznej odpowiedzi czy białka są odporne na degradację w surowicy krwi. Doświadczenia wymagają powtórzeń w zmienionych warunkach reakcji trawienia. Ponadto, oczyszczono białko fuzyjne CMTI::mGMCSF posiadające etykietę 6x His w celu sprawdzenia jego aktywności *in vivo* jako adiuwanta szczepionkowego. Przygotowano preparaty do szczepień i ustalono schemat immunizacji myszy. Oczyszczono również uzyskane w roślinnym systemie ekspresji przejściowej rekombinowane białko hemaglutyniny (podjednostka pierwsza HA1) z wirusa grypy H5N1.

Opis najważniejszych osiągnięć

Uzyskano oczyszczone białko chimeryczne CMTI::mGMCSF, które będzie użyte do immunizacji myszy.

Wykorzystanie uzyskanych wyników

Na podstawie uzyskanych wyników napisano publikację i przygotowano preparat do szczepień myszy.

Publikacje

4970

Temat nr 36: Metody informatyczne w biologii molekularnej

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

Cel badania

Zastosowanie metod bioinformatycznych do rozwiązywania problemów biologii molekularnej.

Opis realizowanych prac

Na podstawie analizy sekwencji białek wnioskowano o przebiegu procesu ewolucji programowanej śmierci komórki. W wyniku tych badań zrekonstruowano stan pierwotny apoptozy. Przeprowadzona analiza wskazuje na prawdziwość endosymbiotycznej teorii pochodzenia apoptozy. Kontynuowano projekt, w którym analizowane jest zjawisko dominacji genetycznej w kontekście interakcji genetycznych.

Sprawdzano, przy pomocy „wachlarza” narzędzi bioinformatycznych czy roślinne miRNA, zwłaszcza te zidentyfikowane we krwi ludzkiej, mogą zostać upakowane do egzosomów w mleku ssaków. W pierwszym etapie realizacji tego projektu przeszukano publicznie dostępne bazy danych i zgromadzono 12 zestawów surowych danych otrzymanych poprzez głębokie sekwencjonowanie sRNA wyizolowanych z egzosomów mleka świni i ludzkiego. Następnie, przeprowadzono bardzo rygorystyczną analizę bioinformatyczną składającą się z szeregu etapów procesowania i filtracji sekwencji, które zwiększyły dokładność wyników i pozwoliły uniknąć tzw. fałszywych pozytywów. W wyniku tej analizy, w sześciu z ośmiu zestawów sRNA wyizolowanych z mleka świni zidentyfikowano 17 roślinnych miRNA należących do 11 rodzin. W przypadku wyników sekwencjonowania sRNA z egzosomów z mleka ludzkiego, w dwóch z czterech próbek zidentyfikowano 35 roślinnych miRNA (w tym jeden miRNA*) pochodzących z 25 rodzin.

Opis najważniejszych osiągnięć

Pokazano, że roślinne miRNA mogą przenikać do egzosomów w mleku ssaków (a więc muszą przenikać do krwioobiegu z pożywieniem).

Wykorzystanie uzyskanych wyników

Wyniki badań zostaną wykorzystane w publikacjach naukowych.

Publikacje

4872, 4935, 5002, 3771/A, 3772/A, 751/N

Temat nr 37: Mechanizmy kontrolujące proces patogenezy komórek roślinnych

Zespół: prof. dr hab. Jacek Hennig, dr Dorota Konopka-Postupolska, dr Małgorzata Lichocka, mgr Barbara Sierpień, mgr inż. Karolina Morgiewicz (doktorantka), mgr inż. Wojciech Rymaszewski (doktorant), mgr inż. Michał Szalonek (doktorant)

Cel badania

Analiza mechanizmów obronnych włączanych podczas odpowiedzi roślin na infekcje mikroorganizmów lub inne niekorzystne czynniki środowiskowe.

Opis realizowanych prac

Kontynuowaliśmy badania zmierzające do poznania mechanizmów regulujących odpowiedzi roślin Ziemniaka jadalnego (*Solanum tuberosum* L.) na infekcję wirusem Y ziemniaka (Potato Virus Y, PVY). Zgromadziliśmy kilkanaście odmian, wybranego dziko rosnącego gatunku, z rodziny Psiankowatych (*Solanaceae* Juss.). Przeprowadziliśmy ich wstępną charakterystykę pod względem typu odpowiedzi na infekcję PVY.

Ponadto, zidentyfikowaliśmy wszystkie geny kodujące aneksyny w genomie ziemniaka odmiany Sante. Zbadana została wewnątrzkomórkowa lokalizacja kodowanych przez nie białek i ich ew. translokacja pod wpływem bodźców stresogennych i wiązania wapnia.

Opis najważniejszych osiągnięć

Wykazaliśmy, że tolerancja na suszę roślin ziemniaka z podwyższonym poziomem aneksyny 1 jest związana ze zwiększoną tolerancją tych roślin na stres świetlny, który towarzyszy deficytowi wody w podłożu.

Wykorzystanie uzyskanych wyników

Wyniki badań zostaną wykorzystane w publikacjach naukowych.

Publikacje

4873, 4899, 3625/A, 3626/A, 3627/A, 3628/A, 3630/A

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

Zespół: dr Bożenna Rempoła

Cel badania

Badania dotyczą funkcji drożdżowego białka Nus1, wykazującego znaczącą homologię do drożdżowych cis-prenyl transferaz kodowanych przez geny *RER2* i *SRT1*, istotnych w procesie biosyntezy dolicholi. Letalny efekt delecji genu *NUS1* może sugerować istotną rolę białka Nus1 w biosyntezie dolicholi. Celem planowanych badań jest identyfikacja białek oddziałujących genetycznie z Nus1p poprzez izolację supresorów wielokopijnych w szczepie $\Delta nus1[pURA3-NUS1]$ jak również białek, które oddziałują z Nus1p fizycznie.

Opis realizowanych prac

W celu identyfikacji białek oddziałujących genetycznie z białkiem Nus1 podjęto próbę izolacji funkcjonalnych supresorów delecji genu *NUS1* metodą zastąpienia uracylowego plazmidu niosącego gen *NUS1* w szczepie $\Delta nus1[pURA3-NUS1]$ przez wielokopijny leucynowy plazmid z biblioteki genów *S. cerevisiae*, przywracający żywotność mutantu. Wyizolowano około 60 żywotnych klonów pozbawionych plazmidu *pURA3-NUS1*. Obecnie prowadzona jest analiza uzyskanych klonów.

Skonstruowano plazmid służący do indukowanej ekspresji genu *NUS1* (*pET28-NUS1*) w bakteriach *E.coli*. Zoptymalizowano warunki ekspresji i oczyszczania białka uzyskując wydajność 18,8 mg białka Nus1 z 1l hodowli. Plazmid *pET28-NUS1* wykorzystany będzie do eksperymentu typu pull-down, którego celem jest identyfikacja drożdżowych białek wchodzących w interakcje z Nus1p.

Opis najważniejszych osiągnięć

Wyizolowano plazmidy niosące geny odwracające letalny efekt delecji genu *NUS1*.

Wykorzystanie uzyskanych wyników

Wyniki badań zostaną wykorzystane w publikacjach naukowych.

Publikacje

4987

Tytuł tematu 39: Badanie polimorfizmu mitochondrialnego DNA w populacji polskiej

Zespół: prof. dr hab. Ewa Bartnik

Cel badania

Poszukiwanie asocjacji haplogrup mitochondrialnych z cukrzycą typu II.

Opis realizowanych prac

Celem prac było ustalenie metody sekwencjonowania genomowego technikami sekwencjonowania nowej generacji dla całych genomów mitochondrialnych. Dotychczas większość naszych badań obejmowała tylko analizę RFLP mitochondrialnych i ewentualnie sekwencjonowanie odcinka, który jest najbardziej zmienny w mitochondrialnym DNA.

Opis najważniejszych osiągnięć

Ustawienie sekwencjonowanie całego genomu mitochondrialnego tak, żeby koszty nie przekraczały 500 PLN.

Wykorzystanie uzyskanych wyników

Wyniki badań zostaną wykorzystane w publikacjach naukowych.

Publikacje

4853, 4856, 4876, 4883, 4941, 3645/A, 3663/A

Temat nr 41: Oksydacyjne uszkodzenia DNA

Zespół: prof. dr hab. Barbara Tudek, dr hab. Elżbieta Speina, mgr Jolanta Czerwińska, mgr Dorota Dziuban, mgr Hubert Ludwiczak, mgr Ewelina Szmajda

Cel badania

Wpływ metabolizmu komórkowego na przebieg chorób związanych z dysfunkcją naprawy DNA jest zagadnieniem stosunkowo słabo zbadanym. Dlatego celem badań było wyjaśnienie znaczenia peroksydacji lipidów w kilku zespołach związanych z brakiem naprawy. Drugim celem było określenie wpływu naprawy różnych uszkodzeń DNA na rezultat terapii przeciwnowotworowych, a także poszukiwanie związków o potencjalnych właściwościach terapeutycznych i wyjaśnienie mechanizmu ich działania.

Opis realizowanych prac

Badano wpływ jednego z głównych produktów peroksydacji lipidów, 4-hydroksynonenalu (HNE) na przebieg zespołu Wernera z upośledzoną helikazą WRN oraz zespołu przedwczesnego starzenia z upośledzoną endonukleazą ERCC1/XPF.

Prowadzono także badania mechanizmu hamowania glikozylaz DNA z rodziny Fpg/Nei przez tiopochodne analogi zasad DNA i określono strukturalne podstawy hamowania.

Określono również rolę polimerazy poli(ADP-rybozy)1 (PARP1) i glikozylazy 8-oksyguaniny (OGG1) w przebiegu i rokowaniach raka jelita grubego u ludzi.

Opis najważniejszych osiągnięć

Wykazano, że HNE hamował helikazową/ATPazową, a także egzonukleazową aktywność helikazy WRN zarówno *in vitro*, jak i w immunokompleksach oczyszczonych z ekstraktów komórkowych. Przy użyciu spektrometrii mas zmapowano miejsca addycji HNE do następujących aminokwasów: Lys577, Cys727, His1290, Cys1367, Lys1371 i Lys1389. Modelowanie *in silico* zasugerowało, że addukty Lys577 i Cys727 zaburzają strukturę białka, co może być potencjalnym mechanizmem hamowania aktywności przez HNE. Tak więc, stres oksydacyjny i addycja HNE do WRN może przyczyniać się do przedwczesnego starzenia.

Badano także inny zespół przedwczesnego starzenia, w którym brak jednego z enzymów systemu NER, endonukleazy ERCC1/XPF. Unieśmiertelnione embrionalne fibroblasty myszy *Ercc1*^{-/-} wykazywały wyższą wrażliwość na HNE, aldehyd krotonowy i dialdehyd malonowy w stosunku do komórek typu dzikiego. Wiązało się to z silnym hamowaniem proliferacji. W komórkach *Ercc1*^{-/-} w odpowiedzi na HNE obserwowano zwiększoną produkcję reaktywnych form tlenu, intensywną poli(ADP-rybozylację) białek (marker jednoniciowych przerw DNA, SSB), a także niewielki w stosunku do typu dzikiego spadek NADH. Wykazano także, że w odpowiedzi na HNE MEFs *Ercc1*^{-/-} podlegają senescencji lub umierają na drodze nekrozy, zaś komórki typu dzikiego na drodze apoptozy. Tak więc, w komórkach *Ercc1*^{-/-} naprawa adduktów HNE-DNA jest realizowana, ale tylko przez drugą endonukleazę systemu NER, XPG, powstają SSB, następuje aktywacja PARP1, obniżenie poziomu NADH i niedobory energetyczne. W konsekwencji komórki podlegają senescencji lub nekrozie, co może częściowo tłumaczyć fenotyp myszy *Ercc1*^{-/-}.

Badając wpływ tioksantyny (TX) na aktywność glikozylaz z rodziny Fpg/Nei zaobserwowano, że zarówno enzymy bakteryjne jak i ludzkie, mające w strukturze palec cynkowy są hamowane przez ten związek. Badania krystalograficzne pokazały, że TX łączy się grupą tionową z jedną grupą SH palca cynkowego i niszczy strukturę uniemożliwiając wiązanie enzymu do DNA. Tioksantyna i jej analogi mają więc potencjalne działanie terapeutyczne.

Badano też potencjał antyoksydacyjny i naprawę DNA u pacjentów z rakiem jelita grubego (CRC). Zaobserwowano, że ekspresja PARP1 jest silnie podniesiona w guzach CRC oraz polipach jelita (AD), a jej poziom koreluje z polimorfizmem OGG1, Cys326Cys. Poziom mRNA OGG1 i PARP1 były silnie skorelowane, co sugeruje wspólną kontrolę transkrypcji. Wykazano też, że wysoki poziom kwasu moczowego (naturalny antyoksydant) i niski 8-oksyguaniny w leukocytach chorych CRC są skorelowane z dłuższym przeżyciem pacjentów. Może to być marker rokowania w tej chorobie.

Wykorzystanie uzyskanych wyników

Uzyskane wyniki wykorzystano w publikacjach naukowych oraz w rozprawie doktorskiej dr Artura Biela.

Publikacje

4854, 4887, 4901, 4926, 4937, 4942, 4946, 5014, 3638/A, 3650/A, 3651/A, 3660/A, 3661/A, 3756/A, 3759/A, 227/M

Temat nr 42: Mutacje indukowane i adaptacyjne

Zespół: prof. dr hab. Elżbieta Grzesiuk, dr hab. Anna Sikora, dr Jadwiga Nieminuszczy, dr Michał Wrzeński, dr Damian Mielecki, mgr Jan Piwowarski, mgr Aleksandra Chojnacka, mgr Tomasz Pilżys, mgr Michał Marcinkowski, mgr Anna Detman

Cel badania

1. Określenie udziału jonów żelaza w naprawie uszkodzeń alkilacyjnych w DNA.
2. Określenie stopnia wrażliwości bakterii *Schewanella oneidensis* MR1 na czynniki alkilujące MMS i MNNG w warunkach beztlenowych; charakterystyka mutantów insercyjnych *Pseudomonas putida* KT2440 na czynniki alkilujące MMS i MNNG; ustalenie pozycji białka PpAlkA1 w rodzinie glikozylaz HhH oraz jego specyficzności substratowej na podstawie modelu struktury.
3. Oczyszczenie białek FTO i ALKBH7 przy zastosowaniu różnych metod i źródeł w celu wykonania analiz proteomicznych i poszukiwania nowych substratów.
4. Ocena przydatności badania poziomu przeciwciał IgG w moczu jako markera odrzutu przeszczepu nerki/wątroby.
5. Charakterystyka konsorcjów metanogennych w hodowlach ciągłych.

Opis realizowanych prac

Ad 1) W badaniach wykorzystano mutant *E.coli hemH*, w którym szlak syntezy hemoglobiny zatrzymuje się na protoporfirynie, co prowadzi do podwyższenia poziomu jonów żelaza w komórce. Stosując analizę SEC-ICP-MS wykazaliśmy, że poziom Fe^{2+} w mutancie *hemH* jest 2-krotnie wyższy w porównaniu do szczepu dzikiego. Wykazaliśmy, że w tych warunkach podwyższona jest wydajność naprawy uszkodzeń alkilacyjnych przez dioksygenazę AlkB. Co więcej, w doświadczeniach *in vitro* pokazaliśmy, że naprawa alkilowanych nukleotydów w puli nukleotydowej przebiega w obecności Fe^{2+} bez udziału białka AlkB.

Ad 2) Zakończyliśmy cykl doświadczeń nad ustaleniem stopnia wrażliwości i poziomu mutageny bakterii *S. oneidensis* MR1 w obecności czynników alkilujących w warunkach tlenowych. Została przygotowana biblioteka mutantów insercyjnych *P. putida* KT2440. Bibliotekę tą poddano badaniu przesiewowemu na wrażliwość na MMS i MNNG. W przypadku kilku z nich zidentyfikowano miejsce insercji transpozonu – zinaktywowany gen. Przeprowadzono grupowanie białek należących do (nad)rodzin białek posiadających domenę HhH oraz do glikozylaz AlkA, w tym PpAlkA1 oraz modelowanie struktury białka PpAlkA1 i dokowanie w jego potencjalnym centrum aktywnym metylowanych zasad DNA.

Ad 3) FTO oczyszczone w systemie eukariotycznym bakulowirusa posiada znaną aktywność demetylacji RNA. Przy użyciu analiz proteomicznych wykryliśmy dwa nieopisane miejsca fosforylacji niedaleko centrum aktywnego enzymu. Również oczyściliśmy znaczne ilości białka FTO z nerek świńskich.

Ad 4) Opracowano bezinwazyjną metodę diagnostyki poziomu IgG u pacjentów po przeszczepie nerki/wątroby. Wykazano, że poziom IgG drastycznie spada u pacjentów po udanej transplantacji.

Ad 5) Dokonano charakterystyki molekularnej i fizyko-chemicznej konsorcjów metanogennych w hodowli ciągłej, dla której substratem jest kwaśny odciek po fermentacji melasy. Rozpoczęto prace, których celem jest poznanie szlaków przemian octanu, mleczanu, maślanu i propionianu w hodowlach konsorcjów metanogennych, kluczowych procesów dla beztlenowego rozkładu materii organicznej.

Opis najważniejszych osiągnięć

1. Wykazanie istnienia szlaku naprawy alkilowanego DNA zależnego od zwiększonej puli wolnego żelaza i niezależnego od AlkB.
2. Centrum aktywne glikozylazy PpAlkA1 tworzy zawadę steryczną z grupą metylową 1meA z udziałem reszty argininy 61 co może wskazywać na brak aktywności PpAlkA1 względem 1meA.
3. Otrzymanie dużych ilości oczyszczonego, aktywnego białka FTO.
4. Odkrycie metody określania stanu przeszczepionego organu, której podstawą jest poziom przeciwciał IgG.
5. Substrat poddawany metagenizacji warunkuje skład konsorcjów metanogennych i dominujący szlak metanogenezy w bioreaktorach fermentacji metanowej, następuje swoista „specjalizacja” konsorcjum metanogenego.

Wykorzystanie uzyskanych wyników

Wyniki badań zostaną wykorzystane w publikacjach naukowych, prac magisterskich, doktorskich i habilitacji. Wyniki uzyskane w punkcie 5 mogą znaleźć zastosowanie przy produkcji biogazu.

Publikacje

4889, 4903, 4994, 3592/A, 779/N, 780/N, 791/N

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

Zespół: prof. dr hab. Grażyna Jagura-Burdzy, dr Aneta Bartosik, dr Krzysztof Głąbski, mgr Paulina Jęcz, mgr Marta Ludwiczak, mgr Ewa Słoniewska

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 plejotropowego działania chromosomalnie kodowanych białek Par (homologi plazmidowych białek partycyjnych) w *Pseudomonas aeruginosa*.

Opis realizowanych prac

W zakresie procesu transferu koniugacyjnego kontynuowano badania nad relaksazą Nic z plazmidu RA3 i jej oddziaływaniami z białkiem pomocniczym MobC. Badania nad mechanizmami stabilizacyjnymi plazmidów BHR ukierunkowano na konstrukcję licznych wariantów delecyjnych modułu stabilizacyjnego RA3 w celu sprawdzenia funkcji poszczególnych elementów w stabilizacji plazmidów w różnych gospodarzach.

Segregacja chromosomów *P. aeruginosa* zależy między innymi od prawidłowego funkcjonowania kompleksów ParA-ParB i wiązania się ParB do tzw miejsc centromerowych *parS* (10 sekwencji rozproszonych w chromosomie *P. aeruginosa*). Badano domenę ParA uczestniczącą w dimeryzacji i interakcjach z partnerem ParB. Poprzednio skonstruowano bibliotekę 31 mutantów *P. aeruginosa* pozbawionych pojedynczych miejsc *parS* lub ich kombinacji. Przeprowadzono analizę fenotypową tych mutantów. Analiza transkryptomiczna mutantów *par* *P. aeruginosa* i mutantu *parSnull* (z uszkodzonymi 10 miejscami wiązania ParB w chromosomie) doprowadziło do identyfikacji puli genów (ponad 50 operonów) odwrotnie regulowanych w mutantach *parBnull* i *parSnull* („regulon ParB”).

Kontynuowano analizę transkryptomów kolejnych mutantów *parS* i analizę „regulonu ParB”. Zweryfikowano uzyskane dane transkryptomiczne stosując PCR w czasie rzeczywistym (RealTime PCR). Skonstruowano fuzje transkrypcyjne między wybranymi regionami promotorowymi a *lacZ* i badano zależność ekspresji genów od obecności białek Par. Metodami EMSA analizowano wiązanie oczyszczonego białka ParB do regionów promotorowych regulowanych genów.

Opis najważniejszych osiągnięć

1. Białko pomocnicze MobC stymuluje aktywność relaksazy Nic z RA3 *in vitro* w stosunku do superzwiniętego DNA plazmidowego zawierającego sekwencję *oriT*.
2. Analiza *in vitro* promotorów „regulonu ParB” z *P. aeruginosa* wykazała, że ParB wiąże się bezpośrednio do niektórych z tych promotorów potwierdzając jego funkcję, jako globalnego regulatora transkrypcji.
3. Miejsca *parS* w genomie *P. aeruginosa* są nierówno cenne, tylko 4 sekwencje *parS* spośród 10 są zaangażowane w segregację chromosomów, jedno spośród tych 4 miejsc jest niezbędne ale i wystarczające do prawidłowego przebiegu tego procesu.
4. Analiza transkryptomiczna kolejnych mutantów *P. aeruginosa parS* potwierdziła specyficzne zmiany ekspresji genów związane prawdopodobnie ze zmianą topologii domen w genomach tych mutantów.
5. Uszkodzenie oddziaływań między białkami ParA i ParB prowadzi do braku separacji domen *ori* w czasie replikacji chromosomu i zaburzeń w segregacji chromosomów.

Wykorzystanie uzyskanych wyników

Uzyskane wyniki badań są podstawą publikacji naukowych, dwóch prac doktorskich i jednej magisterskiej.

Publikacje

4862, 4938, 4943, 4990, 3744/A, 753/N, 754/N, 788/N

Temat nr 44: Środowiskowe Laboratorium Magnetycznego Rezonansu Jądrowego

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

1. Zastosowanie NMR do wyznaczania struktury i dynamiki białek.
2. Wykorzystanie NMR w badaniach układów biologicznych.
3. Zastosowania medyczne badań NMR składu płynów ustrojowych i ekstraktów tkankowych.

Cel badania

Ad 1) Wyjaśnienie zmiany powinowactwa białka S100A1 na skutek tionyacji cysteiny C85. Wyznaczenie struktury i dynamiki dla pierwszej domeny katalitycznej mysiego enzymu E1.

Ad 2) Wyznaczanie struktury peptydów wiążących Ni^{2+} . Sekwencja podstawowa Ac-GASRHWKFL-NH₂; reszty D w wybranych pozycjach; analiza przegrupowania układu 2,3-dihydropiryrido[6,1-b][1,5,3]dioksaazepino-7,9(5*H*,8*H*)-dionu do 2,3-dihydro-6*H*-oksazolo[3,2-*f*]pirymidyno-5,7-dionu, którego pochodne są prawdopodobnymi inhibitorami kinazy tyrozynowej; analiza struktury epoksyd-skwalenów zastosowanych do stymulacji syntezy CoQ i cholesterolu *in vitro* oraz *in vivo*; analiza strukturalna nowych fluoro-fosforanowych analogów nukleotydów.

Ad 3) Sprawdzenie możliwości wykorzystania metabolomiki w chorobach serca: chorobie wieńcowej i chorobie zastawkowej.

Opis realizowanych prac

Ad 1) Wyznaczono struktury i dynamikę form *apo* i *holo* białka S100A1(C85M). Osiągnięto zakładany cel badania dla pierwszej domeny katalitycznej mysiego enzymu E1.

Ad 2) Przeprowadzono pomiary NMR oraz dokonano interpretację widm badanych obiektów.

Ad 3) Wykonano widma protonowe ekstraktów lipidowych surowicy krwi chorych i grupy kontrolnej – ochotników. Analiza widm i profilu związków widocznych w widmie pozwoliła na rozróżnienie obu grup chorych.

Opis najważniejszych osiągnięć

Ad 1) Wyniki pozwoliły na ustalenie, że tionylowanie białka S100A1 zmienia strukturę formy *apo* powodując zwiększenie powinowactwa białka do wapnia.

Ad 2) Wyznaczono struktury kompleksów czterech peptydów z Ni^{2+} , wyznaczono lokalizację mostka tlenowego w 3 epoksydach skwalenu oraz potwierdzono budowę analogów nukleotydów.

Ad 3) Metoda pozwala na podstawie profilu lipidowego na rozróżnianie obu grup chorych w 100%.

Wykorzystanie uzyskanych wyników

Ad 1) Manuskrypt z wynikami otrzymane dla białka S100A1(C85M) w przygotowaniu. Wyniki dla pierwszej domeny katalitycznej mysiego enzymu E1 opublikowano (4855).

Ad 2) Wyniki opublikowano (4927) a dwa manuskrypty są w trakcie recenzji.

Ad 3) Wyniki przedstawione zostaną na konferencji 2015 EAS Annual Congress – The European Atherosclerosis Society, która odbędzie się w marcu 2015.

Publikacje

4855, 4881, 4893, 4920, 4927, 4987, 5010, 3573/A, 3596/A, 3715/A, 3729/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

Cel badania

Zastosowanie metod modelowania molekularnego do przewidywania struktury i funkcji biopolimerów.

Opis realizowanych prac

Dehydrogenaza-6-glukozy-fosforanowa (G6PD) jest niezbędna dla ochrony krwinki czerwonej przed stresem oksydacyjnym. Aktywny enzym G6PD znajduje się w równowadze dimer - tetramer. Mutacje w genie G6PD powodują niesferocytową niedokrwistość hemolityczną. Na podstawie modelu strukturalnego enzymu pokazano jakie zmiany w działaniu białka powodowane są mutacją G306S.

Cis-prenyltransferazy są enzymami prowadzącymi syntezę węglowodorowego szkieletu izoprenoidowego (terpenowego). Uzyskano przestrzenny model *cis*-prenyltransferazy z *Arabidopsis thaliana* co pozwoliło na interpretację obserwowanej specyficzności tego enzymu.

ParA z *Pseudomonas aeruginosa* należy do rodziny ATPaz uczestniczących w partycji plazmidów. Dokładna segregacja genomów jest istotna dla stabilności genetycznej. ParA może tworzyć agregaty a także oddziaływać z białkiem ParB. Stworzono strukturalny model ParA, który umożliwił interpretację jakie reszty aminokwasowe tego białka są zaangażowane w tworzenie dimerów, a jakie w oddziaływania z partnerem.

W roku 2014 kontynuowano tworzenie serwisu DiSCuS – narzędzia do selekcji związków z wielkoskalowych przeszukań *in silico*. W roku 2014 serwis wzbogacił się o nowe narzędzia do optymalizacji i kalibracji funkcji oceny oraz o narzędzia do uczenia maszynowego (SVM, RF oraz NN). Kontynuowano tworzenie serwisów PROMISS, HT-SAS oraz MIRON. Do systemu PROMISS dodano analizę miejsc wiązania nukleosmów. W systemach LM zbudowano od nowa bazy słów kluczowych posługując się m.in. pos-taggingiem i lematyzacją. W systemie MIRON stworzono zupełnie nowy interfejs do analizy funkcjonalnych interakcji.

Opis najważniejszych osiągnięć

Wymodelowano szereg istotnych struktur białek.

Wykorzystanie uzyskanych wyników

Wyniki badań zostaną wykorzystane w publikacjach naukowych.

Publikacje

4871, 4892, 4890, 4934, 4961, 4974, 4979, 4990, 3643/A, 3780/A

Temat nr 48: Badania wczesnych etapów zwijania i agregacji białek

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

Cel badania

Choroba Alzheimera jest najczęściej występującym schorzeniem neurodegeneracyjnym. W świetle ostatnich doniesień głównym czynnikiem odpowiedzialnym za powstawanie i rozwój choroby Alzheimera wydają się być oligomery peptydu A β . Nie jest jednak poznana forma przestrzenna oligomerów powodująca ich neurotoksyczność. Spektrometria mas jako jedyna metoda pozwala na separację różnych form oligomerycznych i dzięki możliwości pomiaru mobilności jonów w fazie gazowej również umożliwia pomiar wartości przekroju czynnego na zderzenia dla każdej z tych form z osobna. Wykorzystujemy tę metodę do porównywania własności strukturalnych różnych form oligomerów peptydu A β . Poznanie wszystkich aspektów strukturalnych cechujących oligomery A β jest warunkiem niezbędnym racjonalnego projektowania leku tak potrzebnego chorym na chorobę Alzheimera.

Opis realizowanych prac

Realizujemy cykl badań czynników decydujących o równowadze dwu alternatywnych form strukturalnych oligomerów A β , otwartych i zamkniętych, których współistnienie stwierdziliśmy w badaniach z roku 2011 (publ. 4486). W roku 2014 zakończyliśmy analizy wpływu mostka di-tyrozynowego (4918), wiązania jonów metali oraz szeregu mutacji punktowych (4925) na kształtowanie równowagi między tymi formami strukturalnymi. Analizy te potwierdziły zaproponowany wcześniej model struktury oligomerów. Prace te są kontynuowane przez rozszerzenie serii mutantów o reszty ważne dla wiązania jonów metali i pozycje tworzące centralny rdzeń hydrofobowy oligomerów. Wdrażamy też opracowane niedawno procedury pomiarów wymiany proton-deuter w fazie gazowej w celu uzyskania informacji strukturalnej o lepszej rozdzielczości. Pomiaru te pozwolą na zmapowanie podatności na wymianę protonów cząsteczki (amidowych i niektórych reszt bocznych) dla różnych form oligomerycznych, weryfikując lub pozwalając skorygować obecny model strukturalny.

Zajmujemy się również analizą konsekwencji strukturalnych oddziaływania oligomerów z modelowymi błonami lipidowymi i białkami błonowymi. Opracowaliśmy protokół renaturacyjny (M. Walczak, praca magisterska) formy błonowej receptora RAGE w liposomach. Badania wymiany proton-deuter sprzężone ze spektrometrią mas (HDX MS) pozwolą na porównanie własności strukturalnych białka RAGE w błonie i w roztworze oraz w kompleksie z peptydem A β .

Opis najważniejszych osiągnięć

Stwierdzenie, że aminokwasy tworzące strukturę zakrętu β w oligomerach decydują też o równowadze między formami otwartymi a zamkniętymi, co stanowi potwierdzenie zbudowanego wcześniej modelu struktury oligomerów A β .

Wykorzystanie uzyskanych wyników

Uzyskane rezultaty wejdą w skład publikacji.

Publikacje

4918, 4925

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 Magdalena Chmielewska-Jeznach, mgr Aleksandra Grylak-Mielnicka, mgr Joanna Radziwiłł-Bieńkowska, mgr Joanna Żylińska

Cel badania

Bakterie fermentacji mlekowej (LAB) - grupa mikroorganizmów o dużym znaczeniu biotechnologicznym, szczególnie dla przemysłu rolno-spożywczego, a jednocześnie model i obiekt intensywnych badań na całym świecie. Celem prowadzonych badań nad biologią molekularną komórki bakterii mlekowych jest poszerzenie wiedzy w aspekcie poznawczym i aplikacyjnym.

Opis realizowanych prac

Zdolności metabolizowania cukrów są jednym z głównych warunków prawidłowego rozwoju bakterii. Są one ważne zarówno z punktu widzenia pojedynczej komórki, jak i populacji komórek i determinują możliwość zasiedlania przez nie nowych środowisk oraz zwiększają ich konkurencyjność w stosunku do innych bakterii. Wykazaliśmy, że katabolizm cukrów u *Lactococcus lactis*, regulowany przez globalny regulator, białko CcpA, podlega także kontroli przez wąsko specyficzne regulatory, jak białko ClaR. Białko to zaangażowane jest jedynie w kontrolę metabolizmu 2 cukrów – laktozy i celobiozy – spośród 190 badanych węglowodanów. Z uwagi na biotechnologiczne wykorzystanie LAB w produkcji żywności, pasz oraz preparatów farmaceutycznych, a także nowe kierunki ich zastosowań, prowadzone są także badania genomowe, w trakcie których poznaliśmy sekwencje genomowe 3 szczepów *Lactobacillus* – 2 szczepów *L. rhamnosus* i 1 *L. casei*. Wśród czynników, które mogą interferować (pozytywnie lub negatywnie) z katabolizmem cukrów należy wymienić ruchome elementy genetyczne (plazmidy i transpozony), bakteriofagi, biologiczne czynniki przeciwbakteryjne (bakteriocyny). W wyjaśnianiu tych zjawisk oraz wzajemnych interakcji, a także mechanizmów regulujących ekspresję genów, wykorzystywane są różnorodne podejścia badawcze, angażujące techniki z zakresu biologii komórki, genetyki mikroorganizmów i biologii molekularnej.

Opis najważniejszych osiągnięć

1. Wykazanie, że białko ClaR zaangażowane jest jedynie w kontrolę metabolizmu laktozy i celobiozy u *Lactococcus*.
2. Poznanie sekwencji genomowych 3 szczepów *Lactobacillus*, wykazujących właściwości probiotyczne.

Wykorzystanie uzyskanych wyników

Badania poszerzają dotychczasową wiedzę na temat metabolizmu cukrów u bakterii fermentacji mlekowej (LAB) oraz wpływie różnych czynników na te zdolności. Wiedza ta przyczynia się do racjonalizacji w doborze szczepów przemysłowych, pozyskiwaniu nowych szczepów ze środowisk naturalnych oraz modulowaniu dotychczasowych i opracowywaniu nowych procesów biotechnologicznych z udziałem LAB. Podjęliśmy działania, których celem jest opracowanie preparatów probiotycznych dla zwierząt i ludzi. Mamy nadzieję, że wynikiem tych badań będzie wzmocnienie konkurencyjności gospodarki krajowej, a także i europejskiej. Nie należy również zapomnieć o efektach edukacyjnych prowadzonych badań, które dostarczają przykładów w omawianiu zagadnień biologicznych w procesach kształcenia studentów szkół wyższych na II i III stopniu kształcenia.

Publikacje

4882, 4953, 4960, 4964, 4976, 3579/A, 3620/A, 3621/A, 3622/A, 3623/A, 3696/A, 3697/A, 3698/A, 3699/A, 3700/A, 3701/A, 3702/A, 3703/A, 761/N, 784/N, 796/N, 797/N, 229/M, 230/M, 231/M

Temat nr 50: Przewodzenie sygnału stresu osmotycznego w roślinach

Zespół: prof. dr hab. Grażyna Dobrowolska, dr Maria Bucholc, dr Jadwiga Szczegielniak, dr Lidia Polkowska-Kowalczyk, dr Lidia Borkiewicz (do listopad 2014), dr Ewa Krzywińska (do września 2014), dr Anna Kulik (od lutego 2014), dr Arkadiusz Ciesielski (od października 2014), dr Maria Klimecka, dr Olga Sztatelman (od grudnia 2014), mgr Katarzyna Szymańska (doktorantka), mgr Justyna Maszkowska (doktorantka; powrót z urlopu macierzyńskiego od maja 2014), prof. dr hab. Grażyna Muszyńska

Cel badania

Celem prowadzonych badań było poszerzenie wiedzy na temat roli dwóch rodzin kinaz białkowych SnRK2 (SNF1-related protein kinases 2) oraz CDPK (Calcium-dependent protein kinases) w odpowiedzi roślin na niekorzystne warunki środowiska.

Opis realizowanych prac

1. Przeprowadzono analizę *in silico* genów kodujących kinazy CDPK ziemniaka; zidentyfikowano 24 geny. Wykonano oznaczenia ekspresji wszystkich 24 CDPK w różnych organach i na różnych etapach rozwoju ziemniaka (bulwy, liście młode i dojrzałe, łodygi młode i dojrzałe). Przeprowadzono wstępne oznaczenia ekspresji dwóch wybranych CDPK (StCDPK4 i StCDPK5) w gatunkach *Solanum* charakteryzujących się różnym poziomem odporności na infekcję *Phytophthora infestans*; badano ekspresję StCDPK4 i StCDPK5 w liściach roślin nietraktowanych i traktowanych elicytorem (filtratem z hodowli *P. infestans*).
2. Kontynuowano badanie fenotypu roślin transgenicznych rzodkiewnika z wprowadzonym genem kukurydzy *ZmCPK11*. Wykazano, udział ZmCPK11 w reakcji obronnej roślin na zasolenie na poziomie regulacji degradacji chlorofilu w warunkach stresu oraz w regulacji ekspresji szeregu genów, których produkty białkowe są zaangażowane w odpowiedź rośliny na zasolenie.
3. Wykazano fosforylację katalizowaną przez SnRK2 kilku zidentyfikowanych przez nas potencjalnych substratów tej grupy kinaz, m.in. białek biorących udział w syntezie etylenu oraz czynników transkrypcyjnych aktywowanych w odpowiedzi rośliny z zwiększony poziom etylenu i jasmonianów.
4. Wykazano udział SnRK2.4 i SnRK2.5 w regulacji ekspresji wybranych genów odpowiedzi na zasolenie i zranienie.
5. Uzyskano rośliny transgeniczne z nadekspresją SCS-A oraz z nadekspresją SCS-B, genów kodujących negatywne regulatory SnRK2.
6. Badano zmiany konformacyjne SCS-A i SCS-B pod wpływem Ca^{2+} za pomocą techniki wymiany proton-deuter sprzężonej ze spektrometrią mas.

Opis najważniejszych osiągnięć

1. Identyfikacja 24 genów kodujących CDPK ziemniaka i wykazanie ich zróżnicowanej ekspresji na różnych etapach rozwoju rośliny.
2. Wykazanie udziału SnRK2 w odpowiedzi na zranienie na poziomie regulacji ekspresji genów odpowiedzi na stres oraz fosforylacji specyficznych białek zaangażowanych w produkcję etylenu.

Wykorzystanie uzyskanych wyników

Uzyskane wyniki mają znaczenie poznawcze, poszerzają wiedzę na temat szlaków przesyłania sygnałów stresu u roślin. W przyszłości wyniki mogą być użyteczne do uzyskania roślin użytkowych (np. ziemniaka) o zwiększonej tolerancji niekorzystnych warunków środowiska.

Publikacje

4915, 3583/A, 3676/A, 3677/A, 3678/A, 3679/A, 3713/A, 3714/A, 3758/A, 3760/A

Temat nr 51: Strukturalne i funkcjonalne konsekwencje modyfikacji potranslacyjnych białek

Zespół: dr Aleksandra Wyślouch-Cieszyńska

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.

Lepsze zrozumienie słabo poznanego mechanizmu regulacji ścieżek przekazywania sygnału w komórkach, wykorzystującego reaktywność łańcuchów bocznych cystein w białkach. Identyfikacja białek będących fizjologicznym celem redokсовых modyfikacji tioli oraz białek różnicowo modyfikowanych na cysteinach w trakcie rozwoju chorób m.in. chorób neurodegeneracyjnych. Stworzenie fundamentów dla opracowania nowych sposobów zapobiegania rozwojowi chorób neurodegeneracyjnych w tym choroby Alzheimera.

Opis realizowanych prac

W 2014 roku kontynuowano proteomiczne badania S-nitrozylacji białek związanych z procesami neurodegeneracyjnymi w synapsach. Poza pracami eksperymentalnymi opracowano również nowe schematy analizy danych proteomicznych uzyskiwanych ze spektrometrów mas.

Opis najważniejszych osiągnięć

Zidentyfikowano białka będące fizjologicznym celem redokсовых modyfikacji tioli w gęstości postsynaptycznej (PSD) u myszy oraz białka PSD podlegające S-nitrozylacji pod wpływem wzmożonej ekspresji peptydu A β , która obserwuje się w trakcie rozwoju choroby Alzheimera.

Wykorzystanie uzyskanych wyników

Uzyskane wyniki są podstawą do dalszych badań m.in. nad rolą redokсовых modyfikacji cystein w poszczególnych białkach lub grupach białek zidentyfikowanych w eksperymentach proteomicznych w szczególności w procesach związanych ze starzeniem oraz chorobami neurodegeneracyjnymi w mózgu.

Publikacje

4948, 4973, 5013

Temat nr 52: Analiza wybranych genów metabolizmu komórkowego *Arabidopsis thaliana* ze szczególnym uwzględnieniem genów nudix

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

Cel badania

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

Opis realizowanych prac

Z pomocą metody ilościowego RT-PCR, ustalono, że ekspresja genu *nudC* w *P. syringae* podlega ścisłej regulacji. Przy pomocy programu do identyfikacji bakteryjnych promotorów BPROM, do dalszych analiz wytypowano fragmenty DNA powyżej sekwencji kodującej *nudC*. Aktywność promotorową tych fragmentów badano *in vivo* przy pomocy testów β -galaktozydazy. Dzięki tym badaniom zidentyfikowano promotor dla genu *nudC* oraz wytypowano sekwencje DNA powyżej promotora, które regulują jego aktywność.

Przystąpiono także do badania następnego białka Nudix z *P. aeruginosa*, tj. białka YgdP. Ustalono, że białko to jest funkcjonalnym odpowiednikiem białka Nudix RppH *E. coli*, które jest pirofosfohydrolazą RNA zaangażowaną w degradację niektórych transkryptów. Ustalono, że w komórkach *P. aeruginosa* YgdP reguluje poziom transkryptów biosyntezy piocyjaniny, ważnego czynnika wirulencji *P. aeruginosa*.

Opis najważniejszych osiągnięć

1. Identyfikacja regionu promotorowego dla genu *nudC* z *P. syringae*.
2. Ustalenie biologicznej roli białka Nudix YgdP z *P. aeruginosa*.

Wykorzystanie uzyskanych wyników

Uzyskane wyniki były prezentowane na dwóch międzynarodowych konferencjach oraz będą wykorzystane w przygotowywanym do druku manuskrypcie.

Publikacje

4938, 3733/A, 3749/A

Temat nr 54: Mechanizmy molekularne działania jonów metali czynnych biologicznie

Zespół: prof. dr hab. Wojciech Bał, dr hab. Marcin Grynberg (od września 2014), dr Igor Żukow (od listopada 2014), dr Grażyna Goch, dr Małgorzata Różga (do czerwca 2014), dr Ewa Kurowska (do marca 2014), dr Agnieszka Polkowska-Nowakowska (do lipca 2014), dr Małgorzata Makowska (do lutego 2014), dr Adam Mieczkowski, dr Tomasz Frączyk, dr Arkadiusz Bonna, 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, mgr Tomasz Żurawik (od października 2014), prof. dr hab. Kazimierz Wierchowski, prof. dr hab. Andrzej Bierzyński, prof. dr hab. Magdalena Fikus

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 aspektami strukturalnymi i kinetycznymi reakcji hydrolizy wiązania peptydowego pod wpływem jonów metali, jej rolą w toksykologii metali i zastosowaniami w biotechnologii. Efektem tych prac było opublikowanie w roku 2014 czterech artykułów. Jeden z nich opisuje dodatkową rolę jonu metalu w przebiegu reakcji, polegającą na zahamowaniu jej cofania od produktu przejściowego do substratu (4902), drugi poświęcony jest wersji reakcji, w której zamiast jonu Ni(II) uczestniczy jon Cu(II) (4900). Trzeci z artykułów przedstawia strukturę białka SPI-2 i sposób jego otrzymania z użyciem tej reakcji (4983). W czwartym opisano podatność na hydrolizę niklową peptydów, znajdujących się na powierzchni aneksyn, ważnych białek komórkowych człowieka (4985). Dalsze prace w tej dziedzinie zostaną opublikowane w 2015 r. Dotyczyć one będą m. in. zastosowania syntetycznych podstawników histydyny na jej przebieg, co stanowi część wyników rozprawy doktorskiej I. A. Zawiszy, obronionej w r. 2014 (764/N). Wyniki pomocnicze, obejmujące opis właściwości koordynacyjnych tych podstawników, zostały opublikowane (4914).

W ramach badań modelowych w toksykologii niklu w skórze opublikowano artykuł opisujący wiązanie jonów Ni(II) przez kwas urokanowy (4866). W obszarze badań oddziaływań jonów Cu(II) z peptydem Aβ i układami modelowymi we współpracy z prof. M. Dadlezem i prof. J. Poznańskim opublikowano artykuł, opisujący aspekty strukturalne oligomerów peptydu w fazie gazowej, z uwzględnieniem strukturyzującej roli jonów Cu(II) (4925).

We współpracy z prof. A. Liebertem z IBIB PAN dr Grażyna Goch opublikowała artykuł, poświęcony neurotoksyczności zieleni indocyjaninowej (4881).

Badania w toku obejmują m. in. kontynuację poszukiwań roli hydrolizy niklowej w procesach chorobowych (manuskrypt wysłany do druku, dwa dalsze w przygotowaniu), dalsze badania mechanizmów molekularnych hydrolizy (cztery manuskrypty w przygotowaniu), tworzenie kompleksów ternarnych przez peptyd Aβ (manuskrypt w przygotowaniu), wyjaśnienie podatności białka PARP-1 na stres oksydacyjny (manuskrypt po uwzględnieniu uwag recenzentów oczekuje na decyzję), rozszerzenie badań sensorów cynkowych (dwa manuskrypty w przygotowaniu) oraz przedstawienie opisu teoretycznego reakcji chemicznych w objętościach subkomórkowych (dwa manuskrypty w przygotowaniu).

Opis najważniejszych osiągnięć

Dalsze pogłębienie wiedzy na temat reakcji hydrolizy wiązania peptydowego (4900, 4902, 4983, 4985).

Wykorzystanie uzyskanych wyników

Metoda oczyszczania białek z użyciem reakcji hydrolizy wiązania peptydowego (4983) jest przedmiotem licencji, udzielonej firmie prywatnej.

Publikacje

4866, 4881, 4900, 4902, 4914, 4925, 4983, 4985, 764/N

Temat nr 55: Analiza genetyczna podstaw wybranych chorób dziedzicznych

Zespół: dr hab. Beata Burzyńska, dr Monika Góra, mgr Agata Maciejak, mgr Dorota Tułacz, mgr Ilona Warchoń, mgr Mateusz Tucholski

W 2014 roku nasz Zespół pracował nad następującymi zadaniami badawczymi:

1. Molekularna patogeneza pozawałowej niewydolności serca
2. Badania inhibitorów wybranych enzymów szlaku kwasu miewalonowego

Cel badania

Ad 1) Celem prowadzonych badań jest wyznaczenie biomarkerów genetycznych (z zakresu ekspresji genów w leukocytach oraz surowicy) oraz ocena ich wartości w rokowaniu w świeżym zawale serca. Badania były przeprowadzone przy wykorzystaniu szczerzego modelu eksperymentalnego oraz próbek pobranych od pacjentów po przebytym zawale serca.

Ad 2) Kontynuowaliśmy badania mające na celu stworzenie modelu drożdżowego do testowania inhibitorów wybranych enzymów szlaku kwasu miewalonowego.

Opis realizowanych prac

Ad 1) W celu rozszerzenia badań nad zmianami zachodzącymi w niewydolnym sercu, wykonano analizę profilu ekspresji miRNA. Zmiany poziomu ekspresji miRNA różnicujących niewydolne serce od kontroli potwierdzano z wykorzystaniem reakcji RT-qPCR. Dodatkowo oceniono metodą RT-qPCR poziom występowania wybranych miRNA w osoczu krwi.

Ad 2) Spośród enzymów ścieżki syntezy steroli, wybrano syntazę skwalenu (SQS) jako najbardziej obiecujący cel dla poszukiwania nowych inhibitorów szlaku miewalonowego. Syntaza skwalenu została wyrażona w szczepie *Saccharomyces cerevisiae* Δ erg9 jako hybryda złożona z około 67% ludzkiej SQS zawierającej centrum aktywne oraz 33% drożdżowej SQS zawierającej domenę transbłonową. Przeprowadzono wstępne testy toksyczności i efektywności działania inhibitorów otrzymanych z Uniwersytetu BITS- Pilani (Hyderabad, Indie).

Opis najważniejszych osiągnięć

Ad 1) Wytypowano większą liczbę potencjalnie użytecznych diagnostycznie genów, których zmiana ekspresji jest istotna w komórkach PBMC szczurów z niewydolnością serca i są to: *Tspan12*, *Cp*, *Klrc1* (killer cell lectin-like receptor subfamily C, member 1), *Klra5* (killer cell lectin-like receptor, subfamily A, member 5) i *Nup210l* (nucleoporin 210-like). Ponadto, otrzymano 56 dojrzałych szczerzych miRNA (mo-miR) istotnie zmienionych w niewydolnym sercu w porównaniu z grupą kontrolną ($FC < -1,3$ oraz $FC > 1,3$ przy $P \leq 0.01$). Przeprowadzone analizy wykazały zmiany w profilu miRNA w osoczu u pacjentów w ostrej fazie zawału w porównaniu z kontrolą po sześciu miesiącach. Spośród 179 badanych miRNA odnotowano istotne statystycznie zmiany ekspresji dla 41 cząsteczek miRNA. Wśród najbardziej zmienionych miRNA były: hsa-miR-374b-5p, hsa-miR-208a, hsa-miR-133b, hsa-miR-133a.

Ad 2) Utworzony Δ erg9 [PERG9-HYBHA] jest obiecującym narzędziem do wstępnego testowania wyselekcjonowanych *in silico* cząsteczek blokujących centrum aktywne ludzkiej syntazy skwalenu.

Wykorzystanie uzyskanych wyników

Ad 1) Z uwzględnieniem parametrów klinicznych: NT-proBNP oraz LVEF, wyodrębniono potencjalne biomarkery (na poziomie mRNA i miRNA) związane z rozwojem niewydolności serca. Umożliwią one stratyfikację ryzyka i wczesną identyfikację pacjentów szczególnie zagrożonych pozawałową niewydolnością serca.

Ad 2) Utworzony szczep jest przydatny w szybkiej ocenie wpływu wybranych cząsteczek na właściwości fizjologiczne i molekularne komórek. Z przetestowanych substancji, wybrano dwie wykazujące podobne właściwości do statyn.

Publikacje

4892, 4892, 4869, 4995, 3632/A, 3644/A, 3646/A, 3750A, 775/N

Temar nr 56: Genomika *Paramecium tetraurelia*

Zespół: dr Robert Gromadka, dr Jacek Nowak, dr Kamila Maliszewska, mgr Julita Gruchota

Cel badania

Paramecium tetraurelia, podobnie jak inne orzęski, charakteryzuje się obecnością w komórce zarówno jąder generatywnych (mikronukleusów) jak i jądra somatycznego (makronukleusa). Podczas każdego cyklu płciowego stary makronukleus jest degradowany, a nowy powstaje z mikronukleusa. Zachodzi wówczas zaprogramowana eliminacja pewnych sekwencji DNA: następuje usunięcie elementów wielokopijnych (m. in. transpozonów i minisatelitów) oraz precyzyjne wycięcie ponad 45 000 krótkich, jednokopijnych, nie kodujących sekwencji IES (ang. Internal Eliminated Sequence). Wzór rearanzacji jest dziedziczony epigenetycznie pomiędzy starym i nowym makronukleusem. W ten proces zaangażowane jest bardzo wiele białek pojawiających się w komórce w określonych fazach cyklu płciowego. Wykazano także, iż proces ten jest regulowany przez kilka rodzajów niekodujących RNA. Dotychczas poznano 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 projektu było poszukiwanie białek zaangażowanych w syntezę niekodujących RNA i regulację rearanzacji genomowych. Nasza strategia zakładała analizę funkcjonalną genów, które są wyrażane specyficznie podczas procesów płciowych i wykazują podobieństwo do znanych czynników biorących udział w metabolizmie RNA.

Opis realizowanych prac

Określono rolę TFIIS4, jednego z białek z rodziny TFIIS, w regulacji rearanzacji genomu *Paramecium*. TFIIS4 bierze udział w produkcji niekodujących transkryptów w nowym makronukleusie. Uzyskane wyniki posłużyły do przygotowania publikacji, która została wysłana do redakcji. Ponadto, kontynuowaliśmy badanie białek wykazujących podobieństwo do czynników elongacyjnych Spt5 i Spt4. Wykonano globalną analizę eliminacji wszystkich sekwencji IES podczas dezaktywacji genu *SPT502*. Wykorzystano w tym celu sekwencjonowanie genomowe DNA wyizolowanego z oczyszczonych nowych makronukleusów pochodzących z komórek poddanych wyciszaniu (Illumina). Stwierdzono zaburzenie wycinania blisko 40 tysięcy IES-ów (87%). Zaobserwowano silniejszy wpływ na dłuższe sekwencje IES, które częściej podlegają kontroli epigenetycznej. Wykonano także badanie wpływu wyciszania genu *SPT502* na syntezę scnRNA, która zachodzi w mejotycznych mikronukleusach, gdzie lokalizuje się białko Spt502. Stwierdzono, iż nieobecność białka Spt502 prowadzi do całkowitego braku tych krótkich niekodujących RNA.

Opis najważniejszych osiągnięć

Wykonanie globalnej analizy wycinania sekwencji IES podczas wyciszania genu *SPT502* i wykazanie wpływu dezaktywacji tego genu na niemal wszystkie sekwencje IES. Wykazanie wpływu białka Spt502 na syntezę krótkich niekodujących scnRNA.

Wykorzystanie uzyskanych wyników

Wyniki badań zostaną wykorzystane w publikacjach naukowych.

Publikacje

4923, 768/N

Temat nr 57: Mechanizmy wierności replikacji DNA

Zespół: dr hab. Anna Bębenek, mgr Izabela Ziuzia-Graczyk (od lipca 2014 na urlopie macierzyńskim), magistrantka Paulina Jankowska (do lipca 2014)

Cel badania

Kontynuowano badania nad oddziaływaniem prymazy gp61 z polimerazą DNA faga RB69. Jednym z założeń było ustalenie biologicznych konsekwencji oddziaływania prymazy gp61 z polimerazą DNA faga RB69 oraz identyfikacja domen białkowych w polimerazie DNA i prymazie gp61 zaangażowanych w te interakcje.

Wysoka wierność replikacji determinowana jest przez właściwą selekcję nukleotydów w centrum aktywnym polimerazy oraz zdolność do usuwania niekomplementarnych nukleotydów z końca matrycy-startera przez aktywność egzonukleazy. Ponieważ te dwie aktywności przypisane są różnym domenom, polimeraza musi posiadać mechanizm pozwalający na efektywne przekazywanie startera pomiędzy tymi domenami w celu zapewnienia szybkiej i wiernej replikacji. W naszych badaniach chcielibyśmy przyjrzeć się dokładniej mutantom zarówno domeny spodu dłoni jak również mutantom domeny kciuka, które suprymują mutatorowy charakter mutacji Y567A. Badanie te mogą wskazać na mechanizm przekazywania końca startera do domeny egzonukleazy inny niż dotychczas opisany.

Opis realizowanych prac

Ustalone wcześniej oddziaływania prymazy i polimerazy badaliśmy z zastosowaniem nowej techniki MST (Microscale thermophoresis). Ostatnim etapem naszych badań są badania tych oddziaływań za pomocą crosslinków. Pierwsze badania z użyciem crosslinkera BS3 dały bardzo obiecujące wyniki. Dalsze analizy w celu ustalenia rejonów kontaktu w obu białkach będą prowadzone we współpracy z pracownią spektroskopii mas.

Mutacja polimerazy RB69 w domenie kciuka A740V suprymuje mutatorowy efekt mutacji Y567A badany w teście rewersji *in vivo*. Obserwowaliśmy obniżenie poziomu mutagenezy dla wszystkich badanych klas mutacji. Za obserwowany efekt antymutatorowy może odpowiadać zaburzone przechodzenie końca startera pomiędzy domenami polimerazy i egzonukleazy (ang. pol/exo coupling). Przechodzenie końca startera pomiędzy domenami badaliśmy w reakcji wydłużania/degradacji startera przy stałym stężeniu polimerazy i DNA i wzrastającym stężeniu wszystkich dNTPów.

Opis najważniejszych osiągnięć

W teście wydłużania/degradacji startera podwójny mutant wydłużał substrat przy znacznie wyższym stężeniu nukleotydów co wskazuje, że ma zaburzone przekazywanie końca startera pomiędzy domenami co może wpływać na obserwowany efekt obniżenia poziomu mutagenezy w podwójnym mutancie.

Wykorzystanie uzyskanych wyników

Wyniki badań zostaną wykorzystane w publikacjach naukowych.

Publikacje

3737/A, 783/N

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

Zespół: dr Urszula Zielenkiewicz, dr Iwona Brzozowska, dr Anna Muszewska

Cel badania

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

Opis realizowanych prac

Dla wybranych szczepów promieniowców (*Frigoribacterium* sp., *Nocardia takedensis* i *Streptomyces luridiscabiei*) wyizolowanych w poprzednich latach, wykazujących aktywność antymikrobiotyczną w testach wobec patogennych bakterii wzorcowych, przeprowadziliśmy badania zdolności oddziaływania wobec organizmów grzybowych. Zaobserwowaliśmy aktywność ww szczepów przeciwko *Pythium ultimum* i *Botrytis cinerea* (patogeny roślin). Żaden z badanych szczepów nie wykazywał aktywności wobec ludzkiego patogena *Candida albicans*.

Określiśmy przynależność taksonomiczną 5 szczepów *Fusarium* (każdy wyizolowany z innego konsorcjum mikroorganizmów ługujących uran) do gatunku *F. oxysporum*. Szczepy te są zróżnicowane fizjologicznie.

Ustaliśmy wstępnie sekwencje nukleotydowe chromosomu oraz jednego mega plazmidu *Acinetobacter lwoffii*, szczepu wykazującego podwyższoną oporność na jony arsenu. Trwają prace nad eksperymentalną weryfikacją fragmentów sekwencji niepewnych.

Opis najważniejszych osiągnięć

1. Ustalenie sekwencji puli plazmidów szczepu *Acinetobacter lwoffii*.
2. Opracowanie testu polaryzacji fluorescencji dla wymodelowanych peptydów i białka Epsilon.

Wykorzystanie uzyskanych wyników

Ustalona sekwencja genomu *Acinetobacter lwoffii*, po anotacji otwartych ramek odczytu, zostanie zanalizowana pod kątem genów zaangażowanych w przekształcanie związków arsenu, a następnie opublikowana.

Opracowany test polaryzacji fluorescencji dla specjalnie wymodelowanych peptydów i białka Epsilon zostanie wykorzystany do wielkoskalowego przeszukiwania chemoteki związków znoszących interakcje białko-białko.

Uzyskane w roku sprawozdawczym wyniki są podstawą dla dwóch obronionych prac magisterskich i dwóch publikacji.

Publikacje

4877, 4928, 789/N, 790/N

Temat nr 60: Mechanizmy podziałów komórkowych

Zespół: dr hab. Anna Kurlandzka, mgr Piotr Kowalec, dr Leszek Tarnowski (do sierpnia 2014)

Cel badania

Ustalenie warunków transportu jądrowo-cytoplazmatycznego białka Irr1 drożdży *Saccharomyces cerevisiae*.

Opis realizowanych prac

W ramach badań w roku 2014 stwierdzono, że białko Irr1, które dotychczas znane było jako regulator kohezji chromatyd siostrzanych i transkrypcji genów, jest obecne nie tylko w jądrze komórkowym, ale także na terenie cytoplazmy. Irr1 lokuje się w cytoplazmie w fazie stacjonarnej cyklu komórkowego, w warunkach głodzenia azotowego oraz stresu oksydacyjnego. W fazie stacjonarnej eksport z jądra do cytoplazmy można specyficznie zablokować. Zidentyfikowano *in silico* potencjalne sygnały eksportu i są one obecnie sprawdzane na drodze mutagenazy ukierunkowanej.

Opis najważniejszych osiągnięć

Białko Irr1 może być eksportowane z jądra do cytoplazmy.

Wykorzystanie uzyskanych wyników

Przygotowywana jest publikacja oraz praca doktorska.

Temat nr 61: Dynamika transkryptomu w normie i stresie.

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

Cel badania

Poznanie mechanizmów zaangażowanych w regulację ekspresji genów aktywnie transkrybowanych w odpowiedzi komórek roślinnych na działanie czynników stresowych zależnych od białek oddziałujących z modyfikowanymi i niemodyfikowanymi histonami rdzeniowymi.

Opis realizowanych prac

1. Ustalenie roli deacetylazy histonowej HD2C *Arabidopsis thaliana* oddziałującej z niemodyfikowanym histonem H3 w regulacji transkrypcji genów odpowiedzi na stres cieplny.
2. Przy użyciu chromatografii powinowactwa do peptydu oraz metod spektrometrii mas poszukiwano białek specyficznie rozpoznających fosfo-acetylowany histon H3, który jest obecny w chromatynie komórek roślinnych zaindukowanych stresem abiotycznym.

Opis najważniejszych osiągnięć

1. Ustalono, że deacetylaza HD2C oddziałuje z podjednostką kompleksu remodelującego chromatynę typu SWI/SNF i wraz z nim współuczestniczy w regulacji genów odpowiedzi na stres cieplny u *Arabidopsis*.
2. Zidentyfikowanie białek prawdopodobnie tworzących nieznany dotąd wielo-podjednostkowy kompleks białkowy oddziałujący z fosfo-acetylowanym rdzeniowym histonem H3. W skład nowego kompleksu wchodzi między innymi białka z rodziny SR (serine-arginine rich) oraz inne czynniki białkowe zaangażowane w regulację alternatywnego splicingu, co wskazuje na związek badanej modyfikacji histonu H3 z procesem alternatywnego składania genów.

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, dr Marcin Mielecki, dr Anna Protas, dr Konrad Zdanowski, mgr Maria Pietrzak, mgr Agnieszka Macioła

Cel badania

1. Otrzymanie nowych wariantów białka hemaglutyniny wirusów grypy H5N1 oraz H3N2.
2. Badania nad mechanizmem inhibicji kinazy JAK2 oraz RIO1 przez analogi strukturalne benzyłowego amidu kwasu cyanomonowego.

Opis realizowanych prac

Ad 1) Otrzymano nowe warianty hemaglutyniny (rHA) wirusa grypy H5N1 (rH5). Wcześniej wykazano, że wszystkie potencjalne miejsca N- glikozylacji antygeny rH5, produkowanego w komórkach *Pichia*, ulegają glikozylacji. Nowe warianty rH5 zawierały mutacje punktowe w miejscach glikozylacji. Charakterystyka biochemiczna otrzymanych mutantów jest w toku. Otrzymano również i oczyszczono do homogenności hemaglutyninę wirusa grypy H3N2 (rH3). Immunogenność nowych wersji rH5 i rH3 sprawdzana będzie na modelu zwierzęcym.

Ad 2) Kontynuowano badania nad oddziaływaniem niskocząsteczkowych związków (analogi strukturalne benzyłowego amidu kwasu cyanomonowego, CABA) z kinazami JAK2 i RIO1. Badania enzymatyczne jak i strukturalne (modelowanie molekularne) pozwoliły wnioskować o mechanizmie inhibicji badanych kinaz przez wyselekcjonowane analogi CABA. W wypadku kinazy JAK2 wykazuje on cechy inhibicji zarówno współzawodniczej jak i niewspółzawodniczej. Natomiast inhibitory atypowej kinazy RIO1 wykazywały ATP-współzawodniczy mechanizm działania.

Opis najważniejszych osiągnięć

Ad 1) Otrzymanie, z wysoką wydajnością, nowych wariantów antygenów wirusów grypy H5N1 i H3N2

Ad 2) Opisanie mechanizmu inhibicji kinaz JAK2 i RIO1.

Wykorzystanie uzyskanych wyników

Ad 1) Celem badań jest opracowanie uniwersalnej procedury otrzymywania antygeny szczepionkowego.

Ad 2) Uzyskane wyniki mogą być pomocne w projektowaniu nowych pochodnych CABA hamujących aktywność kinaz JAK i RIO.

Publikacje:

4906, 4971, 4981, 4983, 4994, 3681/A, 3687/A, 3688/A, 3710/A, 3726/A, 763/N, 795/N

Temat nr 63: Dodekahedron adenowirusa jako platforma szczepionkowa

Zespół: dr hab. Ewa Szolajska, dr hab. Jadwiga Chroboczek (konsultant), mgr Inga Szurgot (doktorantka), mgr Marta Jedynak (doktorantka), mgr Małgorzata Podsiadła-Białoskórska (technik)

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.

Opis realizowanych prac

Upřednio przeprowadzone doświadczenia na zwierzętach wykazały, że preparat dodekahedronu adenowirusa (Dd), zawierającego w swej strukturze epitopy białka matrycowego M1 (Dd-M1) skutecznie indukował immunologiczną odpowiedź komórkową bez użycia adjuwantów. W ciągu roku sprawozdawczego otrzymaliśmy preparaty szczepionkowe zawierające również drugi antygen – hemaglutyninę (HA). W pierwszym wariantcie HA z domeną trymeryzacyjną pochodzącą z drożdżowego białka GCN4 jest przyłączona do powierzchni Dd-M1 za pomocą fragmentu trymerycznego włókna adenowirusa (Fi) (Dd-M1-FiHA). W drugim wariantcie rekombinowana HA zawierająca motyw GCN4 pozbawiona linkera Fi jest otrzymywana i oczyszczana niezależnie od Dd-M1 (Dd-M1+HA). Przeprowadziliśmy analizy stanu oligomerycznego oraz funkcjonalności *in vitro* antygeny HA w obu wariantach szczepionki. Skuteczność preparatów szczepionkowych badaliśmy następnie *in vivo* we współpracy z laboratorium wyspecjalizowanym i uprawnionym do wykonywania tego typu testów (Instytut CODA-CERVA w Brukseli).

Opis najważniejszych osiągnięć

1. Doświadczenia przeprowadzone w modelu kurzym wykazały, że oba warianty szczepionki (Dd-M1-FiHA i Dd-M1+HA) indukują humoralną odpowiedź immunologiczną. Miano przeciwciał neutralizujących anty-HA jest nieco wyższe dla wariantu Dd-M1+HA.
2. Wykazaliśmy, że donosowe podanie preparatów szczepionkowych opartych na dodekahedronie wywołuje szybszą i silniejszą reakcję immunologiczną w porównaniu z aplikacją podskórną. Uzyskany wynik jest istotny ze względu na ergonomię tego sposobu immunizacji, co ma szczególne znaczenie podczas epidemii i pandemii, oraz ze względu na możliwe zwiększenie immunogenności preparatu.

Wykorzystanie uzyskanych wyników

Otrzymane wyniki były prezentowane podczas The Fifth Influenza Conference of European Scientific Working group on Influenza (ESWI) w Rydze (Łotwa, 14-17 września 2014) oraz są przedmiotem przygotowywanej publikacji.

Publikacje

4980, 3725/A

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

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

Cel badania

Poznanie mechanizmów regulujących transport pomiędzy jądrem i cytoplazmą receptorów warunkujących odporność roślin na infekcje.

Opis realizowanych prac

Białko SGT1 stanowi ważny element kompleksów receptorowych uczestniczących w odpowiedzi obronnej roślin na infekcje mikroorganizmów. Nasze wcześniejsze badania pokazały, że SGT1 z tytoniu ulega specyficznej fosforylacji przez kinazę SIPK aktywowaną w wyniku zakażenia. Modyfikacja ta zwiększa pulę jądrową białka SGT1. Ponadto, przekierowanie SGT1 do jądra komórkowego, prowadzi do zwiększonej akumulacji w tym przedziale komórkowym receptora N, który zapewnia odporność na wirus mozaiki tytoniu (TMV). Na tej podstawie przyjęliśmy hipotezę zgodnie z którą, SGT1 kontrolowałoby lokalizację kompleksów receptorowych uczestniczących w odpowiedzi roślin na atak patogenu. W roku sprawozdawczym zmapowaliśmy rejon w obrębie N, który jest niezbędny do importu tego receptora do jądra komórkowego, w sposób zależny od SGT1. Sprawdziliśmy też, czy proponowany przez nas model ma charakter uniwersalny i także inne roślinne białka odpornościowe podlegają podobnym mechanizmom regulacyjnym. W tym celu zbadaliśmy wewnątrzkomórkową lokalizację białka Rx, które determinuje odporność na wirus ziemniaka X, w odniesieniu do pozycji białka SGT1 w komórce. Uzyskane wyniki pokazały, że rozmieszczenie Rx odzwierciedla dokładnie położenie SGT1 w komórce.

Opis najważniejszych osiągnięć

Białko SGT1 wpływa na równowagę jądrowo-cytoplazmatyczną kompleksów receptorowych N i Rx, zapewniając tym samym prawidłowy przebieg odpowiedzi obronnej roślin na wirusy.

Wykorzystanie uzyskanych wyników

Wyniki badań zostaną wykorzystane w publikacjach naukowych.

Publikacje

4899, 3625/A, 3626/A, 3628/A, 3629/A, 3630/A, 3752/A, 3753/A, 3754/A, 3755/A, 3757/A, 767/N

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

Zespół: prof. dr hab. Jarosław Poznański, dr Małgorzata Makowska, mgr Maria Winiewska, mgr Katarzyna Kucińska

Cel badania

Celem realizacji tematu jest poszukiwanie zależności między strukturą a funkcją biologiczną. Badania opierają się głównie na analizie wysokorozdzielczych struktur, które budowane są w oparciu o dane strukturalne dostępne dla podobnych układów (np. modelowanie przez homologię), uzupełnione innymi wynikami doświadczalnymi (dane kinetyczne, termodynamiczne, spektroskopowe, analizy statystyczne). Poszukiwane są grupy oddziaływań odpowiadających za obserwowany efekt biologiczny. Poprzednio prowadzone badania będą kontynuowane.

Opis realizowanych prac

1. Analiza wpływu atomów halogenu na wiązanie halogenowanych ligandów - określenie wkładu termodynamicznego związanego z utworzeniem wiązania halogenowego w relacji do innych efektów związanych z wprowadzeniem elektroujemnego atomu do cząsteczki liganda. (3609/A, 3672/A, 3673/A, 3674/A, 3675/A, 4905)
2. Zastosowanie spektroskopii ¹⁹F i ³¹P NMR w badaniach metabolicznych. Aktualnym celem jest stworzenie kinetycznego opisu sieci reakcji enzymatycznych biorących udział w przemianach fluorouracylu w komórce drożdżowej.
3. Modelowanie procesu oligomeryzacji zmodyfikowanych wersji peptydu Aβ. Analizy struktury i topologii możliwych aligomerów. (3662/A, 4918, 4925)
4. Modelowanie wiązania substratów przez białko AlkB. Na tej podstawie poszukiwane będą potencjalne inhibitory hamujące aktywność naprawczą AlkB i ludzkich homologów z rodziny ABHx. (3592/A, 3595/A, publikacja w przygotowaniu)
5. Analiza wpływu modyfikacji ludzkiego białka WRN na jego aktywność. (4946)

Opis najważniejszych osiągnięć

Parametry termodynamiczne wiązania halogenowanych ligandów przez CK2a. Udane zastosowanie niestandardowych metod modelowania strukturalnego.

Wykorzystanie uzyskanych wyników

Wyniki badań zostaną wykorzystane w publikacjach naukowych.

Publikacje

4905, 4918, 4925, 4945, 4946, 4987, 3592/A, 3595/A, 3605/A, 3608/A, 3609/A, 3662/A, 3672/A, 3673/A, 3674/A, 3675/A, 235/M

Temat nr 66: Metodyka sekwencjonowań genomowych

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

Cel badania

Poznanie składu konsorcjów bakterii polarnych z rejonów lodowcowych. Poznanie sekwencji genomów bakterii polarnych i plazmidów w nich zawartych. Poznanie genomów fagów terapeutycznych i bakterii mlekowych. Określenie składu konsorcjów bakteryjnych i drożdżowych żurów do pieczenia chleba.

Opis realizowanych prac

We współpracy z innymi laboratoriami wykonano sekwencjonowania genomów i plazmidów pochodzących z różnych organizmów, m.in: w ramach projektu "Optymalizacja charakterystyki i przygotowania preparatów fagowych do celów terapeutycznych". W ramach współpracy w granie „Nowoczesne technologie w hodowli jesiota” wykonano sekwencjonowanie 2 transkryptomów jesiota.

Na sekwenatorze genomowym Roche GS FLX + Titanium zsekwencjonowano 6 genomów bakteryjnych, 2 transkryptomy jesiota oraz 16 próbek środowiskowych (polarnych), uzyskując łącznie ok. 2,5 miliarda par zasad.

Ponadto z wykorzystaniem aparatu MiSeq firmy Illumina wykonano dodatkowo sekwencjonowania totalnego DNA z 36 szczepów bakterii psychrofilnych (*Polaromonas sp.*) i jednego szczepu drożdży. Dla każdej próbki uzyskano około 0,5 miliona nukleotydowych odczytów (metoda PairEnd-Illumina kit PE 2x300), czyli średnio 400 milionów par zasad na próbkę. Uzyskano łącznie 56 miliardy par zasad. Pozwoliło to na ustalenie konsensusu pełnych genomów jak również obecnych w komórkach plazmidów.

W ramach projektu FunChleb rozpoczęto pilotażowe sekwencjonowanie mające na celu wstępne określenie składu konsorcjów bakteryjnych i drożdżowych w próbkach z żuru chlebowego.

Opis najważniejszych osiągnięć

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

Złożono 2 wnioski patentowe: „Szczepy *Enterococcus faecalis* do produkcji monoklonalnych preparatów fagowych” oraz „Szczepy *Staphylococcus aureus* do produkcji monoklonalnych preparatów fagowych pozbawionych zanieczyszczeń plazmidowym DNA”.

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.

Publikacje

4922, 3581/A, 3614/A, 3631/A

Temat nr 67: Metabolizm siarki w roślinach

Zespół: prof. dr hab. Agnieszka Sirko, dr Anna Wawrzyńska, dr Katarzyna Zientara-Rytter, mgr Milagros Collados Rodriguez, mgr Paweł Sęktas (do lipca 2014), mgr Anna Znój

Cel badania

Siarkę zalicza się do grupy pierwiastków biogennych, czyli niezbędnych dla prawidłowej budowy i rozwoju wszystkich organizmów żywych. W wielu obszarach świata niedobór siarki poważnie ogranicza wzrost i produktywność roślin uprawnych. Pomimo tego, że badania nad metabolizmem siarkowym roślin prowadzone są od szeregu lat, mechanizmy regulujące ten proces są słabo scharakteryzowane. Nasze badania koncentrują się na określeniu i wyjaśnieniu roli owych mechanizmów, a zwłaszcza udziału systemów degradacji białek (selektywna autofagia, system proteasomalny) w odpowiedzi roślin na niedobór siarki.

Opis realizowanych prac

Nasze prace dotyczą głównie definicji roli białek o nieznanej funkcji, kodowanych przez geny ulegające silnej i specyficznej indukcji w roślinach tytoniu podczas deficytu siarki. Analizowane są także białka homologiczne z Arabidopsis. Stosując drożdżowy system dwuhybrydowy poszukujemy białek partnerskich. Skonstruowane transgeniczne rośliny Arabidopsis ze zmienionym poziomem białka GRP3 (homolog UP30) charakteryzują się mniejszym zahamowaniem wzrostu części korzeniowych w odpowiedzi na niedobór siarki bądź azotu w pożywce oraz akumulują kalozę (zwłaszcza w komórkach sita), co sugeruje zaburzenia w procesach transportowych. Charakteryzowany jest obecnie transkryptom roślin Arabidopsis nadprodukujących tytoniowe białko UP9C. Jednym z istotnych elementów odpowiedzi roślin na głodzenie siarkowe jest indukcja szlaku selektywnej autofagii. Tytoniowe białko JOKA2, jeden z partnerów białka UP9, jest specyficznym receptorem białek, które są kierowane do degradacji poprzez autofagię. Obecnie zajmujemy się szczegółową charakterystyką domen białka JOKA2. Stosując technikę TAP-MS zidentyfikowane zostały potencjalne białka oddziałujące z homologiem białka JOKA2 z Arabidopsis, AtNBR1. Określono również wpływ nadprodukcji AtNBR1 na profil transkrypcyjny roślin Arabidopsis w warunkach deficytu siarki.

Trwają badania związane z ustaleniem znaczenia ścieżki sygnałnej etylenu w regulacji przyswajania siarki z uwzględnieniem roli czynników transkrypcyjnych należących do rodziny białek EIL. Skupiamy się głównie nad charakterystyką funkcjonalną jednego z tych białek - SLIM1 z Arabidopsis. Wyniki naszych badań wskazują na udział modyfikacji posttranslacyjnych (fosforylacja, ubikwitynacja) oraz ścieżki proteasomalnej degradacji w kontroli stabilności białka SLIM1.

Opis najważniejszych osiągnięć

Wykazanie roli domen PB1 i UBA w multimeryzacji białka JOKA2 oraz wskazanie na potencjalny udział białek cytoszkieletu w przebiegu procesu autofagii. Określenie potencjalnych białek oddziałujących z AtNBR1 oraz jego udziału w kontroli transkrypcji podczas niedoboru siarki.

Wykorzystanie uzyskanych wyników

Na podstawie uzyskanych wyników napisano i obroniono jedną pracę doktorską (Katarzyna Zientara-Rytter; data obrony: 07.10.2014 r).

Uzyskano patent P.392772 pt.: Rekombinowana molekula DNA, kasetka ekspresyjna, wektor DNA, plazmid binarny, komórka roślinna, sposób otrzymywania polipeptydu w eukariotycznym gospodarzu oraz zastosowanie rekombinowanej molekuly DNA” (Urząd Patentowy RP) - wystąpiono o rozszerzenia patentowe w innych krajach

Publikacje

4861, 4919, 4975, 3574/A, 3575/A, 3723/A, 3724/A, 762/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 różnych gatunków drożdży, a także zrozumienie tego, jaką rolę odgrywała jądrowa kontrola metabolizmu RNA w ewolucji oddziaływań jądrowo-mitochondrialnych.

Opis realizowanych prac

Przeprowadzono analizy transkryptomu techniką RNA-seq transkryptomu mitochondriów drożdży *S. cerevisiae* i *C. albicans*. Badano funkcję egzorybonukleazy 5'-3' Pet127p u *S. cerevisiae* i *C. albicans*. Prowadzono analizę funkcjonalną genu *YER077C* *S. cerevisiae*.

Opis najważniejszych osiągnięć

Opisano (po raz pierwszy) jednostki transkrypcyjne w mitochondriach *C. albicans*, zidentyfikowano promotory, struktury odpowiadające terminatorom transkrypcji i stworzono model ewolucji policistronowych transkryptów mitochondrialnych. Wykazano rolę Pet127p w degradacji prekursorów transkryptów mitochondrialnych zawierających introny. Określono funkcję Yer077cp jako ogólnego czynnika translacyjnego w mitochondriach.

Wykorzystanie uzyskanych wyników

Wyniki badań zostaną wykorzystane w publikacjach naukowych.

Temat nr 69: Metabolizm RNA u Eucaryota

Zespół: prof. dr hab. Andrzej Dziembowski, dr hab. Rafał Tomecki, dr Przemysław Płociński, mgr Krystian Stoduś, mgr Katarzyna Kowalska, mgr Dominik Cysewski (doktorant), mgr Aleksandra Siwaszek (doktorantka), mgr Marta Ukleja (doktorantka), mgr Katarzyna Kalisiak (doktorantka), mgr Jacek Miłek (doktorant), mgr Paweł Krawczyk (doktorant), mgr Adam Pyzik (doktorant), mgr Ewa Furmańczyk (doktorantka), mgr Anna Łabno (doktorantka), mgr Michał Kamiński (doktorant), mgr Marcin Ostajewski (doktorant), mgr Aleksandra Mikiciuk, Aleksandra Jarmolińska (licencjuszka), Róża Węglińska (magistrantka), Marta Błaszkievicz (magistrantka), Ewa Lewczuk (magistrantka), Anna Kotys (magistrantka), Jakub Chromiak (magistrant), Maciej Aleksander (licencjusz), Mieszko Majka (licencjusz), Salvador Cyranowski (licencjusz)

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, roślin i myszy.

Analiza kompleksu egzozomu: Przeprowadziliśmy wysokoprzepustowe analizy substratów jądrowej podjednostki katalitycznej egzozomu, DIS3 u ludzi, które wykazały podstawową rolę tego enzymu w degradacji niestabilnych produktów transkrypcji.

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. Uzyskaliśmy mysi model, w którym DIS3 zawiera mutację analogiczną do znalezionej w komórkach szpiczaków. Przeprowadzamy analizy fenotypowe. Prowadzimy również projekt mający na celu stworzenie nowych leków hamujących rozwój szpiczaków z mutacjami w DIS3.

Analizowaliśmy, także oddziaływanie cytoplazmatycznej formy egzozomu z jego kofaktorem kompleksem SKI.

Analiza Rybonukleazy DIS3L2: Prowadzono dalsze analizy funkcji cytoplazmatycznej rybonukleazy DIS3L2. Wykazaliśmy, że reguluje ona poziomy Y RNA i Vault RNA.

Degradacja RNA w mitochondriach: Analizowano rolę białek SUV3 i PNPase w degradacji RNA w ludzkich mitochondriach. Odkryliśmy nowe substraty SUV3 i PNPazy.

Analiza niekanonicznych poli(A) polimeraz. Odkryliśmy, specyficzną dla zwierząt, rodzinę poli(A) polimeraz. Badamy ich funkcję wykorzystując, jako modele ludzkie komórki w hodowli oraz nicienia *C. elegans*.

Analiza sieci interakcji białkowych w *Mycobacterium tuberculosis*: Prowadzimy analizę proteomiczną kompleksów białkowych oraz analizę ścieżek degradacji RNA *Mycobacterium*.

Analizy Metagenomiczne: Prowadzone są badania mające 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. Wykazanie, że rybonukleaza DIS3 pełni kluczową rolę w utrzymywaniu homeostazy ludzkiego transkryptomu.
2. Odkrycie roli niekanonicznej poli(A) polimerazy PQN-44 z regulacji wrodzonej odpowiedzi immunologicznej nicienia *C. elegans*.
3. Odkrycie nowej krótkiej cząsteczki RNA w mitochondriach ludzkich, której degradacja jest zależna od SUV3 i PNPazy.
4. Wykazanie, że niezbadana wcześniej izoforma białka HBS1, jest odpowiedzialna za oddziaływanie cytoplazmatycznego kompleksu egzozomu z kompleksem SKI.
5. Wykazaliśmy, że PNPaza pełni podstawową rolę w degradacji RNA u *Mycobacterium*.

Wykorzystanie uzyskanych wyników

Wyniki badań zostaną wykorzystane w publikacjach naukowych.

Publikacje

4863, 4884, 4891, 4947, 5012

Temat nr 70: Biologia strukturalna białek służących jako narzędzie modyfikacji genetycznych

Zespół: prof. dr hab. Matthias Bochtler, dr Joanna Krwawicz, mgr Michał Pastor, dr Małgorzata Perycz, Patrycja Wawrzyniecka (licencjuszka)

Cel badania

Praca naszego zespołu obejmuje dwa główne tematy: inżynierię genomu oraz metylację i hydroksymetylację DNA. Dodatkowo kontynuujemy wieloletnią współpracę z dr. Branko Latinkic (Uniwersytet w Cardiff) dotyczącą czynników transkrypcyjnych GATA oraz z dr. Izabelą Sabałą (MIBMiK) nad strukturą lizostafiny i spokrewnionych z nią peptydaz.

Opis realizowanych prac

W dziedzinie inżynierii genomu, jesteśmy w stanie szybko zaprojektować i przygotowywać plazmidy z genami kodującymi TALENy, jak również przygotować konstrukty sgRNA kierujące Cas9 w miejsce docelowe. Opracowaliśmy i zaimplementowaliśmy protokoły *in vitro* do oceny skuteczności tych narzędzi do edycji genomu. Choć wciąż mamy problemy z oceną skuteczności w komórkach (oznaczenie efektywności odtworzenia lucyferazy przez rekombinację homologiczną w naszych doświadczeniach daje fałszywie pozytywne wyniki), to możemy skutecznie monitorować stopień mozaikowości zwierząt generowanych przez nastrzykiwanie wczesnych embrionów mRNA TALENów, bądź nukleazą Cas9 (w postaci oczyszczonego białka lub kodującego je mRNA) wraz z konstruktemi sgRNA (technologia CRISPR). Jesteśmy w stanie wyhodować mozaiki wczesnych zarodków ryb, ale jak dotąd nie uzyskaliśmy jeszcze dorosłych mozaikowatych owadów.

Nasza praca nad metylacją i hydroksymetylacją DNA w 2014 roku skupiała się na wyjaśnieniu mechanizmu specyficznego rozpoznawania zmodyfikowanych zasad DNA przez białka. Jako system modelowy rozpoznawania i cięcia DNA zawierającego zmetylowane reszty adeniny, zastosowaliśmy enzym restrykcyjny DpnI, który przecina DNA zawierające N6-metyloadeninę w sekwencji GATC. Wykazaliśmy, że metylacja adeniny wpływa na konformację DNA, która jest odczytywana przez DpnI, co stanowi jedną ze składowych mechanizmu rozpoznawania modyfikacji przez ten enzym. Jako model enzymu restrykcyjnego, który specyficznie łączy DNA zawierające 5-hydroksymetylocytozynę wybraliśmy PvuRtsII. Udało nam się uzyskać kryształy tego białka, oraz wywnioskować mechanizm wiązania 5hmC. Wkrótce po tym, jak nasza publikacja ukazała się w *Nucleic Acids Research*, opublikowano dwie kolejne prace strukturalne z bardzo podobnymi wynikami, a część naszych wniosków została potwierdzona niedawno opublikowanymi badaniami biochemicznymi.

Kontynuowaliśmy również wieloletnią współpracę z dr. Branko Latinkic dotyczącą czynników transkrypcyjnych GATA, które odgrywają szeroką rolę w rozwoju, szczególnie serca. Dr Latinkic opracował test, który ocenia właściwości czynników GATA indukujące rozwój serca w organizmie modelowym *Xenopus*. Zgodnie z wynikami wcześniejszych badań, test wykazał, że tylko niektóre z tych czynników posiadają aktywność wpływającą na rozwój serca. Wspólnie z dr. Latinkic, udało nam się pokazać, że można stworzyć chimeryczne czynniki GATA, które mimo zmian w sekwencji tylko kilku aminokwasów, mają różną aktywność wpływającą na rozwój serca. Zainteresowanie budzi fakt, że zmienione aminokwasy nie znajdują się w rejonie przewidzianym jako wiążący DNA, co sugeruje, że różna aktywność biologiczna może wynikać z przyłączania różnych białek kofaktorowych.

Oprócz prac związanych z DNA, kontynuowaliśmy również rozpoczętą ponad 10 lat temu współpracę dotyczącą lizostafiny i pokrewnych jej peptydaz. W 2014 roku udało nam się opisać pierwszą eksperymentalną strukturę lizostafiny.

Opis najważniejszych osiągnięć

1. Wyjaśnienie mechanizmu wiązania 5-hydroksymetylocytozyny przez PvuRtsII. Badania te są interesujące nie tylko ze względu na wykorzystanie PvuRtsII w badaniach nad biologią 5-hydroksymetylocytozyny, PvuRtsII jest także prototypem dla trudniejszych do badań białek ssaczych wiążących 5hmC.
2. Wyjaśnienie mechanizmu specyficznego wiązania DNA zawierającego metylowane adeniny.

Wykorzystanie uzyskanych wyników

Przeprowadzone w 2014 roku prace nad TALENami, Cas9 oraz metylacją i hydroksymetylacją DNA należą głównie do badań podstawowych. Jednakże inżynieria genomów przy pomocy TALENów i Cas9 gwałtownie zdobywa popularność jako usługa serwisowa. Nasze starania, aby opracować metodę oceny skuteczności najważniejszych kroków w tym procesie, mogą zatem nabrać charakteru badań stosowanych. Lizostafina przez długi czas była badana jako lek przeciwko *S. Aureus*. Mimo obiecujących wyników badań klinicznych, zaniechano dalszych badań nad tym białkiem, głównie ze względów ekonomicznych, ale także ze względu na odkryte mechanizmy oporności przeciwko lizostafinie. Nasza struktura będzie bardzo pomocna w poprawianiu biotechnologicznych właściwości tego białka, jeśli prace nad nim jako lekiem zostaną wznowione.

Publikacje

4855, 4936, 4944, 4962, 5009

Temat nr 71: Stres środowiskowy jako źródło niestabilności genetycznej

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

Cel badania

Uszkodzenia DNA w różnym stopniu narażają genom komórkowy na destabilizację. Jednym z najtrudniejszych do naprawy uszkodzeń DNA są jego pęknięcia. Naprawa tego typu uszkodzeń jest znacznie bardziej mutagenna w komórkach diploidalnych ze względu na obecność w nich sekwencji homologicznych, w postaci drugiej kopii genomu, umożliwiających zarówno rearanżacje DNA jak i przeżycie komórek, w których do zmian genomowych doszło. Celem badań jest poznanie mechanizmów komórkowych umożliwiających diploidalnym komórkom drożdży *Saccharomyces cerevisiae* przetrwanie stresu pęknięć DNA indukowanego chemoterapeutykami - zeocyną.

Opis realizowanych prac

Wyniki przeprowadzonych przez nas doświadczeń całogenomowych, przy zastosowaniu technologii mikromacierzy „molekularnych kodów kreskowych” i kolekcji szczepów delecyjnych *S. cerevisiae*, pozwoliły wyłonić z kolekcji szczepy wykazujące nadwrażliwość na zeocynę. Wśród nich pokazała grupę (49/133) stanowiły szczepy pozbawione genów, których produkty są zaangażowane w transport pęcherzykowy (VTR). Dalsze analizy z wykorzystaniem ³H-zeocyny wykazały, że przyczyną nadwrażliwości na zeocynę nie jest jej zwiększone pobieranie (tylko 4 z 49 szczepów *vtr* kumulowały zeocynę). Nadwrażliwość szczepów *vtr* nie jest też spowodowana kumulatywnym efektem zeocyny i podwyższonego wewnątrzkomórkowego poziomu reaktywnych form tlenu (ROS) w tych szczepach (pomiar fluorescencji z użyciem DCFH-DA jako substratu wykazały podwyższenie ROS tylko u kilku szczepów *vtr*, u 5 spośród 49). Natomiast, w szczepach *vtr* wykazano liczne fenotypy związane z nieefektywną/błędą naprawą DNA. Ponad połowa szczepów *vtr* (25/49) wykazuje anomalie zawartości DNA genomowego (jak wykazała cytometria przepływowa), nie jest zdolna do skutecznej naprawy uszkodzeń spowodowanych zeocyną (potwierdzone przez analizę migracji chromosomów drożdżowych w elektroforezie pulsacyjnej), oraz wykazuje zaburzenia naprawy pęknięć DNA na drodze rekombinacji homologicznej (w mikroskopii fluorescencyjnej widoczna kumulacja foci Rad52-YFP w analizowanych szczepach *vtr*). Otrzymane wyniki sugerują, że białka VTR uczestniczą w procesach przyczyniających się do zachowania stabilnego genomu.

Opis najważniejszych osiągnięć

Wykazano, że sprawny transport pęcherzykowy warunkuje stabilność genetyczną komórek drożdży poprzez: (1) obniżanie wewnątrzkomórkowego poziomu zeocyny (uczestniczą w tym produkty genów: *ANP1*, *VPS52*, *VPS63* i *HUR3*), (2) obniżanie wewnątrzkomórkowego poziomu ROS (z udziałem produktów genów: *LAS21*, *VPS33*, *ARF1*, *YPT6* i *CSH5*), (3) umożliwianie właściwego przebiegu naprawy DSB na drodze rekombinacji homologicznej (m. in. produkty genów: *VPS1*, *VPS3*, *VPS45*, *VPS51*, *VID22* czy *PEP12*).

Wykorzystanie uzyskanych wyników

Wyniki badań zostaną wykorzystane w publikacjach naukowych.

Publikacje

3593/A, 3768/A, 3769/A, 3770/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 Kempński, mgr Łukasz Rymer

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.

Opis realizowanych prac

Ad 1) Analizę funkcjonalną białka Hsp31p kontynuowano w kilku wątkach.

1. Regulacja ekspresji *HSP31*. Poszukiwano czynnika transkrypcyjnego odpowiedzialnego za wzrost poziomu ekspresji tego genu pod wpływem obecności wysokiego stężenia etanolu w pożywce. Odpowiedź komórki *S. cerevisiae* na stres etanolowy to zagadnienie o potencjalnym znaczeniu praktycznym, a jednocześnie, co zaskakujące, stosunkowo słabo poznane. Udział *HSP31* w tej odpowiedzi to istotna wskazówka do poznania roli produktu tego genu w komórce *S. cerevisiae*. Ponieważ żaden z wcześniej zidentyfikowanych czynników transkrypcyjnych regulujących ekspresję *HSP31* nie zarządza odpowiedzią tego genu na stres etanolowy poszukano potencjalnych kandydatów posługując się bazą YEASTRACT. Wśród wstępnie wytypowanych kilkudziesięciu czynników transkrypcyjnych znaleziono takie, których brak osłabia odpowiedź *HSP31* na stres etanolowy. Przy okazji, na podstawie danych całogenomowych ustalono, że *HSP31* należy do podzbioru genów (około 15% genomu) podlegających regulacji przez liczne czynniki transkrypcyjne.
2. Rola konserwowanej cysteiny Cys138 w białku Hsp31p. Ustalono, że w warunkach stresu oksydacyjnego poziom tego białka jest nieproporcjonalnie niski w stosunku do poziomu transkrypcji kodującego genu. Prawdopodobnie ulega ono utlenieniu i jest kierowane na drogę degradacji. Zastąpienie reszty aminokwasowej Cys138 alaniną stabilizuje Hsp31p, co wskazuje, że utlenieniu ulega właśnie ta reszta. Kontynuując ten wątek zbadamy wpływ usunięcia reszty cysteinowej na lokalizację wewnątrzkomórkową Hsp31p.
3. Lokalizacja wewnątrzkomórkowa Hsp31p. Ustalono, że w standardowych warunkach hodowli Hsp31p ma lokalizację cytoplazmatyczną. Pod wpływem stresu oksydacyjnego część białka znajduje się w strukturach drobinowych, których natura będzie przedmiotem dalszych badań.

Ad 2) Analiza nowej drogi importu białek do peroksysomów, zależnej od hipotetycznego sygnału importu - PTS3. Prowadzono ją w dwóch wątkach.

1. Poszukiwanie reszt aminokwasowych tworzących hipotetyczny sygnał PTS3 - domeny na powierzchni oksydazy acylo-CoA (Pox1p) oddziałującą z N-końcową częścią receptora – białka Pex5p. Stosując podejście dwuhybrydowe zidentyfikowano kilka reszt aminokwasowych, które choć rozlokowane w różnych miejscach łańcucha polipeptydowego, na modelu struktury trzeciorzędowej Pox1p znajdują się blisko siebie. Dalsza charakterystyka domeny oddziałującej z Pex5p jest kontynuowana.
2. Do tej pory znane są dwa białka *S. cerevisiae* importowane do peroksysomów drogą zależną od PTS3: Pox1p i Cat2p, czyli acetylotransferaza karnitynowa. Stosując chromatografię powinowactwa zidentyfikowano jeszcze jedno białko wiążące się z N-końcową częścią Pex5p. Jest to Fox2p, czyli enzym dwufunkcyjny. Wstępne eksperymenty z zastosowaniem fuzji tego białka z GFP sugerują, iż istotnie, import Fox2p do peroksysomów jest, przynajmniej częściowo, zależny od PTS3. Poszukiwanie dalszych białek importowanych tą drogą jest kontynuowane.

Opis najważniejszych osiągnięć

Ad 1) Wykazanie indukcji *HSP31* w warunkach stresu etanolowego sugerujące udział kodowanego białka w odpowiedzi na ten stres. Wykazanie, że w warunkach stresu oksydacyjnego Hsp31p zmienia lokalizację z jednorodnie cytoplazmatycznej na drobinową i prawdopodobnie ulega degradacji.

Ad 2) Identyfikacja reszt aminokwasowych tworzących hipotetyczny sygnał PTS3, oraz nowego białka, Fox2p, którego import prawdopodobnie zależy od tego sygnału.

Wykorzystanie uzyskanych wyników

Wyniki badań zostaną wykorzystane w publikacjach naukowych.

Publikacje

4885, 3593/A, 3768/A, 3769/A, 3770/A

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

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

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

Cel badania

Celem badań jest ocena w jaki sposób obserwowana fluktuacja abiotycznych składowych badanego środowiska wywołana ocieplaniem klimatu w rejonie Antarktyki Zachodniej powoduje destabilizację struktury i funkcjonowania zarówno lądowych, jak i morskich zespołów roślinnych oraz zwierzęcych.

Opis realizowanych prac

Badaniami objęte są 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 lęgowych trzech gatunków pingwinów oraz innych gniazdujących ptaków morskich. Zbadano liczebność oraz strukturę wiekową ssaków pętlonogich na terenach badawczych i dane porównano z danymi archiwalnymi.

Określono presję 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, oraz zasięg, żywotność i ewentualne cechy preadaptacyjne do warunków polarnych i ryzyko inwazji. Przeprowadzono badania morfologiczne, genetyczne i epigenetyczne *Poa annua* i przeprowadzono analizę banku nasion w glebie tego gatunku na stanowiskach antropogenicznych.

Opis najważniejszych osiągnięć

1. Zaobserwowano drastyczny spadek liczebności populacji *P. antarcticus* i *P. adeliae*, drapieżników których główny składnik diety stanowi kryl. Przyczyny upatruje się w zmianie warunków żywieniowych w okolicach Półwyspu Antarktycznego, ograniczonego dostępu do bazy pokarmowej, kurczenie się zasięgu morskiej pokrywy lodowej, co za tym idzie ławic kryla na skutek zmian klimatycznych.
2. Zbadano potencjalne wektory i źródła introdukcji gatunków obcych.
3. Przeanalizowano zmienność genetyczną i morfologiczną dwóch populacji *P. annua* z centrum jej naturalnego zasięgu i spoza niego, oraz przebadano bank nasion w glebie tego gatunku na stanowiskach antropogenicznych.

Wykorzystanie uzyskanych wyników

Wyniki badań nad wielkością i kondycją populacji ssaków i ptaków morskich, tzw. gatunków wskaźnikowych zasilą międzynarodową bazę danych Konwencja o Zachowaniu Żywych Zasobów Morskich Antarktyki i posłużą do wyznaczenia limitów kwot połowowych dla gatunków komercyjnych pozyskiwanych w Oceanie Południowym. Prowadzone badania pozwalają na badanie procesu inwazji biologicznej w początkowym jej stadium, pozwala również na badanie mechanizmów adaptacji do nowych warunków środowiskowych.

Publikacje

4895, 4924, 4860, 4921, 4998, 4999, 3576/A, 3577/A, 3578/A, 3586/A

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

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

Cel badania

1. Ocena różnorodności zimnolubnych mikroorganizmów w badanych siedliskach biomu polarnego, w oparciu o charakterystykę morfo-fizjologiczną i taksonomiczną izolowanych szczepów.
2. Identyfikacja cech zimnolubnych szczepów mikroorganizmów o potencjale wskazującym na ich przydatność biotechnologiczną.

Opis realizowanych prac

W roku 2014 kontynuowano wyodrębnianie nowych mikroorganizmów z zebranych materiałów (guano ptaków, gleby postglacjalne i ornitogenne, cieki i zbiorniki lądowe, lód lodowcowy), odpowiednio zabezpieczonych i przywiezionych przez autorów sprawozdania z 36 Wyprawy Antarktycznej (2011-2012) i z wyprawy arktycznej do Hornsundu (2013) oraz dodatkowo z materiałów zamówionych i zebranych w czasie kolejnej wyprawy do Stacji im. Henryka Arctowskiego. Izolacje szczepów prowadzono na różnych selektywnych i nieselektywnych podłożach w temperaturze nieprzekraczającej 4°C. Izolaty powoli zamrażano w płynnych kulturach z 20% glicerolem do temperatury -80°C. Wyodrębnione szczepy weszły w skład kolekcji IBB PAN. Taksonomicznie kolekcja składa się z czterech typów bakterii: Proteobacteria, Bacteroidetes, Actinobacteria i Firmicutes a najliczniejsze rodzaje to Polaromonas, Arthrobacter, Psychrobacter, Pseudomonas i Cryobacterium. Badania w oparciu o analizy morfo-fizjologiczne (przy użyciu systemów API i BIOLOG - we współpracy z Zakładem Biochemii Drobnoustrojów IBB) oraz taksonomiczne (metodą badania fragmentu genu 16S rDNA), wskazują na wysoką różnorodność wśród frakcji zimnolubnych bakterii zdolnych do wzrostu na sztucznych podłożach. Wśród grzybowej części kolekcji znajdują się drożdżo-podobne izolaty z rzędów Mrakia, Mrakiella, Leucosporidium i Cryptococcus należące do typu Basidiomycota. Inna część grzybowej kolekcji jest sukcesywnie przekazywana zespołowi genetycznej modyfikacji grzybów o znaczeniu biotechnologicznym i biokontrolnym w Pracowni Glikobiologii Grzybów, z którą kontynuujemy współpracę. Opiekę nad całą kolekcją szczepów sprawuje mgr Jakub Grzesiak.

Nasza kolekcja może być użyteczna zarówno dla rozszerzenia wiedzy o zimnolubnych bakteriach i grzybach jak i dla przemysłu. Izolaty można monitorować pod kątem wielu różnych właściwości jak np. między innymi: produkcji lub degradacji niektórych związków, poszukiwana unikalnych elementów genetycznych.

W ramach współpracy z Pracownią Badań Skażeń Radioaktywnych Środowiska Instytutu Fizyki Jądrowej PAN przygotowaliśmy odpowiednie próbki z prośbą o wykonanie oznaczeń i otrzymaliśmy wstępne wyniki badań poziomu izotopu Cs-137, wskazujące na dość wysokie wartości (48-399 Bq/kg suchej masy) w osadach z kriokonitów na lodowcach Ekologii i Baranowskiego. Sygnalizowane są ciekawe dane dotyczące pozostałych radionuklidów (Po-210, Pu-238,239,240, Am-241, U-234,238, Th-230,232). Obecność izotopów radioaktywnych w najbardziej aktywnym mikrobialnym siedlisku lodowcowym jakim są osady kriokonitowe wskazuje na potrzebę kontynuowania tego typu badań współpracy.

Opis najważniejszych osiągnięć

W oparciu o analizę taksonomiczną i funkcjonalną hodowalnej frakcji bakterii wykazano występowanie bogatej i zróżnicowanej mikrobiocenozy w różnorodnych siedliskach zimnego biomu – od skrajnie surowych warunków lodowcowych, ubogich w nutrieny do obfitujących w sole biogenne terenów lęgowych pingwinów. Obok wielu podobieństw polegających na występowaniu podobnych taksonów w skrajnie różniących się środowiskach, wykryto też wiele różnic w zdolnościach metabolicznych, świadczących o zdolnościach przystosowawczych mikroorganizmów do bytowania w zmiennych warunkach.

Wykorzystanie uzyskanych wyników

Szczepy bakterii z rodzaju Polaromonas i Variovorax, pochodzące z kolekcji szczepów IBB, są wykorzystywane w badaniach nad plazmidami we współpracy z Zakładem Genetyki Bakterii UW i Pracownią Sekwencjonowania DNA i Syntezy Oligonukleotydów.

Publikacje

4977, 4997, 3579/A, 3580/A, 3581/A, 3631/A

**SPRAWOZDANIE GRUPY MONITORINGUJĄCEJ OBSZAR CHRONIONY ASPA 151
SEZON 2013/2014**

Anna Gasek, Michał Świetlik

MONITORING PINGWINÓW

Szczegółowe obserwacje trzech gatunków pingwinów:

Pingwiny białobrewy (*Pygoscelis papua*), pingwiny białookie (*Pygoscelis adeliae*), pingwiny maskowe (*Pygoscelis antarcticus*):

1) Obrisy GPS kolonii pingwinów białookich (ADPE) i białobrewych (GEPE):

Dla kolonii i wszystkich podkolonii pingwinów białookich obrisy zrobiono trzykrotnie, dla pingwinów białobrewych wszystkie grupy lęgowe obrysowano dwukrotnie, trzeci raz zrobiono obrisy dla wybranych grup: AU, MF, KF, MO, GP.

Pingwiny białookie:

- główna kolonia LR na wierzchowinie skały Lions Rump – 5068 gniazd oraz 16 gniazd poza ścisłym obrębem kolonii tzw. „satelity”.
- 4 podkolonie:
 - Ana Galery – 115 gniazd
 - Ada Loop (nowa podkolonia) – 10 gniazd
 - Kaczor Feet (w grupie lęgowej pingwinów białobrewych) – 45 gniazd
 - Gosia Puzzle - Adelie Circle (przy grupie lęgowej pingwinów białobrewych) - 75 gniazd
- nieliczne, pojedyncze gniazda przy grupach lęgowych pingwinów białobrewych – 11 gniazd

Pingwiny białobrewy:

- niewielkie grupy lęgowe na wierzchowinie skały Lion's Rump oraz na morenach i wzgórzach – 35 grup lęgowych;
- stanowczo zwiększa się liczba gniazd na skale Lion's Rump, jedyna wcześniej grupa PB (4 gniazda w sezonie 2008/09), liczyła obecnie 141 gniazd;
- najliczniejsza grupa WE – 441 gniazd, niedaleko kolonii pingwinów białookich LR na skale Lion's Rump, grupa ta co roku się powiększa;
- ptaki nie założyły gniazd w grupach lęgowych RF, WR, EE-W istniejących w poprzednim sezonie;
- 2 grupy lęgowe (istniejące w poprzednich sezonach) powstały później i uwzględniono je w drugim zliczeniu gniazd (liczba gniazd w tych grupach AC-2, HO-4);
- nie zaistniało 11 grup lęgowych które pojawiały się w poprzednich pięciu sezonach;
- 2 grupy lęgowe wydzielone w poprzednim sezonie (OR, AU-UP), obecnie wliczono do innych grup, ponieważ nie stanowiły odrębnych wydzieleni;
- Grupa ES została wchłonięta przez grupę GP.

2) Zliczenia gniazd pingwinów:

trzykrotne zliczenie całkowitej liczby gniazd pingwinów białobrewych celem prześledzenia zmian kolonii w okresie inkubacji jaj i wylęgu piskląt:

- 5-7.11.2013: **3548 gniazd**
- 22-23.11.2013: **3349 gniazd (- 5,6%)**
- 7.12.2013: **3041 gniazd (- 14,3%)**

trzykrotne zliczenie całkowitej liczby gniazd pingwinów białookich (kolonia LR zliczona ze zdjęcia wykonanego z najwyższego punktu Lion's Rump):

- 4.11.2013: **5340 gniazd**
- 18.11.2013: **4702 gniazda (- 12,0%)**
- 2.12.2013: **4528 gniazd (- 15,2%)**

trzykrotne zliczenie całkowitej liczby gniazd pingwinów antarktycznych:

- 28.11.2013: **37 gniazd**
- 12.12.2013: **31 gniazd (- 16,2%)**
- 29.12.2013: **35 gniazd (-5,4%)**

całkowita liczba gniazd pingwinów dla ASPA-151 (podczas pierwszego zliczania):

- ADPE = 5340 gniazd,
- GEPE = 3548 gniazd,
- CHPE = 37 gniazd

Szczegółowe dane monitoringu załączono jako osobne załączniki w plikach

3) Pomiary i ważenie jaj pingwinów białookich i białobrewych

Dla każdego gatunku wykonano 100 pomiarów w 50 gniazdach zawierających dwa jaja. U pingwinów białookich wytypowano 40 gniazd w kolonii LR oraz po pięć gniazd w podkoloniach KF i GP-AC. Dla pingwinów białobrewych wyznaczono 17 grup lęgowych w różnych częściach kolonii, w każdej grupie dokonano pomiarów w trzech gniazdach.

ADPE

DATA	ŚREDNIA DŁUGOŚĆ JAJ		ŚREDNIA SZEROKOŚĆ JAJ		ŚREDNIA WAGA JAJ		ŚREDNIA OBJĘTOŚĆ JAJ	
18.11.2013	E1	69,18	E1	54,07	E1	107,88	E1	104,06
	E2	68,29	E2	52,88	E2	101,12	E2	98,15

GEPE

DATA	ŚREDNIA DŁUGOŚĆ JAJ		ŚREDNIA SZEROKOŚĆ JAJ		ŚREDNIA WAGA JAJ		ŚREDNIA OBJĘTOŚĆ JAJ	
19.11.2013	E1	68,32	E1	57,23	E1	116,46	E1	114,73
	E2	67,62	E2	56,61	E2	111,82	E2	111,17

Szczegółowe dane monitoringu załączono jako osobne załączniki w plikach

4) Zliczenia liczby piskląt pingwinów (zliczanie ze zdjęcia-panoramy zrobionego z najwyższego punktu Lion's Rump, zliczanie ręczne oraz techniką rozdzielania większych koloni na grupy, fotografowanie grup piskląt i zliczanie liczby piskląt ze zdjęć), dla pingwinów białookich zliczenie przeprowadzono 7.01.2014, dla pingwinów białobrewych, 11-12.01.2014 r., dla pingwinów antarktycznych 1.02.2014 r.

- ADPE = 6001(sukces lęgowy – 1,12)
- GEPE = 3583 (sukces lęgowy – 1,01)
- CHPE = 33 (sukces lęgowy – 0,89)

Szczegółowe dane monitoringu załączono jako osobne załączniki w plikach

5) Pomiary wagi młodych pingwinów

- Wykonano 200 pomiarów przepierzonych pingwinów białookich w dniach 21-23.01.2014 r.
- najniższa waga 2500 g
- najwyższa waga 4400 g
- średnia waga jednego pingwina 3285,5 g

Wykonano 200 pomiarów pingwinów białobrewych jeszcze w puchu, w dniach 26-28.01.2014 r.

- najniższa waga 3000 g
- najwyższa waga 6200 g
- średnia waga jednego pingwina 4962,8 g

Szczegółowe dane monitoringu załączono jako osobne załączniki w plikach

6) Szczegółowy monitoring gniazdujących pingwinów z obrączkami (1.11.2013 – 8.03.2014):

Stwierdzono gniazdowanie 6 pingwinów z oznaczeniami (4 pingwiny białookie i 2 pingwiny białobrewe). Gniazda ptaków obserwowano prawie codziennie, czasami dwa razy w ciągu dnia, o różnych godzinach, notowano obecność na gnieździe oznakowanego ptaka lub jego partnera, sprawdzano stan gniazda. W razie utraty gniazda, notowano pojawienia się ptaków w kolonii lub grupie lęgowej. Obserwacje prowadzono również po okresie lęgowym.

- ADPE 29071 – „satelita” kolonii LR
- ADPE 68939 – podkolonia AG

- ADPE 69506 – północno zach. kraniec kolonii LR
 - ADPE 72338 – podkolonia GP-AC
 - GEPE W17643 – grupa lęgowa WE-A
 - GEPE W17699 – grupa lęgowa WE-A
- Szczegółowe dane monitoringu załączono jako osobne załączniki w plikach

MONITORING PTAKÓW LATAJĄCYCH

1) Zliczanie gniazd i koloni lęgowych, zaznaczanie na GPS oraz obserwacje jaj i piskląt

Mew dominikańskich (*Larus dominicanus*):

- 20 gniazd
- 25 jaj
- 14 piskląt

W ogólnej liczbie 20 gniazd uwzględniono 5 gniazd niedostępnych, które obserwowane były przez lornetkę (można obserwować pisklęta, ale nie można stwierdzić ile jaj jest w gnieździe).

Rybitw antarktycznych (*Sterna vittata*):

W sezonie 2013/2014 zanotowano ogółem 76 gniazd z 33 jajami i 1 pisklę.

Nad skałami Dominion obserwowano dużą grupę rybitw antarktycznych (ponad 50 ptaków):

- Farm Rock – 11 gniazd – 3 jaja
- Manor-House Rock – 17 gniazd – 16 jaj
- Granary Rock – 8 gniazd – 5 jaj
- Guard House Rock – 9 gniazd – 3 jaja
- House Rock – 15 gniazd – 6 jaj

Nad Potokiem bystrym obserwowano kilka par rybitw, znaleziono 8 gniazd, w jednym 1 jajo.

Na małej morenie na Glacier Bar gdzie obserwowano kilka par rybitw znaleziono 8 gniazd bez złożonych jaj.

1.01.2014 roku na House Rock wykluło się jedno pisklę, reszta gniazd była pusta.

13.01.2014 roku nie odnaleziono pisklęcia, chociaż zachowanie dorosłych ptaków świadczyło o jego obecności.

Petreli warcabników (*Daption capense*):

- 16.12.2013 – 47 gniazd
- 16.12.2013 – jaja w gniazdach możliwych do obserwacji
- 19.01.2014 – wylęły się pisklęta w gniazdach możliwych do obserwacji
- pisklęta upierzone i latające

Pochwodziobów białych (*Chionis alba*):

- 5 gniazd (gniazda ptaki zakładają w tych samych miejscach, w których były w latach poprzednich)
- 10 jaj
- 1 pisklę

Szczegółowe dane monitoringu załączono jako osobne załączniki w plikach

2) Monitoring wydrzyków, obejmujący obserwacje robione co 5 dni, dotyczące pojawiania się ptaków na terytoriach, terminów składania jaj i wylęgów piskląt

W sezonie 2013/2014 obserwowano 20 terytoriów wydrzyków oznaczonych w latach poprzednich:

- na nieużywanym od kilku sezonów terytorium 11 pojawiła się para wydrzyków oceanicznych
- na terytorium 17 i 15 pojawiał się pojedynczy ptak
- na 15 terytoriach ptaki nie założyły gniazd
- 5 par założyło gniazda (terytoria 1, 2, 3, 4, 7)
- w każdym gnieździe były 2 jaja
- 2 pary straciły gniazdo (terytoria 2, 4)
- 2 pary straciły 1 jajo, już po wylęgnięciu się pierwszego pisklęcia (terytoria 1,3)
- 1 para zachowała 2 jaja (terytorium 7)
- 26.11.2013 – pierwsze gniazdo
- 26.11 2013 – pojawiły się pierwsze jaja

- 31.12.2013 - wykluły się pierwsze pisklęta
- w 5 założonych gniazdach wykluły się 4 pisklęta
 - terytorium 1 – jedno pisklę
 - terytorium 3 – jedno pisklę
 - terytorium 7 – dwa pisklęta
- jeden ptak gniazdujący na terytorium 4 jest oznaczony obrączką, a 7 068374 - x
- na terytorium 18 pojawiły się nowe ptaki, jeden wydrzyk z obrączką A 63612 – x, HYB(SP), obserwowany na tym terytorium 7 razy.

Szczegółowe dane monitoringu załączono jako osobne załączniki w plikach

MONITORING OBCYCH GATUNKÓW PTAKÓW

Petrel śnieżny (*Pagodroma nivaea*)

- 8.11.2013 – jedna obserwacja 4 osobników

Petrel wielki (*Macronectes halli*)

- 19 obserwacji od 27.11.2013 do 11.03.2014 ptaki polowały i odpoczywały razem z petrelami olbrzymimi
- pierwszy raz ptaki pojawiły się gdy spod śniegu odsłoniły się martwe młode słonie morskie (27.11.2013), a następnie gdy do wody zaczęły schodzić młode pingwiny białookie (19.01.2014)

Pingwin (skocz) złotoczuby (*Eudyptes chrysolophus*):

- 5 obserwacji od 10.01.2014 do 17.01.2014
- obserwowano co najmniej 3 osobniki w różnym wieku

Pingwin królewski (*Aptenodytes patagonicus*)

Przez cały sezon obserwowano jednego lub parę ptaków, które dwa razy podjęły próbę lęgu 14.12.2013 i 31.01.2014. Pierwsza próba okazała się niepowodzeniem, jajo nie zostało umieszczone na nogach samca. Druga próba w początkowej fazie się powiodła, ptaki wysiadywały jajo do 17.03.2014, późniejsze obserwacje nie były prowadzone.

Szczegółowe dane monitoringu załączono jako osobne załączniki w plikach

NOTOWANIE PTAKÓW Z OBRĄCZKAMI

W sezonie 2013/2014 odnotowano 40 oznakowanych ptaków:

- 17 pingwinów białookich

4 zaobrączkowane pingwiny białookie założyły gniazda w kolonii LR

- 11 pingwinów białobrewych

2 zaobrączkowane pingwiny białobrewe założyły gniazda w grupie lęgowej WE-A

- pingwin białobrewy z numerem W 17968 obserwowany był przy grupie lęgowej WE-A, 11 razy
- 1 pingwin antarktyczny
- 1 wydrzyk oceaniczny
- 1 wydrzyk antarktyczny – ptak zakłada gniazdo na terytorium 4
- 7 wydrzyków-hybryd
- 2 pochwodzioby białe – ptaki mają gniazda na monitorowanym terenie

Szczegółowe dane monitoringu załączono jako osobne załączniki w plikach

NOTOWANIE NUMERÓW ZNALEZIONYCH OBRĄCZEK

W sezonie 2013/14 znaleziono dwa martwe ptaki z obrączkami:

- Mewa dominikańska D 069 – Lion's Rump
- Pingwin białooki 68897 KGI – Glacier Bar

MONITORING PŁETWONOGICH

1) Monitoring Zatoki Króla Jerzego: ASPA-151

- zaznaczenie haremów słoni morskich oraz ich struktury:
 - Pierwszą obserwację przeprowadzono 31.10.2013, zanotowano 3 haremy:

Harem nr 1, na odcinku plaży Glacier Bar (teren nie należy do ASPA – 151)

- 1 samiec dominujący, 5 samic, 4 młode
- Nie obserwowano nieżywych młodych

Harem nr 2, na odcinku plaży Hut Beach

- 1 samiec dominujący, 56 samic, 55 młodych
- w haremie samica z wymrożeniem ST 04
- odnotowano 3 nieżywe młode

Harem nr 3, na odcinku plaży Lions Rump

- 2 samce dominujące, 47 samic, 41 młodych
- zaobserwowano samicę z bliźniętami, samica karmiła również obcego młodego słonia
- odnotowano 13 nieżywych młodych, w tym również bliźnięta

Przeprowadzono 3 obserwacje do momentu rozpadu haremów 27.11.2013 r.

- zliczenia płetwonogich dla Lions Rump (co około 10 dni w okresie monitoringu), wraz z odcinkiem Glacier Bar i Calving Area (przy czole Lodowca Polonia), nie wchodzącymi w obszar strefy chronionej ASPA-151, w poniższej tabeli przedstawiono wyniki dla ASPA – 151, natomiast następną tabelą podsumowuje zliczenie dla całego cypla Lion's Rump. Dwa zliczenia, 5 i 14 marca zostały przeprowadzone dodatkowo, bez zachowania odstępu 10 dni.

ASPA – 151

D/M/Y	Elephant seal						Crabeater seal	Weddell seal	Leopard seal	Antarctic fur seal
	♂	♀	?	Suma dorosłych	Młode	Suma słoni				
31.10.2013	23	107	0	130	114	244	0	0	0	2
11.11.2013	28	47	17	92	134	226	0	1	1	0
20.11.2013	63	9	50	122	100	224	0	1	0	0
30.11.2013	146	8	93	247	97	344	0	0	0	0
10.12.2013	242	22	134	398	98	496	0	0	0	0
20.12.2013	197	18	221	436	41	477	0	3	0	0
30.12.2013	203	48	154	405	4	409	0	0	0	0
09.01.2014	211	91	77	379	0	379	0	0	0	2
19.01.2014	122	170	127	419	0	419	0	0	0	19
29.01.2014	39	96	222	357	0	357	0	0	0	210
08.02.2014	34	72	144	250	0	250	0	0	0	262
18.02.2014	51	49	57	157	0	157	0	0	0	1032
28.02.2014	65	31	45	141	0	141	0	0	0	831
05.03.2014	63	5	35	103	0	103	0	0	0	907
10.03.2014	77	7	33	117	0	117	0	1	0	961
14.03.2014	88	7	17	112	0	112	0	2	0	1176

Lion's Rump

D/M/Y	Elephant seal						Crabeater seal	Weddell seal	Leopard seal	Antarctic fur seal
	♂	♀	?	Suma dorosłych	Młode	Suma słoni				
31.10.2013	32	112	0	144	118	262	8	5	1	2
11.11.2013	46	50	20	116	144	258	2	1	1	0
20.11.2013	91	11	63	165	114	281	0	1	0	1

30.11.2013	195	12	118	325	126	451	0	0	0	0
10.12.2013	254	31	155	440	103	543	0	0	0	0
20.12.2013	227	24	240	491	48	539	0	3	0	0
30.12.2013	229	59	191	479	5	484	0	0	0	0
09.01.2014	221	101	89	411	0	411	0	1	0	2
19.01.2014	125	170	134	429	0	429	0	0	0	21
29.01.2014	40	96	223	359	0	359	0	2	0	258
08.02.2014	34	73	145	252	0	252	0	1	0	356
18.02.2014	58	54	58	170	0	170	0	0	0	1475
28.02.2014	66	31	46	143	0	143	0	0	0	883
05.03.2014	63	5	35	103	0	103	0	0	0	1005
10.03.2014	77	7	33	117	0	117	0	2	0	1196
14.03.2014	90	7	22	119	0	119	0	3	0	1424

Szczegółowe dane monitoringu załączono jako osobne załączniki w plikach

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

Odnotowano 12 oznakowanych zwierząt, które obserwowano na plażach Lion's Rump 42 razy:

- 2 samce
- 7 samic
- 3 osobniki o nieustalonej płci

Szczegółowe dane monitoringu załączono jako osobne załączniki w plikach

MONITORING SSAKÓW MORSKICH:

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

Od 17.11.2013 roku do 02.03.2014 roku zanotowano 55 pojawień wielorybów, w tym 34 dotyczyły bezpośrednio Zatoki Króla Jerzego, natomiast 21 obserwacji dotyczyło Cieśniny Bransfielda. Obserwowano głównie humbaki, natomiast w 6 przypadkach nie udało się rozpoznać gatunku. 17.01.2014 roku zaliczono 12 obserwacji wielorybów i stwierdzono rekordową liczbę 18 osobników dorosłych, 8 młodych oraz 2 nierozpoznane.

Szczegółowe dane monitoringu załączono jako osobne załączniki w plikach

ZEBRANIE PRÓB Z MARTWYCH PTAKÓW LATAJĄCYCH

pobrano pióra z częścią tkanki

- mewa dominikańska – Lion's Rump
- kormoran niebieskokoki – Glacier Bar

SPRAWOZDANIE Z MONITORINGU EKOLOGICZNEGO OBSZARU SPECJALNEJ OCHRONY NR 128 (ASP 128) W SEZONIE 2013/14

Bartosz Matuszczak

Wszystkie szczegółowe dane znajdują się w odpowiednich plikach EXCEL. Do sprawozdania dołączone zostały zdjęcia, oraz pliki shp. (obrysy kolonii pingwinów ArcGis)

MONITORING PINGWINÓW

Monitoring obejmował szczegółowe obserwacje 3 gatunków pingwinów gniazdujących na obszarze ASPA 128.

Pingwiny białobrewy (*Pygoscelis papua*), pingwiny białookie (*Pygoscelis adeliae*), pingwiny maskowe (*Pygoscelis antarctica*). Zakres monitoringu obejmował obrysy kolonii pingwinów za pomocą GPS-u, trzykrotne zliczanie pingwinów w koloniach, zliczanie piskląt w koloniach, pobieranie próbek guana od osobników dorosłych, dorosłych pierzających się oraz piskląt, obserwacja kluczowych dat (pojawienie się pierwszych pingwinów w obrębie kolonii, pojawienie się pierwszych złożonych jaj, data „piku jajecznego”, data wylęgu pierwszych piskląt, data formowania się żłobków) oraz obserwacje ewentualnych oznaczeń pingwinów.

Obrysy GIS

W sezonie 2013/2014 zostały wykonane obrysy kolonii pingwinów przy pomocy GPS MobilMapper Magellan w programie ArcPad. Obrysy obejmowały wszystkie grupy lęgowe we wszystkich koloniach pingwinów znajdujących się na obszarze ASPA 128. Wykonanie obrysu odbywało się jednorazowo dla każdej grupy lęgowej. Kolonia Pt. Thomas została obrysowana 3 razy w różnych terminach. Obrysy obejmowały kolonie Pt. Thomas, Patelnia Pt., Uchatka PT., Demay, oraz kolonie pingwinów Llano Point.

Wszystkie szczegółowe dane na temat plików GIS w osobnym folderze dołączonym do sprawozdania.

Zliczanie pingwinów dorosłych oraz piskląt

1. *Pygoscelis adeliae* – kolonia Pt. Thomas. Pingwiny Adeli w sezonie 2013/2014 utworzyły 10 grup lęgowych. Wszystkie szczegółowe dane, rezultaty trzykrotnego liczenia ptaków dorosłych oraz piskląt w żłobkach, znajdują się w plikach EXCEL. Łączna liczba gniazd podczas pierwszego liczenia wynosiła 4637 gniazd, podczas drugiego liczenia 4405 podczas trzeciego 4555. Liczba piskląt podczas zliczania w żłobkach wynosiła 5183 osobników.
2. *Pygoscelis papua*- kolonia Pt. Thomas. Pingwiny białobrewy w sezonie 2013/2014 utworzyły 5 grup lęgowych zlokalizowanych na 3 morenach. Utworzyły również 5 satelit (satelitą określamy grupę gniazd w znacznej odległości od kolonii, liczba gniazd w satelicie nie przekraczała 3 gniazd). Rezultat trzykrotnego zliczania osobników dorosłych oraz piskląt w żłobkach, znajdują się w plikach EXCEL. Łączna liczba gniazd podczas pierwszego liczenia wynosiła 158 gniazd. Podczas drugiego liczenia 82 gniazda przy czym grupy lęgowe D oraz E przestały istnieć, podczas trzeciego liczenia liczba gniazd wynosiła 42 przy czym zostały się jedynie 3 grupy lęgowe A, B oraz C. Kolonia doczekała się jedynie 13 pisklątów.
3. *Pygoscelis antarcticus*- pingwiny maskowe zlokalizowane w czterech koloniach. Pt. Thomas, Paradise Cove, Uchatka Point, Patelnia. Zliczanie pingwinów dorosłych oraz piskląt w koloniach Paradise Cove, Uchatka Point oraz Patelnia odbywało się raz. Kolonia Pt. Thomas monitorowana była 3 razy. Pingwiny utworzyły łącznie 10 grup lęgowych. Szczegółowe dane oraz rozlokowanie grup lęgowych w poszczególnych koloniach, znajdują się w plikach EXCEL. Łączna liczba gniazd podczas liczenia wyniosła 897 gniazd. Łączna liczba piskląt wyniosła 742 osobniki, przy czym w koloniach Pt. Thomas oraz Paradise Cove nie doczekano się żadnego pisklaka.

Kluczowe daty

Daty zaobserwowania największej ilości gniazd ze złożonymi jajami rok 2013.

- Pingwiny Adeli – 8.11.2013
- Pingwiny białobrewy – 13.11.2013
- Pingwiny maskowe – 21 -22.11.2013

Daty wylęgu piskląt rok 2013

- Pingwiny Adeli – 24.11.2013
- Pingwiny białobrewy – 30.11.2013
- Pingwiny maskowe – 20.12.2013

Daty formowania się żłobków rok 2013/2014

- Pingwiny Adeli – 27.12.2013
- Pingwiny białobrewy – 03.01.2013
- Pingwiny maskowe – 19.01.2014

Data przybycia na pingwinisko rok 2014

- Pingwiny Adeli – 10.09.2014
- Pingwiny białobrewy – 20.09.2014
- Pingwiny maskowe – brak danych.

Daty pojawienia się pierwszych jaj w gniazdach rok 2014

- Pingwiny Adeli- 21.10.2014
- Pingwiny białobrewy- brak danych
- Pingwiny maskowe- brak danych

MONITORING GATUNKÓW OBCYCH

W sezonie 2013/14 zaobserwowano pojawienie się pięciu gatunków ptaków, które typowo nie występują w tym rejonie:

Petrel śnieżny (*Pagodroma nivea*)- zaobserwowanych zostało łącznie 23 osobniki (pojedynczo lub w małych grupkach) oraz jednorazowo duże stado liczące ok. 200 sztuk utrzymujące się na krach lodowych na Zatoce Bransfielda. Dаты obserwacji:

- 09.11.2013 – 1szt
- 14.11.2013 – 1szt
- 02.06.2014 – 05.06.2014 - 3szt
- 08.06.2014 – 2szt
- 11.06.2014 – 1szt
- 21.06.2014 – 1szt
- 29.06.2014 – 3szt
- 08.07.2014 – 3szt
- 21.07.2014 – 2szt
- 03.08.2014 – 2szt
- 30.08.2014 – stado ok. 200szt
- 12.09.2014 – 4szt

Pingwin złotoczuły (*Eudyptes chrysolophus*)- jednorazowa obserwacja na terenie kolonii pingwinów Adeli na Pt. Thomas. Przebywał w grupie lęgowej „F”. Później już się nie pojawiał. Data obserwacji

- 06.12.2014 – 1szt

Petrel wielki (*Macronectes hali*)- obserwowany jednorazowo w grupie z Petrelami olbrzymimi *Macronectes giganteus*. Data obserwacji

- 11.02.2014 – 1szt

Fulmar południowy (*Fulmarus glacialis*)- osobniki obserwowane dwukrotnie:

Osobnik widziany na Zatoce Bransfielda. Obserwacja z pontonu zodiak z dużej odległości. Data obserwacji:

- 02.01.2014 – 1szt

oraz na wysokości kolonii Pt. Thomas. Data obserwacji

- 12.09.2014 – 2szt

MONITORING KOLONII PETRELCA OLBRZYMIEGO

Monitoring obejmował kolonie Petrelca olbrzymiego (*Macronectes giganteus*) znajdującej się przy kolonii Pt. Thomas. Zakres prac to jednorazowe zliczanie gniazd ptaków oraz jednorazowe zliczanie piskląt. Zliczanie gniazd odbyło się 22.11.2013 i odnotowano łącznie 54 gniazda w tym 4 pojedyncze satelity. Zliczanie piskląt odbyło się 09.02.2014. Kolonia doczekała się łącznie 17 piskląt przy czym w gniazdach satelitarnych nie odnotowano żadnego pisklęcia.

Kolonia petrela olbrzymiego została jednorazowo obrysowana w programie ArcPad.

REJESTR OZNACZEŃ PTAKÓW LATAJĄCYCH ORAZ PINGWINÓW

Monitoring obejmował wszystkie ptaki pojawiające się na obszarze ASPA 128 posiadające oznaczenia w postaci obrączek. W sezonie 2013/2014 dokonano 173 obserwacji ptaków zaobraczkowanych. Gatunki zaobraczkowanych ptaków to – pingwiny Adeli, pingwiny białobrewy, pingwiny maskowe, wydrzyki subantarktyczne, antarktyczne oraz hybrydy obu gatunków, petrelce olbrzymie oraz pochwoziób żółtodzioby.

W przypadku trzech osobników nie udało się odczytać numeru. W sezonie 2013/14 znaleziono również jedną otwartą obrączkę która najprawdopodobniej spadła z nogi ptaka, dwie obrączki na osobnikach martwych oraz 2 nadajniki GPS zakładane do monitorowania pingwinów. Los osobników nieznany. Nie znaleziono szczątków zwierząt aby stwierdzić zgon osobników oznakowanych.

Szczegółowe informacje odnośnie miejsca, dat, numerów obrączek znajdują się w dołączanym pliku Excel (Rejestr oznaczeń ptaków ASPA 128 BM).

MONITORING WIELORYBÓW

Monitoring wielorybów obejmował obserwacje terenów zatoki Admiralicji, Zatoki Martel oraz Zatoki Ezcura. W sezonie 2013/2014 dokonano 52 wielorybów. Gatunkiem dominującym były Humbaki. Dokonano 43 obserwacji tego gatunku. Trzykrotnie nie udało się rozpoznać gatunku wielorybów. Trzykrotnie również odnotowano pojawienie się orek. Dokonano dwukrotnie obserwacji sejawali oraz jednorazowo minke. Dokładne dane odnośnie behawioru, dat wstępowania oraz liczebności znajdują się w osobnym pliku Excel dołączonym do sprawozdania.

REJESTR RUCHU TURYSTYCZNEGO NA STACJI H. ARCTOWSKIEGO

Stację antarktyczną im. H. Arctowskiego w sezonie 2013/2014 odwiedziło łącznie 21 statków. Podczas wizyt na brzegu odnotowano łącznie 1592 osób. Pierwszy statek wizytujący stację Arctowski pojawił się 10.11.2013r ostatni 09.04.2014r. podczas antarktycznej zimy stację Arctowski odwiedził jeden statek jednak przy tej wizycie żadna osoba nie zeszła na teren stacji. Szczegółowe dane na temat ruchu turystycznego w osobnym pliku Excel dołączonego do sprawozdania.

MONITORING SSAKÓW PŁETWONOGICH

Monitoring ssaków płetwonogich obejmował monitorowanie wielkości oraz zmian liczebności i struktury płciowej gatunków ssaków płetwonogich występujących na terenie ASPA 128. W skład gatunków objętych monitoringiem wchodziły takie gatunki jak słoń morski, foka Weddella, foka krabojad, lampart morski, uchotka antarktyczna. Metodyka monitoringu opierała się na obserwacjach odbywających się co 10 dni na całej długości przybrzeżnych obszarów ASPA 128. Prace wykonywane na potrzeby monitoringu to obserwacje zmian struktury haremów słoni morskich, obserwacje zmian liczebności wszystkich gatunków płetwonogich pojawiających się na terenie ASPA 128, notowanie ewentualnych oznaczeń ssaków płetwonogich, pobieranie próbek od martwych zwierząt. Prace opierały się na harmonogramie przewidującym monitorowanie wybrzeża co 10 dni jednakże termin ten w niektórych przypadkach ulegał zmianie ze względu na niekorzystne warunki atmosferyczne uniemożliwiające prace w terenie. Wszelkie dokładne dane na temat monitoringu zawarte są w odpowiednich plikach Excel załączonych do sprawozdania.

Haremy słoni morskich

Pierwszy monitoring haremów odbył się 07.11.2013r. struktura haremów jeszcze widoczna. Wielkość haremów stosunkowo niewielka. Na całej długości plaż ASPA 128 tylko trzy haremy. Podczas kolejnego monitoringu 22.11.2013r. nie stwierdzono struktur haremów.

Następnego sezonu (2014/2015) pierwsze haremy słoni pojawiły się 29.08.2014r. w oazach Blue Dyke III oraz Patelnia Point. 13.10.2014 powstał nowy harem w oazie Blue Dyke II. W oazie Blue Dyke III zaś wyodrębniły się dwa osobne Haremy. Podczas kolejnego monitoringu odbywającego się 19.10.2014r stwierdzono obecność trzech odrębnych haremów w oazie Blue Dyke III. Wszelkie dokładne dane na temat zmian liczebności w haremach oraz struktury płci znajdują się w adekwatnym pliku Excel dołączonym do sprawozdania.

Zliczanie ssaków płetwonogich występujących na obszarze ASPA 128

Tabela poniżej obrazuje liczebność ssaków płetwonogich oraz strukturę płci w przypadku słoni morskich. Wartości w tabelce odpowiadają sumie wszystkich zwierząt występujących na całym wybrzeżu danego dnia w którym odbył się monitoring plaż. Dokładne dane na temat monitoringu tj. liczebności zwierząt w poszczególnych odcinkach wybrzeża, warunkach atmosferycznych, ewentualnych przesunięciach w terminach w adekwatnym pliku Excel dołączonym do sprawozdania

Rejestr oznaczeń ssaków pętonogich występujących na obszarze ASPA 128 w sezonie 2013/2014

daty monitoringu	słoń morski						foka krabojad	foka Weddella			lampart morski	uchatka antarktyczna
	♂	♀	?	suma dorosłych	młode	suma słońi		dorośle	młode	suma Weddell		
07.11.2013	45	177		222	200	422	1	10		10		5
22.11.2013	57	138		195	246	441	4	3		3		
29.11.2013	104	104	1	209	227	436		6		6		
10.12.2013	221	60	117	399	152	551	1	3		3		1
23.12.2013	363	49	1	413	90	503		2	2	4		
03.01.2014	351	72		414	80	506		3		3		1
17.01.2014	382	161	8	543	6	549		7		7		12
29.01.2014	190	180	166	536	1	537		5	1	6		282
11.02.2014	183	185	19	389		389		1		1	1	439
23.02.2014	54	135	7	195		195		5		5		1289
08.03.2014	54	60		114		114		1		1		1985
21.03.2014	72	16	45	133		133		3		3		1384
31.03.2014	101	18	22	125		125						514
11.04.2014	96	28		124		124		5		5		127
22.04.2014	84	15	22	125		125		2		1		5
07.05.2014	102	27		129		129			1	1		29
19.05.2014	84	24		108		108		5		5		15
31.05.2014	71	23	4	98		98		2		2		28
08.06.2014	42	13		55		55						19
17.06.2014	33			42		42		1		1		23
29.06.2014	22	4	2	28		28	1	5		5		47
08.07.2014	12	6		18		18						10
19.07.2014	31	7	13	51		51		4		4		101
03.08.2014	12	2	1	15		15		3		3		42
18.08.2014	2	1		3		3		5		5		248
30.08.2014	1			1		1		2		2		731
15.09.2014	6			6		6		2		2		21
23.09.2014	6	3		9		9		6		6	23	12
28.09.2014	10	20	2	32	3	35						324
07.10.2014	17	112	2	131	30	161	2	7		7		5
13.10.2014	99	160		259	93	352	4			4		16
19.10.2014	125	203		328	135	463	1	5		5	4	11

Podczas prowadzonego monitoringu dokonano 27 obserwacji oznaczonych ssaków pętonogich. Wszystkie obserwacje dotyczą gatunku – słoń morski. W większości przypadków oznaczeniem był plastikowy klips w pętwie ogonowej. W niewielu przypadkach był to numer wymrożony na skórze zwierzęcia. Nie udało się zaobserwować oznaczeń u innych gatunków ssaków pętonogich. Wszelkie dokładne dane oraz dokumentacja fotograficzna poczynionych obserwacji w osobnym folderze traktującym na temat oznaczeń zwierząt pojawiających się na obszarze ASPA 128 podczas sezonu 2013/2014.

REJESTR POBRANYCH PRÓBEK BIOLOGICZNYCH

W trakcie trwania monitoringu w sezonie 2013/2014 udało się pozyskać 52 próbki biologiczne. W tym większość próbek pobranych od zwierząt padłych podczas trwania monitoringu lecz również próbek

guana pobieranych trzykrotnie od trzech gatunków pingwinów występujących na obszarze ASPA 128. Próbkę pobrane zostały zgodnie z ustaloną metodyką, następnie odpowiednio oznaczone i zapakowane zostały wysłane do Polski. Szczegółowy rejestr próbek znajduje się w odpowiednim dokumencie Word dołączonym do sprawozdania.

REJSTR OSÓB WIZYTUJĄCYCH ANTARKTYCZNY OBSZAR SPECJALNEJ OCHRONY NR 128 W SEZONIE 2013/2014.

W sezonie 2013/2014 obszar ASPA 128 wizytowano łącznie 253 razy. Obecność na terenie ASPA w większości spowodowane było prowadzonymi na tym terenie badaniami naukowymi. Wszystkie osoby wizytujące obszar specjalnej ochrony miały ważne pozwolenia na obecność na terenie obszaru chronionego. Wizyty odbywały się w różnych terminach wynikających z metodyki prowadzonych badań jak również w dużej mierze uzależnione były od warunków atmosferycznych często uniemożliwiających prowadzenie badań w terenie. Każda wizyta na terenie ASPA odbywała się zgodnie z przepisami traktującymi na temat osób przebywających na obszarze chronionym. Dokładne dane na temat liczby osób, celu wizyty oraz terminu znajdują się w osobnym pliku Excel dołączonym do sprawozdania.

Laboratorium Analiz Modyfikacji Genetycznych

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

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

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, pożywieniu i paszach.

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.

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 około 12000 reakcji, łącznie z opracowaniem metodyki analiz i projektowaniem starterów.

Publikacje

4942, 5014, 3638/A, 3714/A, 227/M

Pracowni Mikroskopii Konfokalnej i Fluorescencyjnej

Zespół: dr Anna Anielska-Mazur, dr Małgorzata Lichocka

W okresie sprawozdawczym 01.01.14 – 31.12.14, 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 315 godz. do samodzielnej pracy przez użytkowników, którzy przeszli szkolenie z obsługi mikroskopu fluorescencyjnego. Przeprowadzono szkolenie w trybie indywidualnym kolejnych 10 osób.

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

Mikroskop konfokalny Nikon C1 wykorzystano w wymiarze 354 godz. przez samodzielnych użytkowników po szkoleniu (25zł za godz.), w ramach usług mikroskopowych PMKiF dla pracowników IBB (50zł za godz) oraz jednostek zewnętrznych (80 zł netto).

Jednostki zewnętrzne korzystające z usług Pracowni w 2014r.:

1. Instytut Ogrodnictwa Zakład Genetyki, Hodowli i Biotechnologii Roślin Warzywnych w Skierniewicach.
2. Instytut Fizyki Jądrowej PAN w Krakowie

Prowadzono nadzór nad stanem technicznym mikroskopów i innego wyposażenia w PMKiF w celu nieprzerwanej funkcjonalności powierzonej pracowni. Bieżącą konserwację sprzętu mikroskopowego zlecono serwisowi PRECOPTIC, na podstawie zawartej umowy serwisowej.

Publikacje we współpracy z PMKiF 2014 r:

Publikacje

5016, 5017

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 2014 roku w Pracowni Analiz Mikromacierzy zakończono 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 w sumie ponad 200 mikromacierzy typu Gene Chip Human Genome U133 Plus 2.0 oraz typu GeneChip® Human Gene 2.0 ST. Następnie przeprowadzono analizę bioinformatyczną uzyskanych wyników przy użyciu oprogramowania Partek Genomics Suite i Ingenuity.

Zakończono realizację zlecenia otrzymanego z WUM na analizę mikromacierzową transkryptomu komórek ludzkich. W ramach zlecenia wykonano ponad 130 analiz typu Gene Chip Human Genome U133 Plus 2.0. Przeprowadzono analizę bioinformatyczną uzyskanych wyników przy użyciu oprogramowania Partek Genomics Suite i Ingenuity.

Przeprowadzono analizę bioinformatyczną danych uzyskanych z sekwencjonowania ludzkiego genomu na urządzeniu HiScan SQ przy użyciu zakupionej do Pracowni Analiz Mikromacierzy licencji Partek Flow.

Zespół pracowni zaangażowany był w realizację tematów statutowych: „Dynamika transkryptomu w normie i stresie” oraz „Udział struktur chromatynowych w regulacji transkrypcji genów”.

Wykorzystując sprzęt do analiz typu NGS: Ion Personal Genome Machine® (PGM™) System oraz Ion Proton™ System firmy Life Technologies, przeprowadzono analizy transkryptomu typu **RNA-seq** Arabidopsis, oraz badanie **lokalizacji nukleosomów** w roślinach dzikich i w mutantach histonowych Arabidopsis wykorzystując Ion Proton, a także wykonano wstępne analizy metagenomiczne oparte o sekwencjonowanie 16srRNA z użyciem Ion PGM.

Serwis Bakulowirusa

Zespół: dr hab. Ewa Szolajska, mgr Małgorzata Podsiadła-Białoskórska

W 2014 roku w pracowni nadprodukowano w komórkach owadzych (system Bac-To-Bac oraz FlashBac):

1. Białka ludzkie: FTO i kalmodulinę
2. Białko bakteryjne: Alk A *Pseudomonas putida*
3. Białka wirusowe:
 - białko podstawy pentonu adenowirusa,
 - białko podstawy pentonu adenowirusa zawierające epitopy białka M1 wirusa grypy,
 - hemaglutyninę wirusa ptasiej grypy w fuzji z N-końcowym fragmentem białka włókna adenowirusa oraz domeną trymerzacyjną.

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

W ramach działalności usługowej, dla zleceniodawców spoza IBB PAN nadprodukowano:

białko NCD *Drosophila melanogaster* dla Instytutu Biologii Doświadczalnej im M. Nenckiego.

Pracownia Hodowli Komórkowych

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

W 2014 roku w Pracowni kontynuowane były badania, prowadzone przez Zespoły Badawcze IBB PAN, dotyczące następujących zagadnień:

1. Badanie wpływu specyficznego RNA na poziom białek prozapalnych w fibroblastach ludzkich (dr Iwona Brodowska, grupa dr Urszuli Zielenkiewicz, Zakład Biochemii Drobnoustrojów).
2. 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).
3. Badania nad reduktazą poliprenolu SRD5A3 – analiza ekspresji genów, profilu białkowego i lipidowego w komórkach HEK i HeLa (dr Anna Buczkowska, Zakład Biochemii Lipidów).
4. Badanie wpływu jonów niklu(II) na linię nieśmiertelnionych keratynocytów ludzkich HaCaT (grupa prof. dr hab. Wojciecha Bala, Zakład Biofizyki).
5. Badania na nieśmiertelnionej linii komórkowej monocytów ludzkich THP-1 (próby uzyskania Monocyte-Derived Langerhans Cells).
6. Analiza zmian w mechanizmie aktywacji receptora RAGE pod wpływem fragmentu peptydu AB16-23 w komórkach linii bEnd.3 (dr Magdalena Kulma, grupa prof. dr hab. Michała Dadleza, Zakład Biofizyki).
7. Rola naprawy DNA i peroksydacja lipidów w stabilności genetycznej oraz w procesach starzenia komórkowego (grupa prof. dr hab. Barbary Tudek, Zakład Biologii Molekularnej).
8. 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).
9. Badanie homologów białka AlkB w komórkach kurzych na linii komórkowej DT 40 (grupa prof. dr hab. Elżbiety Grzesiuk, Zakład Biologii Molekularnej).
10. Badanie efektu antynowotworowego związków z grupy stilbenów i oksepin na wybranych nowotworowych liniach komórkowych (grupa prof. dr hab. Elżbiety Grzesiuk, Zakład Biologii Molekularnej).
11. Zastosowanie wirusopodobnej cząsteczki wektorowej – dodekahedronu adenowirusa jako wektora dla czynników o potencjalnym działaniu terapeutycznym (grupa dr hab. Ewy Szołajskiej, Zakład Biosyntezy Białka).
12. 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 Mutagenazy i Reperacji DNA).
13. Rola ubikwitynacji w regulacji ludzkiej polimerazy iota (dr Justyna McIntyre, Pracownia Mutagenazy i Reperacji DNA).
14. Analiza zawartości DNA genomowego delecyjnych szczepów drożdży *S. cerevisiae*. Badanie ich ploidalności, zmian zawartości DNA pod wpływem czynników genotoksycznych i ewentualnych zaburzeń cyklu komórkowego (mgr Izabela Brózda, mgr Paulina Adamus i dr Adrianna Skoneczna, Pracownia Mutagenazy i Reperacji DNA).
15. Badanie cyklu komórkowego w komórkach roślinnych (dr Adrianna Skoneczna, Pracownia Mutagenazy i Reperacji DNA).
16. Analiza ekspresji białek fluoryzujących w populacji komórek drożdży *S. cerevisiae* (dr Adrianna Skoneczna, mgr Justyna Kurdziel).
17. 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).
18. Analiza porównawcza poziomu wybranych białek w komórkach DT40 z wykorzystaniem cytometru przepływowego (grupa prof. Andrzeja Dziembowskiego, Pracownia Biologii RNA i Genomiki Funkcjonalnej).
19. 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).
20. 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, mgr Karolina Juchniewicz, dr Anna Trzemecka, dr Piotr Dzierzbicki

W 2014 roku ramach działalności usługowej dla IBB zsyntetyzowano 5 620 oligonukleotydów oraz zsekwencjonowano na aparatach ABI 3730 i ABI 3730 xl 18 820 matryc DNA, co przy średniej długości odczytu 850bp daje 15 997 000 zasad.

Dla 148 zleceniodawców spoza IBB zostały zrealizowane zamówienia na zsekwencjonowanie 38 500 matryc i zsyntetyzowano 18 883 oligonukleotydy.

Za pomocą sekwenatora genomowego Illumina MiSeq zsekwencjonowano dla IBB 69 genomów bakteryjnych, 24 genomy bakteriofagów, 12 plazmidów bakteryjnych i 7 próbek środowiskowych, uzyskując łącznie ok 22 GB par zasad. W ramach współpracy z jednostkami spoza Instytutu zsekwencjonowano: 20 genomów bakteryjnych, 85 plazmidów bakteryjnych, 3 genomy wirusowe, 2 genomy mitochondrialne i 1 genom algi otrzymując około 14 GB par zasad.

Dodatkowo w ramach przyznanych minigrantów wykonano 167 sekwencjonowań matryc DNA i 6700 reakcji analizy polimorfizmu.

Syntezy oligonukleotydów i sekwencjonowanie matryc wykonano dla następujących zakładów IBB:

		matryce	oligonukleotydy
1.	Zakład Genetyki	317	160
2.	Zakład Biochemii Drobnoustrojów	532	142
3.	Zakład Biosyntezy Białka	380	102
4.	Zakład Biochemii Roślin	495	217
5.	Zakład Biofizyki	600	620
6.	Zakład Biologii Molekularnej	790	135
7.	Zakład Genetyki UW	6 340	1 280
8.	Pracownia Mutagenyzy i Reperacji DNA	420	190
9.	Pracownia Glikobiologii Grzybów	110	120
10.	Pracownia Sekwencjonowania DNA	98	200
11.	Zakład Biochemii Lipidów	240	147
12.	Pracownia Biologii RNA i Genomiki Funkcjonalnej	8 498	2 307
		18 820	5 620

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

1.	Instytut Biologii Doświadczalnej im. M. Nenckiego
2.	Instytut Biocybernetyki i Inżynierii Biomedycznej PAN w Warszawie
3.	Instytut Biologii Medycznej PAN Łódź
4.	Instytut Biologii Ssaków PAN Białowieża
5.	Instytut Chemii Bioorganicznej PAN w Poznaniu
6.	Instytut Chemii Fizycznej PAN
7.	Instytut Dendrologii PAN w Kórniku
8.	Instytut Farmakologii PAN Kraków
9.	Instytut Genetyki Człowieka PAN - Poznań

10.	Instytut Genetyki i Hodowli Zwierząt PAN - Jastrzębiec
11.	Instytut Genetyki Roślin PAN w Poznaniu
12.	Instytut Immunologii i Terapii i Doświadczalnej PAN Wrocław
13.	Instytut Medycyny Doświadczalnej i Klinicznej PAN Warszawa
14.	Instytut Ochrony Przyrody PAN Kraków
15.	Instytut Parazytologii PAN Warszawa
16.	Instytut Podstawowych Problemów Techniki PAN Warszawa
17.	Instytut Rozrodu Zwierząt i Badań Żywności PAN w Olsztynie
18.	Zakład Ichtiobiologii i Gospodarki Rybackiej PAN - Gołysz
19.	Międzynarodowy Instytut Biologii Molekularnej i Komórkowej Warszawa
20.	Instytut Analiz Genetycznych Sp. z o.o. Warszawa
21.	Instytut Biotechnologii i Antybiotyków w Warszawie
22.	Instytut Badawczy Leśnictwa Sękocin Stary
23.	Instytut Biotechnologii Przemysłu Rolno-Spożywczego
24.	Instytut Chemii i Techniki Jądrowej Warszawa
25.	Instytut Fizjologii i Patologii Słuchu Warszawa
26.	Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin w Radzikowie
27.	Instytut Matki i Dziecka Warszawa
28.	Instytut Medycyny Pracy w Łodzi
29.	Instytut Medycyny Wsi im. Witolda Chodźki w Lublinie
30.	Instytut Ochrony Roślin PIB w Poznaniu
31.	Instytut Psychiatrii i Neurologii Warszawa
32.	Instytut Zootechniki PIB – Kraków
33.	Instytut Reumatologii Warszawa
34.	Instytut Włókien Naturalnych i Roślin Zielarskich Poznań
35.	Państwowy Instytut Weterynaryjny Puławy
36.	Wojskowy Instytut Higieny i Epidemiologii w Warszawie
37.	Narodowy Instytut Leków Warszawa
38.	Narodowy Instytut Zdrowia Publicznego - PZH Warszawa
39.	Uniwersytet Gdański
40.	Uniwersytet im. A. Mickiewicza w Poznaniu
41.	Uniwersytet Jagielloński Kraków
42.	Uniwersytet Jagielloński- Collegium Medicum Kraków
43.	Uniwersytet Jana Kochanowskiego Kielce
44.	Uniwersytet im. Kardynała Stefana Wyszyńskiego Warszawa
45.	Uniwersytet Kazimierza Wielkiego w Bydgoszczy
46.	Uniwersytet Łódzki
47.	Uniwersytet Marii Curie-Skłodowskiej Lublin
48.	Uniwersytet Mikoła Kopernika w Toruniu

49.	Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie
50.	Uniwersytet Przyrodniczy Poznań
51.	Uniwersytet Przyrodniczy Wrocław
52.	Uniwersytet Rolniczy Kraków
53.	Uniwersytet Rzeszowski
54.	Uniwersytet Szczeciński
55.	Uniwersytet Śląski Katowice
56.	Uniwersytet Technologiczno-Przyrodniczy w Bydgoszczy
57.	Uniwersytet Wrocławski
58.	Uniwersytet Warszawski
59.	Uniwersytet w Białymstoku
60.	Uniwersytet Warmińsko-Mazurski Olsztyn
61.	Uniwersytet Medyczny w Białymstoku
62.	Uniwersytet Medyczny Lublin
63.	Uniwersytet Medyczny Łódź
64.	Uniwersytet Medyczny Poznań
65.	Uniwersytet Medyczny Wrocław
66.	Gdański Uniwersytet Medyczny
67.	Pomorski Uniwersytet Medyczny Szczecin
68.	Śląski Uniwersytet Medyczny w Katowicach
69.	Warszawski Uniwersytet Medyczny
70.	Zachodniopomorski Uniwersytet Technologiczny w Szczecinie
71.	Politechnika Gdańska
72.	Politechnika Warszawska
73.	Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego Warszawa
74.	Lubuska Wyższa Szkoła Zdrowia Publicznego Zielona Góra
75.	Akademia im. J. Długosza w Częstochowie
76.	Akademia Wychowania Fizycznego w Poznaniu
77.	Centrum Badań DNA Sp. z o.o. Poznań
78.	Centrum Biologii Medycznej PAN w Łodzi
79.	Centrum Ekologii Człowieka Warszawa
80.	Centrum Medyczne Kształcenia Podyplomowego w Warszawie
81.	Centrum Onkologii Bydgoszcz
82.	Centrum Onkologii Warszawa
83.	Gdyńskie Centrum Innowacji
84.	Centralny Instytut Ochrony Pracy PIW Warszawa
85.	Agencja Bezpieczeństwa Wewnętrznego
86.	Wojewódzki Inspektorat Weterynarii z siedzibą w Krośnie
87.	Wojewódzki Inspektorat Weterynarii Opole

88.	Weterynaryjne Laboratorium Diagnostyczne Gietrzwałd
89.	Wojewódzka Stacja Sanitarno-Epidemiologiczna Bydgoszcz
90.	Wojewódzka Stacja Sanitarno-Epidemiologiczna w Rzeszowie
91.	Zakład Diagnostyki Medycznej Poznań
92.	Wojewódzki Inspektorat Weterynarii Siedlce
93.	Związek Międzygminnej Zatoki Puckiej Władysławowo
94.	Adamed Sp. z o.o. (Pieńków)
95.	AMICUS- fundacja Uniwersytet Mikołaja Kopernika
96.	Bioanalytic Gdańsk
97.	Bionicum Warszawa
98.	Bioton Warszawa
99.	Celther Polska Sp. z o.o. Zakroczym
100.	Clematis Pruszków
101.	Curiosity Diagnostics Warszawa
102.	Europejskie Regionalne Centrum Eko Hydrologii Łódź
103.	EURx sp. z o.o.
104.	Fundacja Bioedukacji Warszawa
105.	Genesis Polska Poznań
106.	Genet Reserch Sp. z o.o. Wrocław
107.	Genoplast Biochemical Pruszków
108.	Główny Inspektorat Jakości Handlowej Artykułów Rolno-Spożywczych Warszawa
109.	Izba Celna w Gdyni
110.	Klinika Niepłodności i Endokrynologii Rozrodu Poznań
111.	Krzysztof Kucharczyk – Techniki Elektroforetyczne
112.	Laboratorium Badań Genetycznych Sp. z o.o. Lublin
113.	Laboratorium Diagnostyki Molekularne Sp. z o.o. Wrocław
114.	Lubelskie Stowarzyszenie na Rzecz Przeciwdziałania Kamicy Moczowej w Lublinie
115.	MedGen -Warszawa
116.	Novazym Polska Poznań
117.	Oncogene Diagnostics Kraków
118.	Parco Tecnologico Padano Włochy
119.	Phage Consultans Gdańsk
120.	Proteon Pharma Ceuticals SA Łódź
121.	Rewlab Warszawa
122.	Rex Company Wrocław
123.	Regionalny Zarząd Gospodarki Wodnej W Krakowie
124.	Samodzielny Publiczny Centralny Szpital Kliniczny Warszawa
125.	Szpital Specjalistyczny w Brzozowie
126.	Studio Opracowań Przyrodniczych Warszawa

127.	Synevo Polska
128.	Vet-Lab Brudzew
129.	VitaGenum – Lublin

Środowiskowe Laboratorium Spektrometrii Mas

Zespół: prof. dr hab. Michał Dadlez, dr Magdalena Kaus-Dropek, 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, 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

Analizy proteomiczne i metabolomiczne

Opis realizowanych prac

Proteomiczne zastosowania tych analiz obejmują: 1) identyfikacje białek i ich modyfikacji potranslacyjnych (publ. 4907, 4946, 4981, 4991). 2) analizy ilościowe, albo w ujęciu globalnych analiz proteomiki różnicowej (publ. 4872, 4911, 4973, 4984), na przykład analizy globalne nitrozoproteomu w mysim modelu choroby Alzheimera (publ. 4973), proteomu mitochondrialnego w mysim modelu otyłości (4911), czy analizy związanych z wiekiem zmian proteomu moczu (4872), albo jako analizy celowane z użyciem techniki MRM (4904). 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. Na przykład analizy mobilności jonów pozwoliły wyodrębnić sygnały niekowalencyjnych oligomerów peptydu Abeta, związanego z chorobą Alzheimera, a także insuliny i jej analogów. Spośród prowadzonych projektów dotyczących badań strukturalnych białek (publ. 4896, 4962, 4988) można wymienić: mapowanie obszarów ustrukturuowanych przy tworzeniu kanałów błonowych przez perfringolizynę i jej mutanty (wsp. z prof. Z. Sobotą, Inst. Nenckiego, publ. 4988), analizę kooperatywności domen w endonukleazie DpnI (współpraca z prof. M. Bochtlerem, MIBMIK publ. 4962), określenie regionów vimentyny, oddziałujących w tetramerach i filamentach (wsp. z prof. H. Herrmanem, Germ. Cancer Res. Center, Heidelberg, Niemcy), miejsc oddziaływania domeny NBD1 białka CFTR z krotoksyną B (współpraca z prof. A. Edelmanem, Institut Necker, Paris), czy miejsca uchwytu potencjalnego leku w strukturze tubuliny.

Część laboratorium odpowiedzialna za analizy substancji niskocząsteczkowych kontynuowała niektóre projekty rozpoczęte w poprzednich latach jak: oznaczanie leków immunosupresyjnych i metabolitu leflunomidu (jako badanie diagnostyczne), witaminy D oraz tamoksifenu i jego metabolitów. W przypadku oznaczania witaminy D w 2014 r. zakończyliśmy pierwszy pełny cykl międzynarodowego programu porównań międzylaboratoryjnych DEQAS i jako pierwsze laboratorium w Polsce pracujące techniką LC/MS uzyskaliśmy certyfikat biegłości.

Nowe projekty rozpoczęte w 2014 roku to między innymi: 1. Oznaczanie hormonów steroidowych. 2. Oznaczanie N-tlenku trimetyloaminy (TMAO) w badaniach nad nadciśnieniem (4993) 3. Badania farmakodynamiczne 22 nowych potencjalnych leków we współpracy z firmą OncoArendi Therapeutics. 4. Oznaczanie wolnych kwasów tłuszczowych eikozapentaenowego (EPA) i dokozaheksaenowego (DHA) w krwi zwierząt laboratoryjnych na zlecenie firmy Alcresta. 5. Wdrożenie kitu do profilowania metabolicznego firmy Biocrates pozwalającego jednocześnie monitorować 186 kluczowych dla metabolizmu związków 6. Opracowanie metody oznaczania w materiale roślinnym kwasów: jasmonowego, abscysynowego i salicylowego 7. Opracowanie metody i oznaczanie asymetrycznej dimetyloargininy (ADMA) w dializatach CSF we współpracy z p. dr. Anną Czarnecką z IMDiK PAN

Opis najważniejszych osiągnięć

Fosfoproteomika białka Ana2 (4832). Analizy własności strukturalnych trudnych układów białkowych: perfringolizyna (4988), endonukleaza DpnI (4962), domeny NBD1 białka CFTR w oddziaływaniu z keratyną 8 i krotoksyną.

Publikacje

4872, 4896, 4907, 4911, 4933, 4946, 4962, 4973, 4981, 4984, 4988, 4904, 4991, 4993, 5008

Kolekcja Szczepów IBB PAN „COLIBB”

Zespół: prof. dr hab. Piotr Jonczyk, dr Karolina Makiela-Dzbeńska,

Utworzona w 2000 roku w Instytucie Biochemii i Biofizyki kolekcja plazmidów oraz szczepów bakteryjnych i drożdżowych COLIBB zawiera przede wszystkim szczepy i wektory skonstruowane przez pracowników i studentów IBB w ramach badań prowadzonych w Instytucie. Od roku 2012 zasoby kolekcji wzbogaciły się o podgrupę psychrofilnych szczepów Arktycznych i Antarktycznych.

Zasoby kolekcji dostępne są na stronie: <http://kolekcja.ibb.waw.pl>

Obecnie przechowujemy 3024 szczepów bakteryjnych, 3882 drożdżowych i 2242 plazmidów, 300 izolatów środowiskowych oraz 2092 szczepy psychrofilne.

Gatunki bakterii zdeponowane w kolekcji:

Escherichia coli

Lactococcus lactis

Lactococcus raffinola

Lactobacillus sp.

Lactobacillus paracasei

Lactobacillus casei

Streptococcus thermophilus

Bacillus subtilis

Lactococcus hordniae

Lactococcus raffinolactis

Lactococcus garvieae

Lactobacillus plantarum

Bifidobacterium longum

Salmonella typhimurium

Staphylococcus aureus

Gatunek drożdży zdeponowany w kolekcji:

Saccharomyces cerevisiae

Opiekunem kolekcji jest Karolina Makiela-Dzbeńska (tel.+48 22 592 1124, e-mail: kmakiela@ibb.waw.pl)

LISTA SEMINARIÓW PRACOWNIKÓW IBB PAN

21.01.2014

dr hab. Magdalena Krzymowska

(Pracownia Patogenezy Roślin, IBB PAN)

Molecular dialog between two ingenious opponents-plants and pathogenic bacteria.

28.01.2014

dr Justyna McIntyre

(Pracownia Mutagenozy i Reperacji DNA, IBB PAN)

Ubiquitin mediates the physical and functional interaction between human DNA polymerases η and ι .

18.02.2014

dr Sebastian Piłsyk

(Pracownia Glikobiologii Grzybów, IBB PAN)

Functional and molecular analysis of AstA sulfate transporters in fungi with respect to their pathogenic ability.

04.03.2014

mgr Michał Szalonek

(Pracownia Patogenezy Roślin, IBB PAN)

Investigations of the role of annexin 1 in potato (*Solanum tuberosum* L.) tolerance to drought.

11.03.2014

dr Tomasz Sarnowski

(Zakład Biosyntezy Białka, IBB PAN)

Remodeling chromatyny zależny od kompleksów SWI/SNF jako globalny regulator ekspresji genów u eukariontów.

18.03.2014

mgr Izabela Zawisza

(Zakład Biofizyki, IBB PAN)

Wpływ syntetycznych modyfikacji aminokwasów na kompleksowanie jonów metali i hydrolizę wiązania peptydowego.

15.04.2014

dr hab. Małgorzata Łobocka

(Zakład Biochemii Drobnoustrojów, IBB PAN)

Bacteriophage preparations for therapeutic purposes.

22.04.2014

mgr Paulina Jęcz

(Zakład Biochemii Drobnoustrojów, IBB PAN)

Chromosome segregation in *Pseudomonas aeruginosa*.

13.05.2014

mgr Piotr Kowalec

(Zakład Genetyki, IBB PAN)

Interaction between stromalin Irr1 and cytoplasmic protein Imi1 in *Saccharomyces cerevisiae*.

20.05.2014

mgr Anna Domańska

(Zakład Genetyki, IBB PAN)

Role of ubiquitin ligase Rsp5 in tRNA biogenesis in yeast.

27.05.2014

mgr Ewa Morawiec

(Zakład Genetyki, IBB PAN)

Coupling of RNA polymerase III activity and cell metabolism in yeast *Saccharomyces cerevisiae*.

03.06.2014

mgr Marta Maria Modzelan

(Zakład Biochemii Roślin, IBB PAN)

NudC Nudix hydrolase from *Pseudomonas syringae*, a novel regulator of intracellular redox balance required for growth, motility and biofilm formation.

10.06.2014

mgr Wojciech Goch

(Zakład Biofizyki, IBB PAN)

Numerical simulations of the impact of the stochastic noise on the A β amyloid aggregation.

24.06.2014

mgr Hubert Ludwiczak

(Zakład Biologii Molekularnej, IBB PAN)

PARP-1 in the pathogenesis of colon cancer.

07.10.2014

mgr Izabela Brózda

(Pracownia Mutagenozy i Reperacji DNA, IBB PAN)

Identification of genes responsible for cell protection against DNA double strand break stress induced by endonucleases overexpression in yeast *Saccharomyces cerevisiae*.

21.10.2014

mgr Aleksandra Siwaszek

(Pracownia Biologii RNA i Genomiki Funkcjonalnej, IBB PAN)

Functional and physical interactions between Mmi1 and the nuclear CCR4-NOT complex in *Schizosaccharomyces pombe*.

mgr Marta Ukleja

(Pracownia Biologii RNA i Genomiki Funkcjonalnej, IBB PAN)

Architecture of the CCR4-NOT complex from *Schizosaccharomyces pombe*, a multifunctional cellular machine.

28.10.2014

dr Anna Muszewska

(Zakład Biochemii Drobnoustrojów, IBB PAN)

Fungal genomes and ecology.

04.11.2014

dr Jacek Nowak

(Zakład Biosyntezy Białka, IBB PAN)

Transcriptional regulators specific for synthesis of non-coding RNAs in *Paramecium*.

18.11.2014

dr hab. Rafał Tomecki

(Pracownia Biologii RNA i Genomiki Funkcjonalnej, IBB PAN)

The RNA exosome complex - from basic research to potential practical applications.

Lista publikacji za 2014 rok

ARTYKUŁY 2014

4853

BUCZEK M., ESCUDIER B., BARTNIK E., SZCZYLIK C., CZARNECKA A.

Resistance to tyrosine kinase inhibitors in clear cell renal cell carcinoma: From the patient's bed to molecular mechanisms.

Biochimica et Biophysica Acta - Reviews on Cancer (2014) 1845(1): 31-41

IF 7.584

4854

DZIAMAN T., BANASZKIEWICZ Z., ROSZKOWSKI K., GACKOWSKI D., WIŚNIEWSKA E., ROZALSKI R., FOKSINSKI M., SIOMEK A., SPEINA E., WINCZURA A., MARSZAŁEK A., TUDEK B., OLIŃSKI R.

8-Oxo-7,8-dihydroguanine and uric acid as efficient predictors of survival in colon cancer patients.

International Journal of Cancer (2014) 134(2): 376-383

IF 5.007

4855

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

NMR structural studies of the first catalytic half-domain of ubiquitin activating enzyme.

Journal of Structural Biology (2014) 185(1): 69-78

IF 3.369

4856

KHAN M. I., BIELECKA Z.F., NAJM M.Z., BARTNIK E., CZARNECKI J.S., CZARNECKA A.M., SZCZYLIK C.

Vitamin D receptor gene polymorphisms in breast and renal cancer: Current state and future approaches (Review).

International Journal of Oncology (2014) 44(2): 349-363

IF 2.773

4857

DOBROWOLSKI M.A., GARBARINO G., MEZOUAR M., CIESIELSKI A., CYRAŃSKI M.K.

Structural diversities of charge transfer organic complexes. Focus on benzenoid hydrocarbons and 7,7,8,8-tetracyanoquinodimethane.

CrystEngComm (2014) 16: 415-429

IF 3.858

4858

SZWED M., MATUSIAK A., LAROCHE-CLARY A., ROBERT J., MARSZAŁEK I., JÓŹWIAK Z.

Transferrin as a drug carrier: Cytotoxicity, cellular uptake and transport kinetics of doxorubicin transferrin conjugate in the human leukemia cells.

Toxicology in Vitro (2014) 28(2): 187-197

IF 3.207

4859

RADOMSKI J.P., PŁOŃSKI P., ZAGÓRSKI-OSTOJA W.

The hemagglutinin mutation E391K of pandemic 2009 influenza revisited.

Molecular Phylogenetics and Evolution (2014) 70: 29-36

IF 4.018

4860

SCHLOSS I.R., WASILOWSKA A., DUMONT D., ALMANDOZ G.O., HERNANDO M.P., MICHAUD-TREMBLAY C.-A., SARAVIA L., RZEPECKI M., MONIEN P., MONIEN D., KOPCZYŃSKA E.E., BERS A.V., FERREYRA G.A.

On the phytoplankton bloom in coastal waters of southern King George Island (Antarctica) in January 2010: An exceptional feature?

Limnology and Oceanography (2014) 59(1): 195-2010

IF 3.615

4861

ZIENTARA-RYTTER K., SIRKO A.

Significant role of PB1 and UBA domains in multimerization of Joka2, a selective autophagy cargo receptor from tobacco.

Frontiers in Plant Science (2014), doi: 10.3389/fpls.2014.00013 (13p.)

IF 3.637

4862

BARTOSIK A.A., GŁĄBSKI K., JELCZ P., MIKULSKA S., FOGTMAN A., KOBLOWSKA M., JAGURA-BURDZY G.

Transcriptional profiling of ParA and ParB mutants in actively dividing cells of an opportunistic human pathogen *Pseudomonas aeruginosa*.

PLOS ONE (2014) 9(1): e87276 (16p.)

IF 3.534

4863

TOMECKI R., DRAŹKOWSKA K., KUCIŃSKI I., STODUŚ K., SZCZĘSNY R.J., GRUCHOTA J., OWCZAREK E.P., KALISIAK K., DZIEMBOWSKI A.

Multiple myeloma-associated *hDIS3* mutations cause perturbations in cellular RNA metabolism and suggest hDIS3 PIN domain as a potential drug target.

Nucleic Acids Research (2014) 42(2): 1270-1290

IF 8.808

4864

MICHIELSE C.B., PFANNMÜLLER A., MACIOS M., RENGERS P., DZIKOWSKA A., TUDZYŃSKI B.

The interplay between the GATA transcription factors AreA, the global nitrogen regulator and AreB in *Fusarium fujikuroi*.

Molecular Microbiology (2014) 91(3): 472-493

IF 5.026

4865

PANAGIOTOPOULOU H., BACA M., POPOVIC D., WĘGLEŃSKI P., STANKOVIC A.

A PCR-RFLP based test for distinguishing European and Atlantic sturgeons.

Journal of Applied Ichthyology (2014) 30(1): 14-17

IF 0.903

4866

WEZYNFELD N.E., GOCH W., BAL W., FRĄCZYK T.

cis-Urocanic acid as a potential nickel(II) binding molecule in the human skin.

Dalton Transactions (2014) 43: 3196-3201

IF 4.097

4867

SEGATTO M., MANDUCA A., LECIS C., ROSSO P., JÓŹWIAK A., ŚWIEŻEWSKA E., MORENO S., TREZZA V., PALLOTTINI V.

Simvastatin treatment highlights a new role for the isoprenoid/cholesterol biosynthetic pathway in the modulation of emotional reactivity and cognitive performance in rats.

Neuropsychopharmacology (2014) 39(4): 841-854

IF 7.833

4868

GRABOWSKA I., STACHYRA A., GÓRA-SOCHACKA A., SIRKO A., OLEJNICZAK A.B., LEŚNIKOWSKI Z.J., RADECKI J., RADECKA H.

DNA probe modified with 3-iron bis(dicarbollide) for electrochemical determination of DNA sequence of Avian Influenza Virus H5N1.

Biosensors and Bioelectronics (2014) 51: 170-176

IF 6.451

4869

GODLEWSKA M., GÓRA M., BUCKLE A.M., PORĘBSKI B.T., KEMP E.H., SUTTON B.J., CZARNOCKA B., BANGA J.P.

A redundant role of human thyroid peroxidase propeptide for cellular, enzymatic, and immunological activity.

Thyroid (2014) 24(2): 371-82

IF 3.843

4870

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

Effect of dNTP pool alterations on fidelity of leading and lagging strand DNA replication in *E. coli*.

Mutation Research/Fundamental and Molecular Mechanisms of Mutagenesis (2014) 759: 22-28

IF 4.440

4871

SURMACZ L., PŁOCHOCKA D., KANIA M., DANIKIEWICZ W., ŚWIEŻEWSKA E.

cis-Prenyltransferase AtCPT6 produces a family of very short-chain polyisoprenoids in planta.

Biochimica et Biophysica Acta (BBA) - Molecular and Cell Biology of Lipids (2014) 1841(2): 240-250

IF 4.495

4872

BAKUN M., SENATORSKI G., RUBEL T., ŁUKASIK A., ZIELENKIEWICZ P., DADLEZ M., PĄCZEK L.

Urine proteomes of healthy aging humans reveal extracellular matrix (ECM) alterations and immune system dysfunction.

AGE (2014) 36(1): 299-311

IF 3.445

4873

BAEBLER Š., WITEK K., PETEK M., STARE K., TUŠEK-ŽNIDARIČ M., POMPE-NOVAK M., RENAUT J., SZAJKO K., STRZELCZYK-ŻYTA D., MARCZEWSKI W., MORGIEWICZ K., GRUDEN K., HENNIG J.

Salicylic acid is an indispensable component of the *Ny-1* resistance-gene-mediated response against *Potato virus Y* infection in potato.

Journal of Experimental Botany (2014) 65(4): 1095-1109

IF 5.794

4874

VERCRUYSEN L., VERKEST A., GONZALEZ N., HEYNDRICKX K.S., EECKHOUT D., HAN S-K., JÉGU T., ARCHACKI R., VAN LEENE J., ANDRIANKAJA M., DE BODT S., ABEEL T., COPPENS F., DHONDT S., DE MILDE L., VERMEERSCH M., MALEUX K., GAVAERT K., JERZMANOWSKI A.J., BENHAMED M., WAGNER D., VENDEPOELE K., DE JAEGER G., INZÉ D.

ANGUSTIFOLIA3 binds to SWI/SNF chromatin remodeling complexes to regulate transcription during *Arabidopsis* leaf development.

The Plant Cell (2014) 26(1): 210-229

IF 9.575

4875

GUZEK D., GŁĄBSKA D., LANGE E., GŁĄBSKI K., WIERZBICKA A.

Study of beef blade muscles' differentiation depending on conformation and fat class.

Turkish Journal of Veterinary and Animal Science (2014) 38(2): 195-199

IF 0.316

4876

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

Mitochondrial encephalomyopathy: towards diagnosis. A case report.

Neurologia i Neurochirurgia Polska (2014) 48(1): 76-80

IF 0.537

4877

BRZOZOWSKA I., ZIELENKIEWICZ U.

The ClpXP protease is responsible for the degradation of the Epsilon antidote to the Zeta toxin of the Streptococcal pSM19035 plasmid.

Journal of Biological Chemistry (2014) 289(11): 7514-7523

IF 4.600

4878

STACHYRA A., GÓRA-SOCHACKA A., SAWICKA R., FLORYS K., SĄCZYŃSKA V., OLSZEWSKA M., PIKUŁA A., ŚMIETANKA K., MINTA Z., SZEWCZYK B., ZAGÓRSKI-OSTOJA W., SIRKO A.

Highly immunogenic prime-boost DNA vaccination protects chickens against challenge with homologous and heterologous H5N1 virus.

Trials in Vaccinology (2014) 3: 40-46

4879

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

Factors and processes modulating phenotypes in neuronopathic lysosomal storage diseases.

Metabolic Brain Disease (2014) 29(1): 1-8

IF 2.398

4880

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

Bacteriophage T4 can produce progeny virions in extremely slowly growing *Escherichia coli* host: comparison of a mathematical model with the experimental data.

FEMS Microbiology Letters (2014) 351(2): 156-161

IF 2.723

4881

TOCZYŁOWSKA B., ZIEMIŃSKA E., GOCH G., MILEJ D., GEREGA A., LIEBERT A.

Neurotoxic effects of indocyanine green -cerebellar granule cell culture viability study.

Biomedical Optics Express (2014) 5(3): 800-816

IF 3.497

4882

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

Genome sequence of the probiotic strain *Lactobacillus rhamnosus* (formerly *Lactobacillus casei*) LOCK908.

Genome Announcements (2014) 2(1): e00120-14 (2p.), doi:10.1128/genomeA.00120-14

4883

BAZELA K., SOŁYGA-ŻUREK A., DEBOWSKA R., ROGIEWICZ K., BARTNIK E., ERIS I.

L-Ergothioneine protects skin cells against UV-induced damage - a preliminary study.

Cosmetics (2014) 1(1): 51-60

4884

SZCZEPIŃSKA T., KUTNER J., KOPCZYŃSKI M., PAWŁOWSKI K., DZIEMBOWSKI A., KUDLICKI A., GINALSKI K., ROWICKA M.

Probabilistic approach to predicting substrate specificity of methyltransferases.

PLOS Computational Biology (2014) 10(3): e1003514 (10 p.), doi:10.1371/journal.pcbi.1003514

IF 4.829

4885

SIEŃKO M., NATORFF R., SKONECZNY M., KRUSZEWSKA J.S., PASZEWSKI A., BRZYWCZY J.

Regulatory mutations affecting sulfur metabolism induce environmental stress response in *Aspergillus nidulans*.

Fungal Genetics and Biology (2014) 65: 37-47

IF 3.262

4886

GRABOWSKA I., SINGLETON D.G., STACHYRA A., GÓRA-SOCHACKA A., SIRKO A., ZAGÓRSKI-OSTOJA W., RADECKA H., STULZ E., RADECKI J.

A highly sensitive electrochemical genosensors based on Co-porphyrin-labelled DNA.

Chemical Communications (2014) 50(32): 4196-4199

IF 6.718

4887

JOLDYBAYEVA B., PROROK P., GRIN I.R., ZHARKOV D.O., ISHENKO A.A., TUDEK B., BISSENBAEV A.K., SAPARBAEV M.K.

Cloning and characterization of a wheat homologue of apurinic/apyrimidinic endonuclease Ape1L.

PLOS ONE (2014) 9(3): e92963 (12 p.), doi:10.1371/journal.pone.0092963

IF 3.534

4888

FLIS S., GNYSZKA A., FLIS K.

DNA methyltransferase inhibitors improve the effect of chemotherapeutic agents in SW48 and HT-29 colorectal cancer cells.

PLOS ONE (2014) 9(3): e92305, doi:10.1371/journal.pone.0092305

IF 3.534

4889

FERENC K., PIETRZAK M., GODLEWSKI M.M., PIWOWARSKI J., KILIAŃCZYK R., GUILLOTEAU P., ZABIELSKI R.

Intrauterine growth retarded piglet as a model for humans - Studies on the perinatal development of the gut structure and function.

Reproductive Biology (2014) 14(1): 51-60

IF 1.048

4890

WÓJCIKOWSKI M., ZIELENKIEWICZ P., SIEDLECKI P.

DiSCuS: an open platform for (not only) virtual screening results management.

Journal of Chemical Information and Modeling (2014) 54(1): 347-354

IF 4.068

4891

PŁOCIŃSKI P., LAUBITZ D., CYSEWSKI D., STODUŚ K., KOWALSKA K., DZIEMBOWSKI A.

Identification of protein partners in mycobacteria using a single-step affinity purification method.

PLOS ONE (2014) 9(3): e91380, doi:10.1371/journal.pone.0091380

IF 3.534

4892

KACZOROWSKA-HAC B., BURZYŃSKA B., PŁOCHOCKA D., ŻAK-JASIŃSKA K., RAWA K., ADAMKIEWICZ-DROŻYŃSKA E.

The first reported case of G6PD deficiency due to Seoul mutation in Poland.

Annals of Hematology (2014) 93(5): 879-880

IF 2.396

4893

KAMIEŃSKA-TRELA K., WÓJCIK J.

Applications of spin-spin couplings.

Nuclear Magnetic Resonance / editors: K.Kamieńska-Trela, J.Wójcik, (550 p.) (2014) 43: 183-229, ISBN: 978-1-84973-955-9

4894

GRABOWSKA E., WRÓŃSKA U., DENKIEWICZ M., JASZCZUR M., RESPONDEK A., ALABRUDZIŃSKA M., SUSKI-GRABOWSKI C., MAKIEŁA-DZBEŃSKA K., JONCZYK P., FIJAŁKOWSKA I.J.

Proper functioning of the GINS complex is important for the fidelity of DNA replication in yeast.

Molecular Microbiology (2014) 92(4): 659-680

IF 5.026

4895

WÓDKIEWICZ M., ZIEMIAŃSKI M., KWIECIEŃ K., CHWEDORZEWSKA K.J., GALERA H.

Spatial structure of the soil seed bank of *Poa annua* L.-alien species in the Antarctica.

Biodiversity and Conservation (2014) 23: 1339-1346

IF 2.065

4896

TARNOWSKI K.J., FITUCH K., SZCZEPANOWSKI R.H., DADLEZ M., KAUS-DROBEK M.

Patterns of structural dynamics in RACK1 protein retained throughout evolution: A hydrogen-deuterium exchange study of three orthologs.

Protein Science (2014) 23(5): 639-651

IF 2.861

4897

KABALA A., LASSERRE J.-P., ACKERMAN S.H., DI RAGO J.-P., KUCHARCZYK R.

Defining the impact on yeast ATP synthase of two pathogenic human mitochondrial DNA mutations, T9185C and T9191C.

Biochimie (2014) 100: 200-206

IF 3.123

4898

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

Overexpression of *erg20* gene encoding farnesyl pyrophosphate synthase has contrasting effects on activity of enzymes of the dolichol and sterol branches of mevalonate pathway in *Trichoderma reesei*.

Gene (2014) 544(2): 114-122

IF 2.082

4899

HOSER R., LICHOCKA M., ŻURCZAK M., HENNIG J., KRZYMOWSKA M.

Emerging role of SGT1 as a regulator of NB-LRR-receptor nucleocytoplasmic partitioning.

Plant Signaling & Behavior (2014) 9(4): e28724 (4p.), <http://dx.doi.org/10.4161/psb.28724>

4900

BELCZYK-CIESIELSKA A., ZAWISZA I., MITAL M., BONNA A., BAL W.

Sequence-specific Cu(II)-dependent peptide bond hydrolysis: similarities and differences with the Ni(II)-dependent reaction.

Inorganic Chemistry (2014) 53(9): 4639-46

IF 4.794

4901

LANGIE S.A.S., KOWALCZYK P., TOMASZEWSKI B., VASILAKI A., MAAS L.M., MOONEN E.J., PALAGANI A., GODSCHALK R.W.L., TUDEK B., van SCHOOTEN F.J., VANDEN BERGHE W., ZABIELSKI R., MATHERS J.C.

Redox and epigenetic regulation of the APE1 gene in the hippocampus of piglets: The effect of early life exposures.

DNA Repair (2014) 18: 52-62

IF 3.362

4902

PODOBAS E.I., BONNA A., POLKOWSKA-NOWAKOWSKA A., BAL W.

Dual catalytic role of the metal ion in nickel-assisted peptide bond hydrolysis.

Journal of Inorganic Biochemistry (2014) 136: 107-114

IF 3.274

4903

MIELECKI D., GRZESIUK E.

Ada response - a strategy for repair of alkylated DNA in bacteria.

FEMS Microbiology Letters (2014) 355(1): 1-11

IF 2.723

4904

MOHAMMED Y., DOMAŃSKI D., JACKSON A.M., SMITH D.S., DEELDER A.M., PALMBLAD M., BORCHERS CH.H.

PeptidePicker: a scientific workflow with web interface for selecting appropriate peptides for targeted proteomics experiments.

Journal of Proteomics (2014) 106: 151-161

IF 3.929

4905

POZNAŃSKI J., POZNAŃSKA A., SHUGAR D.

A protein data bank survey reveals shortening of intermolecular hydrogen bonds in ligand-protein complexes when a halogenated ligand is an H-bond donor.

PLOS ONE (2014) 9(6): e99984 (9p.), doi:10.1371/journal.pone.0099984

IF 3.534

4906

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

Pentetic acid (DPTA) Cu(II) monolayer deposited on gold electrode—The base of biosensors for electrochemical screening of kinase JAK2 and potential inhibitor interactions.

Sensors and Actuators B - Chemical (2014) 196: 223-230

IF 3.840

4907

PETKAUSKAITE R., LUKOSIUS D., DĘBSKI J., JASILIONIS A., DADLEZ M., KIERAITE L., TIMONINA A., KUISIENE N.

Identification of proteins involved in starch and polygalacturonic acid degradation using LC/MS.

Central European Journal of Biology (2014) 9(7): 708-716

IF 0.633

4908

CIEŚLA M., MIERZEJEWSKA J., ADAMCZYK M.A., FARRANTS ÖSTLUND A.K., BOGUTA M.

Fructose biphosphate aldolase is involved in the control of RNA polymerase III-directed transcription.

Biochimica et Biophysica Acta - Molecular Cell Research (2014) 1843(6): 1103-1110

IF 5.297

4909

SOSIŃSKA E., PRZYBYLSKI R., ALADEDUNYE F., HAZENDONK P.

Spectroscopic characterisation of dimeric oxidation products of phytosterols.

Food Chemistry (2014) 151: 404-414

IF 3.259

4910

JAROCKA U., SAWICKA R., GÓRA-SOCHACKA A., SIRKO A., ZAGÓRSKI-OSTOJA W., RADECKI J., RADECKA H.

Electrochemical immunosensor for detection of antibodies against influenza A virus H5N1 in hen serum.

Biosensors and Bioelectronics (2014) 55: 301-306

IF 6.451

4911

NESTERUK M., HENNIG E., MIKUŁA M., KARZMARSKI J., DZWONEK A., GORYCA K., RUBEL T., PAZIEWSKA A., WOSZCZYŃSKI M., LEDWON J., DĄBROWSKA M., DADLEZ M., OSTROWSKI J.

Mitochondrial-related proteomic changes during obesity and fasting in mice are greater in the liver than skeletal muscles.

Functional & Integrative Genomics (2014) 14(1): 245-259

IF 2.691

4912

KWIATKOWSKA K., MARSZAŁEK-SADOWSKA E., TRACZYK G., KOPROWSKI P., MUSIELAK M., ŁUGOWSKA A., KULMA M., GRZELCZYK A., SOBOTA A.

Visualization of cholesterol deposits in lysosomes of Niemann-Pick type C fibroblasts using recombinant perfringolysin O.

Orphanet Journal of Rare Diseases (2014) 9: 64 (16p.), doi:10.1186/1750-1172-9-64

IF 3.958

4913

MACHOVÁ I., SNÁŠEL J., ZIMMERMANN M., LAUBITZ D., PŁOCIŃSKI P., OEHLMANN W., SINGH M., DOSTÁL J., SAUER U., PICHOVÁ I.

Mycobacterium tuberculosis phosphoenolpyruvate carboxykinase is regulated by redox mechanisms and interaction with thioredoxin.

The Journal of Biological Chemistry (2014) 289(19): 13066-13078

IF 4.600

4914

ZAWISZA I., MITAL M., POLKOWSKA-NOWAKOWSKA A., BONNA A., BAL W.

The impact of synthetic analogs of histidine on copper(II) and nickel (II) coordination properties to an albumin-like peptide. Possible leads towards new metallodrugs.

Journal of Inorganic Biochemistry (2014) 139: 1-8

IF 3.274

4915

LEWANDOWSKA-GNATOWSKA E., POLKOWSKA-KOWALCZYK L., SZCZEGIELNIAK J., BARCISZEWSKA M. Z., BARCISZEWSKI J., MUSZYŃSKA G.

Is DNA methylation modulated by wounding-induced oxidative burst in maize?

Plant Physiology and Biochemistry (2014) 82: 202-208

IF 2.352

4916

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

Candida albicans cis-prenyltransferase Rer2 is required for protein glycosylation, cell wall integrity and hypha formation.

Fungal Genetics and Biology (2014) 69: 1-12

IF 3.262

4917

MUSZEWSKA A., PAWŁOWSKA J., KRZYŚCIAK P.

Biology, systematics, and clinical manifestations of Zygomycota infections.

European Journal of Clinical Microbiology & Infectious Diseases (2014) 33(8): 1273-1287

IF 2.544

4918

SITKIEWICZ E., OLĘDZKI J., POZNAŃSKI J., DADLEZ M.

Di-tyrosine cross-link decreases the collisional cross-section of A β peptide dimers and trimers in the gas phase: an ion mobility study.

PLOS ONE (2014) 9(6): e100200 (14p.), doi:10.1371/journal.pone.0100200

IF 3.534

4919

ZIENTARA-RYTTER K., SIRKO A.

Selective autophagy receptor Joka2 co-localizes with cytoskeleton in plant cells.

Plant Signaling & Behavior (2014) 9(3): e28523 (4 p.), <http://dx.doi.org/10.4161/psb.28523>

4920

NOWAKOWSKI M., EJCHART A.

Complex formation of fenchone with α - cyclodextrin: NMR titrations.

Journal of Inclusion Phenomena and Macrocyclic Chemistry (2014) 79(3-4): 337-342

IF 1.426

4921

PASTORCZYK M., GIEŁWANOWSKA I., LAHUTA L.B.

Changes in soluble carbohydrates in polar *Caryophyllaceae* and *Poaceae* plants in response to chilling.

Acta Physiologiae Plantarum (2014) 36(7): 1771-1780

IF 1.524

4922

TUMIALIS D., GROMADKA R., SKRZECZ I., PEZOWICZ E., MAZURKIEWICZ A., POPOWSKA-NOWAK E.

Steinemema kraussei (Steiner, 1923) (Rhabditida: Steinernematidae) - the first record from Poland.

Helminthologia (2014) 51(2): 162-166

IF 0.776

4923

ALMOUZNI G., ALTUCCI L., AMATI B., ASHLEY N., BAULCOMBE D., BEAUJEAN N., BOCK CH., BONGCAM-RUDLOFF E., BOUSQUET J., BRAUN S., BRESSAC-DE PAILLERETS B., BUSSEMAKERS M., CLARKE L., CONESA A., ESTIVILL X., FAZELI A., GRGUREVIC N., GUT I., HEIJMANS B.T., HERMOUET S., HOUVING-DUISTERMAAT J., IACOBUCCI I., ILAS J., KANDIMALLA R., KRAUSS-ETSCHMANN S., LASKO P., LEHMANN S., LINDROTH A., MAJDIC G., MARCOTTE E., MARTINELLI G., MARTINET N., MEYER E., MICELI C., MILLS K., MORENO-VILLANUEVA M., MORVAN G., NICKEL D., NIESLER B., NOWACKI M., NOWAK J.K., OSSOWSKI S., PELIZOLLA M., POCHET R., POTOCHNIK U., RADWANSKA M., RAES J., RATTRAY M., ROBINSON M. D., ROELEN B., SAUER S., SCHINZER D., SLAGBOOM E., SPECTOR T., STUNNENBERG H.G., TILIGADA E., TORRES-PADILLA M.-E., TSONAKA R., VAN SOOM A., VIDA KOVIC M., WIDSCHWENDTER M.

Relationship between genome and epigenome - challenges and requirements for future research.

BMC Genomics (2014) 15: 487 (7 p.), doi:10.1186/1471-2164-15-487

IF 4.041

4924

MOLINA-MONTENEGRO M.A., CARRASCO-URRA F., ACUNA-RODRIGUEZ I., OSES R., TORRES-DIAZ C., CHWEDORZEWSKA K.J.

Assessing the importance of human activities for the establishment of the invasive *Poa annua* in Antarctica.

Polar Research (2014) 33: 21425 (7p.), <http://dx.doi.org/10.3402/polar.v33.21425>

IF 1.686

4925

SITKIEWICZ E., KŁONIECKI M., POZNAŃSKI J., BAL W., DADLEZ M.

Factors influencing compact-extended structure equilibrium in oligomers of A β 1-40 peptide-an ion mobility mass spectrometry study.

Journal of Molecular Biology (2014) 426(15): 2871-2885

IF 3.959

4926

ZDŻALIK D.P., VAGABO C.B., KIRPEKAR F., DAVYDOVA E., PUSCIAN A., MACIEJEWSKA A.M., KROKAN H.E., KLUNGLAND A., TUDEK B., VAN DER BORN E., FALNES P.

Protozoan ALKBH8 oxygenases display both DNA repair and tRNA modification activities.

PLOS ONE (2014) 9(6): e98729 (13 p.), doi:10.1371/journal.pone.0098729

IF 3.534

4927

BENTINGER M., KANIA M., DANIKIEWICZ W., KACZOROWSKA E., WÓJCIK J., BRISMAR K., DALLNER G., CHOJNACKI T., ŚWIEŻEWSKA E., TEKLE M.

Effects of various squalene epoxides on coenzyme Q and cholesterol synthesis.

Biochimica et Biophysica Acta - Molecular and Cell Biology of Lipids (2014) 1841(7): 977-986

IF 4.495

4928

CHLEBICKI A., ZIELENKIEWICZ U., WILCZEK A.M.

Fungi are not involved in biofilm formation on rock wall in subterranean arsenic mine in Poland.

Nova Hedwigia (2014) 99(1-2): 255-269

IF 0.989

4929

SIRICILLA S., MITACHI K., SKORUPIŃSKA-TUDEK K., ŚWIEŻEWSKA E., KUROSU M.

Biosynthesis of a water-soluble lipid I analogue and a convenient assay for translocase I.

Analytical Biochemistry (2014) 461C: 36-45

IF 2.305

4930

GAWARECKA K., ŚWIEŻEWSKA E.

Analysis of plant polyisoprenoids.

Chapter in: **Methods in Molecular Biology**/ Springer ed. M.Rodriguez-Concepción [303 p.];

ISBN 978-1-4939-0605-5 (2014) 1153: 135-147

4931

GAWRYŚ O., POLKOWSKA M., ROSZKOWSKA-CHOJECKA M., GAWARECKA K., CHOJNACKI T., ŚWIEŻEWSKA E., MASNYK M., CHMIELEWSKI M., RAFAŁOWSKA J., KOMPANOWSKA-JEZIERSKA E.

Effects of liposomes with polyisoprenoids, potential drug carriers, on the cardiovascular and excretory system in rats.

Pharmacological Reports (2014) 66(2): 273-278

IF 2.165

4932

GAWRYŚ O., OLSZYŃSKI K.H., GAWARECKA K., ŚWIEŻEWSKA E., CHOJNACKI T., MASNYK M., CHMIELEWSKI M., KOMPANOWSKA-JEZIERSKA E.

Cationic derivative of polyprenol, a potential component of liposomal drug carriers, does not alter renal function in rats.

European Journal of Lipid Science and Technology (2014) 116(5): 659-662

IF 2.033

4933

ŁOBOCKA M.B., HEJNOWICZ M.S., GAĞAŁA U., WEBER-DĄBROWSKA B., WĘGRZYN G., DADLEZ M.

The first step to bacteriophage therapy - how to choose the correct phage.

Chapter in: **Phage Therapy. Current Research and Applications**. Ed. Borysowski J., Międzybrodzki R., Górski A., Caister Academic Press; ISBN 978 190823 0744 [378p.] 2014, p. 23-67

4934

ODOLCZYK N., ZIELENKIEWICZ P.

Molecular modelling approaches for cystic fibrosis transmembrane conductance regulator studies.

The International Journal of Biochemistry & Cell Biology (2014) 52: 39-46

IF 4.240

4935

ŁUKASIK A., ZIELENKIEWICZ P.

In Silico identification of plant miRNAs in mammalian breast milk exosomes – a small step forward?

PLOS ONE (2014) 9(6): e99963, doi:10.1371/journal.pone.0099963

IF 3.534

4936

KAZRANI A.A., KOWALSKA M., CZAPIŃSKA H., BOCHTLER M.

Crystal structure of the 5hmC specific endonuclease PvuRts1I.

Nucleic Acids Research (2014) 42(9): 5929-5936

IF 8.808

4937

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

Lipid peroxidation product 4-hydroxy-2-nonenal modulates base excision repair in human cells.

DNA Repair 22 (2014): 1-11

IF 3.362

4938

MODZELAN M., KUJAWA M., GŁĄBSKI K., JAGURA-BURDZY G., KRASZEWSKA E.

NudC Nudix hydrolase from *Pseudomonas syringae*, but not its counterpart from *Pseudomonas aeruginosa*, is a novel regulator of intracellular redox balance required for growth, motility and biofilm formation.

Molecular Microbiology (2014) 93(5): 867-882

IF 5.026

4939

POPOVIC D., PANAGIOTOPOULOU H., BACA M., STEFANIAK K., MACKIEWICZ P., MAKOWIECKI D., KING T. L., GRUCHOTA J., WĘGLEŃSKI P., STANKOVIC A.

The history of sturgeon in the Baltic Sea.

Journal of Biogeography (2014) 41(8): 1590-1602

IF 4.969

4940

SZAMBOWSKA A., TESSMER I., KURSULA P., USSKILAT C., PRUS P., POSPIECH H., GROSSE F.

DNA binding properties of human Cdc45 suggest a function as molecular wedge for DNA unwinding.

Nucleic Acids Research (2014) 42(4): 2308-2319

IF 8.808

4941

KODROŃ A., KRAWCZYŃSKI M., TOŃSKA K., BARTNIK E.

m.3635G>A mutation as a cause of Leber hereditary optic neuropathy.

Journal of Clinical Pathology (2014) 67(7): 639-641

IF 2.551

4942

BIELA A., COSTE F., CULARD F., GUERIN M., GOFFINONT S., GASTEIGER K., CIEŚLA J. M., WINCZURA A., KAZIMIERCZUK Z., GASPARUTTO D., CARELL T., TUDEK B., CASTAING B.

Zinc finger oxidation of Fpg/Nei DNA glycosylases by 2-thioxanthine: biochemical and X-ray structural characterization.

Nucleic Acids Research (2014) 42(16): 10748-10761

IF 8.808

4943

GODZISZEWSKA J., KULIŃSKA A., JAGURA-BURDZY G.

MobC of conjugative RA3 plasmid from IncU group autoregulates the expression of bicistronic mobC-nic operon and stimulates conjugative transfer.

BMC Microbiology (2014) 14: 235 (17p.), <http://www.biomedcentral.com/1471-2180/14/235>, doi:10.1186/s12866-014-0235-1

IF 2.976

4944

SABAŁA I., JAGIELSKA E., BARDELANG P.T., CZAPIŃSKA H., DAHMS S.O., SHARPE J.A., JAMES R., THAN M.E., THOMAS N.R., BOCHTLER M.

Crystal structure of the antimicrobial peptidase lysostaphin from *Staphylococcus simulans*.

FEBS Journal (2014) 281(18): 4112-4122

IF 3.986

4945

GOS M., FAHIMINIYA S., POZNAŃSKI J., KLAPECKI J., OBERSZTYN E., PIOTROWICZ M., WIERZBA J., POSMYK R., BAL J., MAJEWSKI J.

Contribution of *RIT1* mutations to the pathogenesis of noonan syndrome: four new cases and further evidence of heterogeneity.

American Journal of Medical Genetics-PART A (2014) 164A(9): 2310-2316

IF 2.048

4946

CZERWIŃSKA J., POZNAŃSKI J., DĘBSKI J., BUKOWY Z., BOHR V.A., TUDEK B., SPEINA E.

Catalytic activities of Werner protein are affected by adduction with 4-hydroxy-2-nonenal.

Nucleic Acids Research (2014) 43(17): 11119-11135

IF 8.808

4947

MATHYS H., BASQUIN J., OZGUR S., CZARNOCKI-CIECIURA M., BONNEAU F., AARTSE A., DZIEMBOWSKI A., NOWOTNY M., CONTI E., FILIPOWICZ W.

Structural and biochemical insights to the role of the CCR4-NOT Complex and DDX6 ATPase in MicroRNA repression.

Molecular Cell (2014) 54(5): 751-765

IF 14.464

4948

MIKUŁA E., WYSŁOUCH-CIESZYŃSKA A., ZHUKOVA L., PUCHALSKA M., VERWILST P., DEHAEN W., RADECKI J., RADECKA H.

Voltammetric detection of S100B protein using his-tagged receptor domains for advanced glycation end products (RAGE) immobilized onto a gold electrode surface.

Sensors (2014) 14(6): 10650-10663

IF 2.048

4949

BACA M., MACKIEWICZ P., STANKOVIC A., POPOVIC D., STEFANIAK K., CZARNOGÓRSKA K., NADACHOWSKI A., GAŚSIOROWSKI M., HERCMAN H., WĘGLEŃSKI P.

Ancient DNA and dating of cave bear remains from Niedźwiedzia Cave suggest early appearance of *Ursus ingressus* in Sudetes.

Quaternary International (2014) 339-340: 217-223

IF 2.128

4950

MOSKOT M., MONTEFUSCO S., JAKÓBKIEWICZ-BANECKA J., MOZOLEWSKI P., WĘGRZYN A., BERNARDO D.D., MEDINA L.D., BALLABIO A., GABIG-CIMIŃSKA M.

The phytoestrogen genistein modulates lysosomal metabolism and transcription factor EB (TFEB) activation.

Journal of Biological Chemistry (2014) 289(24): 17054-17069

IF 4.600

4951

MAJOREK K.A., DUNIN-HORKAWICZ S., STECZKIEWICZ K., MUSZEWSKA A., NOWOTNY M., GINALSKI K., BUJNICKI J.M.

The RNase H-like superfamily: new members, comparative structural analysis and evolutionary classification.

Nucleic Acids Research (2014) 42(7): 4160-4179

IF 8.808

4952

ORŁOWSKA-BARANOWSKA E., GÓRA J., BARANOWSKI R., STOKŁOSA P., GADOMSKA VEL BETKA Ł., PĘDZICH-PLACHA E., MIŁKOWSKA M., KOBŁOWSKA M., HRYNIEWIECKI T., GACIONG Z., PLACHA G.

Association of the common genetic polymorphisms and haplotypes of the chymase gene with left ventricular mass in male patients with symptomatic aortic stenosis.

PLOS ONE (2014) 9(5): e96306 (10 p.), doi:10.1371/journal.pone.0096306

IF 3.534

4953

SŁAWIŃSKA A., SIWEK M., ŻYLIŃSKA J., BARDOWSKI J.K., BRZEZIŃSKA J., GULEWICZ K.A., NOWAK M., URBANOWSKI M., PŁOWIEC A., BEDNARCZYK M.

Influence of synbiotics delivered *in ovo* on immune organs development and structure.

Folia Biologica-Kraków (2014) 62(3): 277-285

IF 0.478

4954

OLSZEWSKI P., SZAMBOWSKA A., BARAŃSKA S., NARAJCZYK M., WĘGRZYN G., GLINKOWSKA M.

A dual promoter system regulating λ DNA replication initiation.

Nucleic Acids Research (2014) 42(7): 4450-4462

IF 8.808

4955

DUDEK M., ROMANOWSKA J., WITUŁA T., TRYLSKA J.

Interactions of amikacin with the RNA model of the ribosomal A-site: computational, spectroscopic and calorimetric studies.

Biochimie (2014) 102: 188-202

IF 3.123

4956

BACA M., MOLAK M., SOBCZYK M., WĘGLEŃSKI P., STANKOVIC A.

Locals, resettlers, and pilgrims: a genetic portrait of three pre-Columbian Andean populations.

American Journal of Physical Anthropology (2014) 154(3): 402-412

IF 2.514

4957

GONCIARZ M., WIKTOR J., TATAREK A., WĘGLEŃSKI P., STANKOVIC A.

Genetic characteristics of three Baltic *Zostera marina* populations.

Oceanologia (2014) 56(3): 549-564

IF 0.927

4958

KACZMAREK R., BUCZKOWSKA A., MIKOŁAJEWICZ K., KROTKIEWSKI H., CZERWIŃSKI M.

P1PK, GLOB, and FORS blood group systems and GLOB collection: biochemical and clinical aspects. Do we understand it all yet?

Transfusion Medicine Reviews (2014) 28(3): 126-136

IF 4.538

4959

WIERZCHOWSKI J., ANTOSIEWICZ J.M., SHUGAR D.

8-Azapurines as isosteric purine fluorescent probes for nucleic acid and enzymatic research.

Molecular Biosystems (2014) 10(11): 2756-2774

IF 3.183

4960

ŻYLIŃSKA J., SIEMIANOWSKI K., BOHDZIEWICZ K., PAWLIKOWSKA K.P., KOŁAKOWSKI P., SZPENDOWSKI J., BARDOWSKI J.K.

Kultury starterowe do produkcji twarogów kwasowych - rola i oczekiwania.

Postępy Mikrobiologii (2014) 53(3): 288-298

IF 0.271

4961

ŁEPEK K., PAJĄK B., SIEDLECKI P., NIEMCEWICZ M., KOCIK J., SHENG-WU H., YANG R., KUCHARCZYK K., SZEWCZYK B.

Genetic diversity of hemagglutinin gene of A(H1N1)pdm09 influenza strains isolated in Taiwan and its potential impact on HA-neutralizing epitope interaction.

Human Vaccines & Immunotherapeutics (2014) 10(3): 577-585

IF 2.131

4962

MIERZEJEWSKA K., SIWEK W., CZAPIŃSKA H., KAUS-DROBEK M., RADLIŃSKA M., SKOWRONEK K., BUJNICKI J.M., DADLEZ M., BOCHTLER M.

Structural basis of the methylation specificity of R.DpnI.

Nucleic Acids Research (2014) 42(13): 8745-8754

IF 8.808

4963

OBSZAŃSKA K., KERN-ZDANOWICZ I., SITKIEWICZ I.

Mechanizmy wirulencji paciorkowców β -hemolizujących.

Postępy Mikrobiologii (2014) 53(2): 101-111

IF 0.271

4964

RADZIWIŁŁ-BIEŃKOWSKA J.M., ŻOCHOWSKA D., BARDOWSKI J.K., MERCIER-BONIN M., KOWALCZYK M.

Lactococcus lactis IBB477 presenting adhesive and muco-adhesive properties as a candidate carrier strain for oral vaccination against influenza virus.

Acta Biochimica Polonica (2014) 61(3): 603-607

IF 1.389

4965

BACZEWSKA A., DMUCHOWSKI W., JÓŹWIAK A., GOZDOWSKI D., BRĄGOSZEWSKA P., DĄBROWSKI P., ŚWIEŻEWSKA E.

Effect of salt stress on prenol lipids in the leaves of *Tilia* 'Euchlora'.

Dendrobiology (2014) 72: 177-186

IF 0.525

4966

STACHYRA A., GÓRA-SOCHACKA A., ZAGÓRSKI-OSTOJA W., KRÓL E., SIRKO A.

Antibody response to DNA vaccine against H5N1 avian influenza virus in broilers immunized according to three schedules.

Acta Biochimica Polonica (2014) 61(3): 593-596

IF 1.389

4967

KALENIK B., SAWICKA R., GÓRA-SOCHACKA A., SIRKO A.

Influenza prevention and treatment by passive immunization.

Acta Biochimica Polonica (2014) 61(3): 573-587

IF 1.389

4968

JAROCKA U., SAWICKA R., GÓRA-SOCHACKA A., SIRKO A., ZAGÓRSKI-OSTOJA W.,
RADECKI J., RADECKA H.

An immunosensor based on antibody binding fragments attached to gold nanoparticles for the detection of peptides derived from avian influenza hemagglutinin H5.

Sensors (2014) 14: 15714-15728

IF 2.048

4969

STACHYRA A., GÓRA-SOCHACKA A., SIRKO A.

DNA vaccines against influenza.

Acta Biochimica Polonica (2014) 61(3): 515-522

IF 1.389

4970

REDKIEWICZ P.A., SIRKO A., KAMEL K.A., GÓRA-SOCHACKA A.

Plant expression systems for production of hemagglutinin as a vaccine against influenza virus.

Acta Biochimica Polonica (2014) 61(3): 551-560

IF 1.389

4971

KURZAŃKOWSKA K., MIELECKI M., GRZELAK K., VERWILST P., DEHAEN W.,
RADECKI J., RADECKA H.

Immobilization of His-tagged kinase JAK2 onto the surface of a plasmon resonance gold disc modified with different copper (II) complexes.

Talanta (2014) 130: 336-341

IF 3.511

4972

KOLESIŃSKI P., BELUSIAK I., CZARNOCKI-CIECIURA M., SZCZEPANIAK A.

Rubisco Accumulation Factor 1 from *Thermosynechococcus elongatus* participates in the final stages of ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase assembly in *Escherichia coli* cells and *in vitro*.

FEBS Journal (2014) 281(17): 3920-32

IF 3.986

4973

ZARĘBA-KOZIOŁ M., SZWAJDA A., DADLEZ M., WYSŁOUCH-CIESZYŃSKA A.,
LALOWSKI M.

Global analysis of S-nitrosylation sites in the wild type (APP) transgenic mouse brain-clues for synaptic pathology.

Molecular & Cellular Proteomics (2014) 13(9): 2288-305

IF 7.254

4974

UZIĘBŁO-ŻYCZKOWSKA B., GIELERAK G., SIEDLECKI P., PAJĄK B.

Genetic diversity of *SCN5A* gene and its possible association with the concealed form of Brugada syndrome development in polish group of patients.

BioMed Research International (2014) Article ID 462609, 13 p.,
<http://dx.doi.org/10.1155/2014/462609>

IF 2.706

4975

WAWRZYŃSKA A.K., SIRKO A.

To control and to be controlled: understanding the *Arabidopsis* SLIM1 function in sulfur deficiency through comprehensive investigation of the EIL protein family.

Frontiers in Plant Science 2014(5): 7p. doi: 10.3389/fpls.2014.00575

IF 3.637

4976

SZATRAJ K., SZCZEPANKOWSKA A.K., SĄCZYŃSKA V., FLORYS K., GROMADZKA B., ŁEPEK K., PŁUCIENNICZAK G., SZEWCZYK B., ZAGÓRSKI-OSTOJA W., BARDOWSKI J.K.

Expression of avian influenza haemagglutinin (H5) and chicken interleukin 2 (chIL-2) under control of the ptcB promoter in *Lactococcus lactis*.

Acta Biochimica Polonica (2014) 61(3): 609-614

IF 1.389

4977

CIESIELSKI S., GÓRNIAK D., MOŻEJKO J., ŚWIĄTECKI A., GRZESIAK J., ZDANOWSKI M.

The diversity of bacteria isolated from antarctic freshwater reservoirs possessing the ability to produce polyhydroxyalkanoates

Current Microbiology (2014) 69(5): 594-603

IF 1.359

4978

RADOMSKI J.P., SŁONIMSKI P.P. ZAGÓRSKI-OSTOJA W., BOROWICZ P.

Mapping of the influenza A hemagglutinin serotypes evolution by the ISSCOR method.

Acta Biochimica Polonica (2014) 61(3): 441-451

IF 1.389

4979

TRUDEL S., ODOLCZYK N., DREMAUX J., TOFFIN J., REGNIER A., SEVESTRE H., ZIELENKIEWICZ P., ARNAULT J.P., GUBLER B.

The clinical response to vemurafenib in a patient with a rare *BRAF*^{V600DK601}del mutation-positive melanoma.

BMC Cancer (2014) 14: 727(8p.), doi:10.1186/1471-2407-14-727

IF 3.319

4980

CHROBOCZEK J., SZURGOT I., SZOŁAJSKA E.

Virus-like particles as vaccine.

Acta Biochimica Polonica (2014) 61(3): 531-539

IF 1.389

4981

KOPERA E., DWORNYK A., KOSSON P., FLORYS K., SĄCZYŃSKA V., DĘBSKI J., CECUDA-ADAMCZEWSKA V., SZEWCZYK B., ZAGÓRSKI-OSTOJA W., GRZELAK K.
Expression, purification and characterization of glycosylated influenza H5N1 hemagglutinin produced in *Pichia pastoris*.

Acta Biochimica Polonica (2014) 61(3): 597-602

IF 1.389

4982

PANAGIOTOPOULOU H., POPOVIC D., ZALEWSKA K., WĘGLEŃSKI P., STANKOVIC A.

Microsatellite multiplex assay for the analysis of Atlantic sturgeon populations.

Journal of Applied Genetics (2014) 55(4): 505-510

IF 1.902

4983

KOPERA E., BAL W., LENARČIČ-ŽIVKOVIĆ M., DVORNYK A., KLUDKIEWICZ B., GRZELAK K., ZHUKOV I., ZAGÓRSKI-OSTOJA W., JASKÓLSKI M., KRZYWDA SZ.
Atomic resolution structure of a protein prepared by non-enzymatic His-tag removal. Crystallographic and NMR study of *GmSPI-2* inhibitor.

PLOS ONE (2014) 9(9):e106936 (11p.), doi: 10.1371/journal.pone.0106936

IF 3.534

4984

MUCHA K., BAKUN M., JAŻWIEC R., DADLEZ M., FLORCZAK M., BAJOR M., GALA K., PĄCZEK L.

Complement components, proteolysis-related, and cell communication-related proteins detected in urine proteomics are associated with IgA nephropathy.

Polskie Archiwum Medycyny Wewnętrznej (2014) 124(7-8): 380-389

IF 2.052

4985

WEZYNFELD N.E., BOSSAK K., GOCH W., BONNA A., BAL W., FRĄCZYK T.
Human annexins A1, A2, and A8 as potential molecular targets for Ni(II) ions.

Chemical Research in Toxicology (2014) 27(11): 1996-2009

IF 4.190

4986

BIDZIŃSKI P., NOIR S., SHAHI S., REINSTAEDLER A., GRATKOWSKA D.M., PANSTRUGA R.

Physiological characterization and genetic modifiers of aberrant root thigmomorphogenesis in mutants of *Arabidopsis thaliana* *MILDEW LOCUS O* genes.

Plant, Cell and Environment (2014) 37: 2738-2753

IF 5.906

4987

KACZKA P., WINIEWSKA M., ZHUKOV I., REMPOŁA B., BOLEWSKA K., ŁOZIŃSKI T., EJCHART A., POZNAŃSKA A., WIERZCHOWSKI K.L., POZNAŃSKI J.

The TFE-induced transient native-like structure of the intrinsically disordered $\sigma 70_4$ domain of *Escherichia coli* RNA polymerase.

European Biophysics Journal (2014) 43(12): 581-594

IF 2.474

4988

KACPRZYK-STOKOWIEC A., KULMA M., TRACZYK G., KWIATKOWSKA K., SOBOTA A., DADLEZ M.

Crucial role of perfringolysin O D1 domain in orchestrating structural transitions leading to membrane-perforating pores *a hydrogen-deuterium exchange study*.

Journal of Biological Chemistry (2014) 289(41): 28738-28752

IF 4.600

4989

PERLIŃSKA A., GRYNBERG M.

Bacillus anthracis pXO1 plasmid encodes a putative membrane-bound bacteriocin.

PeerJ (2014): e679 (9 p.), doi: 10.7717/peerj.679

4990

BARTOSIK A.A., GŁĄBSKI K., JELCZ P., LASOCKI K.W., MIKOSA M., PŁOCHOCKA D., THOMAS CH.M., JAGURA-BURDZY G.

Dissection of the region of *Pseudomonas aeruginosa* ParA that is important for dimerization and interactions with its partner ParB.

Microbiology (2014) 160(11): 2406-2420

IF 2.835

4991

DZHINDZHEV N., TZOLOVSKY G., LIPINSZKI Z., SCHNEIDER S., LATTAO R., JINGYAN F., DĘBSKI J., DADLEZ M., GLOVER D.M.

Plk4 phosphorylates Ana2 to trigger Sas6 recruitment and procentriole formation.

Current Biology (2014) 24(21): 2526-2532

IF 9.916

4992

KAMIŃSKA I., FRONC K., SIKORA B., KOPER K., MINIKAYEV R., PASZKOWICZ W., SOBCZAK K., WOJCIECHOWSKI T., CHWASTYK M., RESZKA A., KOWALSKI B.J., STĘPIEŃ P.P., ELBAUM D.

Synthesis of ZnAl₂O₄:(Er³⁺,Yb³⁺) spinel-type nanocrystalline upconverting luminescent marker in HeLa carcinoma cells, using a combustion aerosol method route.

RSC Advances (2014) 4: 56596-56604

IF 3.708

4993

UFNAL M., JAŻWIEC R., DADLEZ M., DRAPAŁA A., SIKORA M., SKRZYPECKI J.

Trimethylamine-N-Oxide: a carnitine-derived metabolite that prolongs the hypertensive effect of angiotensin II in rats.

Canadian Journal of Cardiology (2014) 30(12): 1700-1705

IF 3.940

4994

MIELECKI M., MILNER-KRAWCZYK M., GRZELAK K., MIELECKI D., KRZYŚKO K.A., LESYNG B., PRIEBE W.

Analogues of cinnamic acid benzyl amide as nonclassical inhibitors of activated JAK2 kinase.

Current Cancer Drug Targets (2014) 14(7): 638-651

IF 3.582

4995

GIELEŻYŃSKA A., STACHURSKA A., FABIAŃSKA-MITEK A., DĘBSKA M., BURZYŃSKA B., RAWA K. PAWLIK K.

Feto-maternal haemorrhage assessment in a woman with a large population of red blood cells containing fetal haemoglobin.

Ginekologia Polska (2014) 85: 614-618

IF 0.675

4996

PRZYBYŁAK R., ARAŻNY A., NORDLI Ø. FINKELNBURG, R., KEJNA M., BUDZIK T., MIGAŁA K., SIKORA S., PUCZKO D., RYMER K., RACHLEWICZ G.

Spatial distribution of air temperature on Svalbard during 1 year with campaign measurements.

International Journal of Climatology (2014) 34: 3702-3719

IF 3.398

4997

WOLICKA D., ZDANOWSKI M., ŻMUDA-BARANOWSKA M., POSZYTEK A., GRZESIAK J.

Sulphate reducing activity detected in soil samples from Antarctica, ecology glacier forefield, King George Island.

Polish Journal of Microbiology (2014) 63(4): 443-450

IF 0.871

4998

GIEŁWANOWSKA I., PASTORCZYK M., LISOWSKA M., WĘGRZYN M., GÓRECKI R. J.

Cold stress effects on organelle ultrastructure in polar *Caryophyllaceae* species.

Polish Polar Research (2014) 35(4): 627-646

IF 0.788

4999

LASKOWSKI Z., JEŻEWSKI W., ZDZITOWIECKI K.

Changes in digenean infection of the Antarctic fish *Notothenia coriiceps* in Admiralty Bay, King George Island, over three decades.

Polish Polar Research (2014) 35(3): 513-520

IF 0.788

5000

FIKUS M.

Wybrane wspomnienia biofizyka z epoki prebioinformatycznej.

Rozdział w: **Inżynieria biomedyczna: podstawy i zastosowania. T. 10: Bioinformatyka.**

Red. P.Pawłowski, A. Świerniak, A. Polański, P. Zielenkiewicz, EXIT; ISBN 9788378370390 [414 s.] 2014, s. 7-14

5001

MUSZEWSKA A., GRYNBERG M.

Odkrywanie i wykrywanie transpozytorów w sekwencji genomu.

Rozdział w: **Inżynieria biomedyczna: podstawy i zastosowania. T. 10: Bioinformatyka.**

Red. P.Pawłowski, A. Świerniak, A. Polański, P. Zielenkiewicz, EXIT; ISBN 9788378370390 [414 s.] 2014, s. 213-223

5002

SIWIAK M.

Metody badania wydajności translacji.

Rozdział w: **Inżynieria biomedyczna: podstawy i zastosowania. T. 10: Bioinformatyka.**

Red. P.Pawłowski, A. Świerniak, A. Polański, P. Zielenkiewicz, EXIT; ISBN 9788378370390 [414 s.] 2014, s. 225-251

5003

SIWIAK M.

Dokowanie białek.

Rozdział w: **Inżynieria biomedyczna: podstawy i zastosowania. T. 10: Bioinformatyka.**

Red. P.Pawłowski, A. Świerniak, A. Polański, P. Zielenkiewicz, EXIT; ISBN 9788378370390 [414 s.] 2014, s. 271-293

5004

PAWŁOWSKI P.H.

Sieci biologiczne.

Rozdział w: **Inżynieria biomedyczna: podstawy i zastosowania. T. 10: Bioinformatyka.**

Red. P.Pawłowski, A. Świerniak, A. Polański, P. Zielenkiewicz, EXIT; ISBN 9788378370390 [414 s.] 2014, s. 329-359

5005

MUSZEWSKA A.

Fungal genomes tell a story of ecological adaptations.

Folia Biologica et Oecologica (2014) 10: 9-17

5006

AIYAR R.S., BOHNERT M., DUVEZIN-CAUBET S., VOISSET C., GAGNEUR J., FRITSCH S.E., COUPLAN E., VON DER MALSBERG K., FUNAYA CH., SOUBIGOU F., COURTIN F., SURESH S., KUCHARCZYK R., EVRARD J., ANTONY C., ST.ONGE R.P., BLONDEL M., DI RAGO J.-P., VAN DER LAAN M., STEINMETZ L.M.

Mitochondrial protein sorting as a therapeutic target for ATP synthase disorders.

Nature Communications (2014): e5:5585 (9p.), doi: 10.1038/ncomms6585

IF 10.742

5007

ŻOCHOWSKA M., PIGUET A.CH., JEMIELITY J., KOWALSKA J., SZOŁAJSKA E., DUFOUR J.F., CHROBOCZEK J.

Virus-like particle-mediated intracellular delivery of mRNA cap analog with *in vivo* activity against hepatocellular carcinoma.

Nanomedicine-Nanotechnology Biology and Medicine (2014) 11: 67-76

IF 5.978

5008

KARCZMARSKI J., RUBEL T., PAZIEWSKA A., MIKUŁA M., BUJKO M., KOBER P., DADLEZ M., OSTROWSKI J.

Histone H3 lysine 27 acetylation is altered in colon cancer.

Clinical Proteomics (2014)11: 24, doi:10.1186/1559-0275-11-24 (10 p.)

5009

GALLAGHER J.M., YAMAK A., KIRILENKO P., BLACK S., BOCHTLER M., LEFEBVRE CH., NEMER M., LATINKIĆ B.V.

Carboxy terminus of GATA4 transcription factor is required for its cardiogenic activity and interaction with CDK4.

Mechanisms of Development (2014) 134: 31-41

IF: 2.238

5010

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

Bastadin 12 and ryanodine reveal similarities between thapsigargin and tetrabromobisphenol A-induced intracellular Ca²⁺ release in cultured cerebellar granule cells.

Journal of Physiology and Pharmacology (2014) 65(5): 679-686

IF: 2.720

5011

SINGH R.K., MIAZGA A.A., DĄBROWSKA A., LIPNIACKI A., PIASEK A., KULIKOWSKI T., SHUGAR D.

Myristoylated derivatives of 2',3'-didehydro-2',3'-dideoxythymidine (stavudine) bi-functional prodrugs with potent anti-HIV-1 activity and low cytotoxicity.

Antiviral Chemistry & Chemotherapy (2014) 23(6): 231-236

5012

NICHOLLS T.J., ZSURKA G., PEEVA V., SCHÖLER S., SZCZĘSNY R.J., CYSEWSKI D., REYES A., KORNBLUM C., SCIACCO M., MOGGIO M., DZIEMBOWSKI A., KUNZ W.S., MIŃCZUK M.

Linear mtDNA fragments and unusual mtDNA rearrangements associated with pathological deficiency of MGME1 exonuclease.

Human Molecular Genetics (2014) 23(23): 6147-6162

IF: 6.677

5013

ZBOROWSKA M., SULIMA M., MARSZAŁEK I., WYSŁOUCH-CIESZYŃSKA A., RADECKA H., RADECKI J.

Nitrilotriacetic acid–copper(II) monolayer deposited on a gold electrode for the immobilization of histidine tagged V domain of receptor for advanced glycation end products—the basis of amyloid–beta peptide sensing.

Analytical Letters (2014) 47(8): 1375-1391

IF: 1.019

5014

DZIAMAN T., LUDWICZAK H., CIEŚLA J. M., BANASZKIEWICZ Z., WINCZURA A., CHMIELARCZYK M., WIŚNIEWSKA E., MARSZAŁEK A., TUDEK B., OLIŃSKI R.

PARP-1 expression is increased in colon adenoma and carcinoma and correlates with OGG1.

PLOS ONE (2014) 9(12): e115558 (19 p.), doi:10.1371/journal.pone.0115558

IF: 3.534

5015

COLLADOS-RODRIGUEZ M., WAWRZYŃSKA A.K., SIRKO A.

Intronic T-DNA insertion in Arabidopsis NBR1 conditionally affects wild-type transcript level.

Plant Signaling & Behavior (2014) 9(12): e975659 (5 p.), doi:

10.4161/15592324.2014.975659

5016

LICHOCKA M.

Biolistic bombardment for co-expression of proteins fused to YFP and mRFP in leaf epidermal cells of *Phaseolus vulgaris* Red Mexican.

Bio-protocol (2014) vol. 4(1) (5p.) <http://www.bio-protocol.org/e1019>

IF-

5017

LICHOCKA M., SCHMELZER E.

Subcellular localization experiments and FRET-FLIM measurements in plants.

Bio-protocol (2014) vol.4(1) (12 p.) <http://www.bio-protocol.org/e1018>

IF-

ABSTRAKTY 2014

3571/A

CHOUNDHURY A.R., SIKORSKA B., VAN DEN BOOM J., BAYER P., ŽUPERL Š., POPENDA Ł., SZUTKOWSKI K., JURGA S., NOVIČ M., ZHUKOV I.

Transmembrane fragments of bilitranslocase transporter protein in lipid media.

4th Annual Bio-NMR User Meeting, Warsaw, Poland, 5-8 May 2014

Book of Abstracts p. 123

3572/A

SIKORSKA E., WYRZYKOWSKI B., SZUTKOWSKI K., GREBER K., LUBECKA E., ZHUKOV I.

Membrane mimicking systems used in conformational analysis of short peptides: structure and dynamics of mixed micelle of dodecylphosphocholine and sodium dodecyl sulfate.

4th Annual Bio-NMR User Meeting, Warsaw, Poland, 5-8 May 2014

Book of Abstracts p. 109

3573/A

NOWAKOWSKI M., EJCHART A., KOCHAŃCZYK T., KOŹMIŃSKI W., WOJEWSKA D., KREŻEL A.

Structural studies of Zn(II) binding to minimal zinc hook peptides.

4th Annual Bio-NMR User Meeting, Warsaw, Poland, 5-8 May 2014

Book of Abstracts p. 99

3574/A

WAWRZYŃSKA A.K., MIERZWIŃSKA M., SIRKO A.

Arabidopsis cytoplasmic serine acetyltransferase interacts with putative transcription factor SCL11.

4th Sulphyton Workshop, Athens, Greece, 5-8 September 2014

Journal für Kulturpflanzen (2014) 66: 99

3575/A

ZIENTARA-RYTTER K., ZNÓJ A., WAWRZYŃSKA A.K., SIRKO A.

Analysis of the tobacco *UP15* gene induced during sulfur and nitrogen deficiency.

4th Sulphyton Workshop, Athens, Greece, 5-8 September 2014

Journal für Kulturpflanzen (2014) 66: 100

3576/A

ZMARZ A., KORCZAK-ABSHIRE M., KARLSEN S.R., RODZEWICZ M., STORVOLD R., GORAJ Z., CHWEDORZEWSKA K.J.

Remote sensing techniques for monitoring the King George Island.

35th Polar Symposium, Diversity and state of polar ecosystems, Wrocław, 4th-7th June 2014

Book of Abstracts 136

3577/A

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

P. annua in the maritime Antarctic-case study.

35th Polar Symposium, Diversity and state of polar ecosystems, Wrocław, 4th-7th June 2014

Book of abstracts p.19

3578/A

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

Conservation issue in "Arctowski" oasis – alien plant introduction risk.

35th Polar Symposium, Diversity and state of polar ecosystems, Wrocław, 4th-7th June 2014

Book of Abstracts p.18

3579/A

GRZESIAK J., ZDANOWSKI M., GÓRNIAK D., ŚWIĄTECKI A., ALEKSANDRZAK-PIEKARCZYK T., SZATRAJ K.

Microbial community changes along Hans and Werenskiöld glaciers' ablation zone.

35th Polar Symposium, Diversity and state of polar ecosystems, Wrocław, 4th-7th June 2014

Book of Abstracts p.41

3580/A

GRZESIAK J., ZDANOWSKI M., GÓRNIAK D., ŚWIĄTECKI A., ŻMUDA-BARANOWSKA M., BORSUK P.

Arctic and Antarctic psychrophilic isolate collection.

35th Polar Symposium, Diversity and state of polar ecosystems, Wrocław, 4th-7th June 2014

Book of Abstracts p.40

3581/A

ZDANOWSKI M., GRZESIAK J., GROMADKA R., GAWOR J., ŚWIĄTECKI A., GÓRNIAK D.

Bacterial diversity of Ecology Glacier (King George Island, Antarctica) in the age of global warming, revealed by classical and metagenomic analyses.

35th Polar Symposium, Diversity and state of polar ecosystems, Wrocław, 4th-7th June 2014

Book of Abstracts p.134

3582/A

BUCZKOWSKA A.M., DZIEMBOWSKI A., LEFEBER D.J., ŚWIEŻEWSKA E.

Cellular model of polyprenol reductase deficiency: useful tool for SRD5A3-CDG study.

European Human Genetics Conference, Milan, Italy, 31 May-3 June 2014

European Journal of Human Genetics (2014) 22(1): 138

3583/A

BORKIEWICZ L., MUSZYŃSKA G., SZCZEGIELNIAK J.

Identification of maize calcium-dependent protein kinase interacting proteins using co-immunoprecipitation and mass spectrometry.

4th Conference of Polish Mass Spectrometry Society, Trzebnica , 26-29 May 2014

Abstract Book BS

3584/A

GRATKOWSKA D.M., SARNOWSKA E., ROLICKA A.T., BUCIOR E., SACHAROWSKI S.P., KONCZ C., JERZMANOWSKI A.J., SARNOWSKI T.J.

The Arabidopsis SWI/SNF ATP-dependent chromatin remodelling complex responds to environmental changes in temperature - dependent manner.

Chromatin: from nucleosomes to chromosomes, Cambridge, UK, 30 April-2 May 2014

Abstracts P29

3585/A

SACHAROWSKI S.P., GRATKOWSKA D.M., ROLICKA A.T., BUCIOR E., SARNOWSKA E., KOWALCZYK J., PAWLIKOWSKA K.P., KONCZ C., JERZMANOWSKI A.J., SARNOWSKI T.J.

Functional characterization of SWP73A and SWP73B genes encoding subunits of Arabidopsis SWI/SNF chromatin remodeling complexes.

Chromatin: from nucleosomes to chromosomes, Cambridge, UK, 30 April-2 May 2014

Abstracts P56

3586/A

KORCZAK-ABSHIRE M., ZMARZ A., CHWEDORZEWSKA K.J., KARLSEN S.R., RODZEWICZ M., STORVOLD R., GORAJ Z.

UAV for monitoring of indicator species on Antarctic protected areas.

34th Symposium of the European-Association-of Remote-Sensing-Laboratories (EARSeL), Warsaw, 16-20 June 2014

Book of Abstracts p.79

3587/A

KORNELYUK A.I., LOZHKO D., MALINA A., ZHUKOV I.

NMR spectroscopy and molecular dynamics simulation studies of EMAP II cytokine and its nanocomposite complexes.

4 th Summer Symposium on Nanomaterials and their Application to Biology and Medicine, Poznań, Poland, 15-18 June 2014

Book of Abstracts p.27

3588/A

CHOUDHURY A.R., SIKORSKA E., VAN DEN BOOM J., BAYER P., ŽUPERL Š., POPENDA Ł., SZUTKOWSKI K., JURGA S., NOVIČ M., ZHUKOV I.

Structural analysis of TM2 and TM3 transmembrane fragments of biblitranslocase transporter protein with NMR spectroscopy.

4 th Summer Symposium on Nanomaterials and their Application to Biology and Medicine, Poznań, Poland, 15-18 June 2014

Book of Abstracts p.138

3589/A

ZHUKOV I.

Structural analysis of human PRP^C prion protein and its pathogenic mutants.

AMPERE NMR School, Zakopane, Poland, 22-28 June 2014

Book of Abstracts p.20

3590/A

PLACHTA M., HAŁAS A., McINTYRE J., ŚLEDZIEWSKA-GÓJSKA E.

Cell cycle stage affects stability and cellular abundance of yeast TLS polymerase *eta*.

Gordon Research Conferences, Mutagenesis, Changes to the Genetic Landscape, from Single Nucleotides to Entire Genomes, Girona, Spain, 15-20 June 2014

Abstracts BS

3591/A

McINTYRE J., McLENIGAN M.P., FRANK E., DAI X., WANG Y., WOODGATE R.

Ubiquitination of human DNA polymerase *iota*.

Gordon Research Conferences, Mutagenesis, Changes to the Genetic Landscape, from Single Nucleotides to Entire Genomes, Girona, Spain, 15-20 June 2014

Abstracts BS

3592/A

SIKORA A., MACIEJEWSKA A.M., POZNAŃSKI J., PILŻYS T., PIWOWARSKI J., GRZESIUŁ E.

Do changes in free Fe pool influence AlkB-dependent mechanism of DNA repair in bacterial and tumor cells?

Gordon Research Conferences, Mutagenesis, Changes to the Genetic Landscape, from Single Nucleotides to Entire Genomes, Girona, Spain, 15-20 June 2014

Abstracts BS

3593/A

KRÓL K., BRÓZDA I., SKONECZNY M., SKONECZNA A.

Vesicular trafficking pathways are indispensable for genome maintenance and cellular defense against genotoxic stress, as revealed by genome-wide zeocin hypersensitivity test.

Gordon Research Conferences, Mutagenesis, Changes to the Genetic Landscape, from Single Nucleotides to Entire Genomes, Girona, Spain, 15-20 June 2014

Abstracts BS

3594/A

DYLEWSKA M., MACIEJEWSKA A.M.

E. coli AlkB dioxygenase and its human homologue ABH3 repair acrolein adducts to adenine and cytosine.

Gordon Research Conferences, Mutagenesis, Changes to the Genetic Landscape, from Single Nucleotides to Entire Genomes, Girona, Spain, 15-20 June 2014

Abstracts BS

3595/A

POZNAŃSKI J., DYLEWSKA M., KUŚMIEREK J.T., MACIEJEWSKA A.M.

Molecular mechanism of AlkB dioxygenase and its human homologues repair activity against alkyl and exocyclic DNA adducts.

Gordon Research Conferences, Mutagenesis, Changes to the Genetic Landscape, from Single Nucleotides to Entire Genomes, Girona, Spain, 15-20 June 2014

Abstracts BS

3596/A

NOWAKOWSKI M., EJCHART A., KOCHAŃCZYK T., WOJEWSKA D., KOŹMIŃSKI W., KRĘŻEL A.

Studies of Zn(II) binding to minimal zinc hook peptides.

EUROMAR, Magnetic Resonance Conference, Zurich, Switzerland, June 29-July 3, 2014

Abstract Book p.212

3597/A

CWANEK A., OLECH M.A., MIETELSKI J.W.

Determining of activity level of radioisotopes in lichens from lands along the Northwest Passage (Arctic).

35th Polar Symposium, Diversity and State of Polar Ecosystems, Wrocław, 4th-7th June 2014

Book of Abstracts p.23

3598/A

KELLMANN-SOPYŁA W., SZEWCZYK J., NOWICKI M., GIEŁWANOWSKA I.

Germination ability of diaspores of polar Caryophyllaceae and Poaceae species under different temperature conditions.

35th Polar Symposium, Diversity and State of Polar Ecosystems, Wrocław, 4th-7th June 2014

Book of Abstracts p. 58

3599/A

KOCHMAN N., NOGA T., STANEK-TARKOWSKA J., PAJĄCZEK A., PESZEK Ł., OLECH M.A.

Soil diatom communities development on the Sphinx Glacier foreland (King George Island, Antarctica).

35th Polar Symposium, Diversity and State of Polar Ecosystems, Wrocław, 4th-7th June 2014

Book of Abstracts p.59

3600/A

MACZUKIN J., KELLMANN-SOPYŁA W., DOMACIUK M., SZCZUKA E., PERKOWSKA J., SZEWCZYK J.

Modification ways of development of the female generative structures Antarctic grasses, native *Deschampsia antarctica* Desv. and alien *Poa annua* L. 35th Polar Symposium: Diversity and state of polar ecosystems.

35th Polar Symposium, Diversity and State of Polar Ecosystems, Wrocław, 4th-7th June 2014

Book of Abstracts p. 75

3601/A

NOWICKI M., MACZUKIN J., PERKOWSKA J., GIEŁWANOWSKA I.

Germination performance and cultivation of polar flowering plants belonging to family Caryophyllaceae.

35th Polar Symposium, Diversity and State of Polar Ecosystems, Wrocław, 4th-7th June 2014

Book of Abstracts p. 90

3602/A

STEPANOWSKA K.

Effects of starving the antarctic fish *Notothenia rossii* (richardson, 1844) on selected biochemical components of blood and body chemical composition.

35th Polar Symposium, Diversity and State of Polar Ecosystems, Wrocław, 4th-7th June 2014

Book of Abstracts p. 113

3603/A

SKORUPIŃSKA-TUDEK K., ROWICKI T., ŚWIEŻEWSKA E.

Phytol epoxide affects accumulation of phytosterols and polyisoprenoids in the hairy roots of *Arabidopsis thaliana*.

Plant Biology Europe FESPB/EPSO 2014 Congress, Dublin, Ireland, 22nd-26th June 2014

Abstract Book p.410

3604/A

SURMACZ E., SIEKIERSKA H., BUSZEWICZ D., JÓŹWIAK A., ŚWIEŻEWSKA E.

Identification of Linkages between the end products of *Arabidopsis* cis-prenyltransferase 7 activity and plant resistance to abiotic stress.

Plant Biology Europe FESPB/EPSO 2014 Congress, Dublin, Ireland, 22nd-26th June 2014

Abstract Book p. 115

3605/A

GAWARECKA K., POZNAŃSKI J., ŚWIEŻEWSKA E.

Terpenoids of *Arabidopsis thaliana* - statistical analysis.

Plant Biology Europe FESPB/EPSO 2014 Congress, Dublin, Ireland, 22nd-26th June 2014

Abstract Book p. 218

3606/A

LIPKO A., ROHMER M., KANIA M., DANIKIEWICZ W., ŚWIEŻEWSKA E.

Study on the cross-talk between the MVA and MEP pathways in polyisoprenoid biosynthesis.

Plant Biology Europe FESPB/EPSO 2014 Congress, Dublin, Ireland, 22nd-26th June 2014

Abstract Book p. 400

3607/A

KOMASZYŁO J., ŚWIEŻEWSKA E., KANIA M., DANIKIEWICZ W.

The influence of oxidative conditions on the content and profile of polyisoprenoid alcohols in *Arabidopsis thaliana* roots.

Plant Biology Europe FESPB/EPSO 2014 Congress, Dublin, Ireland, 22nd-26th June 2014

Abstract Book p. 113

3608/A

JÓŹWIAK A., KANIA M., DANIKIEWICZ W., POZNAŃSKI J., ŚWIEŻEWSKA E.

Metabolic response of plant cell to osmotic stress involves the mevalonate and methylerythritol phosphate pathways.

Plant Biology Europe FESPB/EPSO 2014 Congress, Dublin, Ireland, 22nd-26th June 2014

Abstract Book p. 112

3609/A

WINIEWSKA M., CIZIO K., POZNAŃSKI J.

Thermodynamics of Protein-Ligand interactions. DSC and fluorescence study on binding of Bromobenzotriazoles to protein kinase CK2 α .

I Seminarium Analizy Termicznej SeAT'14, Zakopane, Polska, 6-9 kwietnia 2014

Abstracts BS

3610/A

SAWICKA R., GÓRA-SOCHACKA A., SĄCZYŃSKA V., PORĘBSKA A., SIRKO A.

A recombinant single-chain variable fragment antibody against hemagglutinin from avian influenza virus H5N1 - cloning, expression and characterization.

Influenza 2014: One Influenza, One World, One Health, Oxford, Great Britain, 9-11 September 2014

Abstracts p.40

3611/A

GAWARECKA K., SIWINSKA J., IHNATOWICZ A., ŚWIEŻEWSKA E.

Following the biosynthetic pathways of terpenoids in Arabidopsis - application of natural variation.

Plant Biology 2014, Portland, Oregon, USA, 12-16 July 2014

Final Program BS

3612/A

TOMCZYK-ŻAK K., OBSZAŃSKA K., SKROBOT J., ZIELENKIEWICZ U.

Bacterial mats from a closed uranium mine in Kowary.

Biofilms 6, International Conference on Microbial Biofilms, Vienna, Austria, 11-13 May 2014

Abstract Book p. 94

3613/A

WOLINSKA A., SZAFRANEK-NAKONIECZNA A., ZIELENKIEWICZ U., BŁASZCZYK M. STEPNIEWSKA Z., GÓRSKI A.

Wpływ rolniczego użytkowania gleb bielcowych i brunatnych na biomasę mikroorganizmów oraz zawartość DNA glebowego.

Ocena gleb użytkowanych rolniczo, Puławy, 26-27 czerwca 2014

Komunikaty i postery str. 155

3614/A

GŁOWACKA A., WOŹNICA W., DĄBROWSKI K., IZAK D., GAĞAŁA U., HEJNOWICZ M.S., GAWOR J., GROMADKA R., WEBER-DĄBROWSKA B., ŁOBOCKA M.B.

Unpredicted properties of *Pseudomonas aeruginosa* cells treated with bacteriophage PS44 - a candidate for therapeutic applications.

Drug Discovery & Rherapy World Congress, Global Biotechnology Congress, Boston, USA, 16-19 June 2014

Abstract Book BS

3615/A

GŁOWACKA A., WOŹNICA W., ULATOWSKA M.I., ŁOBOCKA M.B.

Staphylococcal Twort-like phages' homologs of bacterial virulence determinants.

Drug Discovery & Rherapy World Congress, Global Biotechnology Congress, Boston, USA, 16-19 June 2014

Abstract Book BS

3616/A

GAĞAŁA U., DĘBSKI J., JADACKA P., DADLEZ M., ŁOBOCKA M.B.

Involvement of two proteases in the morphogenesis of P1 bacteriophage heads and in the head size differentiation.

EMBO Conference on Viruses of Microbes III: Structure and Function - from Molecules to Communities, Zurich, Switzerland, 14-18 July 2014

Programme and Abstract Book p.181-182

3617/A

GŁOWACKA A., ULATOWSKA M.I., ŁOBOCKA M.B.

Functional analysis of Staphylococcal Twort-like phages' genes that encode homologs of bacterial virulence determinants.

EMBO Conference on Viruses of Microbes III: Structure and Function - from Molecules to Communities, Zurich, Switzerland, 14-18 July 2014

Programme and Abstract Book p.176

3618/A

KOSAKOWSKI J., GOZDEK A., DĄBROWSKI K., GŁOWACKA A., WOŹNICA W., HEJNOWICZ M.S., WEBER-DĄBROWSKA B., ŁOBOCKA M.B.

Characteriscic of the transposable *Pseudomonas aeruginosa* bacteriophage PS-col21 and the impact of PS-col21 on biofilm formation by its host.

EMBO Conference on Viruses of Microbes III: Structure and Function - from Molecules to Communities, Zurich, Switzerland, 14-18 July 2014

Programme and Abstract Book p. 248

3619/A

RADZIWIŁŁ-BIEŃKOWSKA J.M., BETTINI S., CINQUIN B., JAMME F., ROBERT V., GAULTIER E., CARTIER C., CHERBUY C., RUL F., RÉFRÉGIERS M., HOUDEAU E., THOMAS M., MERCIER-BONIN M.

Evaluating the trapping properties of intestinal bacteria and mucus towards the TIO₂ food additive.

9th SOLEIL Users`Meeting, Saint-Aubin, France, 23-24 January 2014

Abstracts PO-BH-07

3620/A

RADZIWIŁŁ-BIEŃKOWSKA J.M., DOAN T.L.L., DUVIAU M-P., ROBERT V., LOUBIERE P., THOMAS M., LANGELLA P., MERCIER-BONIN M., BARDOWSKI J.K., KOWALCZYK M.

Adhesive and musco-adhesive properties of the sequenced *Lactococcus lactis* subsp. *cremonis* IBB477 strain.

Gut Microbiology: From Sequence to Function, Aberdeen, Great Britain, 16-19 June 2014

Abstract BS

3621/A

BARDOWSKI J.K.

Nowoczesne podejścia biologiczne w zapewnianiu bezpieczeństwa żywności.

Doskonalenie Systemu Zarządzania Bezpieczeństwem Żywności-6, Zakopane, 11-13 maja 2014

Materiały Konferencyjne s.43-48

3622/A

RADZIWIŁŁ-BIEŃKOWSKA J.M., DOAN T.L.L., SZCZĘSNY P., DUVIAU M-P., BARDOWSKI J.K., LOUBIERE P., MERCIER-BONIN M., KOWALCZYK M.

Identyfikacja molekularnych czynników odpowiedzialnych za adhezję bakterii *Lactococcus lactis* IBB477 do błony sluzowej przewodu pokarmowego.

V Sympozjum Naukowe Probiotyki w Żywności, Kiry pod Zakopanem, 23-25 kwietnia 2014

Abstrakt s.8

3623/A

ŻYLIŃSKA J., PUZIA W., TRUSZKOWSKA Z., BORECZEK J., BARDOWSKI J.K.

Charakterystyka kolekcji szczepów bakterii fermentacji mlekowej pod kątem właściwości probiotycznych i przydatności w przemyśle mleczarskim.

V Sympozjum Naukowe Probiotyki w Żywności, Kiry pod Zakopanem, 23-25 kwietnia 2014

Abstrakt s.22

3624/A

KANIAK-GOLIK A.

Overlapping roles of the Nuc1 (mammalian EndoG/EXOG) and Rad27 (mammalian Fen1) nucleases in preventing the accumulation of point mutations in mtDNA of *Saccharomyces cerevisiae* cells.

Gordon Research Conference Mitochondria & Chloroplasts, Biology and Physiology of Energy Converting Organelles, Lucca (Barga), Italy, 6-11 July 2014

Abstracts BS

3625/A

KRZYMOWSKA M., GSKA F., PIECHOCKI M., HOSER R., LICHOCKA M., TAUBE M., KOZAK M., HENNIG J.

Towards understanding mechanisms of action of HopQ1 protein, type III secretion effector of *Pseudomonas syringae*.

Plant Biology Europe FESB/EPSO 2014, Dublin, Ireland, 22-26 June 2014

Congress Programme p. 84

3626/A

HOSER R., LICHOCKA M., ŻURCZAK M., HENNIG J., KRZYMOWSKA M.

Emerging role of SGT1 as a regulator of NB-LRR receptors' nucleocytoplasmic partitioning.

Workshop on cellular dynamics of effector action and recognition, Toulouse, France, 9-11 April 2014

Abstracts p.19

3627/A

POMPE-NOVAK M., BAEBLER Š., TUŠEK-ŽNIDARIČ M., MORGIEWICZ K., HENNIG J., GRUDEN K.

Lesions in compatible and incompatible potato - potato virus Y interaction: morphology and gene expression.

19th Triennial Conference of the European Association for Potato Research, Brussels, Belgium, 6-11 July 2014

Abstracts Book p. 68

3628/A

GISKA F., PIECHOCKI M., TAUBE M., LICHOCKA M., HOSER R., KOZAK M., HENNIG J., KRZYMOWSKA M.

Cellular dynamics of HopQ1, a type III secretion effector from *Pseudomonas syringae*.

XVI International Congress on Molecular Plant-Microbe Interactions, Rhodes, Greece, 6-10 July 2014

Program BS

3629/A

REDKAR A., SCHILLING L., HOSER R., ZECHMANN B., HEMETSBERGER CH., AJAMI-RASHIDI Z., KRZYMOWSKA M., WALBOT V., DOEHLEMAN G.

Tumor progression in leaves in *Ustilago maydis* - maize interaction is modulated by an organ specific effector See1.

XVI International Congress on Molecular Plant-Microbe Interactions, Rhodes, Greece, 6-10 July 2014

Program BS

3630/A

ŻURCZAK M., HOSER R., LICHOCKA M., SCHMELZER E., PARKER J.E., HENNIG J., KRZYMOWSKA M.

Nuclear import of N receptor in tobacco is regulated by posttranslational modification of SGT1 protein.

XVI International Congress on Molecular Plant-Microbe Interactions, Rhodes, Greece, 6-10 July 2014

Program BS

3631/A

SASIN-KUROWSKA J., GAWOR J., GRZESIAK J., BORSUK P., ZDANOWSKI M., GROMADKA R.

Supraglacial community responses to increasing global temperatures as revealed by comparative metagenomics.

13th European Conference on Computational Biology, Strasbourg, France, 7-10 September 2014

Abstract BS

3632/A

MACIEJAK A., GÓRA M., KILISZEK M., MICHALAK M., TUŁACZ D., MATLAK K., DOBRZYCKI S., OPOLSKI G., BURZYŃSKA B.

Identification of a peripheral blood transcriptional biomarker panel associated with post-myocardial infarction heart failure.

Pharmacogenomics and Genomic Medicine: Bridging Research and the Clinic, Aegina Island, Greece, 11-15 September 2014

Abstrakt BS

3633/A

WILOCH M.Z., UFNALSKA I., WAWRZYNIAK U.E., BONNA A., WRÓBLEWSKI W.

Electrochemical studies of copper complexes with analogue NSF₂RY peptide.

33rd European Peptide Symposium, Sofia, Bulgaria, 31 August-5 September 2014

Journal Peptide Science 20(1): YP48 S113-S114

3634/A

UFNALSKA I., WILOCH M.Z., WAWRZYNIAK U.E., BONNA A., WRÓBLEWSKI W.

Various oligopeptide monolayers interacting with copper(II) ions.

33rd European Peptide Symposium, Sofia, Bulgaria, 31 August-5 September 2014

Journal Peptide Science 20(1): P157 S207-S208

3635/A

PLONKA D., BONNA A., BAL W.

Interaction of reduced and oxidized hepcidin with metal ions.

12th European Biological Inorganic Chemistry Conference, Zurich, Switzerland, 24-28 August 2014

J Biol Inorg Chem (2014) 19 (Suppl 2): S774-S775 P5

3636/A

FRĄCZYK T., BOSSAK K., BONNA A., BAL W.

Human annexins A1 and A2 are potential toxicological targets for Pd(II) ions.

12th European Biological Inorganic Chemistry Conference, Zurich, Switzerland, 24-28 August 2014

J Biol Inorg Chem (2014) 19 (Suppl 2):S773-775 P7

3637/A

ZAWISZA I., MITAL M., POLKOWSKA-NOWAKOWSKA A., BONNA A., BAL W.

The impact of synthetic analogs of histidine on copper(II) coordination properties to an albumin-like peptide.

12th European Biological Inorganic Chemistry Conference, Zurich, Switzerland, 24-28 August 2014

J Biol Inorg Chem (2014) 19 (Suppl 2): S811-S812 P99

3638/A

DZIAMAN T., LUDWICZAK H., CIEŚLA J. M., BANASZKIEWICZ Z., WINCZURA A., CHMIELARCZYK M., WIŚNIEWSKA E., MARSZAŁEK A., TUDEK B., OLIŃSKI R.

PARP-1 expression is increased in colon cancer and correlates with OGG1.

1st Congress of the Polish Biochemistry, Cell Biology, Biophysics and Bioinformatics "BIO 2014", Warsaw, Poland, 9-12 September 2014

Abstract Supplements (2014) vol. 61 (1) s. 45 P2.29

3639/A

SARNOWSKA E., ĆWIEK P., ROLICKA A.T., BUCIOR E., ARAÚJO W.L., TOHGE T., KLEPACZ A., BALCERAK A., MACECH E., SACHAROWSKI S.P., GRATKOWSKA D.M., FERNIE A.R., KONCZ C., SIEDLECKI J.A., JERZMANOWSKI A.J., SARNOWSKI T.J.

Global control of eukaryotic gene expression depends on chromatin remodeling by SWI/SNF complexes.

1st Congress of the Polish Biochemistry, Cell Biology, Biophysics and Bioinformatics "BIO 2014", Warsaw, Poland, 9-12 September 2014

Abstract Supplements (2014) vol. 61 (1) s. 30 02.8

3640/A

JERKA-DZIADOSZ M., NOWAK J.K., JOACHIMIAK E., AUBUSSON-FLEURY A., WŁOGA D.

The transition zone of cilia in *Paramecium* and *Tetrahymena* contains nucleoporins but no septins.

1st Congress of the Polish Biochemistry, Cell Biology, Biophysics and Bioinformatics "BIO 2014", Warsaw, Poland, 9-12 September 2014

Abstract Supplements (2014) vol. 61 (1) s. 63 P3.5

3641/A

BUSZEWICZ D., SURMACZ L., JERZMANOWSKI A.J., KOBLOWSKA M., ŚWIEŻEWSKA E.

The potential role of polyisoprenoids in *Arabidopsis thaliana* response to heat treatment.

1st Congress of the Polish Biochemistry, Cell Biology, Biophysics and Bioinformatics "BIO 2014", Warsaw, Poland, 9-12 September 2014

Abstract Supplements (2014) vol. 61 (1) s. 103 05.1

3642/A

MIKA A., SKORKOWSKI E., STEPNOWSKI P.

Studies on lipogenesis in the shrimp *Crangon crangon* - application of metabolic labeling with tritiated water.

1st Congress of the Polish Biochemistry, Cell Biology, Biophysics and Bioinformatics "BIO 2014", Warsaw, Poland, 9-12 September 2014

Abstract Supplements (2014) vol. 61 (1) s. 107 P5.3

3643/A

RUTOWICZ K., PUZIO M., HALIBART-PUZIO J., LIRSKI M., KOTLIŃSKI M., KROTEŃ M.A., KNIŻEWSKI Ł., LANGE B., MUSZEWSKA A., ŚNIEGOWSKA-ŚWIERK K., KOŚCIELNIAK J., IWANICKA-NOWICKA R., BUZA K., JANOWIAK F., ŻMUDA K., JÕESAAR I., LASKOWSKA-KASZUB K., FOGTMAN A., KOLLIST H., ZIELENKIEWICZ P., TIURYN J., SIEDLECKI P., ŚWIEŻEWSKI S.S., GINALSKI K., KOBLOWSKA M., ARCHACKI R., WILCZYŃSKI B., RAPACZ M., JERZMANOWSKI A.J.

Epigenetic mechanisms behind plant phenotypic plasticity.

1st Congress of the Polish Biochemistry, Cell Biology, Biophysics and Bioinformatics "BIO 2014", Warsaw, Poland, 9-12 September 2014

Abstract Supplements (2014) vol. 61 (1) s. 109 L6.2

3644/A

MACIEJAK A., GÓRA M., KILISZEK M., MICHALAK M., TUŁACZ D., MATLAK K., DOBRZYCKI S., OPOLSKI G., BURZYŃSKA B.

Predictive biomarkers in the development of heart failure after acute myocardial infarction.

1st Congress of the Polish Biochemistry, Cell Biology, Biophysics and Bioinformatics "BIO 2014", Warsaw, Poland, 9-12 September 2014

Abstract Supplements (2014) vol. 61 (1) s. 125 P6.25

3645/A

PIOTROWSKA A., KOSIOR-JARECKA E., ŻARNOWSKI T., PŁOSKI R., TOŃSKA K., BARTNIK E.

Next generation sequencing technology - application to whole mitochondrial genome analysis and molecular diagnostics of human diseases.

1st Congress of the Polish Biochemistry, Cell Biology, Biophysics and Bioinformatics "BIO 2014", Warsaw, Poland, 9-12 September 2014

Abstract Supplements (2014) vol. 61 (1) s. 129 P6.32

3646/A

TUŁACZ D., GÓRA M., BURZYŃSKA B.

Functional genomics analysis of rat myocardial infarction model in heart failure biomarkers prediction.

1st Congress of the Polish Biochemistry, Cell Biology, Biophysics and Bioinformatics "BIO 2014", Warsaw, Poland, 9-12 September 2014

Abstract Supplements (2014) vol. 61 (1) s. 132 P6.38

3647/A

CIEPLAK M.K., TARNOWSKI K.J., DADLEZ M., FABIAN M. R. SONENBERG N., DARZYŃKIEWICZ E., NIEDŹWIECKA A.

Structural and functional properties of proteins involved in miRNA-mediated gene silencing revealed by hydrogen/ deuterium exchange mass spectrometry.

1st Congress of the Polish Biochemistry, Cell Biology, Biophysics and Bioinformatics "BIO 2014", Warsaw, Poland, 9-12 September 2014

Abstract Supplements (2014) vol. 61 (1) s. 140 P7.5

3648/A

KUTNER J., DZIEMBOWSKI A., ROWICKA M., GINALSKI K.

Yeast YIL096C binds and methylates 25S rRNA.

1st Congress of the Polish Biochemistry, Cell Biology, Biophysics and Bioinformatics "BIO 2014", Warsaw, Poland, 9-12 September 2014

Abstract Supplements (2014) vol. 61 (1) s. 150 P7.25

3649/A

PRZANOWSKI P., LOSKA S., CYSEWSKI D., DĄBROWSKI M., KAMIŃSKA B.

ISGylation increases stability of hundreds proteins including STAT1 that prevents premature termination of immune responses in LPS stimulated microglia.

1st Congress of the Polish Biochemistry, Cell Biology, Biophysics and Bioinformatics "BIO 2014", Warsaw, Poland, 9-12 September 2014

Abstract Supplements (2014) vol. 61 (1) s. 156 P7.37

3650/A

CZERWIŃSKA J., NOWAK M., BERENTOWICZ P., KOSICKI K., NIEDERNHOFER L., SPEINA E., TUDEK B.

A major lipid peroxidation product, 4-hydroxy-2-nonenal induces protein PARylation and necrosis in Ercc1^{-/-} mouse embryonic fibroblasts.

1st Congress of the Polish Biochemistry, Cell Biology, Biophysics and Bioinformatics "BIO 2014", Warsaw, Poland, 9-12 September 2014

Abstract Supplements (2014) vol. 61 (1) s. 177 P8.2

3651/A

SZMAJDA E.M., KOSICKI K., TUDEK B., SPEINA E.

Endogenous factors responsible for the phenotype of human cells defective in Fanconi anemia pathway.

1st Congress of the Polish Biochemistry, Cell Biology, Biophysics and Bioinformatics "BIO 2014", Warsaw, Poland, 9-12 September 2014

Abstract Supplements (2014) vol. 61 (1) s. 187 P8.21

3652/A

KUCHTA K., KISIAŁA M., POMORSKI P., KRZAWICZ J.

DNAtraffic - a new database for systems biology of DNA dynamics during the cell life with the direct links to human diseases.

1st Congress of the Polish Biochemistry, Cell Biology, Biophysics and Bioinformatics "BIO 2014", Warsaw, Poland, 9-12 September 2014

Abstract Supplements (2014) vol. 61 (1) s. 189 P8. 25

3653/A

KISIAŁA M., BOCHTLER M., KRZAWICZ J.

Functional characterization of proteins involved in DNA repair and genome stability.

1st Congress of the Polish Biochemistry, Cell Biology, Biophysics and Bioinformatics "BIO 2014", Warsaw, Poland, 9-12 September 2014

Abstract Supplements (2014) vol. 61 (1) s. 189 P8.26

3654/A

KOLESIŃSKI P., BELUSIAK I., CZARNOCKI-CIECIURA M., SZCZEPANIAK A.

The role of RAF1 protein in cyanobacterial Rubisco assembly.

1st Congress of the Polish Biochemistry, Cell Biology, Biophysics and Bioinformatics "BIO 2014", Warsaw, Poland, 9-12 September 2014

Abstract Supplements (2014) vol. 61 (1) s. 196 P9.3

3655/A

ĆWIEK P., KLEPACZ A., KONCZ C., JERZMANOWSKI A.J., SARNOWSKI T.J.

Identification of new Arabidopsis lines carrying T-DNA-insertion in the AtTOR gene.

1st Congress of the Polish Biochemistry, Cell Biology, Biophysics and Bioinformatics "BIO 2014", Warsaw, Poland, 9-12 September 2014

Abstract Supplements (2014) vol. 61 (1) s. 198 P9.8

3656/A

GRATKOWSKA D.M., SARNOWSKA E., ROLICKA A.T., BUCIOR E., SACHAROWSKI S.P., KONCZ C., JERZMANOWSKI A.J., SARNOWSKI T.J.

The Arabidopsis SWI/SNF ATP-dependent chromatin remodelling complex responds to environmental changes in temperature-dependent manner.

1st Congress of the Polish Biochemistry, Cell Biology, Biophysics and Bioinformatics "BIO 2014", Warsaw, Poland, 9-12 September 2014

Abstract Supplements (2014) vol. 61 (1) s. 201 P9.14

3657/A

FOGTMAN A., KWIATKOWSKA A., PALUSIŃSKI A., IWANICKA-NOWICKA R., PACEK A., MACIOSZEK A., WILCZYŃSKI B., KOTLIŃSKI M., DOLATA J., JARMOŁOWSKI A., JERZMANOWSKI A.J., KOBLOWSKA M.

Changes in the chromatin state and gene transcription in response to salinity stress in T87 *Arabidopsis thaliana* cells.

1st Congress of the Polish Biochemistry, Cell Biology, Biophysics and Bioinformatics "BIO 2014", Warsaw, Poland, 9-12 September 2014

Abstract Supplements (2014) vol. 61 (1) s. 204 P9.20

3658/A

SARNOWSKA E., SARNOWSKI T.J., DOMAGALSKA M., AMAR S., ROLICKA A.T., KLEPACZ A., MOLNAR G., KONCZ C., JERZMANOWSKI A.J., DAVIS S.J.

Identification of novel functions for Arabidopsis RCF (ERECTA) proteins in gibberellin signalling pathway.

1st Congress of the Polish Biochemistry, Cell Biology, Biophysics and Bioinformatics "BIO 2014", Warsaw, Poland, 9-12 September 2014

Abstract Supplements (2014) vol. 61 (1) s. 208 P9.27

3659/A

SACHAROWSKI S.P., ROLICKA A.T., BUCIOR E., GRATKOWSKA D.M., KOWALCZYK J., KONCZ C., JERZMANOWSKI A.J., SARNOWSKI T.J.

Functional characterization of SWP73A and SWP73B - subunits of Arabidopsis SWI/ SNF chromatin remodeling complexes.

1st Congress of the Polish Biochemistry, Cell Biology, Biophysics and Bioinformatics "BIO 2014", Warsaw, Poland, 9-12 September 2014

Abstract Supplements (2014) vol. 61 (1) s. 208 P9.28

3660/A

KOSICKI K., KUCHARCZYK J., CZERWIŃSKA J., SPEINA E., NIEDŹWIEDŹ W., TUDEK B.

Major lipid peroxidation product 4-hydroksynonenal affects dna damage response and modulates gene expression in HeLa cells.

1st Congress of the Polish Biochemistry, Cell Biology, Biophysics and Bioinformatics "BIO 2014", Warsaw, Poland, 9-12 September 2014

Abstract Supplements (2014) vol. 61 (1) s. 222 P11.7

3661/A

GHAHE S.S., BAŻLEKOWA M., TUDEK B.

Isolation and characterization of cancer cell lines resistant to Photodynamic Therapy.

1st Congress of the Polish Biochemistry, Cell Biology, Biophysics and Bioinformatics "BIO 2014", Warsaw, Poland, 9-12 September 2014

Abstract Supplements (2014) vol. 61 (1) s. 245 O13.4

3662/A

KŁONIECKI M., SITKIEWICZ E., POZNAŃSKI J., BAL W., DADLEZ M.

Factors influencing compact-extended structure equilibrium in oligomers of A β 1–40 peptide - an ion mobility mass spectrometry study.

1st Congress of the Polish Biochemistry, Cell Biology, Biophysics and Bioinformatics "BIO 2014", Warsaw, Poland, 9-12 September 2014

Abstract Supplements (2014) vol. 61 (1) s. 252 P13.13

3663/A

KODROŃ A., KULICKA A., KARWOWSKA K., SENATOR D., KRAWCZYŃSKI M., KORWIN M., KIERDASZUK B. KAMIŃSKA A., TOŃSKA K., BARTNIK E.

Live or let die - autophagy analysis in Leber's hereditary optic neuropathy.

1st Congress of the Polish Biochemistry, Cell Biology, Biophysics and Bioinformatics "BIO 2014", Warsaw, Poland, 9-12 September 2014

Abstract Supplements (2014) vol. 61 (1) s. 257 O14. 3

3664/A

BAL W.

Non-enzymatic method of affinity tag removal based on nickel-dependent peptide bond hydrolysis.

1st Congress of the Polish Biochemistry, Cell Biology, Biophysics and Bioinformatics "BIO 2014", Warsaw, Poland, 9-12 September 2014

Abstract Supplements (2014) vol. 61 (1) s. 269 L15.2

3665/A

RADZIWIŁŁ-BIEŃKOWSKA J.M., LAM LE D.T., SZCZĘSNY P., DUVIAU M-P., ROBERT V., LOUBIERE P., THOMAS M., LANGELLA P., MERCIER-BONIN M., BARDOWSKI J.K., KOWALCZYK M.

Adhesive and muco-adhesive properties of *Lactococcus lactis* as important factors for its potential health-promoting applications.

1st Congress of the Polish Biochemistry, Cell Biology, Biophysics and Bioinformatics "BIO 2014", Warsaw, Poland, 9-12 September 2014

Abstract Supplements (2014) vol. 61 (1) s. 272 O15.3

3666/A

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

Expression of *Saccharomyces cerevisiae* ERG20 gene encoding farnesyl pyrophosphate synthase in *Trichoderma atroviride* improves antifungal and biocontrol properties.

1st Congress of the Polish Biochemistry, Cell Biology, Biophysics and Bioinformatics "BIO 2014", Warsaw, Poland, 9-12 September 2014

Abstract Supplements (2014) vol. 61 (1) s. 279 P15.13

3667/A

JANIK A., NIEWIADOMSKA M., GAWARECKA K., KRUSZEWSKA J.S., PALAMARCZYK G.

Impaired dolichol formation affects cell wall biogenesis and filamentous growth of *Candida albicans*.

1st Congress of the Polish Biochemistry, Cell Biology, Biophysics and Bioinformatics "BIO 2014", Warsaw, Poland, 9-12 September 2014

Abstract Supplements (2014) vol. 61 (1) s. 280 P15.16

3668/A

RAK M., OCHALEK A., BIELECKA E., LATASIEWICZ J., GAWARECKA K., SROKA J., CZYŻ J., PIWOWARCZYK K., MASNYK M., CHMIELEWSKI M., CHOJNACKI T., ŚWIEŻEWSKA E., MADEJA Z.

Cationic polyprenyl derivatives as efficient, non-toxic nucleic acids vehicles.

1st Congress of the Polish Biochemistry, Cell Biology, Biophysics and Bioinformatics "BIO 2014", Warsaw, Poland, 9-12 September 2014

Abstract Supplements (2014) vol. 61 (1) s. 291 P15.36

3669/A

CZAPIŃSKA H., MIERZEJEWSKA K., KAZRANI A.A., SIWEK W., KOWALSKA M., SKOWRONEK K., BUJNICKI J.M., BOCHTLER M.

Structural biology of DNA methylation and hydroxymethylation.

1st Congress of the Polish Biochemistry, Cell Biology, Biophysics and Bioinformatics "BIO 2014", Warsaw, Poland, 9-12 September 2014

Abstract Supplements (2014) vol. 61 (1) s. 305 L16.4

3670/A

DZIEMBOWSKI A.

RNA decay in health and disease.

1st Congress of the Polish Biochemistry, Cell Biology, Biophysics and Bioinformatics "BIO 2014", Warsaw, Poland, 9-12 September 2014

Abstract Supplements (2014) vol. 61 (1) s. 306 L16.6

3671/A

CYREK M., YATUSEVICH R., ŚWIEŻEWSKI S.S.

Role of antisense transcription in gene regulation in plants.

1st Congress of the Polish Biochemistry, Cell Biology, Biophysics and Bioinformatics "BIO 2014", Warsaw, Poland, 9-12 September 2014

Abstract Supplements (2014) vol. 61 (1) s. 307 L16.7

3672/A

POZNAŃSKI J., WINIEWSKA M., CIZIO K., WĄSIK R., SHUGAR D.

Thermodynamic study on binding of halogenated benzotriazoles by catalytic domain of human protein kinase CK2 helps in development of new TBBt-derived inhibitors.

8th International Conference Inhibitors of Protein Kinases, Warsaw, Poland, 21-25 September 2014

Abstract L.14 s.14

3673/A

MAKOWSKA M., WINIEWSKA M., WIELECHOWSKA M., BRETNER M., POZNAŃSKI J., SHUGAR D.

Thermodynamics parameters for binding of some halogenated ligands by human protein kinase CK2.

8th International Conference Inhibitors of Protein Kinases, Warsaw, Poland, 21-25 September 2014

Abstract P.9 s.36

3674/A

KUCIŃSKA K., WINIEWSKA M., POZNAŃSKI J., SHUGAR D.

Thermodynamic parameters for ligand binding correlate with inhibitory activity. Application for bromobenzotriazoles and catalytic domain of protein kinase CK2.

8th International Conference Inhibitors of Protein Kinases, Warsaw, Poland, 21-25 September 2014

Abstract P.10 s.37

3675/A

WINIEWSKA M., KUCIŃSKA K., POZNAŃSKI J., SHUGAR D.

Contribution of electrostatic interactions to binding of halogenated benzotriazoles by the catalytic subunit of human protein kinase CK2.

8th International Conference Inhibitors of Protein Kinases, Warsaw, Poland, 21-25 September 2014

Abstract P.11 s.37

3676/A

BUCHOLC K.A., KRZYWIŃSKA E., WYSŁOUCH-CIESZYŃSKA A., DOBROWOLSKA G.

S-nitrosylation of PP2C protein phosphatases as a potential regulator of their activity.

8th International Conference Inhibitors of Protein Kinases, Warsaw, Poland, 21-25 September 2014

Abstract P.12 s.38

3677/A

SZCZEGIELNIAK J., BORKIEWICZ L., MUSZYŃSKA G.

Activation of wound-responsible maize Calcium Dependent Protein Kinase (ZmCPK11) by Ca²⁺ from different stores and ethylene signaling.

8th International Conference Inhibitors of Protein Kinases, Warsaw, Poland, 21-25 September 2014

Abstract P.13 s.39

3678/A

BUCHOLC M., KLIMECKA M.M., CIESIELSKI A., TARNOWSKI K.J., GOCH G., DADLEZ M., DOBROWOLSKA G.

The regulation of SNF1-related protein kinases 2 by a plant-specific calcium sensor SCS.

8th International Conference Inhibitors of Protein Kinases, Warsaw, Poland, 21-25 September 2014

Abstract P.14 s.39

3679/A

KLIMECKA M.M., KRZYWIŃSKA E., BUCHOLC M., SZCZEGIELNIAK J., GOCH G., MASZKOWSKA J., CIESIELSKI A., KULIK A., DOBROWOLSKA G.

The Role of Phosphatidic Acid in Regulation of SNF1-related Protein Kinases 2-dependent Stress Signaling in Plant Cells.

8th International Conference Inhibitors of Protein Kinases, Warsaw, Poland, 21-25 September 2014

Abstract P.15 s.40

3680/A

MUSZEWSKA A., GRYNBERG M., PAWŁOWSKI K.

CotH: Bioinformatics prediction of a novel protein kinase-like family present in multiple bacterial, fungal and protist taxa. Implications for anthrax infection and mucormycosis.

8th International Conference Inhibitors of Protein Kinases, Warsaw, Poland, 21-25 September 2014

Abstract SO.2 s.27

3681/A

MIELECKI M., MILNER-KRAWCZYK M., GRZELAK K., MIELECKI D., KRZYŚKO K.A., LESYNG B., PRIEBE W.

Contribution of JAK2 kinase activity inhibition by selected cinnamic acid benzyl amide analogs to their potent suppression of JAK2/STAT3/5 pathways in cancer.

8th International Conference Inhibitors of Protein Kinases, Warsaw, Poland, 21-25 September 2014

Abstract SO.3 s.28

3682/A

SARNOWSKA E., ĆWIEK P., ROLICKA A.T., BUCIOR E., ARAÚJO W.L., TOHGE T., KLEPACZ A., BALCERAK A., MACECH E., SACHAROWSKI S.P., GRATKOWSKA D.M., KONDRAK P., FERNIE A.R., KONCZ C., SIEDLECKI J.A., JERZMANOWSKI A.J., SARNOWSKI T.J.

Global control of eukaryotic gene expression depends on chromatin remodeling by SWI/SNF complexes.

8th International Conference Inhibitors of Protein Kinases, Warsaw, Poland, 21-25 September 2014

Abstract S.4 s.29

3683/A

PRZANOWSKI P., LOSKA S., CYSEWSKI D., DĄBROWSKI M., KAMIŃSKA B.

ISGylation increases stability of hundreds proteins including STAT1 that prevents premature termination of immune responses in LPS stimulated microglia.

The FEBS EMBO Conference, Paris, France, 30 August-4 September 2014

FEBS Journal 281 (Suppl.1) (2014) p.245 SUN-526

3684/A

TARCZEWSKA A.M., KOZOWSKA M., JAKÓB M., KAUS-DROBEK M., SZPOTKOWSKI K., OŻYHAR A.

Intrinsically disordered regions in calponin-like Chd64 from *Tribolium castaneum*.

The FEBS EMBO Conference, Paris, France, 30 August-4 September 2014

FEBS Journal 281 (Suppl.1) (2014) p.327 MON-235

3685/A

WĘGLIŃSKA R.K., GONCIARZ M., PANAGIOTOPOULOU H., CZARNOCKI-CIECIURA M., STANKOVIC A.

Study of genetic diversity of green toads (*Pseudepidalea viridis*) populations in Warsaw using msDNA.

The FEBS EMBO Conference, Paris, France, 30 August-4 September 2014

FEBS Journal 281 (Suppl.1) (2014) p.337 MON-264

3686/A

ZAREBA-KOZIOŁ M., BUCHOLC K.A., WYSŁOUCH-CIESZYŃSKA A., DADLEZ M.

Global analysis of S-nitrosylation sites of the post synaptic density proteins in mouse models of Alzheimer's disease.

The FEBS EMBO Conference, Paris, France, 30 August-4 September 2014

FEBS Journal 281 (Suppl.1) (2014) p.374 MON-364

3687/A

KOPERA E., MACIOŁA A., DĘBSKI J., SZEWCZYK B., ZAGÓRSKI-OSTOJA W., GRZELAK K.

Expression, purification and characterisation of glycosylated influenza H5N1 hemagglutinin produced in yeast.

The FEBS EMBO Conference, Paris, France, 30 August-4 September 2014

FEBS Journal 281 (Suppl.1) (2014) p.410 MON-470

3688/A

PIETRZAK M., KOPERA E., KOSSON P., FLORYS K., SĄCZYŃSKA V., CECUDA-ADAMCZEWSKA V., SZEWCZYK B., ZAGÓRSKI-OSTOJA W., GRZELAK K.

Immunological properties of yeast-derived secreted influenza virus hemagglutinin.

The FEBS EMBO Conference, Paris, France, 30 August-4 September 2014

FEBS Journal 281 (Suppl.1) (2014) p.411 MON-475

3689/A

ZHUKOV I., CHOUDHURY A.R., SIKORSKA E., ŽUPERL Š., POPENDA Ł., SZUTKOWSKI K., NOVIČ M., JURGA S.

Towards to mechanism of uptake bilitranslocase transporter. NMR study of TM2: TM3 assembly and modelling simulations in micellar environment.

The FEBS EMBO Conference, Paris, France, 30 August-4 September 2014

FEBS Journal 281 (Suppl.1) (2014) p.646 WED-089

3690/A

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

D-foci – sites for RNA decay in human mitochondria.

The FEBS EMBO Conference, Paris, France, 30 August-4 September 2014

FEBS Journal 281 (Suppl.1) (2014) p.679 WED-191

3691/A

HEJNOWICZ M.S., TUROWSKI T., BOGUTA M.

Maf1, a negative regulator of RNA Pol III, mediates yeast response to amino acids starvation and inhibition of translation.

The FEBS EMBO Conference, Paris, France, 30 August-4 September 2014

FEBS Journal 281 (Suppl.1) (2014) p.686 WED-211

3692/A

KUTNER J., DZIEMBOWSKI A., ROWICKA M., GINALSKI K.

Yeast YIL096C binds and methylates 25S rRNA.

The FEBS EMBO Conference, Paris, France, 30 August-4 September 2014

FEBS Journal 281 (Suppl.1) (2014) p.696 WED-239

3693/A

KULMA M., KACPRZYK A., TRACZYK G., KWIATKOWSKA K., SOBOTA A., DADLEZ M.

Structural dynamics of Perfringolysin O after incorporation into the lipid membrane.

The FEBS EMBO Conference, Paris, France, 30 August-4 September 2014

FEBS Journal 281 (Suppl.1) (2014) p. 761 WED-428

3694/A

STACHYRA A., ŚMIETANKA K., MINTA Z., GÓRA-SOCHACKA A., SIRKO A.

Prime-boost DNA vaccination protects chickens against challenge with homologues and heterologues H5N1 virus.

The Fifth ESWI Influenza Conference, Riga, Latvia, 14-17 September 2014

Abstract Book p.139

3695/A

GÓRA-SOCHACKA A., STACHYRA A., SIRKO A.

Influence of different schedules of chicken immunization with DNA vaccine against avian influenza H5N1 virus on antibody response.

The Fifth ESWI Influenza Conference, Riga, Latvia, 14-17 September 2014

Abstract Book p.131

3696/A

SZCZEPANKOWSKA A.K., PRESTEL E., MARIADASSOU M., BARDOWSKI J.K., BIDNENKO E.

Study of Orf14 from *Lactococcus lactis* phage bIL76 and other lactococcal single-stranded DNA binding proteins shows their archaeal origin.

11th International Symposium on Lactic Acid Bacteria, Egmond aan Zee, the Netherlands, 31 August-4 September 2014

Abstract Book A020

3697/A

ŻYLIŃSKA J., GÓRECKI R.K., BARDOWSKI J.K.

Potential of *Lb. plantarum* IBB3036 and *Lb. salivarius* IBB3154 for use as probiotics in animals.

11th International Symposium on Lactic Acid Bacteria, Egmond aan Zee, the Netherlands, 31 August-4 September 2014

Abstract Book B008

3698/A

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

Systematic phenome analysis of *Lactococcus lactis* deletion mutants in genes coding for hypothetical transcriptional regulators.

11th International Symposium on Lactic Acid Bacteria, Egmond aan Zee, the Netherlands, 31 August-4 September 2014

Abstract Book B025

3699/A

CHMIELEWSKA-JEZNACH M., SZCZEPANKOWSKA A.K., GÓRECKI R.K., KOWALCZYK M., ŻYLIŃSKA J., BARDOWSKI J.K.

Physiological and genetic characterization of lactococcal bacteriophages isolated from whey samples.

11th International Symposium on Lactic Acid Bacteria, Egmond aan Zee, the Netherlands, 31 August-4 September 2014

Abstract Book B053

3700/A

ŻYLIŃSKA J., BORECZEK J., PUZIA W., TRUSZKOWSKA Z., BARDOWSKI J.K.

Biodiversity of *Lactococcus* and *Lactobacillus* strains isolated from cow, sheep and goat milk samples and artisanal dairy products.

11th International Symposium on Lactic Acid Bacteria, Egmond aan Zee, the Netherlands, 31 August-4 September 2014

Abstract Book B068

3701/A

RADZIWIŁŁ-BIEŃKOWSKA J.M., ROBERT V., SZCZĘSNY P., LOUBIERE P., THOMAS M., LANGELLA P., MERCIER-BONIN M., BARDOWSKI J.K., KOWALCZYK M.

Adhesive properties of *Lactococcus lactis* subsp. *cremoris* IBB477 and their molecular determinants.

11th International Symposium on Lactic Acid Bacteria, Egmond aan Zee, the Netherlands, 31 August-4 September 2014

Abstract Book B084

3702/A

SZCZEPANKOWSKA A.K., GÓRECKI R.K., SZATRAJ K., SĄCZYŃSKA V., FLORYS K., GROMADZKA B., LEPEK K., PŁUCIENNICZAK A., SZEWCZYK B., ZAGÓRSKI-OSTOJA W., BARDOWSKI J.K.

Preliminary animal trial for a potential live vector vaccine against avian influenza virus using *Lactococcus lactis*.

11th International Symposium on Lactic Acid Bacteria, Egmond aan Zee, the Netherlands, 31 August-4 September 2014

Abstract Book E065

3703/A

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

Development of recombineering tools in *Lactococcus lactis*.

11th International Symposium on Lactic Acid Bacteria, Egmond aan Zee, the Netherlands, 31 August-4 September 2014

Abstract Book F012

3704/A

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

Molecular and functional studies of AstA sulfate transporter, unraveled protein in pathogenic fungi.

1st Congress of the Polish Biochemistry, Cell Biology, Biophysics and Bioinformatics
Warsaw, Poland, 9-12 September 2014

Abstract Supplements (2014) vol. 61 (1) s.289 P15.32

3705/A

NIEMIADOMSKA M., JANIK A., KRUSZEWSKA J.S., PALAMARCZYK G.

Synthesis of lipid linked oligosaccharide (LLO), and its role for *C. albicans* morphogenesis.

1st Congress of the Polish Biochemistry, Cell Biology, Biophysics and Bioinformatics
Warsaw, Poland, 9-12 September 2014

Abstract Supplements (2014) vol. 61 (1) s.287 P15.29

3706/A

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

Manipulacja aktywnością szlaku mewalonowego a właściwości przeciwgrzybowe *Trichoderma atroviride*.

Warsztaty Polskiego Towarzystwa Mykologicznego, Grzyby-Organizmy Kluczowe dla Życia na Ziemi, Łódź-Spała, 23-28 września 2014

Streszczenia s.52-53

3707/A

KRUSZEWSKA J.S.

Modyfikacje genetyczne prowadzące do poprawy walorów użytkowych grzybów.

Warsztaty Polskiego Towarzystwa Mykologicznego, Grzyby-Organizmy Kluczowe dla Życia na Ziemi, Łódź-Spała, 23-28 września 2014

Streszczenia s.102

3708/A

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

Analiza funkcjonalna i molekularna transportera siarczanowego AstA w grzybowym patogenicie ziemniaka *Fusarium sambucinum*.

Warsztaty Polskiego Towarzystwa Mykologicznego, Grzyby-Organizmy Kluczowe dla Życia na Ziemi, Łódź-Spała, 23-28 września 2014

Streszczenia s.154-155

3709/A

KALENIK B., GÓRA-SOCHACKA A., SIRKO A.

Analysis of phage displayed antibody fragment: Pros and cons of phage ELISA and RISE methods.

4th International Conference on Vaccines & Vaccination, Valencia, Spain, 24-26 September 2014

Journal of Vaccines & Vaccination (2014) 5(5) p. 158

3710/A

KOPERA E.

Expression, purification and immunological properties of glycosylated influenza H5N1 hemagglutinin produced in *pichia pastoris*.

4th International Conference on Vaccines & Vaccination, Valencia, Spain, 24-26 September 2014

Journal of Vaccines & Vaccination (2014) 5(5) p. 170

3711/A

BAL W., MARSZAŁEK I., GOCH W.

Novel insights in zinc biochemistry from quantitative research.

12th European Biological Inorganic Chemistry Conference, Zurich, Switzerland, 24-28 August 2014

Journal of Biological Inorganic Chemistry (2014) vol. 19(2) Supplement 726 IL 4

3712/A

WITKIEWICZ-KUCHARCZYK A., DEBSKA A., HARTWIG A.

The interactions of XPAzf with intracellular carriers of redox signals.

12th European Biological Inorganic Chemistry Conference, Zurich, Switzerland, 24-28 August 2014

Journal of Biological Inorganic Chemistry (2014) 19 Suppl 2 S768 YRP8

3713/A

KULIK A., NOIROT E., KOEN E., BOURQUE S., DOBROWOLSKA G., SIMNO-PLAS F., WENDEHENNE D.

The role of NtRBOHD in regulation of response to cryptogin in tobacco cells.

Oxidative Stress Conference, Parador de Oropesa, Spain, 3-6 October 2014

Poster Presentation Abstracts p. 73-74

3714/A

POLKOWSKA-KOWALCZYK L., OLSZAK K., CIEŚLA J. M., SZCZEGIELNIAK J., WIELGAT B., MUSZYŃSKA G.

Involvement of ROS and CDPKs in response of different *Solanum* species to *Phytophthora infestans* infection.

Oxidative Stress Conference, Parador de Oropesa, Spain, 3-6 October 2014

Poster Presentation Abstracts p.79

3715/A

NOWAKOWSKI M., EJCHART A., KOCHAŃCZYK T., KOŹMIŃSKI W., WOJEWSKA D., KRĘŻEL A.

Mapping of hydrogen bonds stabilizing minimal zinc hook dimers.

36th FGMR discussion meeting, advanced magnetic resonance - methods and applications, Berlin, Germany, 29 September-2 October 2014

Abstract Book p. 203

3716/A

KOZIAK K., KOWALEWSKA M., ZEGROCKA-STENDEL O., DUTKIEWICZ M., MACIEJKO D., DOMAŃSKI D., PERZANOWSKA A., FOGTMAN A., GRABOWSKA I.

The cellular and molecular basis for therapeutic effectiveness of β -escin.

82nd Congress of the European-Atherosclerosis-Society (EAS), Madrid, Spain, 31May-03 June 2014

Atherosclerosis (2014) 235(2) e267

3717/A

PANAGIOTOPOULOU H., POPOVIC D., KLESZCZ S., STANKOVIC A.

Ocena zmienności genetycznej narybku certy (*Vimba vimba*) użytego do zarybień dorzecza Wisłoki.

Wylęgarnia, Zakład Akwakultury i Zakład Hodowli Ryb Jesiotrowatych Instytutu Rybactwa Śródlądowego (2014), Serwy k. Augustowa, 4-5 września 2014

Materiały pokonferencyjne: Wylęgarnictwo organizmów wodnych a bioróżnorodność. / pod red. Z. Zakęś, K. Demskiej-Zakęś, A. Kowalskiej, Olsztyn 2014, s. 89-101

3718/A

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

Vaccination of mice with plasmid DNA encoding hemagglutinin from H5N1.

International Meeting on Emerging Diseases and Surveillance IMED, Vienna, Austria, 31 October-3 November 2014

Final Program 22.029 s.76

3719/A

STACHYRA A., GÓRA-SOCHACKA A., PROTASIUK A., SIRKO A.

Antibody response to DNA vaccine against H5N1 in broilers and layers chickens.

International Meeting on Emerging Diseases and Surveillance IMED, Vienna, Austria, 31 October-3 November 2014

Final Program 22.144 s. 111

3720/A

SAWICKA R., GÓRA-SOCHACKA A., SĄCZYŃSKA V., PORĘBSKA A., SIRKO A.
Molecular cloning of variable fragments from monoclonal anti-H5 HA IgH, expression in bacteria and characterization.

Sixth Annual Pegs Europe: Protein & Antibody Engineering Summit, Lisbon, Portugal, 3-7 November 2014

Abstrakt BS

3721/A

KALENIK B., GÓRA-SOCHACKA A., SIRKO A.

Comparison of phage ELISA and RISE detection methods for analysis of phage displayed antibody fragment.

Sixth Annual Pegs Europe: Protein & Antibody Engineering Summit, Lisbon, Portugal, 3-7 November 2014

Abstrakt BS

3722/A

ŻOŁĄDEK T., RZEPNIKOWSKA W., KAMIŃSKA J., GRYNBERG M.

Involvement of VPS13 protein in protein trafficking and actin cytoskeleton in yeast.

First Proteostasis Meeting: Cost Action BM1307, Valencia, Spain, 5-7 November 2014

Abstracts P30

3723/A

ZIENTARA-RYTTER K., WAWRZYŃSKA A.K., SIRKO A.

Identification and characteristics of the plant selective autophagy cargo receptor WG (ID26).

First Proteostasis Meeting: Cost Action BM1307, Valencia, Spain, 5-7 November 2014

Abstracts p.73

3724/A

COLLADOS-RODRIGUEZ M., LLORCA C.M., ZELTGRAF U., WAWRZYŃSKA A.K., SIRKO A.

Novel interactors of the plant selective autophagy cargo receptor AtNBR1 Wg (ID27).

First Proteostasis Meeting: Cost Action BM1307, Valencia, Spain, 5-7 November 2014

Abstracts p.75

3725/A

SZURGOT I., SZOŁAJSKA E., LAURIN D., LAMBRECHT B., CHROBOCZEK J.

Self-adjuvanting influenza candidate vaccine carrying HA and M1 epitopes on a proteinaceous multivalent nanoplatform.

The fifth ESWI Influenza Conference, Riga, Latvia, 14-17 September 2014

Abstrakt BS

3726/A

KOPERA E., ZAGÓRSKI-OSTOJA W., GRZELAK K., KOSSON P., FLORYS K., SĄCZYŃSKA V., PROTAS A.M., SZEWCZYK B., ZDANOWSKI K., PIETRZAK M., MACIOŁA A.

Expression, purification and immunological properties of glycosylated influenza H5N1 hemagglutinin produced in *Pichia pastoris*.

The fifth ESWI Influenza Conference, Riga, Latvia, 14-17 September 2014

Abstrakt BS

3727/A

RZEPNIKOWSKA W., KAMIŃSKA J., GRYNBERG M., ŻOŁĄDEK T.

Involvement of Vps13 protein in protein trafficking and actin cytoskeleton in yeast WG6 (ID25).

The Third Joint Symposium On Neuroacanthocytosis and Neurodegeneration with Brain Iron Accumulation, Stresa, Italy, 30 October-1 November 2014

Posters p.172

3728/A

PANAGIOTOPOULOU H., BAKUN M., KISTOWSKI M., ŻMIHORSKI M., SZCZEPKOWSKI M., STANKOVIC A., DADLEZ M.

Identyfikacja płci jesiotrów syberyjskich na podstawie białek osocza z krwi.

Sexing of Siberian sturgeon individuals based on blood plasma proteins.

VII Międzynarodowa Konferencja Jesiotrowa, Warszawa, 26 listopada 2014

Poster

3729/A

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

Remarks on the free-approach models.

XLV Polish Seminar on Nuclear Magnetic Resonance and Its Application, Kraków, 1-2 December 2014

Abstracts, p. 14-15

3730/A

KRUSZEWSKA J.S.

Aktywność szlaku mewalonowego a właściwości biokontrolne *Trichoderma atroviride*.

Ogólnopolska Konferencja Naukowa: Mikroorganizmy w Ochronie Roślin i Zagospodarowaniu Odpadów Organicznych, Nieborów, 26-28 listopada 2014

Referaty, s.18

3731/A

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

Dolichol - nowa nadzieja biokontroli.

Ogólnopolska Konferencja Naukowa: Mikroorganizmy w Ochronie Roślin i Zagospodarowaniu Odpadów Organicznych, Nieborów, 26-28 listopada 2014

Referaty, s.56

3732/A

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

Transporter siarczanowy AstA u grzyba *Fusarium sambucinum* w aspekcie infekcji i kolonizacji ziemniaka.

Ogólnopolska Konferencja Naukowa: Mikroorganizmy w Ochronie Roślin i Zagospodarowaniu Odpadów Organicznych, Nieborów, 26-28 listopada 2014

Referaty, s.75

3733/A

MODZELAN M., KRASZEWSKA E.

Ps NudC Nudix hydrolase a novel regulator of the intracellular redox balance required for virulence of *Pseudomonas syringae* pv tomato DC3000.

XVI International Congress on Molecular Plant-Microbe Interactions, Rhodes, Greece, 6-10 July 2014

Abstract Book PO65

3734/A

KABALA A., LASSERRE J.-P., ACKERMAN S.H., RAGO DI J.P., KUCHARCZYK R.,
Defining the impact on yeast ATP synthase of two pathogenic human mitochondrial DNA
mutations, T9185C and T9191C.

International Meeting on Mitochondrial Pathology EUROMIT, Tampere, Finland, 15-19 June 2014

Poster Guide, p.238

3735/A

McINTYRE J., McLENIGAN M.P., FRANK E., DAI X., YINSHENG W., WOODGATE R.
Post-translational regulation of human DNA polymerase iota.

Dna Polymerases: Biology, Diseases and Biomedical Applications Conference, Cambridge,
England, 31 August-4 September 2014

Book of Abstracts p. 63

3736/A

PLACHTA M., HAŁAS A., McINTYRE J., ŚLEDZIEWSKA-GÓJSKA E.

The stability of polymerase eta is cell cycle regulated in yeast *S.cerevisiae*.

Dna Polymerases: Biology, Diseases and Biomedical Applications Conference, Cambridge,
England, 31 August-4 September 2014

Book of Abstracts p. 64

3737/A

MAKIEŁA-DZBEŃSKA K., GARBACZ M., ARAKI H., FLIS K., BĘBENEK A.,
JONCZYK P., FIJAŁKOWSKA I.J.

Analysis of the mutator phenotype of the *dpb2-100* allele encoding the non-catalytic subunit
of Pol epsilon in yeast.

Dna Polymerases: Biology, Diseases and Biomedical Applications Conference, Cambridge,
England, 31 August-4 September 2014

Book of Abstracts p. 124

3738/A

MARSZAŁEK I., BONNA A., BAL W., ZHUKOV I.

The Zn ions as important factor regulated ubiquitin-activating process. Structural studies of
the peptide derived from cysteine catalytic half-domain (SCCH) of mouse E1 enzyme.

XLV Ogólnopolskie Seminarium na Temat Magnetycznego Rezonansu Jądrowego i Jego
Zastosowań, Kraków, 1-2 grudnia 2014

Abstrakt BS

3739/A

OBSZAŃSKA K., KERN-ZDANOWICZ I., SITKIEWICZ I.

Immune system of *Streptococcus anginosus*.

International Plasmid Biology Scientific Meeting, Palm Cove, Australia, 27 October-1
November 2014

Abstract BS

3740/A

BRZOZOWSKA I., ZIELENKIEWICZ U.

The ClpXP protease is responsible for the degradation of the Epsilon antidote to the Zeta
toxin of the streptococcal pSM19035 plasmid.

International Plasmid Biology Scientific Meeting, Palm Cove, Australia, 27 October-1
November 2014

Abstract BS

3741/A

DMOWSKI M., BUŁKA N., KERN-ZDANOWICZ I.

A gene unnecessary for conjugation is important in mobilization: orf35 of pCTX-M3 plasmid.
International Plasmid Biology Scientific Meeting, Palm Cove, Australia, 27 October-1 November 2014

Abstract BS

3742/A

RZEPNIKOWSKA W., KAMIŃSKA J., GRYNBERG M., ŻOŁĄDEK T.

The conserved Vps13 protein is involved in endocytosis in yeast.

ESF EMBO Cell Polarity and Membrane Trafficking, Pultusk, Poland, 10-15 May 2014

Abstract BS

3743/A

DMOWSKI M., KERN-ZDANOWICZ I.

A novel tool designed to introduce DNA into a broad range of bacteria.

Bionection Partnering Conference for Technology Transfer in Life Sciences, Dresden, Germany, 9-10 October 2014

Abstract BS

3744/A

MARKOWSKA A., GODZISZEWSKA J., LUDWICZAK M., JAGURA-BURDZY G.

Regulatory circuits controlling copy-number of broad-host-range RA3 plasmid from IncU incompatibility group.

International Plasmid Biology Scientific Meeting, Palm Cove, Australia, 27 October-1 November 2014

Abstract BS

3745/A

KAMIŃSKA J., POLAK A., RZEPNIKOWSKA W., SIEŃKO M., GRYNBERG M., KALISZEWSKI P., ŻOŁĄDEK T.

Atg2, an autophagy related protein, affects organization of the actin cytoskeleton in yeast *S. cerevisiae*.

First Proteostasis Meeting: Cost Action BM1307, Valencia, Spain, 5-7 November 2014

Abstract BS

3746/A

JAROŃCZYK K., WAWERSKA K., ARCHACKI R., JERZMANOWSKI A.J.

Functional analysis of bromodomain - containing SWI/SNF subunits in *Arabidopsis*.

11-th EMBL Conference: Transcription and Chromatin, Heidelberg, Germany, 23-26 August 2014

Poster Abstracts p. 275

3747/A

KROTEŃ M.A., LIRSKI M., RUTOWICZ K., KOBLOWSKA M., JERZMANOWSKI A.J.

Stress- inducible linker histone variant in *Arabidopsis* shows genome-wide preference for chromatin with signature of active transcription.

11-th EMBL Conference: Transcription and Chromatin, Heidelberg, Germany, 23-26 August 2014

Poster Abstracts p. 295

3748/A

PATRYN J., JAROŃCZYK K., WAWERSKA K., ZABOROWSKI A., WILCZYŃSKI B., BIECEK P., IWANICKA-NOWICKA R., KOBLOWSKA M., JERZMANOWSKI A.J., ARCHACKI R.

Chromatin remodelling and hormone signalling in plants - a possibility of interconnecting feed-back mechanism.

11-th EMBL Conference: Transcription and Chromatin, Heidelberg, Germany, 23-26 August 2014

Poster Abstracts p. 346

3749/A

KUJAWA M., KRASZEWSKA E.

Phenotypic analysis of *ygdP* mutant from *Pseudomonas aeruginosa*.

III International Conference on Antimicrobial Research - ICAR, Madrid, Spain, 1-3 October 2014

Abstracts p.486

3750/A

BURZYŃSKA B.

Genomics and new perspectives for rare red blood cell disorders.

SERBORDISinn Golden Helix Symposium: Genomix of Rare Diseases, Belgrade, Serbia, 31 October-1 November 2014

Program and Abstracts, p.28

3751/A

DMOWSKI M., RUDZKA J., JONCZYK P., FIJAŁKOWSKA I.J.

Dpb2, a non-catalytic subunit of Pol ϵ is involved in cell cycle control in *Saccharomyces cerevisiae*.

Gordon Research Conference: Genomic Instability, Mechanisms That Cause DNA Damage and Related Diseases, Hong Kong, China, 6-11 July 2014

Abstract BS

3752/A

ŻURCZAK M., HOSER R., LICHOCKA M., SCHMELZER E., PARKER J.E., HENNIG J., KRZYMOWSKA M.

Nuclear import of N receptor in tobacco is regulated by posttranslational modification of SGT1 protein.

2nd Annual Conference of the SUSTAIN Action, Zakopane, 15-17 October 2014

Book of Abstracts p.26

3753/A

GISKA F., LICHOCKA M., PIECHOCKI M., DADLEZ M., SCHMELZER E., HENNIG J., KRZYMOWSKA M.

Phosphorylation of HopQ1, a type III effector from *Pseudomonas syringae*, creates a binding for host 14-3-3 proteins.

2nd Annual Conference of the SUSTAIN Action, Zakopane, 15-17 October 2014

Book of Abstracts P18 p.43

3754/A

HOSER R., GISKA F., ESCHEN-LIPPOLD L., PIECHOCKI M., LEE J., HENNIG J., KRZYMOWSKA M.

Plant immunity suppression by natural variants of *Pseudomonas syringae* HopQ1 effector.

2nd Annual Conference of the SUSTAIN Action, Zakopane, 15-17 October 2014

Book of Abstracts P20 p.44

3755/A

PIECHOCKI M., GISKA F., GRYNBERG M., HENNIG J., KRZYMOWSKA M.

Functional analysis of homologs of bacterial effector HopQ1.

2nd Annual Conference of the SUSTAIN Action, Zakopane, 15-17 October 2014

Book of Abstracts P28 p.48

3756/A

SPEINA E., CZERWIŃSKA J., POZNAŃSKI J., DĘBSKI J., BOHR V.A., TUDEK B.

Catalytic activities of Werner protein are affected by adduction with 4-hydroxy-2-nonenal.

Gordon Research Conferences, Mutagenesis, Changes to the Genetic Landscape, from Single Nucleotides to Entire Genomes, Girona, Spain, 15-20 June 2014

Abstract BS

3757/A

GISKA F., PIECHOCKI M., TAUBE M., LICHOCKA M., HOSER R., KOZAK M., HENNIG J., KRZYMOWSKA M.

Cellular dynamics of HOPQ1, a type III secretion effector from *Pseudomonas Syringae*.

Workshop on structure-guided investigation of effector function, action and recognition, Bucharest, Romania, 10-12 September 2014

Abstract Book p.7

3758/A

BUCHOLC M., GOCH G., CIESIELSKI A., ANIELSKA-MAZUR A., FEDAK H., KLIMECKA M.M., TARNOWSKI K.J., DOBROWOLSKA G.

Characterization of two isoforms of plant-specific calcium sensor - a novel regulator of SnRK2 protein kinases.

Salt&Water Stress in Plants: From Molecules to the Field, Newry, USA, 3-8 August 2014

Abstract BS

3759/A

SZMAJDA E.M., KOSICKI K., TUDEK B., SPEINA E.

Poszukiwanie endogennych czynników warunkujących fenotyp ludzkich fibroblastów z uszkodzonym szlakiem anemii Fanconiego.

Szkoła Zimowa: Obrazowanie Makrocząsteczek Komórek Tkanek Narządów, Warszawa, 15-16 grudnia 2014

Abstrakt BS

3760/A

SZYMAŃSKA K., RUSZKOWSKI D., WENDEHENNE D., DOBROWOLSKA G.

Does regulation or redox status of plant leaves under salinity conditions involve ABA-non responsive SnRK2 kinases?

Salt&Water Stress in Plants: From Molecules to the Field, Newry, USA, 3-8 August 2014

Abstract BS

3761/A

DARIUSZ I., GOZDEK A., DĄBROWSKI K., HEJNOWICZ M.S., KOSAKOWSKI J., GAWOR J., GROMADKA R., ŁOBOCKA M.B.

Identification and analysis of plasmids in selected *Staphylococcus aureus* strains and the acquisition of *S. aureus* plasmidless derivatives.

XV Conference on Molecular Biology in Diagnostics of Infectious Diseases and Biotechnology DIAGMOL, Warsaw, 25 October 2014

Abstracts p.123

3762/A

WALTER T., DĄBROWSKI K., GAWOR J., HEJNOWICZ M.S., GROMADKA R., WEBER-DĄBROWSKA B., ŁOBOCKA M.B.

Characteristic of the genome and active mobilome elements of *Pseudomonas aeruginosa* strain for the propagation of therapeutic phages.

XV Conference on Molecular Biology in Diagnostics of Infectious Diseases and Biotechnology DIAGMOL, Warsaw, 25 October 2014

Abstracts p.176

3763/A

GIERMASIŃSKA K., GAGALA U., KUBIAK K., ŁOBOCKA M.B.

Plasmid and prophage profiling of *Phytophthora* antagonists from the *Bacillus* genus.

XV Conference on Molecular Biology in Diagnostics of Infectious Diseases and Biotechnology DIAGMOL, Warsaw, 25 October 2014

Abstracts p.112

3764/A

WOŹNICA W., DĄBROWSKI K., GŁOWACKA A., IZAK D., HEJNOWICZ M.S., GAWOR J., GROMADKA R., WEBER-DĄBROWSKA B., ŁOBOCKA M.B.

Unusual form of bacteriophage vB_PaeM_PS44 maintenance in a population of its host and the impact of vB_PaeM_PS44 on its host population.

XV Conference on Molecular Biology in Diagnostics of Infectious Diseases and Biotechnology DIAGMOL, Warsaw, 25 October 2014

Abstracts p.177

3765/A

ZALEWSKA A., GIZIŃSKI R., GIEMASIŃSKA K., GAGALA U., GAWOR J., ŁOBOCKA M.B.

Characteristics of the atypical representative of T7 like viruses that acquired the ability to lysogenize its host bacterium.

XV Conference on Molecular Biology in Diagnostics of Infectious Diseases and Biotechnology DIAGMOL, Warsaw, 25 October 2014

Abstracts p.184

3766/A

ŁOBOCKA M.B.

Bacteriophages for antistaphylococcal therapies - natural repertoire and limitations of choice.

Antibiotic Alternatives for the New Millennium, London, 5-7 November 2014

Abstract Book

3767/A

HEJNOWICZ M.S., TUROWSKI T., BOGUTA M.

Maf1 couples translation inhibition and tRNA expression in yeast under starvation conditions.

International Conference on Transcription by RNA Polymerases I, III, IV and V: OddPols, Michigan, USA, 19-22 June 2014

Poster Abstracts p.63

3768/A

NATKAŃSKA U., SKONECZNA A., SKONECZNY M.

Changes in intracellular abundance and localization of *Saccharomyces cerevisiae* Hsp31 under various environmental stresses suggest its role in neutralizing the effects of oxidative stress insult.

Yeast Genetics Meeting, Seattle, USA, 29 July-3 August 2014

Abstract Book 210C

3769/A

BRÓZDA I., ADAMUS P., KRÓL K., SKONECZNY M., SKONECZNA A.

The dar side of Swi6; genomic screen for mutants hypersensitive to double strand breaks reveals Swi6 indispensability for genome integrity and maintaining of cellular ploidy.

Yeast Genetics Meeting, Seattle, USA, 29 July-3 August 2014

Abstract Book 246C

3770/A

KRÓL K., BRÓZDA I., SKONECZNY M., BRETNER M., SKONECZNA A.

Genomic screen for mutations conferring zeocin hypersensitivity reveals diverse roles of vesicular trafficking paths in genotoxic stress protection and in genome preservation.

Yeast Genetics Meeting, Seattle, USA, 29 July-3 August 2014

Abstract Book 247A

3771/A

KACZANOWSKI S.

Evolution of apoptosis like cell death.

The second Polish Evolutionary Conference PEC, Rogów, Poland, 25-28 September

Abstracts p.31

3772/A

KACZANOWSKI S.

Evolution of apoptosis-like programmed cell death.

IAS Focused Program on Physics Approach to Simplifying Complexity Biology, Hong Kong, China, 15-19 December 2014

Abstract BS

3773/A

DĄBROWSKI K., GŁOWACKA A., WOŹNICA W., GAŁAŁA U., GAWOR J., HEJNOWICZ M.S., GROMADKA R., WEBER-DĄBROWSKA B., ŁOBOCKA M.B.

Characteristic of *Pseudomonas aeruginosa* BP1-like phage PS44 and genetic basis of *P. aeruginosa* PS44 resistance phenotypes.

Exploiting bacteriophages for bioscience, biotechnology and medicine: the 5-th in a biennial series, London, United Kingdom, 23 January 2014

Abstracts BS

3774/A

ŻURAŃSKA M.A., CIEŚLA M., BOGUTA M.

Yeast protein Rbs1 is a potential prion containing R3H domain and involved in control of RNA polymerase III –mediated transcription.

Konferencja Podsumowująca Realizację Projektu NanoFun, Warszawa, 28 Marca 2014

Abstract Book P22

3775/A

FORETEK D., HOPPER A.K., BOGUTA M.

Control of pre-tRNA processing by environmental conditions in *S. cerevisiae*.

25-th RNA Conference, Kyllini, Greece, 21-25 September 20

Abstract Book P25

3776/A

MORAWIEC E., LEFEBVRE O., BOGUTA M.

Effect of osmotic shock on tRNA synthesis.

25-th RNA Conference, Kyllini, Greece, 21-25 September 2014

Abstract Book P38

3777/A

CIEŚLA M., WICHTOWSKA D., MIERZEJEWSKA J., ADAMCZYK M.A., BOGUTA M.

Coupling of RNA polymerase III-directed transcription and glucose metabolism in yeast *Saccharomyces cerevisiae*.

International Conference on Transcription by RNA Polymerases I, III, IV and V OddPols, Michigan, USA, 19-22 June 2014

Poster Abstracts p.59

3778/A

CIEŚLA M., MAKALA E., ŻURAŃSKA M.A., DZIEMBOWSKI A., BOGUTA M.

New RNA polymerase III assembly/nuclear transport factor in yeast.

International Conference on Transcription by RNA Polymerases I, III, IV and V OddPols, Michigan, USA, 19-22 June 2014

Poster Abstracts p.60

3779/A

KĘPKA M., WICHTOWSKA D., BOGUTA M.

Cdc25, the effector of the Ras signalling pathway in yeast, controls RNA polymerase III transcription independently of Maf1.

International Conference on Transcription by RNA Polymerases I, III, IV and V OddPols, Michigan, USA, 19-22 June 2014

Poster Abstracts p.66

3780/A

ODOLCZYK N.

A precisely targeted therapeutic approach against basic defect of cystic fibrosis: from computer simulations to the proof of concept.

Fifth World Congress on Polish Studies, Warsaw, 20-23 June 2014

Abstracts p.9

3781/A

SMOLIŃSKA E., GABIG-CIMIŃSKA M., MOSKOT M., JAKÓBKIEWICZ-BANECKA J., WĘGRZYN G.

Effects of genistein on mRNA levels of AURKA, AURKB, EZH2 and FOXO1, genes which expressions are affected in psoriasis: a study on the human fibroblast culture model.

7th International Congress: PSORIASIS From Gene to Clinic, London, Great Britain, 12-13 December 2014

Programme and Abstracts P22 p.66

3782/A

GABIG-CIMIŃSKA M., SMOLIŃSKA E., MOSKOT M., JAKÓBKIEWICZ-BANECKA J., WĘGRZYN G.

mRNA expression profiling in genistein-treated keratinocytes (HaCaT) as a potential tool for monitoring the treatment of psoriasis patients with isoflavone therapy.

7th International Congress: PSORIASIS From Gene to Clinic, London, Great Britain, 12-13 December 2014

Programme and Abstracts P23 p.66

3783/A

MOZOLEWSKI P., MOSKOT M., JAKÓBKIEWICZ-BANECKA J., WĘGRZYN G., GABIG-CIMIŃSKA M.

Modulation of gene expression by non-steroidal anti-inflammatory drugs reduces glycosaminoglycans level in wild-type human dermal fibroblasts (HDFa) and fibroblasts from MPS patients.

FEBS Advanced Lecture Course, 360^o Lysosome: from Structure to Genomics, from Function to Disease, Kusadasi, Izmir, Turkish, 23-28 October 2014

Abstracts P-8 p.67

3784/A

MALINOWSKA M., KOBIELA W., JAKÓBKIEWICZ-BANECKA J., GABIG-CIMIŃSKA M., PESZYŃSKA-SULARZ G., PARADZIEJ-ŁUKOWICZ J., WĘGRZYN G.

Combined therapy with genistein and Aldurazyme in a MPS I mouse model.

13th International Symposium on Mucopolysaccharidoses and Related Diseases, Bahia, Brasil, 13-17 August 2014

Journal of Inborn Errors of Metabolism and Screening , Abstracts, 1132 p.67-68

3785/A

WĘGRZYN G., GABIG-CIMIŃSKA M., JAKÓBKIEWICZ-BANECKA J., MOSKOT M., KŁOSKA A., SMOLIŃSKA E.

Effects of flavonoids on expression of genes coding for proteins involved in glycosaminoglycan metabolism.

13th International Symposium on Mucopolysaccharidoses and Related Diseases, Bahia, Brasil, 13-17 August 2014

Journal of Inborn Errors of Metabolism and Screening , Abstracts 1019 p.82

3786/A

JAKÓBKIEWICZ-BANECKA J., MOSKOT M., MOZOLEWSKI P., WĘGRZYN G., GABIG-CIMIŃSKA M.

The effect of nonsteroidal anti-inflammatory drugs on cellular glycosaminoglycan level.

13th International Symposium on Mucopolysaccharidoses and Related Diseases, Bahia, Brasil, 13-17 August 2014

Journal of Inborn Errors of Metabolism and Screening , Abstracts 1131 p.85

3787/A

LABUDDA Ł., BOGUĆKA K., KARCZEWSKA-GOLEC J., ZIEMKIEWICZ A., SZCZEŚNIAK M., GOLEC P.

Isolation and identification of novel bacteriophages against bacteria from animal infections.

Viruses of Microbes: Structure and Function, from Molecules to Communities, Zurich, Switzerland, 14-18 July 2014

Programme and Abstract Book P66 p.177

3788/A

SZOT K., GOLEC P., LEŚNIEWSKI A., WĘGRZYN G., ŁOŚ M.

Nanocarbon materials can be specifically bound by modified filamentous bacteriophages.
Viruses of Microbes: Structure and Function, from Molecules to Communities, Zurich,
Switzerland, 14-18 July 2014

Programme and Abstract Book P201 p.340

3789/A

KARCZEWSKA-GOLEC J., KOCHANOWSKA-ŁYŻEŃ M., BAŁUT M., GOLEC P.,
MANDECKI P., MARKERT S., PIOTROWSKI A., SCHWEDER T., SZALEWSKA-
PAŁASZ A.

Two bacterial habitants of the Baltic Sea: genome-wide analysis and life-style characteristics.
American Society for Microbiology, 114th General Meeting, Boston, Massachusetts, USA,
17-20 May 2014

Abstract BS

3790/A

KARCZEWSKA-GOLEC J., KOCHANOWSKA-ŁYŻEŃ M., BAŁUT M., GOLEC P.,
MANDECKI P., MARKERT S., PIOTROWSKI A., SCHWEDER T., SZALEWSKA-
PAŁASZ A.

Three bacterial inhabitants of the Baltic Sea under osmotic stress: a genomic and a proteomic
perspective.

Gordon Research Conference: Marine Microbes - Small Microbes, Big Data Conference and
Marine Microbes - Gordon Research Seminar: Omic Enabled Ecophysiology of Marine
Microbes, Waltham, MA, USA, 22-27 June 2014

Poster

3791/A

GOLEC P.

Analysis of T4 and avir phages development in slowly growing bacteria under different
conditions of aeration.

Exploiting Bacteriophages for Bioscience, Biotechnology and Medicine (the 5th in a Biennial
Series), London, UK, 23rd January 2014

Abstracts BS

3792/A

SZAMBOWSKA A.

Recruitment of RPA onto single-stranded DNA by Cdc45.

13th Biennial Conference of the DGDR, Mainz, Germany, September 8–12, 2014

Abstract BS

ROZPRAWY HABILITACYJNE 2014

748/N

SZOŁAJSKA EWA

Białka kapsydu adenowirusa, ich oligomeryzacja i potencjalne zastosowania terapeutyczne.
Adenovirus capsid proteins, their oligomerization and potential therapeutic applications.
2014-04-15

Awarding of the degree of Doctor Habilitatus - April 15, 2014

Research done in IBB PAS.

749/N

SARNOWSKI TOMASZ J.

Identyfikacja funkcji kompleksów SWI/SNF w regulacji rozwoju i przekazywaniu sygnału za pomocą hormonów u *Arabidopsis thaliana*.

The identification of the function of SWI/SNF complexes in the regulation of development and hormonal signal transduction in *Arabidopsis thaliana*.

2014-05-27

Awarding of the degree of Doctor Habilitatus - May 27, 2014

Research done in IBB PAS.

ROZPRAWY DOKTORSKIE 2014

750/N

RUTOWICZ KINGA MARIA

Rola histonów łącznikowych w modulacji struktury chromatyny w rozwoju i w odpowiedzi na stres abiotyczny u *Arabidopsis thaliana*.

(The function of linker histones in modulation of *Arabidopsis* chromatin structure in development and in response to abiotic stress.)

Presented February 11, 2014

Research performed at the Laboratory of Plant Molecular Biology IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Andrzej Jerzmanowski

[ang]

751/N

SIWIAK MARLENA

Ilościowy model translacji, opracowany w czasie rzeczywistym, na poziomie całej komórki.

(Cell-wide, time resolved and quantitative model of translation.)

Presented March 11, 2014

Research done in the Department of Bioinformatics IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Piotr Zielenkiewicz

[ang]

752/N

GRABOWSKA EWA

Udział białka Psf1 w kształtowaniu wierności replikacji chromosomalnego DNA.

(The role of Psf1 protein in maintaining chromosomal DNA replication fidelity.)

Presented May 20, 2014

Research performed at the Laboratory of Mutagenesis and DNA Repair IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Piotr Jonczyk

[pol]

753/N

GŁĄBSKI KRZYSZTOF

Rola potencjalnych partnerów białek Par w segregacji chromosomów, podziale komórkowym i ruchliwości *Pseudomonas aeruginosa*.

(Role of putative partners of Par proteins in chromosome segregation, cell division and motility of *Pseudomonas aeruginosa*.)

Presented June 6, 2014

Research performed at the Department of Microbial Biochemistry IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Grażyna Jagura-Burdzy

[ang]

754/N

MARKOWSKA ALEKSANDRA

Analiza minireplikonu plazmidu RA3 z grupy niezgodności IncU o szerokim zakresie gospodarzy.

(Analysis of minireplicon of broad host range RA3 plasmid from incompatibility group IncU.)

Presented June 6, 2014

Research performed at the Department of Microbial Biochemistry IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Grażyna Jagura-Burdzy

[ang]

755/N

WRÓŃSKA URSZULA

Rola kompleksu GINS w kształtowaniu wierności replikacji chromosomalnego DNA w komórkach *Saccharomyces cerevisiae*.

(The role of GINS complex in maintaining chromosomal DNA replication fidelity in *Saccharomyces cerevisiae*.)

Presented June 17, 2014

Research performed at the Laboratory of Mutagenesis and DNA Repair IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Iwona Fijałkowska

[pol]

756/N

MATELSKA DOROTA

Identyfikacja i analiza porównawcza wybranych motywów *cis*-regulatorowych niekodującego RNA w bakteriach.

(Identification and comparative analysis of selected *cis*-regulatory motifs of non-coding RNA in bacteria.)

Presented June 10, 2014

Research performed at the Laboratory of Bioinformatics and Protein Engineering, International Institute of Molecular and Cell Biology in Warsaw.

Ph.D. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Janusz Bujnicki

[pol]

757/N

GAWROŃSKI PIOTR

Molekularna, fizjologiczna i bioinformatyczna analiza sygnałów komórkowych regulujących odpowiedzi na stresy biotyczne i abiotyczne u roślin wyższych.

(Molecular, physiological and bioinformatic analysis of the cellular signalling for regulation of biotic and abiotic stress responses in higher plants.)

Presented June 17, 2014

Research performed at the Department of Plant Genetics, Breeding, and Biotechnology, WULS-SGGW.

Ph.D. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Stanisław Karpiński

[ang]

758/N

JASTRZĘBSKA ŻANETA

Fosforylacja ligazy ubikwitynowej Rsp5 i jej wpływ na funkcjonowanie komórek drożdży *S.cerevisiae*.

(Phosphorylation of Rsp5 ubiquitin ligase and its role in functioning of the *S.cerevisiae* cells.)

Presented July 1, 2014

Research performed at the Department of Genetics IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Teresa Żołądek

[ang]

759/N

GÓRECKA MAGDALENA

Między- i wewnątrzkomórkowe sygnały regulujące ekspresję *PEROKSYDAZY AKSORBINIANOWEJ 2* oraz odpowiedzi aklimatyzacyjne i obronne u roślin wyższych.

(Inter- and intracellular signalling for regulation of *ASCORBATE PEROXIDASE 2* expression and acclimatory and defence responses in higher plants.)

Presented August 19, 2014

Research performed at the Department of Plant Genetics, Breeding, and Biotechnology, WULS-SGGW.

Ph.D. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Stanisław Karpiński

[ang]

760/N

BURDIĄK PAWEŁ

Charakterystyka funkcjonalna rodziny kinaz receptoropodobnych bogatych w cysteinę (CRK) u *Arabidopsis thaliana*.

(Functional characterization of the cysteine-rich receptor-like kinase (CRK) family in *Arabidopsis thaliana*.)

Presented August 19, 2014

Research performed at the Department of Plant Genetics, Breeding, and Biotechnology, WULS-SGGW.

Ph.D. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Stanisław Karpiński

[ang]

761/N

BRZOZOWSKA IWONA

Charakterystyka funkcjonalna systemu toksyna-antytoksyna plazmidu pSM19035.

(Functional characterization of toxin-antitoxin system of pSM19035 plasmid.)

Presented September 18, 2014

Research performed at the Department of Microbial Biochemistry IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisors: prof. dr hab. Jacek Bardowski, dr Urszula Zielenkiewicz

[pol]

762/N

ZIENTARA-RYTTER KATARZYNA MARIA

Identyfikacja oraz charakterystyka receptora selektywnej autofagii z tytoniu.

(Identification and characteristics of the selective autophagy receptor from tobacco.)

Presented October 7, 2014

Research performed at the Department of Plant Biochemistry IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Agnieszka Sirko

[ang]

763/N

MIELECKI MARCIN

Oddziaływanie kinaz białkowych JAK oraz RIO z pochodnymi kwasu cynamonowego.

(Study of the interactions of protein kinases JAK and RIO with the analogs of cinnamic acid.)

Presented October 7, 2014

Research performed at the Protein Biosynthesis Department IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisor: dr hab. Krystyna Grzelak

[pol]

764/N

ZAWISZA IZABELA

Wpływ syntetycznych modyfikacji aminokwasów na kompleksowanie jonów metali i hydrolizę wiązania peptydowego.

(Impact of synthetic amino acids on metal ions complexation and peptide bond hydrolysis.)

Presented October 21, 2014

Research done in the Department of Biophysics IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Wojciech Bal

[pol]

765/N

KOCHANOWICZ ELŻBIETA

Drożdżowe białko Spl2, jako nowy substrat *in vitro* kinazy białkowej CK2.

(Yeast Spl2 protein as a new *in vitro* substrate of protein kinase CK2.)

Presented October 28, 2014

Research performed at the Department of Molecular Biology, Institute of Biotechnology, John Paul II Catholic University of Lublin and IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Ryszard Szyszka

[pol]

766/N

ŚWIDER ROBERT

Opracowanie wielofunkcyjnych inhibitorów kinazy białkowej CK2.

(Development of Multisite Directed Inhibitors of CK2.)

Presented October 28, 2014

Research done in the Department of Molecular Biology, Institute of Biotechnology, John Paul II Catholic University of Lublin and Department of Chemistry, CEU San Pablo University in Madrid and IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Ryszard Szyszka, prof. dr Ana Ramos González

[ang]

767/N

GISKA FABIAN

Rola bakteryjnego czynnika HopQ1 w modulowaniu odpowiedzi roślinna infekcję.

(The role of bacterial virulence factor HopQ1 in modulating plant immune response.)

Presented October 28, 2014

Research performed at the Laboratory of Plant Pathogenesis IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisor: dr hab. Magdalena Krzymowska

[pol]

768/N

MALISZEWSKA KAMILA

Rola białka TFIIS4 w regulacji rearanżacji genomowych z udziałem niekodujących RNA u *Paramecium tetraurelia*.

(The role of TFIIS4 protein in regulation of developmental genome rearrangements by non-coding RNAs in *Paramecium tetraurelia*.)

Presented October 21, 2014

Research performed at the the Laboratory of DNA Sequencing and Oligonucleotide Synthesis IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Joanna Rytko

[ang]

769/N

UKLEJA MARTA

Architektura kompleksu CCR4-NOT z drożdży *Schizosaccharomyces pombe*, wielofunkcyjnej maszyny komórkowej.

(Architecture of the CCR4-NOT complex from *Schizosaccharomyces pombe*, a multifunctional cellular machine.)

Presented November 25, 2014

Research done in the Department of Biophysics IBB PAS, Laboratory of RNA Biology and Functional Genomics and in the Department of Macromolecular structures, National Center of Biotechnology, Madrid, Spain.

Ph.D. Thesis Supervisors: prof. dr hab. Andrzej Dziembowski, dr Jorge Cuellar

[ang]

770/N

GUO YANWU

Identification of genes involved in DOG1 regulation and molecular and biochemical characterization of NTR1 in *Arabidopsis*.

(Identification of genes involved in *DOG1* regulation and molecular and biochemical characterization of *NTR1* in *Arabidopsis*.)

Presented November 25, 2014

Research performed in the Laboratory of Plant Molecular Biology, IBB PAS

Ph.D. Thesis Supervisors: prof. dr hab. Andrzej Jerzmanowski, dr Szymon Świeżewski

[ang]

771/N

SIWEK WOJCIECH

Mechanizm działania restrykcyjnego R.DpnI zależnego od N6-metyloadeniny.

(The mechanism of action of N6-methyladenine dependent restriction endonuclease R.DpnI.)

Presented November 27, 2014

Research performed at the International Institute of Molecular and Cell Biology and IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisors: prof. dr hab. Matthias Bochtler, dr Krzysztof Skowronek

[ang]

772/N

GÓRNICKA AGNIESZKA

Transport i dojrzewanie białek przestrzeni międzybłonowej mitochondriów.
(Transport and maturation of mitochondrial intermembrane space proteins.)

Presented December 11, 2014

Research performed in the Laboratory of Mitochondrial Biogenesis, International Institute of Molecular and Cell Biology and IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisor: dr hab. Agnieszka Chacińska

[ang]

773/N

KOMASZYŁO JOANNA (née SIEDLECKA)

Utlanieanie alkoholi poliizoprenoidowych – badania *in vitro* oraz *in vivo*
(Oxidation of polyisoprenoid alcohols – *in vitro* and *in vivo* studies.)

Presented December 18, 2014

Research performed at the Department of Lipid Biochemistry, Institute of Biochemistry and Biophysics PAS.

Ph.D. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Ewa Świeżewska

[ang]

774/N

KABALA ANNA MAGDALENA

Biogeneza mitochondrialnej syntazy ATP i jej dysfunkcje prowadzące do rozwoju chorób.
(Biogenesis of mitochondrial ATP synthase and its dysfunction leading to diseases.)

Presented December 18, 2014

Research performed in the Department of Genetics IBB PAS and laboratory of Molecular genetics of mitochondrial systems, IBGC, CNRS, Bordeaux, France.

Ph.D. Thesis Supervisors: Jean-Paul di Rago, dr hab. Róża Kucharczyk

[ang]

775/N

WARCHOŁ ILONA

Fizjologiczna i molekularna charakterystyka szczepu *Saccharomyces cerevisiae* wyrażającego hybrydową syntazę skwalenu jako narzędzie do badania substancji o działaniu antycholesterolowym.

(Physiological and molecular characteristics of *Saccharomyces cerevisiae* strain expressing hybrid squalene synthase as a tool for anti-cholesterol drug development.)

Presented December 18, 2014

Research performed at the Department of Genetics IBB PAN.

Ph.D. Thesis Supervisors: dr hab. Beata Burzyńska, dr Monika Góra

[ang]

PRACE MAGISTERSKIE 2014

776/N

KRUSIEWICZ ANNA

Wstępna charakterystyka białka Mrps5 u drożdży *Saccharomyces cerevisiae*.

(Preliminary characterization of the protein Mrps5 in the yeast *Saccharomyces cerevisiae*.)

Presented January 24, 2014

Research done in the Department of Genetics IBB PAS and Faculty of Agriculture and Biology SGGW.

M.Sc. Thesis Supervisor: dr hab. Anna Kurlandzka

777/N

KORZENIOWSKA KAROLINA

Udział glikozylazy AlkA z *Escherichia coli* w naprawie adduktów akroleiny do adeniny i cytozyny w DNA.

(*Escherichia coli* AlkA glycosylase contribution to repair of acrolein adducts to adenine and cytosine in DNA.)

Presented June 12, 2014

Research done in the Faculty of Horticulture, Biotechnology and Landscape Architecture SGGW and IBB PAS.

M.Sc. Thesis Supervisor: dr Agnieszka Maciejewska, mgr Małgorzata Dylewska

778/N

MADEJ KATARZYNA

Charakterystyka mutantów inercyjnych w genach syntazy difosforanu geranylogeranylu w rzodkiewniku pospolitym *Arabidopsis thaliana*.

(Characterization of insertional mutants in geranylgeranyl diphosphate synthase encoding genes of *Arabidopsis thaliana*.)

Presented July 4, 2014

Research done in the Faculty of Chemistry Warsaw University of Technology and IBB PAS.

M.Sc. Thesis Supervisor: dr Patrycja Wińska, dr Małgorzata Gutkowska-Stronkowska

779/N

ZIÓŁKOWSKA EWELINA

Transformacja kwasu mlekowego i octowego do kwasu masłowego i wodoru prowadzona przez bakterie fermentacyjne na podłożach z medium cukrowniczym - sokiem gęstym.

(Transformation of lactic and acetic acids to butyric acid and hydrogen carried out by bacteria fermenting thick juice - an intermediate product of sugar beet refining industry.)

Presented July 7, 2014

Research done in the Department of Molecular Biology IBB PAS and Faculty of Agriculture and Biology SGGW.

M.Sc. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Mieczysław Błaszczuk, dr hab. Anna Sikora

780/N

PILŹYS TOMASZ

Rekonstrukcja homodimeru białka FTO *in vivo* i *in vitro*.

(*In vivo* and *in vitro* reconstitution of homodimer FTO.)

Presented June 30, 2014

Research done in the Department of Molecular Biology IBB PAS and Faculty of Biology University of Warsaw.

M.Sc. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Paweł Golik, prof. dr hab. Elżbieta Grzesiuk

781/N

RYMER ŁUKASZ

Rola Dpb2, niekatalitycznej podjednostki polimerazy DNA epsilon *Saccharomyces cerevisiae* w utrzymaniu stabilności genomowej.

(The role of Dpb2, a noncatalytic subunit of *Saccharomyces cerevisiae* w utrzymaniu stabilności genomowej.)

Presented July 4, 2014

Research done in the Faculty of Biology UW and IBB PAS.

M.Sc. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Elżbieta K. Jagustyn-Krynicka, prof. dr hab. Iwona Fijałkowska

782/N

MAJEWSKA MAŁGORZATA

Rola podjednostki Psf1 kompleksu GINS w utrzymaniu stabilności materiału genetycznego w komórkach drożdży *Saccharomyces cerevisiae*.

(Role of Psf1 subunit of GINS complex in maintenance of genetic stability in yeast *Saccharomyces cerevisiae*.)

Presented July 4, 2014

Research done in the Faculty of Biology UW and IBB PAS.

M.Sc. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Elżbieta K. Jagustyn-Krynicka, prof. dr hab. Iwona Fijałkowska, dr Małgorzata Alabrudzińska

783/N

JANKOWSKA PAULINA

Badanie mechanizmów przekazywania końca startera do domeny egzonukleazy na modelu polimerazy faga RB69.

(Studying mechanisms of the primer terminus switching to the exonuclease domain using phage RB69 DNA polymerase as a model.)

Presented September 5, 2014

Research done in the Department of Molecular Biology IBB PAS and Faculty of Agriculture and Biology SGGW.

M.Sc. Thesis Supervisor: dr hab. Anna Bębenek

784/N

PUZIA WERONIKA

Bioróżnorodność szczepów *Lactococcus* i *Lactobacillus* izolowanych z próbek mleka.

(Biodiversity of *Lactococcus* and *Lactobacillus* strains isolated from milk samples.)

Presented September 26, 2014

Research performed at the Department of the Microbial Biochemistry IBB PAS and Faculty of Agriculture and Biology SGGW.

M.Sc. Thesis Supervisor: dr Roman K. Górecki

785/N

WALTER TOMASZ

Charakterystyka genomu i aktywnych elementów mobilomu szczepu *Pseudomonas aeruginosa* do namnażania fagów terapeutycznych.

(Characteristic of the genome and active mobilome elements of *Pseudomonas aeruginosa* strain for the propagation of therapeutic phages.)

Presented September 29, 2014

Research performed at the Department of the Microbial Biochemistry IBB PAS and Faculty of Agriculture and Biology SGGW.

M.Sc. Thesis Supervisor: dr hab. Małgorzata Łobocka

786/N

OSKÓLSKI PAWEŁ

Badanie wpływu inaktywacji wybranych genów kodujących hipotetyczne regulatory transkrypcji na funkcje *Lactococcus lactis* IL1403 w podejściu globalnych analiz fenotypowych (Phenotype MicroArrays).

(Study of the inactivation of selected genes coding for putative transcriptional regulators on *Lactococcus lactis* IL1403 functions in the approach of global phenotypic analysis (Phenotype MicroArrays).)

Presented September 30, 2014

Research done in the Faculty of Biology UW and the Department of Microbial Biochemistry IBB PAS.

M.Sc. Thesis: dr Tamara Aleksandrak- Piekarczyk, prof. dr hab. Krystyna Wolska

787/N

KACZMAREK MARTA

Synteza nowych pochodnych nukleozydów.

(Synthesis of the new derivatives of the nucleoside analogues.)

Presented October 2, 2014

Research done in the Faculty of Chemistry Warsaw University of Technology and IBB PAS.

M.Sc. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Joanna Cieřła, dr Adam Mieczkowski

788/N

CHOMCZYK KATARZYNA

Charakterystyka wybranych białek regulujących poziom cyklicznego di-GMP w komórkach *Pseudomonas aeruginosa*.

(Characterisation of selected proteins regulatin the level of cyclic di-GMP in *Pseudomonas aeruginosa*.)

Presented October 3, 2014

Research performed at the Faculty of Chemistry Warsaw University of Technology and IBB PAS.

M.Sc. Thesis Supervisor: dr Jolanta Mierzejewska, dr Aneta Bartosik

789/N

CYMER MONIKA

Analiza metagenomiczna genów kodujących enzymy biorące udział w redukcji jonów uranu w bakterii ze środowisk zawierających związki uranowe.

(Metagenomic analysis of genes encoding enzymes involved in the reduction of uranium ions in bacteria from uranium-rich environments.)

Presented September 26, 2014

Research done in the Department of Microbial Biochemistry IBB PAS and Faculty of Agriculture and Biology SGGW.

M.Sc. Thesis Supervisor: dr Urszula Zielenkiewicz

790/N

SZCZEPANIAK JOANNA

Konstrukcja szczepu *Escherichia coli* do obserwacji ewolucji cech fenotypowych.

(Construction of the *Escherichia coli* strain useful for the observation of phenotypic traits evolution.)

Presented September 26, 2014

Research done in the Faculty of Agriculture and Biology SGGW and the Department of Microbial Biochemistry IBB PAS.

M.Sc. Thesis Supervisor: dr Urszula Zielenkiewicz

791/N

DETMAN ANNA

Produkcja biogazu na drodze fermentacji metanowej sztucznie komponowanych podłoży będących imitacją kwaśnego odcieku po fermentacji melasy.

(Transformation of artificial media composed on the basis of acidic effluents from molasses fermentation to methane in continuous cultures of methanogenic melasy.)

Presented June 17, 2014

Research done in Warsaw University of Technology and Department of Microbial Biochemistry IBB PAS.

M.Sc. Thesis Supervisor: dr hab. Anna Sikora, dr Anna Kulińska

792/N

KOWALSKI BARTŁOMIEJ

Izolacja i charakterystyka grzybów występujących w środowisku leśnym po pożarze.

(Isolation and characterization of fungi obtained from forest after the fire.)

Presented November 25, 2014

Research done in the Faculty of Agriculture and Biology SGGW and Laboratory of Fungal Glycobiology IBB PAS.

M.Sc. Thesis Supervisors: prof. dr hab. Joanna Kruszewska, dr Urszula Perlińska-Lenart

793/N

SIEMKO EWELINA MARTA

Regulacja aktywności syntazy DPM kluczowego enzymu procesu O-glikozylacji u *Trichoderma* poprzez obniżenie ekspresji genu *dpm2*.

(Regulation of activity of DPM synthase, a key enzyme on) - glycosylation process in *Trichoderma*, by decreasing *dpm2* gene expression.)

Presented November 25, 2014

Research performed at the Faculty of Agriculture and Biology SGGW and Laboratory of Fungal Glycobiology IBB PAS.

M.Sc. Thesis Supervisors: prof. dr hab. Joanna Kruszewska, dr Urszula Perlińska-Lenart

794/N

BRZYŻEK GRZEGORZ

Nowe interaktory białka AtNTR1.

(New interactors of AtNTR1 protein.)

Presented October 30, 2014

Research done in the Faculty of Horticulture, Biotechnology and Landscape Architecture SGGW and Department of Proteins Biosynthesis IBB PAS.

M.Sc. Thesis Supervisor: dr Szymon Świeżewski

795/N

SŁOMKA MARIUSZ

Otrzymanie wariantów hemaglutyniny wirusa grypy H5N1 oraz ich charakterystyka biochemiczna.

(Overexpression and biochemical characterization of hemagglutinin variants from influenza H5N1 virus.)

Presented November 25, 2014

Research done in the Department of Protein Biosynthesis IBB PAS and Faculty of Agriculture and Biology SGGW.

M.Sc. Thesis Supervisor: dr Edyta Kopera

796/N

RÓZGA AGNIESZKA

Optymalizacja ekspresji genów heterologicznych w komórkach bakterii z gatunku *Lactococcus lactis*.

(Optimisation of heterologous gene expression in *Lactococcus lactis*.)

Presented December 15, 2014

Research done in the Department of Microbial Biochemistry IBB PAS and Faculty of Agriculture and Biology SGGW.

M.Sc. Thesis Supervisor: dr Agnieszka Szczepankowska

797/N

SALAŃSKI PRZEMYSŁAW

Badanie i optymalizacja ekspresji zewnątrzkomórkowej formy genu HA w bakteriach z gatunku *Lactococcus lactis*.

(Study and optimization of recombinant gene expression encoding the extracellular form of HA protein in *Lactococcus lactis*.)

Research done in the Department of Microbial Biochemistry IBB PAS and Faculty of Agriculture and Biology SGGW.

M.Sc. Thesis Supervisor: dr Agnieszka Szczepankowska

798/N

STRZYGA PAULINA LUIZA

Analiza wybranych etapów dojrzewania główki bakteriofaga P1.

(Analysis of selected stages of P1 bacteriophage head maturation.)

Presented December 19, 2014

Research done in the Faculty of Agriculture and Biology SGGW and Department of Microbial Biochemistry IBB PAS.

M.Sc. Thesis Supervisors: dr Urszula Szkop, dr hab. Małgorzata Łobocka

799/N

ŚWIDERSKA ALEKSANDRA

Transformacja kwasu mlekowego i octowego do kwasu masłowego i wodoru prowadzona przez bakterie fermentacyjne na podłożach z medium cukrowniczym - melasą.

(Transformation of lactic and acetic acids to butyric acid and hydrogen carried out by bacteria fermenting molasses - an intermediate product of sugar beet refining industry.)

Presented September 17, 2014

Research done in the Autonomous Department of Microorganisms' Biology SGGW and Department of Molecular Biology IBB PAS.

M.Sc. Thesis Supervisors: prof. dr hab. Mieczysław Błaszczyk, dr hab. Anna Sikora

800/N

JEZNACH ALDONA

Badanie roli ligazy ubikwitynowej Rsp5 w autofagii u drożdży *Saccharomyces cerevisiae*.

(ROle of the Rsp5 ubiquitin ligase in yeast *Saccharomyces cerevisiae*.)

Presented December 19, 2014

Research done in the Faculty of Agriculture and Biology SGGW and Department of Genetics IBB PAS.

M.Sc. Thesis Supervisor: dr Joanna Kamińska

801/N

ŚWINIARSKA AGNIESZKA

Porównawcza analiza proteomu ze szczepu pozbawionego Maf1 i szczepu kontrolnego drożdży.

(Comparative proteome analysis of a Maf1 lacking strain and the control strain of yeast.)

Presented October 3, 2014

Research done in the Faculty of Chemistry Warsaw University of Technology and Department of Genetics IBB PAS.

M.Sc. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Magdalena Rakowska-Boguta

802/N

JANCZUK MARTA NATALIA

Charakterystyka białek regulatorowych warunkujących aktywność polimerazy III RNA.
(Characteristics of regulatory proteins determining the activity of RNA polymerase III.)

Presented June 4, 2014

Research done in the Faculty of Chemistry Warsaw University of Technology and
Department of Genetics IBB PAS.

M.Sc. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Magdalena Rakowska-Boguta

MISCELLANEA 2014

227/M

TUDEK B., KOSICKI K., SZEWCZYK M.J., BAŻLEKOWA M., CZARNOCKA-CIECIURA A., CIEŚLA J.M.

Mechanizmy mutagenyzy i kancerogenyzy oraz choroby związane z zaburzeniami naprawy DNA.

Ćwiczenia Fakultet

Warszawa: Wydział Biologii Uniwersytet Warszawski, Instytut Biochemii i Biofizyki PAN, 2014 [64 s.]

228/M

PIOTROWSKA A., BARTNIK E.

Rola reaktywnych form tlenu i mitochondriów w starzeniu.

Postępy Biochemii (2014) 60(2): 240-247

229/M

SIEMIANOWSKI K., SZPENDOWSKI J., BOHDZIEWICZ K., ŻYLIŃSKA J., BARDOWSKI J.K.

Wartość odżywcza twarogu kwasowego otrzymanego z mleka zagęszczonego wyparnie oraz metodą ultrafiltracji (UF).

Nauki Inżynierskie i Technologie (Engineering Sciences and Technologies) (2014) 4(11): 111-119

230/M

SIEMIANOWSKI K., SZPENDOWSKI J., BOHDZIEWICZ K., KOŁAKOWSKI P., PAWLIKOWSKA K.P., ŻYLIŃSKA J., BARDOWSKI J.K.

Wpływ zawartości suchej masy w mleku na skład oraz cechy sensoryczne twarogu kwasowego. Effect of the dry matter content in milk on the composition and sensory properties of acid tvarog cheese.

Folia Pomeranae Universitatis Technologiae Stetinensis (2014) 302(25): 113-124

231/M

SIEMIANOWSKI K., SZPENDOWSKI J., BOHDZIEWICZ K., KOŁAKOWSKI P., PAWLIKOWSKA K.P., BARDOWSKI J.K., CHMIELEWSKA M.M., ŻYLIŃSKA J.

Wpływ zawartości suchej masy w mleku na dynamikę ukwaszania oraz cechy jakościowe skrzepu twarogowego.

ŻYWNOSĆ. Nauka. Technologia. Jakość (2014) 1(86): 151-165

232/M

GRABARCZYK W.

Biotechnologiczna bariera przeciwko ptasiej grypie.

Dziennik Gazeta Prawna - Forum Przedsiębiorczości nr 133 (3774) 11-13 lipca 2014

Artykuł promocyjny Projektu WND-POIG .01.01.02-00-007/08 "Centrum Biotechnologii projektów leczniczych. Pakiet innowacyjnych biofarmaceutyków dla terapii i profilaktyki ludzi i zwierząt" w ramach POIG Priorytetu1, Działanie 1.1, Poddziałanie 1.1.2.

233/M

BROMBOSZ D.

Komercjalizacja efektów badań to nie zadanie dla instytutu naukowego.

Monitor Biznesu -dodatek promocyjno-informacyjny (2014) 3(03) [1s.]

234/M

IBB PAN

PAN A+: 60 lat ewolucji - Instytut Biochemii i Biofizyki PAN.

Panorama PAN (2014) 7(19) s. 2-5

235/M

SZCZĘŚNY P., POZNAŃSKI J., PĄCZEK L., ZIELENKIEWICZ P.

Letter to the Editor

Hypophosphatemia and sudden infant death syndrome (SIDS)-is ATP the link?

Upsala Journal of Medical Science (2014)119: 55-56

236/M

JANCZAR SZ., FOGTMAN A., KOBLOWSKA M., BARAŃSKA D., PASTORCZAK A., WEGNER O., KOSTRZEWSKA M., ŁAGUNA P., BOROWIEC M.

Letter to the Editor

Novel severe hemophilia A and moyamoya (SHAM) syndrome caused by Xq28 deletions encompassing *F8* and *BRCC3* genes.

Blood (2014) 123(25): 4002-4004

237/M

KACZMARCZYK P., PANAGIOTOPOULOU H.

Certa - ryba niezwykła.

Biologia w Szkole (2014) 2: 44-50

238/M

WIERZCHOWSKI K.L.

Włodzimierz Szer (1924-2013).

Nauka (2014) 2: 179-183

239/M

CHOJNACKI T.

50 lat wokół lipidów.

50 lat wokół lipidów. Warszawa: Agencja Wydawnicza i Reklamowa Akces 2014, 128s., [8 il.], ISBN 978-83-62761-13-5

**PUBLIKACJE, ABSTRAKTY, MISCELLANEA, KTÓRE NIE ZNALAZŁY SIĘ W
SPRAWOZDANIU ZA ROK 2013
ARTYKUŁY**

4840

MODRAK-WÓJCIK A., GÓRKA M., NIEDŹWIECKA K., ZDANOWSKI K., ZUBEREK J., NIEDŹWIECKA A., STOLARSKI R.

Eukaryotic translation initiation is controlled by cooperativity effects within ternary complexes of 4E-BP1, eIF4E, and the mRNA 5' cap.

FEBS Letters (2013) 587(24): 3928-34

IF 3.582

4841

UZELAC G., KOJIC M., LOZO J., ALEKSANDRZAK-PIEKARCZYK T., GABRIELSEN CH., KRISTENSEN T., NES I.F., DIEP D.B., TOPISIROVIC L.

A Zn-dependent metallopeptidase is responsible for sensitivity to LsbB, a class II leaderless bacteriocin of *Lactococcus lactis* subsp. *lactis* BGMN1-5.

Journal of Bacteriology (2013) 195(24): 5614-21

IF 3.177

4842

MIKUŁA M., SULIMA M., MARSZAŁEK I., WYSŁOUCH-CIESZYŃSKA A., VERWILST P., DEHAEN W., RADECKI J., RADECKA H.

Oriented immobilization of his-tagged protein on a redox active thiol derivative of DPTA-Cu(II) layer deposited on a gold electrode—the base of electrochemical biosensors.

Sensors (Basel) (2013) 13(9): 11586-11602

IF 1.953

4843

NIEMCZYK S., DUDEK M., BARTOSZEWICZ Z., SZAMOTULSKA K., WOŹNIACKI Ł., BRODOWSKA-KANIA D., NIEMCZYK L., MAŁEK W., MATUSZKIEWICZ-ROWIŃSKA J.

Determining the enzymatic activities of iodothyronine 5'-deiodinases in renal medulla and cortex.

Endokrynologia Polska (2013) 64(3): 182-5

IF 1.070

4844

MUCHA K., FORONCEWICZ B., ORŁOWSKI T., RELIGIONI J., BOBEK-BILLEWICZ B., JARZĄB B., RACZYŃSKA J., KRAWCZYK M., PĄCZEK L.

Atypical presentation of invasive pulmonary aspergillosis in a liver transplant recipient.

Annals of Transplantation (2013) 18: 238-42

IF 0.815

4845

HANIEWICZ P., De SANCTIS D., BÜCHEL C., SCHRÖDER W.P., LOI M.C., KIESELBACH T., BOCHTLER M., PIANO D.

Isolation of monomeric photosystem II that retains the subunit PsbS.

Photosynthesis Research (2013) 118: 199–207

IF 3.150

4846

BIELIŃSKA B., GAJ P., KLUSKA A., NOWAKOWSKA D., BALABAS A., DĄBROWSKA M., NIWIŃSKA A., GRUCHOTA J., ZUB R., SKASKO E., STEFFEN J., OSTROWSKI J., SIEDLECKI J.A.

Association of the BRCA1 promoter polymorphism rs11655505 with the risk of familial breast and/or ovarian cancer.

Familial Cancer (2013) 12: 691-698

IF 1.935

4847

HOFFMAN-ZACHARSKA D., MIERZEWSKA H., SZCZEPANIK E., POZNAŃSKI J., MAZURCZAK T., JAKUBIK-TOMASZUK A., MĄDRY J., KIERDASZUK A., BAL J.

The spectrum of PLP1 gene mutations in patients with the classical form of the Pelizaeus-Merzbacher disease.

Developmental Period Medicine/ Medycyna Wieku Rozwojowego (2013) XVII (4): 293-300

4848

PIETRAS Z., HARDWICK S.W., ŚWIEŻEWSKI S.S., LUISI B.

Potential regulatory interactions of *Escherichia coli* RraA protein with DEAD-box helicases.

Journal of Biological Chemistry (2013) 288(44): 31919-31929

IF 4.651

4849

LIBEREK A., KMIEĆ Z., WIERZBICKI P., JAKÓBKIEWICZ-BANECKA J., LIBEREK T., ŁUCZAK G., PLATA-NAZAR K., SŁOMIŃSKA-FRĄCZEK M., KASZUBOWSKA L., GABIG-CIMIŃSKA M., WĘGRZYN A.

Transforming growth factor β 1 protein and mRNA levels in inflammatory bowel diseases: towards solving the contradictions by longitudinal assessment of the protein and mRNA amounts.

Acta Biochimica Polonica (2013) 60(4): 683-688

IF 1.185

4850

SZCZEPIŃSKA T., IWASAKI W., ABEEL T.

The spirit of competition: to win or not to win.

PLOS Computational Biology (2013) 9(12): e1003413 (3p.)

IF 4.867

4851

MATAK D.P., SZYMANSKI L., CZARNECKA A., BARTNIK E., SZCZYLIK C.

Clear cell renal cell cancer tumor-propagating cells: molecular characteristics.

Current Signal Transduction Therapy (2013) 8: 229-239

IF 0.446

4852

PERCY A.J., CHAMBERS A.G., YANG J., JACKSON A.M., DOMAŃSKI D., BURKHART J., SICKMANN A., BORCHERS CH.H.

Method and platform standardization in MRM-based quantitative plasma proteomics.

Journal of Proteomics (2013) 95: 66-76

IF 4.088

ABSTRAKTY

3570/A

ZIENTARA-RYTTER K., ZNÓJ A., WAWRZYŃSKA A.K., SIRKO A.

In search of UP15 function, a protein encoded by gene induced during sulfur and nitrogen deficiency.

4th Sulphyton Workshop, Athens, Greece, 5-8 September 2013

Abstracts p.13

3570/1/A

GRATKOWSKA D.M., SARNOWSKA E., ROLICKA A.T., BUCIOR E., SACHAROWSKI S.P., KONCZ C., JERZMANOWSKI A.J., SARNOWSKI T.J.

The SWI/SNF complex in Arabidopsis responds to environmental changes in temperature – dependent manner.

Seventh EPSO Conference Plants for a Greening Economy, Porto Heli, Greece, 1-4 September 2013

Abstracts p.308

3570/2/A

SARNOWSKA E., ROLICKA A.T., BUCIOR E., ĆWIEK P., TOHGE T., FERNIE A.R., JIKUMARU Y., KAMIYA Y., FRANZEN R., SCHMELZER E., PORRI A., SACHAROWSKI S.P., GRATKOWSKA D.M., 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 SWI/SNF chromatin remodeling complex modulates gibberellin responses and hormonal crosstalk in Arabidopsis.

Seventh EPSO Conference Plants for a Greening Economy, Porto Heli, Greece, 1-4 September 2013

Abstracts p.325

3570/3/A

SACHAROWSKI S.P., ROLICKA A.T., BUCIOR E., GRATKOWSKA D.M., KOWALCZYK J., KONCZ C., JERZMANOWSKI A.J., SARNOWSKI T.J.

Functional characterization of SWP73A and SWP73B - subunits of Arabidopsis SWI/SNF chromatin remodelling complexes.

Opening of the Academic Year 2013/2014 at Biocentrum Ochota, Warsaw, 25 October 2013

Abstracts BS

3570/4/A

BAL W.

Nickel-dependent peptide bond hydrolysis in technology and toxicology.

16th International Conference on Biological Inorganic Chemistry (ICBIC), Grenoble, France, 22-26 July 2013

Journal of Biological Inorganic Chemistry (2014) 19 Suppl 1: S78

3570/5/A

GOCH W.

Zinc ions in the synaptic cleft. Spatial and temporal fluctuations in Zn²⁺ concentration and its dependence on synaptic geometry.

16th International Conference on Biological Inorganic Chemistry (ICBIC), Grenoble, France, 22-26 July 2013

Journal of Biological Inorganic Chemistry (2014) Vol. 19 Suppl. 1: S396

3570/6/A

PODOBAS E.I., BAL W.

Ni(II) interactions with filaggrin in the light of the role of Ni(II)-dependent peptide bond hydrolysis in nickel sensitization.

16th International Conference on Biological Inorganic Chemistry (ICBIC), Grenoble, France, 22-26 July 2013

Journal of Biological Inorganic Chemistry (2014) 19 Suppl 1: S658

3570/7/A

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

Mixed ligand Cu (II) complexes of a model therapeutic with Alzheimer's Amyloid-beta peptide and monoamine neurotransmitters.

16th International Conference on Biological Inorganic Chemistry (ICBIC), Grenoble, France, 22-26 July 2013

Journal of Biological Inorganic Chemistry (2014) 19 Suppl 1: S672

MISCELLANEA

226/M

KEJNA M., ARAŻNY A., SOBOTA I., PISZCZEK J., ŁABNO R.

Warunki meteorologiczne na Stacji Arctowskiego (Wyspa Króla Jerzego, Antarktyka) w 2012 roku. Meteorological conditions at the Arctowski Station (King George Island, Antarctic) in 2012.

Problemy Klimatologii Polarnej (2013) 23: 43-56

Informacje o działalności IBB PAN za 2014 rok

opracowane zgodnie z zasadami określonymi decyzją Prezesa PAN

Informacje o działalności jednostki naukowej PAN w 2014r.

(sporządzane i przekazywane adresatom wyłącznie w wersji elektronicznej)

Adresaci:

1) Wydział II Nauk Biologicznych PAN

(właściwy merytorycznie i organizacyjnie)

2) Biuro Upowszechniania i Promocji Nauki PAN

Termin: 30.01.2015 r.

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)

Prof. dr hab. Piotr Zielenkiewicz – Dyrektor

Prof. dr hab. Andrzej Jerzmanowski – 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.

Kolejnym kluczowym nurtem badań realizowanych w Instytucie są interdyscyplinarne badania mechanizmów regulacji **metabolizmu RNA** w komórkach eukariotycznych. Wykorzystujemy szerokie spektrum narzędzi badawczych: genetyki, biologii molekularnej, proteomiki oraz biologii strukturalnej. Prowadzone przez nas prace przyczyniły się do poznania mechanizmów dojrzewania i rozkładu różnych klas RNA oraz do zainicjowania projektów o znaczeniu aplikacyjnym, których celem jest poszukiwanie nowych leków przeciwnowotworowych. Ważną częścią tych prac badawczych jest 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, związania 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.

Liczba ogółem	Monografie ¹ (lub rozdziały)	Podr. akadem. ¹ (lub rozdziały)	Publikacje w czasopismach recenzowanych			pozostałe publ. nauk.
			publikacje 1	publikacje 2	publikacje 3	
175	8	-	147	-	4	16

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)

¹ Definicja - stosownie do kryteriów przyjętych w aktualnym rozporządzeniu MNiSW

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 zwarte		wydawnictwa ciągłe					Pozostałe	
				w tym <u>czasopisma:</u> <u>drukowane</u>		wyłącznie w wersji <i>elektronicznej</i>	Inne wydawnictwa ciągłe			
liczba tytułów	nakład w egz.	liczba tytułów	nakład w egz.	liczba tytułów	nakład w egz.	liczba tytułów	liczba tytułów w	nakład w egz.	liczba tytułów w	nakład w egz.
1	200	1	200	0	0	0	0	0	0	0

II.2.2. Czasopisma udostępniane na platformach cyfrowych (De Gruyter Open/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): 159

w tym:

Projekt w ramach	Tytuł projektu	Kierownik projektu	Okres realizacji (rok) od-	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. dr hab. 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- Zdanowicz	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 nieznanych dotąd genów wczesnej odpowiedzi transkrypcyjnej na stres abiotyczny u <i>Arabidopsis thaliana</i> .	Prof. dr hab. 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. dr hab. 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 hab. Tomasz Sarnowski	2011-2014	480 000 zł	Narodowe Centrum Nauki
10) Analiza filogeograficzna populacji jesiota 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. dr hab. Ewa Śledziwska-Gójska	2011-2014	323 830 zł	Narodowe Centrum Nauki
12) Aneksyny jako uniwersalny modulator funkcji błony komórkowej.	Dr Dorota Konopka-Podstupska	2011-2014	360 000 zł	Narodowe Centrum Nauki
13) 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. dr hab. Jacek Bardowski	2011-2014	189 000 zł	Narodowe Centrum Nauki
14) Analiza funkcji białek z rodziny RCF-potencjalnych receptorów błonowych szlaku giberelinowego u <i>Arabidopsis</i> ze szczególnym uwzględnieniem regulacji na poziomie chromatyny.	Dr hab. Tomasz Sarnowski	2011-2014	890 000 zł	Narodowe Centrum Nauki

15) Rola niekodujących RNA w adaptacji do warunków lokalnych.	Dr Szymon Świeżewski	2011-2016	1 000 000 zł	Narodowe Centrum Nauki
16) Ludzkie aneksyny A1 i A2, wraz z formami ufosforylowanymi, jako cel molekularny metalozależnej hydrolizy wiązania peptydowego w kontekście toksykologicznym.	Dr Tomasz Frączyk	2011-2014	324 740 zł	Narodowe Centrum Nauki
17) 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
18) Krystalografia enzymów naprawy DNA jako narzędzie do badania specyficzności substratowej i mechanizmu hamowania.	Prof. dr hab. Barbara Tudek	2011-2014	300 000 zł	Narodowe Centrum Nauki
19) 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
20) 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
21) Funkcjonalna i biochemiczna charakterystyka sensora wapnia SCS u rzodkiewnika.	Dr Maria Bucholc	2011-2014	364 000 zł	Narodowe Centrum Nauki
22) Analiza proteomu rejonów regulatorowych stresaindukowalnego genu h1.3, u <i>A. thaliana</i> , z zastosowaniem zmodyfikowanej metody PICH o zwiększonej czułości.	Mgr Maciej Lirski	2011-2015	99 999 zł	Narodowe Centrum Nauki
23) 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
24) Nowe środki alkilujące mniejszą bruzdę helisy DNA – projektowanie, synteza i badanie właściwości przeciwnowotworowych.	Dr Adam Mieczkowski	2011-2014	299 000 zł	Narodowe Centrum Nauki

25) Badania eksperymentalne sprzeczności pomiędzy definicją skali pH i warunkami panującymi w strukturach wewnątrzkomórkowych. Spektroskopia fluorescencyjna i NMR wskaźników molekularnych w liposomach.	Prof. dr hab. Wojciech Bal	2011-2014	479 700 zł	Narodowe Centrum Nauki
26) Badanie sumoylacji na poziomie całego organizmu w nicieniu <i>Caenorhabditis elegans</i> .	Prof. dr hab. Michał Dadlez	2012-2015	498 000 zł	Narodowe Centrum Nauki
27) Metagenomiczna, strukturalna i funkcjonalna charakterystyka mikrobiocenoz środowisk lodowcowych.	Dr Marek Zdanowski	2011-2014	527 000 zł	Narodowe Centrum Nauki
28) 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
29) „Projektowalne” nukleazy – badania strukturalne, programowanie specyficzności i próby wykorzystania w inżynierii genomowej.	Prof. dr hab. Matthias Bochtler	2012-2016	2 500 000 zł	Narodowe Centrum Nauki
30) Stymulacja <i>in ovo</i> mikrobiomu kury – charakterystyka mechanizmów działania prebiotyków i synbiotyków.	Prof. dr hab. Jacek Bardowski	2012-2014	221 000 zł	Narodowe Centrum Nauki
31) 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. dr hab. Grażyna Dobrowolska	2012-2015	821 660 zł	Narodowe Centrum Nauki
32) Identyfikacja genów drożdży <i>Saccharomyces cerevisiae</i> kontrolujących diploidalność komórek i stabilność genomu.	Dr Adrianna Skoneczna	2012-2015	416 190 zł	Narodowe Centrum Nauki
33) Rola niekatalitycznej podjednostki polimerazy delta DNA, białka Pol32 w kontroli koordynacji replikacji DNA.	Dr Katarzyna Grabowski	2012-2015	291 460 zł	Narodowe Centrum Nauki
34) 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

35) Mechanizmy adaptacyjne plazmidu koniugacyjnego RA3 z grupy niezgodności IncU warunkujące zdolność replikacji i stabilnego utrzymywania się w szerokim spektrum gospodarzy bakteryjnych.	Prof. dr hab. Grażyna Jagura-Burdzy	2012-2015	589 300 zł	Narodowe Centrum Nauki
36) Regulacja ekspresji białek ALKBH w nowotworach, znaczenie w terapii.	Prof. dr hab. Elżbieta Grzesiuk	2012-2015	537 390 zł	Narodowe Centrum Nauki
37) Autofagia i cytoszkielet aktynowy: czy białko Atg2 je łączy?	Prof. dr hab. Teresa Żołądek	2012-2015	390 600 zł	Narodowe Centrum Nauki
38) 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
39) Nowe substraty dioxygenaz 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
40) 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
41) Nowatorskie koncepcje regulacji transkrypcji tRNA.	Prof. dr hab. Magdalena Rakowska-Boguta	2012-2016	2 931 000 zł	Narodowe Centrum Nauki
42) Potranskrypcyjna regulacja ekspresji RNA u Eukariotów przy udziale cytoplazmatycznych UTP-transferaz.	Dr Zbigniew Warkocki	2012-2015	612 000 zł	Narodowe Centrum Nauki
43) Nowe czynniki wirulencji <i>Pseudomonas aeruginosa</i> – białka Nudix NudC i YgdP.	Dr hab. Elżbieta Kraszevska	2012-2015	400 400 zł	Narodowe Centrum Nauki
44) 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
45) Charakterystyka metagenomiczna plazmidów bakterii glebowych.	Mgr Paweł Krawczyk	2013-2016	150 000 zł	Narodowe Centrum Nauki
46) Wpływ syntetycznych modyfikacji łańcucha bocznego histydyny na własności koordynacyjne analogów N-terminalnego pentapeptydu Histatyny 5 wobec jonów miedzi (II).	Dr Izabela Zawisza	2013-2015	88 601 zł	Narodowe Centrum Nauki

47) 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
48) 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
49) 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
50) Białko UP9/LSU jako potencjalny modulator funkcji receptora selektywnej autofagii w roślinach.	Mgr Katarzyna Zientara-Rytter	2013-2014	49 920 zł	Narodowe Centrum Nauki
51) 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
52) Rola aneksyn w wewnątrzkomórkowym krążeniu błon.	Dr Dorota Konopka-Podstupska	2013-2016	900 000 zł	Narodowe Centrum Nauki
53) Reduktaza poliprenolu - nowy gracz w regulacji cyklu dolicholowego w komórkach eukariotycznych.	Prof. dr hab. Ewa Kula-Świeżewska	2013-2016	950 000 zł	Narodowe Centrum Nauki
54) 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
55) Wiązanie halogenowe w układach białko-ligand. Badania termodynamiczne i strukturalne dla racjonalnie wybranych kompleksów oraz analiza wszystkich struktur dostępnych w bazie PDB.	Prof. dr hab. Jarosław Poznański	2013-2016	669 450 zł	Narodowe Centrum Nauki
56) 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
57) Charakterystyka składu białkowego granul transportujących RNA w neuronach mózgu myszy.	Mgr Jacek Miłek	2013-2015	100 000 zł	Narodowe Centrum Nauki

58) 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
59) Badania tworzenia kompleksów ternarnych przez sensory fluoroscencyjne dla jonów cynkowych.	Prof. dr hab. Wojciech Bal	2013-2016	614 900 zł	Narodowe Centrum Nauki
60) Analiza funkcjonalna genów regulatorowych <i>Streptococcus anginosus</i> .	Mgr Katarzyna Obszańska	2013-2016	149 500 zł	Narodowe Centrum Nauki
61) Nowe elementy węzłowe w metabolizmie izoprenoidów: oddziaływania pomiędzy cis-prenylotransferazami i ich komórkowymi regulatorami u <i>Arabidosis</i> .	Prof. dr hab. Ewa Kula-Świeżewska	2013-2016	977 096 zł	Narodowe Centrum Nauki
62) Molekularne podstawy rozwoju oporności na bakteriocyny u <i>Lactococcus lactis</i> .	Prof. dr hab. Jacek Bardowski	2013-2016	626 600 zł	Narodowe Centrum Nauki
63) Rola bakteryjnego czynnika HopQ1 w modulowaniu odpowiedzi roślin na infekcję.	Mgr Fabian Giska	2013-2014	100 702 zł	Narodowe Centrum Nauki
64) Badania nad topogenezą białek PTS3: nowa droga importu białek do peroksysomów.	Dr hab. Marek Skoneczny	2013-2016	632 320 zł	Narodowe Centrum Nauki
65) Transpozony w genomach pierwszych grzybów lądowych (<i>Zygomycota</i>).	Dr Anna Muszewska	2013-2016	499 800 zł	Narodowe Centrum Nauki
66) 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
67) Wiroid - niekodujący replikon RNA regulujący ekspresję genomu gospodarza.	Dr Anna Góra-Sochacka	2014-2017	639 960 zł	Narodowe Centrum Nauki
68) Powiązania pomiędzy białkiem Irr1 zaangażowanym w segregację jądrowego DNA i nowym mitochondrialnym białkiem Imi1 w <i>Saccharomyces cerevisiae</i> .	Mgr Piotr Kowalec	2014-2016	100 000 zł	Narodowe Centrum Nauki
69) Panel fragmentów keratyn oceniany przez ilościową spektrometrię mas w płynie jamy opłucnowej - nowoczesne podejście wspomagające badania, diagnostykę prognostykę i monitorowanie terapii w raku płuc.	Dr Dominik Domański	2014-2017	956 831 zł	Narodowe Centrum Nauki

70) Dodekahedron adenowirusa - poliwalencyjny, białkowy biodegradowalny wektor dostarczenia wewnątrzkomórkowego.	Dr hab. Ewa Szolajska	2014-2017	813 112 zł	Narodowe Centrum Nauki
71) <i>Poa annua</i> w Antarktyce - specyfika rozprzestrzeniania się gatunku w skrajnych warunkach siedliskowych.	Dr hab. Katarzyna Chwedorzewska	2014-2017	408 780 zł	Narodowe Centrum Nauki
72) Faktor alfa drożdży <i>S. cerevisiae</i> : tworzenie kompleksów miedziowych i cynkowych i ich aktywność biologiczna.	Prof. dr hab. Wojciech Bal	2014-2016	444 600 zł	Narodowe Centrum Nauki
73) Badanie funkcji ZmCPK11 i jej najbliższych homologów u <i>Arabidopsis thaliana</i> w stresach abiotycznych.	Dr Jadwiga Szczegieliak	2014-2017	490 030 zł	Narodowe Centrum Nauki
74) Identyfikacja molekularnej funkcji deacetylazy HD2C w odpowiedzi na stres cieplny.	Dr Daniel Buszewicz	2014-2016	100 000 zł	Narodowe Centrum Nauki
75) Poznanie powiązań między szlakami transkrypcji, dojrzewania i degradacji tRNA u drożdży <i>Saccharomyces cerevisiae</i> .	Mgr Dominika Foretek (Wichtowska)	2014-2017	150 000 zł	Narodowe Centrum Nauki
76) Kluczowy mechanizm rozwoju alergii na nikiel: Badanie właściwości immunogennych fragmentów białka filagryny, potencjalnego nośnika dla haptenu niklowego w indukcji reakcji alergicznej na nikiel w modelu linii komórek dendrytycznych <i>in vitro</i> .	Mgr Ewa Podobas	2014-2015	74 640 zł	Narodowe Centrum Nauki
77) Regulacja mitozy u <i>Drosophila melanogaster</i> - analiza proteomiczna.	Prof. dr hab. Michał Dadlez	2014-2017	945 880 zł	Narodowe Centrum Nauki
78) Metagenomy glebowe wskaźnikiem degradacji bioróżnorodności mikroorganizmów w glebach użytkowych rolniczo na Lubelszczyźnie.	Dr Urszula Zielenkiewicz	2014-2016	97 999,88 zł	Narodowe Centrum Nauki
79) Analiza wpływu mutacji w DIS3 na przeżywalność, rozwój embrionalny i powstawanie nowotworów u myszy.	Prof. dr hab. Andrzej Dziembowski	2014-2017	994 500 zł	Narodowe Centrum Nauki
80) Tlenki niklu i metaliczny nikiel jako źródła jonów metalu w metalozależnej hydrolizie wiązania peptydowego.	Mgr inż. Nina Wezynfeld	2014-2016	99 940 zł	Narodowe Centrum Nauki
81) Analiza funkcji kompleksów remodelujących chromatynę typu SWI/SNF w kontroli procesów metabolicznych.	Dr hab. Tomasz Sarnowski	2014-2017	990 040 zł	Narodowe Centrum Nauki

	82) Mutacje w genie ATP6, kodowanym przez mitochondrialny DNA, zidentyfikowane w nowotworach lub miopatiach i ich wpływ na syntazę ATP i metabolizm komórek drożdży <i>S. cerevisiae</i> .	Dr hab. Róża Kucharczyk	2014-2017	504 500 zł	Narodowe Centrum Nauki
	83) Udział kinaz SnRK2 w regulacji statusu redoks u roślin podczas stresu środowiskowego.	Mgr Katarzyna Szymańska	2014-2015	49 900 zł	Narodowe Centrum Nauki
	84) Naturalna zmienność efektoru HopQ1 z bakterii <i>Pseudomonas syringae</i> jako przejaw adaptacji do różnych gatunków roślin-gospodarzy.	Dr Rafał Hoser	2014-2017	771 400 zł	Narodowe Centrum Nauki
	85) Integracja sygnałów stresowych w roślinach: światło a percepcja stresu osmotycznego.	Dr Olga Sztatelman	2014-2017	612 000 zł	Narodowe Centrum Nauki
	86) Analiza genomiczna interakcji ParB-DNA u <i>Pseudomonas aeruginosa</i> .	Prof. dr hab. Grażyna Jagura-Burdzy	2014-2017	1 349 800 zł	Narodowe Centrum Nauki
	87) Oddziaływanie jonów niklu (II) na filagrynę, kluczowe białko w supresji alergii niklowej.	Mgr Ewa Podobas	2014-2016	112 576 zł	Narodowe Centrum Nauki
	88) Nowy poziom regulacji transportu jądrowo-cytoplazmatycznego białek biorących udział w odporności roślin.	Mgr Marek Żurczak	2014-2016	89 192 zł	Narodowe Centrum Nauki
	89) Rozwój i zastosowanie narzędzia bioinformatycznego do oceny jakości modeli struktur RNA	Mgr Marcin Magnus	2014-2016	98 540 zł	Narodowe Centrum Nauki
	90) Multidyscyplinarne kompleksowe badania degradacji i kontroli jakości mitochondrialnego RNA.	Dr Roman Szcześny	2014-2019	3 000 880 zł	Narodowe Centrum Nauki
II.3.2	1) Badanie genomów bakterii probiotycznych <i>L. casei</i> i <i>paracasei</i> .	Prof. dr hab. Jacek Bardowski	2011-2014	705 385 zł	Narodowe Centrum Badań i Rozwoju
	2) Podstawy zabezpieczenia potrzeb paliwowych polskiej energetyki jądrowej - zadanie 4 i 7.	Dr Urszula Zielenkiewicz	2011-2014	543 083 zł	Narodowe Centrum Badań i Rozwoju
	3) Nowe leki służące do celowanej terapii szpiczaków mnogich.	Prof. dr hab. Andrzej Dziembowski	2012-2015	3 415 180 zł	Narodowe Centrum Badań i Rozwoju
	4) 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
	5) 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

	6) Nowoczesne metody, leki i terapie dla ochrony zdrowia i gospodarki XXI wieku - interdyscyplinarne kształcenie w obszarze biomedycznym na studiach II i III stopnia.	Prof. dr hab. Monika Hryniewicz	2012-2015	594 198 zł	Narodowe Centrum Badań i Rozwoju
	7) 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
	8) Toward structural characterization of novel mechanism of inhibition of SnRK2s activity by calcium sensor (SCS) in plants.	Prof. dr hab. Grażyna Dobrowolska	2013-2016	2 789 558 zł	Narodowe Centrum Badań i Rozwoju
	9) Role of the FTO dioxygenase in development of obesity - multidisciplinary study on selected model systems.	Prof. dr hab. Elżbieta Grzesiuk	2013-2016	3 918 470 zł	Narodowe Centrum Badań i Rozwoju
	10) 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
	11) 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
	12) Opracowanie technologii pieczywa funkcjonalnego w oparciu o tradycyjny żur piekarski wzbogacony wyselekcjonowanymi bakteriami fermentacji mlekowej.	Dr Magdalena Kowalczyk	2014-2017	1 056 967 zł	Narodowe Centrum Badań i Rozwoju
	13) Szczepionka przeciw grypie - innowacyjne otrzymywanie antygenów podjednostkowych.	Dr Edyta Kopera, Prof. dr hab. Agnieszka Sirko, Prof. dr hab. Jacek Bardowski	2014-2017	2 774 964 zł	Narodowe Centrum Badań i Rozwoju
	14) Dofinansowanie międzynarodowej procedury patentowej dla dwóch zgłoszeń dotyczących: terapii celowej nowotworów oraz transferu koniugacyjnego genów.	Prof. dr hab. Andrzej Dziembowski	2014-2017	374 402 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. dr hab. Iwona Fijałkowska	2010-2014	448 500 zł	Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego/ Narodowe Centrum Nauki

2) Udział polimerazy DNA epsilon w kontroli prawidłowego przebiegu cyklu komórkowego w drożdżach <i>Saccharomyces cerevisiae</i> .	Prof. dr hab. Piotr Jonczyk	2010-2014	295 750 zł	Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego/ Narodowe Centrum Nauki
3) 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
4) Zmiany profilu białkowego i transkrypcyjnego w mutantach regulatorowych <i>Aspergillus nidulans</i> jako konsekwencja nadprodukcji lub niedoboru związków siarkowych.	Prof. dr hab. Andrzej Paszewski	2009-2014	406 900 zł	Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego/ Narodowe Centrum Nauki
5) Mitochondrialna rekombinacja homologiczna w komórkach <i>Saccharomyces cerevisiae</i> : charakterystyka zaangażowanych genów i rola w stabilizacji genomu mitochondrialnego.	Dr Aneta Kaniak-Golik	2010-2014	300 000 zł	Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego/ Narodowe Centrum Nauki
6) 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
7) Eksperymentalna obserwacja zwijania się (foldingu) białek na poziomie atomowym.	Dr Mariusz Jaremko	2012-2014	198 000 zł	Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego
8) 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
9) 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
10) 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

11) Otrzymanie i charakterystyka antygeny szczepionki ludzkiej przeciw wirusowi grypy A1 H1N1.	Dr Edyta Kopera	2012-2014	252 199 zł	Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego
12) Program Mobilność Plus	Dr Jadwiga Nieminuszczy	2012-2014	324 000 zł	Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego
13) Biogeneza mitochondrialnej syntazy ATP.	Mgr Anna Kabala	2014	133 000 zł	Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego
14) Rola bakteryjnych prymaz typu <i>AEP</i> oraz ligaz DNA w naprawie DNA u prątków z rodzaju <i>Mycobacterium</i> .	Dr Przemysław Płociński	2014-2016	378 800 zł	Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego
15) Molekularne podstawy porastania na przykładzie <i>Arabidopsis thaliana</i> .	Dr Szymon Świeżewski	2011-2014	4 485 000 zł	Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego/ Narodowe Centrum Badań i Rozwoju
16) 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
17) 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
18) 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
19) Centrum biotechnologii produktów leczniczych. Pakiet innowacyjnych biofarmaceutyków dla terapii i profilaktyki ludzi i zwierząt.	Prof. dr hab. Jacek Bardowski, Prof. dr hab. Agnieszka Sirko, Prof. dr hab. Włodzimierz Zagórski-Ostoj	2008-2015	7 953 620 zł	Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego/ Narodowe Centrum Badań i Rozwoju

20) Optymalizacja charakterystyki i przygotowania preparatów fagowych do celów terapeutycznych.	Dr hab. Małgorzata Łobocka	2008-2014	6 576 000 zł	Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego/ Narodowe Centrum Badań i Rozwoju
21) Biocentrum Ochota - infrastruktura informatyczna dla rozwoju strategicznych kierunków biologii i medycyny.	Prof. dr hab. Piotr Zielenkiewicz	2009-2014	6 266 449 zł	Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego/ Narodowe Centrum Badań i Rozwoju
22) Platforma informatyczna baz danych dla efektywnego wykorzystania wyników prac badawczych.	Prof. dr hab. Piotr Zielenkiewicz	2010-2014	160 000 zł	Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego/ Narodowe Centrum Badań i Rozwoju
23) Elektrochemiczne bioczujniki do detekcji aktywacji receptorów RAGE – narzędzia taniej teranostyki.	Prof. dr hab. Wojciech Bal	2009-2014	2 201 619 zł	Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego/ Narodowe Centrum Badań i Rozwoju
24) 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
25) Krajowe Laboratorium Multidyscyplinarne Nanomateriałów Funkcjonalnych	Prof. dr hab. Michał Dadlez	2008-2014	5 956 672 zł	Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego/ Narodowe Centrum Badań i Rozwoju
26) Centrum Badań Przedklinicznych i Technologii	Prof. dr hab. Wojciech Bal	2008-2014	27 159 673 zł	Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego/ Narodowe Centrum Badań i Rozwoju
27) 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

	28) Naukowcy, nauczyciele i inicjatorzy społeczeństwa obywatelskiego na rzecz innowacyjnych metod nauczania młodzieży w zakresie badań mikrobiologicznych żywności.	Dr hab. Marcin Grynberg	2013-2014	200 000 zł	Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego
	29) Zastosowanie pochodnych poliizoprenoidów jako nośników leków i regulatorów.	Prof. dr hab. Ewa Świeżewska	2010-2014	5 000 000 zł	Ośrodek Przetwarzania Informacji
	30) Dofinansowanie procedury patentowej dla zgłoszenia dotyczącego wywoływania tolerancji na epitopy białek w leczeniu stwardnienia rozsianego (SM).	Prof. dr hab. Jacek Bardowski	2010-2015	616 000 zł	Ośrodek Przetwarzania Informacji
	31) Dofinansowanie procedury patentowej dla zgłoszenia dotyczącego opracowania czynników terapeutycznych w leczeniu mukowiscydozy.	Mgr Norbert Odolczyk	2010-2015	505 000 zł	Ośrodek Przetwarzania Informacji
	32) Dofinansowanie procedury patentowej dotyczącej sposobu otrzymywania roślin transgenicznych o ulepszonych cechach uprawnych.	Prof. dr hab. Agnieszka Sirko	2010-2015	600 000 zł	Ośrodek Przetwarzania Informacji
	33) 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
	34) Dodekahedron adenowirusa- wektor do wprowadzania czynników terapeutycznych do tkanek nowotworowych.	Dr hab. Ewa Szolajska	2009-2015	568 647 zł	Ośrodek Przetwarzania Informacji
	35)Wektorowa cząsteczka wirusopodobna, jako poliwalencyjna platforma pozwalająca na wewnątrzkomórkowe dostarczenie wysokocząsteczkowych substancji terapeutycznych.	Dr hab. Ewa Szolajska	2009-2015	525 850 zł	Ośrodek Przetwarzania Informacji
	36) Funkcjonalne zróżnicowanie niekodujących RNA u Eukariota.	Prof. dr hab. Andrzej Dziembowski	2012-2016	938 910 zł	Ośrodek Przetwarzania Informacji
	37) 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
	38) Metal-dependent peptide hydrolysis. Tools and mechanisms for biotechnology, toxicology and supramolecular chemistry.	Prof. dr hab. Wojciech Bal	2010-2014	1 452 083 zł	Fundacja na rzecz Nauki Polskiej

	39) 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
	40) PhD Programme in Molecular Biology: Studies of nucleic acids and proteins – from basic to applied research.	Prof. dr hab. Magdalena Rakowska-Boguta	2010-2015	1 725 079 zł	Fundacja na rzecz Nauki Polskiej
	41) 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
	42) Proteomics in characterization of selected protein assemblies.	Prof. dr hab. Michał Dadlez	2011-2015	1 425 000 zł	Fundacja na rzecz Nauki Polskiej
	43) 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
	44) Regulation of human DNA polymerase iota by ubiquitination.	Dr Justyna McIntyre	2013-2015	145 000 zł	Fundacja na rzecz Nauki Polskiej
	45) Plant-specific methyltransferase DNA structures.	Dr Humberto Fernadez	2013-2015	146 667 zł	Fundacja na rzecz Nauki Polskiej
	46) Jak rozbroić toksynę?	Dr Magdalena Kulma	2014-2015	96 000 zł	Fundacja na rzecz Nauki Polskiej
	47) New players involved in the maintenance of genomic stability.	Prof. dr hab. Iwona Fijałkowska	2012-2015	981 666 zł	Fundacja na rzecz Nauki Polskiej
	48) Reprogramming of chromatin complexes by nc RNA.	Dr Szymon Świeżewski	2011-2014	591 195 zł	EBMO
	49) System biology of <i>Mycobacterium tuberculosis</i> .	Prof. dr hab. Andrzej Dziembowski	2010-2014	2 589 021	7 program ramowy Unii Europejskiej
	50) Biologia systemów <i>Mycobacterium tuberculosis</i> .	Prof. dr hab. Andrzej Dziembowski	2010-2014	859633	7 program ramowy Unii Europejskiej
	51) BIOchemical and genetic dissection of control of plant mineral NUTrition.	Prof. dr hab. Agnieszka Sirko	2011-2014	915 074 zł	7 program ramowy Unii Europejskiej
	52) BIOchemical and genetic dissection of control of plant mineral NUTrition.	Prof. dr hab. Agnieszka Sirko	2011-2014	1 309 426 zł	7 program ramowy Unii Europejskiej
	53) Regulation of gene expression by non-canonical poly(A) and poly(U) polymerases.	Prof. dr hab. Andrzej Dziembowski	2013-2018	6 194 100 zł	7 program ramowy Unii Europejskiej
	54) Regulation of gene expression by non-canonical poly(A) and poly(U) polymerases.	Prof. dr hab. Andrzej Dziembowski	2013-2016	50 000 zł	7 program ramowy Unii Europejskiej

	55) A whole-systems approach to optimizing feed efficiency and reducing the ecological footprint of monogastrics.	Prof. dr hab. 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 59**

II.3.5. Wyniki prac badawczych:

- Wybrane 3 ważniejsze wyniki uzyskane w ramach projektów/ zadań badawczych (wymienić nawet projektu/ zadania) realizowanych lub zrealizowanych w roku sprawozdawczym (krótki opis, ok. 500 znaków).

1.

Identyfikacja *in silico* roślinnych miRNA w egzosomach z mleka ssaków - kolejny mały krok naprzód?

Zespół prof. dr hab. Piotra Zielenkiewicza.

Odkrycia takie jak poznanie struktury DNA, kodu genetycznego, mechanizmów powstawania białek czy sam Projekt Poznania Ludzkiego Genomu ustanowiły kamienie milowe w dziedzinie biologii molekularnej. Jeden z równie przełomowych momentów dla tego obszaru nauki nastąpił w latach 90-tych ubiegłego wieku kiedy to odkryto cząsteczki o nazwie microRNA (miRNA). MiRNA stanowią klasę małych regulatorowych RNA (18-24 nukleotydy), które są ewolucyjnie zachowane u wielu znanych organizmów żywych. Te jednoniciowe, niekodujące molekuly modulują ekspresję genów docelowych poprzez promowanie cięcia lub hamowanie translacji specyficznego mRNA. W ten właśnie sposób miRNA kontrolują szereg najistotniejszych procesów biologicznych zachodzących we wszystkich żywych organizmach, m. in.: śmierć, namnażanie się i różnicowanie komórek, metabolizm, organogeneza czy też utrzymywanie homeostazy. Wiedza dotycząca funkcji miRNA poszerzyła się znacznie w momencie wykrycia ich obecności w płynach ustrojowych (takich jak krew, mocz, ślina czy mleko), a także dzięki niedawnym doniesieniom mówiącym o identyfikacji roślinnych cząsteczek miRNA we krwi ludzkiej (Wang i wsp., PLOS One 2012; Zhang i wsp., Cell Research 2012). Doniesienia oraz dowody na to, iż miRNA pochodzenia zarówno egzogenne (roślinne) jak i endogenne (Zhou i wsp., Int J Biol Sci 2012; Gu i wsp., PLOS One 2012) są wystarczająco stabilne aby, nie tracąc swojej funkcjonalności, przejść przez układ pokarmowy do krwiobiegu, stanowiły podstawę do przeprowadzenia niniejszego projektu. Mianowicie, sprawdzenia na poziomie *in silico* czy roślinne miRNA, zwłaszcza te zidentyfikowane we krwi ludzkiej, mogą zostać upakowane do egzosomów w mleku ssaków. W tym celu zgromadzono jak największą ilość publicznie dostępnych zestawów surowych danych otrzymanych z głębokiego sekwencjonowania sRNA, wyizolowanych z egzosomów mleka ssaków (ludzkiego i świni), a następnie przeprowadzono

ich rygorystyczną bioinformatyczną analizę. Szereg zastosowanych narzędzi oraz etapów procesowania i filtracji odczytów pozwolił na uniknięcie tak zwanych „fałszywych pozytywów”, a tym samym zwiększył dokładność całej analizy. Otrzymane wyniki wykazały, iż w badanych egzosomach mleka obu ssaków obecne były cząsteczki miRNA pochodzące z pożywienia, a ich główną część stanowiły roślinne molekuly należące do zachowanych ewolucyjnie rodzin, takich jak MIR168, MIR156, MIR166, MIR167 oraz MIR444. Warto podkreślić jest również to, że zestaw zidentyfikowanych miRNA pokrywał się w większym stopniu z tym oznaczonym we krwi ludzkiej. W celu określenia czy molekuly te mogą mieć wpływ na organizm ludzki przeprowadzono bioinformatyczne przewidywanie i adnotację funkcjonalną ich potencjalnych genów docelowych, które wykazały iż wyznaczone roślinne miRNA (zidentyfikowane w znacznej liczbie w mleku ssaków), mogą potencjalnie oddziaływać z mRNA kodującymi m. in. specyficzne czynniki transkrypcyjne, receptory czy białka odpowiedzialne za transport, regulację gospodarki hormonalnej i odpowiedź immunologiczną. Tym samym pokazano, iż cząsteczki pochodzące z pożywienia mogą stanowić nowe molekularne modulatory niektórych ważnych procesów biologicznych zachodzących w naszym organizmie. Wyniki otrzymane w powyższym projekcie dokładają kolejną „cegielkę” do tworzącego się stosu informacji o cząsteczkach miRNA egzogenego pochodzenia, ich stabilności w trudnych warunkach i nieznanych dotąd rolach w żywych organizmach. Niewątpliwie stanowią one bardzo dobrą motywację do dalszego i wnikliwego zbadania tematu, a w późniejszej perspektywie dostarczyć mogą nowych możliwości zastosowania tychże cząsteczek m. in. do celów terapeutycznych. Dokładny opis przeprowadzonej analizy oraz jej wyniki zawarte zostały w pracy opublikowanej w czasopiśmie PLOS One 2014 9(6): e99963.

2.

Histon H1 jako kluczowy składnik systemu komunikacji genom-środowisko u roślin

Zespół prof. dr hab. Andrzeja Jerzmanowskiego.

Podstawowym mechanizmem regulacji ekspresji genów u eukariontów jest regulacja fizycznej dostępności DNA dla maszynery transkrypcyjnej. Odbywa się ona za pośrednictwem modyfikacji składu wariantowego oraz modyfikacji potranslacyjnych białek histonowych, które wraz z DNA są podstawowym i uniwersalnym składnikiem chromatyny eukariotycznej. Obok histonów rdzeniowych (H2A, H2B, H3 i H4) tworzących oktameryczne rdzenie podstawowej jednostki strukturalnej chromatyny – nukleosomu, w jądrze komórkowym występują także histony łącznikowe (H1). W odróżnieniu od histonów rdzeniowych, lokują się one na zewnątrz nukleosomu, i mają zasadniczy udział w tworzeniu stabilnych chromatynowych struktur wyższego rzędu, uważanych za podstawową przyczynę niedostępności DNA chromosomów dla białek regulatorowych. Wyniki uzyskane w zespole A. Jerzmanowskiego dokumentują rolę wyspecjalizowanego wariantu histonu łącznikowego H1 w bezpośrednim przekazywaniu sygnałów środowiskowych, jako kluczowego ogniwa mechanizmu odpowiedzialnego za przeprogramowywanie rozwoju i fizjologii roślin w odpowiedzi na zmianę warunków zewnętrznych. Rośliny, jako organizmy osiadłe, wykształciły wyjątkowo sprawne i skuteczne mechanizmy adaptacji do abiotycznych stresów środowiskowych. Podstawową rolę w tych mechanizmach gra kwas abscysynowy (ABA), fitohormon raptownie indukowany w odpowiedzi na zmianę warunków zewnętrznych. Od ponad dwóch dekad wiadomo, że rośliny, oprócz kanonicznych (głównych) wariantów histonu łącznikowego, posiadają stare ewolucyjnie warianty, które ulegają indukcji w odpowiedzi na stres abiotyczny i których poziom ekspresji jest wyjątkowo wrażliwy na kwas abscysynowy. Pomimo to, ich rola w adaptacji do stresu pozostawała dotąd niewyjaśniona. U modelowej rośliny *Arabidopsis thaliana* występują trzy nie alleliczne warianty histonu H1: dwa główne (H1.1 i H1.2) oraz stres-indukowalny wariant H1.3. W zespole A. Jerzmanowskiego wykazano, że u *Arabidopsis* indukowany przez stres wariant H1 jest

niezbędny do właściwej adaptacji do niekorzystnych warunków środowiskowych, w szczególności ograniczenia dostępności podstawowych dla roślin zasobów, światła i wody. Poszukiwanie molekularnego podłoża tej funkcji doprowadziło do odkrycia, że streso-indukowalny H1, podobnie jak pionierskie czynniki transkrypcyjne typu FoxA u zwierząt, wiąże się do chromatyny z superszybłą dynamiką oraz rozpoznaje i preferencyjnie dołącza się do silnie pozycjonowanych nukleosomów zawierających histon H3 z trójmetylowaną lizyną 4, znanym epigenetycznym znacznikiem pamięciowym rejonów chromatyny, w których aktywnie zachodziła lub aktualnie zachodzi transkrypcja. Znaczące ilości białka streso-indukowalego H1 pojawiające się w warunkach połączonych stresów ograniczenia światła i wody konkurują o miejsce wiązania w preferowanych przez siebie rejonach z głównymi wariantami H1, których rola polega na utrzymywaniu chromatyny w stanie nieaktywnym transkrypcyjnie. O tym, że prowadzi to do nowego globalnego profilu dostępności chromatinowego DNA, świadczy zależność od streso-indukowalego H1 charakterystycznej dla odpowiedzi stresowej *de novo* hipermetylacji genomowego DNA. W oparciu o powyższe wyniki zaproponowano, że pozostający pod niemal wyłączną kontrolą kwasu abscysynowego, indukowany stresem wariant H1 umożliwia bezpośrednie przetwarzanie bodźców środowiskowych na zmiany w aktywności aparatu genetycznego. Wykazano również, że ewolucja streso-indukowalnych form H1 dokonała się w tym samym czasie, co wydzielenie się okrytonasiennych (kwiatowych), około 140 milionów lat temu, odgrywając prawdopodobnie istotną rolę w ogromnym rozprzestrzenieniu się na Ziemi tej dominującej dziś na świecie grupy roślin. Powyższe ustalenia w sposób istotny zwiększają wiedzę o molekularnych mechanizmach umożliwiających interakcje pomiędzy genomem a środowiskiem u roślin, to jest w obszarze o wielkim znaczeniu dla współczesnej biologii.

3.

Rola kompleksu GINS w kształtowaniu wierności replikacji DNA

Zespół prof. dr hab. Iwony Fijałkowskiej

Replikacja DNA jest procesem angażującym wiele różnych białek w celu zachowania wierności powielanego materiału genetycznego. W proces replikacji DNA w komórkach eukariotycznych zaangażowane są 3 główne polimerazy DNA: polimeraza alfa (Pol α) rozpoczynająca replikację DNA na obu niciach, polimeraza epsilon (Pol ϵ) biorąca udział w syntezie nici wiodącej i polimeraza delta (Pol δ) replikująca nić opóźnioną. Polimerazy DNA są najważniejszym elementem odpowiedzialnym za wierną syntezę DNA. W skład kompleksu replikacyjnego, zwanego replisomem, wchodzi również szereg białek pełniących funkcje strukturalne i/lub regulacyjne. Ich rola w kształtowaniu wierności replikacji DNA budzi coraz większe zainteresowanie. Wykazano, że w komórkach nowotworowych obecne są mutacje w genach kodujących niekatalityczne białka wchodzące w skład replisomu. Takimi białkami są między innymi cztery podjednostki (Psf1, Psf2, Psf3 oraz Sld5) niedawno odkrytego kompleksu GINS. Wykazano, że wysoce konserwowany w komórkach eukariotycznych, kompleks GINS pełni istotne znaczenie zarówno na etapie inicjacji jak i elongacji replikacji DNA, jest elementem większego kompleksu CMG posiadającego aktywność helikazy replikacyjnej, wchodzi w interakcję z holoenzymem Pol ϵ . Białka kompleksu GINS są niezbędne dla życia komórki *S. cerevisiae*.

Celem prac prowadzonych w pracowni prof. Iwony Fijałkowskiej było wyjaśnienie roli kompleksu GINS, w utrzymaniu stabilności materiału genetycznego, a szczególnie w kontroli wierności replikacji DNA. Wykazano, że mutacje w kompleksie GINS, wpływają znacząco na oddziaływania pomiędzy helikazą CMG a polimerazą epsilon. Zerwanie tych oddziaływań powoduje wzrost poziomu mutagenyzy spontanicznej, zwiększa udział mutagennej polimerazy zeta (Pol ζ) oraz umożliwia dostęp polimerazie delta do nici wiodącej, łamiąc dogmat udziału głównych replikaz na poszczególnych niciach DNA (wiodącej czy opóźnionej).

Uzyskane wyniki wykazują istotny wpływ niekatalitycznych elementów replisomu na kształtowanie wierności replikacji DNA. Sugerują, że kompleks GINS może pełnić rolę stabilizatora odpowiedzialnego za utrzymanie integralności genetycznej komórki *S. cerevisiae*. (Grabowska *et al.* Molecular Microbiology [2014] 92: 659-680).

- 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).

Nie było w 2014 r.

- 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).

Szczepionka przeciw grypie - innowacyjne otrzymywanie antygenów podjednostkowych.

Projekt PBS2/A7/14/2014

prof. dr hab. Agnieszka Sirko, prof. dr hab. Jacek Bardowski, dr Edyta Kopera

Celem projektu jest stworzenie podstaw systemu otrzymywania szczepionek przeciw grypie, mających chronić przed masowymi zoonozami zwierzęta hodowlane i ludzi z grup ryzyka zawodowego. Nowatorskim elementem systemu jest uzyskiwanie bezpiecznych biologicznie szczepionek podjednostkowych, opartych na rekombinowanych wariantach hemaglutyniny, otrzymanych metodami inżynierii genetycznej w prostych i tanich układach ekspresyjnych. Osią projektu jest wykorzystanie zaawansowanych metod szczepień genetycznych szczepionkami DNA. Wyniki tych szczepień będą określać najaktywniejszy w wywołaniu odporności typ wariantu. Wyznaczy to dalszą strategię otrzymywania antygenów białkowych o zoptymalizowanej sekwencji, podawanych w zależności od grupy docelowej tradycyjną drogą infekcyjną (ludziom) lub własną wypracowaną w projekcie, drogą pokarmową (zwierzętom). W dalszej perspektywie uzyskana zostanie możliwość krajowej produkcji szczepionek przeciw różnym wariantom wirusa grypy. Prace te stworzą platformę natychmiastowego reagowania na infekcje wirusami grypy i umożliwią szybką produkcję szczepionek ochronnych.

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),

Tytuł patentu	Data decyzji	Numer patentu	Kraj
Wektorowa cząsteczka wirusopodobna, sposób jej wytwarzania, zastosowanie wektorowej cząsteczki wirusopodobnej oraz kompozycja farmaceutyczna zawierająca wektorową cząsteczkę wirusopodobną.	01.07.2014	U.S. 8,765,666 B2	USA

Rekombinowana molekula DNA, kasetta ekspresyjna, wektor DNA, plazmid binarny, komórka roślinna, sposób otrzymywania polipeptydu w eukariotycznym gospodarzu oraz zastosowanie rekombinowanej molekuly DNA	27.10.2014	P.392772	Polska
---	------------	----------	--------

– wykaz uzyskanych praw ochronnych na wzory użytkowe (tytuł/data decyzji/nr świadectwa/kraj).

Nie było w 2014 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 2014 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)

Imię i nazwisko	Dziedzina i zakres nadanego tytułu naukowego
Andrzej Dziembowski	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
Tomasz Jacek Sarnowski	Identyfikacja funkcji kompleksów SWI/SNF w regulacji rozwoju i przekazywaniu sygnału za pomocą hormonów u <i>Arabidopsis thaliana</i> .	nauki biologiczne; dyscyplina naukowa biologia
Ewa Janina Szolajska	Białka kapsydu adenowirusa, ich oligomeryzacja i potencjalne zastosowanie terapeutyczne.	nauki biologiczne; dyscyplina naukowa biologia

- doktora (imię, nazwisko pracownika, tytuł pracy doktorskiej, dziedzina i zakres nadanego stopnia naukowego)

Imię i nazwisko	Tytuł pracy doktorskiej	Dziedzina i zakres nadanego stopnia naukowego
Marlena Siwiak	Ilościowy model translacji, opracowany w czasie rzeczywistym, na poziomie całej komórki.	nauki biologiczne; dyscyplina naukowa biofizyka

II.6.2. Wykaz tytułów i stopni naukowych nadanych przez jednostkę w roku sprawozdawczym innym osobom (niezatrudnionym w jednostce):

- profesora nadany przez Prezydenta RP (imię i nazwisko)

Imię i nazwisko	Dziedzina i zakres nadanego tytułu naukowego
Agnieszka Chacińska	nauki biologiczne
Anna Lankoff	nauki biologiczne

- doktora habilitowanego (imię, nazwisko, tytuł pracy doktorskiej, dziedzina i zakres nadanego stopnia naukowego)

Nie było w 2014 r.

- doktora (imię, nazwisko, tytuł pracy doktorskiej, dziedzina i zakres nadanego stopnia naukowego)

Imię i nazwisko	Tytuł pracy doktorskiej	Dziedzina i zakres nadanego stopnia naukowego
Michał Jakub Piętał	Nowe metody i narzędzia bioinformatyczne do analizy kontaktów wewnątrz- i międzycząsteczkowych w białkach, kwasach nukleinowych i ich kompleksach.	nauki biologiczne; dyscyplina naukowa biochemia
Dorota Matelska	Identyfikacja i analiza porównawcza wybranych motywów <i>cis</i> -regulatorowych niekodującego RNA w bakteriach.	nauki biologiczne; dyscyplina naukowa biochemia
Piotr Gawroński	Molekularna, fizjologiczna i bioinformatyczna analiza sygnałów komórkowych regulujących odpowiedzi na stresy biotyczne i abiotyczne u roślin wyższych.	nauki biologiczne; dyscyplina naukowa biochemia
Paweł Burdiak	Charakterystyka funkcjonalna rodziny kinaz receptoropodobnych bogatych w cysteinę (CRK) u <i>Arabidopsis thaliana</i> .	nauki biologiczne; dyscyplina naukowa biochemia
Magdalena Górecka	Między- i wewnątrzkomórkowe sygnały regulujące ekspresję PEROKSYDAZY ASKORBINIANOWEJ 2 oraz odpowiedzi aklimatyzacyjne i obronne u roślin wyższych.	nauki biologiczne; dyscyplina naukowa biochemia
Elżbieta Kochanowicz	Drożdżowe białko Spl2, jako nowy substrat <i>in vitro</i> kinazy białkowej CK2.	nauki biologiczne; dyscyplina naukowa biochemia
Robert Świder	Development of Multisite Directed Inhibitors of CK2.	nauki biologiczne; dyscyplina naukowa biochemia

II.6.3. Studia doktoranckie:

Liczba uczestników studium		Liczba uczestników pobierających stypendia	
<i>ogółem</i>	<i>w tym: przyjęci w roku sprawozdawczym</i>	<i>ogółem</i>	<i>w tym: przyznane przez jednostkę PAN prowadzącą studium</i>
148	21	99	65

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
Lidia Borkiewicz	Poszukiwanie roli kinaz białkowych zależnych od wapnia w przekazywaniu sygnałów stresów abiotycznych u roślin.	nauki biologiczne; dyscyplina naukowa biochemia
Ewa Krzywińska	Regulacja aktywności kinaz SnRK2 niezależnych od ABA przez fosfatazy białkowe.	nauki biologiczne; dyscyplina naukowa biochemia
Daniel Buszewicz	Identyfikacja, lokalizacja genomowa i charakterystyka funkcjonalna deacetylazy histonowej HD2C <i>Arabidopsis</i> .	nauki biologiczne; dyscyplina naukowa biochemia
Grzegorz Moniuszko	Udział białek z rodziny UP9/LSU w reakcji odpowiedzi roślin na deficyt siarki.	nauki biologiczne; dyscyplina naukowa biochemia
Artur Biela	Hamowanie enzymów szlaku naprawy przez wycinanie zasad poprzez utlenianie motywu palca cynkowego.	nauki biologiczne; dyscyplina naukowa biochemia
Hanieh H. Arian	Structural aspects of Ni(II) – assisted peptide bond hydrolysis.	nauki biologiczne; dyscyplina naukowa biofizyka
Kinga Rutowicz	Rola histonów łącznikowych w modulacji struktury chromatyny w rozwoju i w odpowiedzi na stres abiotyczny u <i>Arabidopsis thaliana</i> .	nauki biologiczne; dyscyplina naukowa biochemia
Ewa Grabowska	Udział białka Psf1 w kształtowaniu wierności replikacji chromosomalnego DNA.	nauki biologiczne; dyscyplina naukowa biochemia
Krzysztof Głąbski	Rola potencjalnych partnerów białek Par w segregacji chromosomów, podziale komórkowym i ruchliwości <i>Pseudomonas aeruginosa</i> .	nauki biologiczne; dyscyplina naukowa biochemia
Aleksandra Markowska	Analiza minireplikonu plazmidu RA3 o szerokim spektrum gospodarzy z grupy niezgodności IncU.	nauki biologiczne; dyscyplina naukowa biochemia
Urszula Wrońska	Rola kompleksu GINS w kształtowaniu wierności replikacji DNA w komórkach <i>Saccharomyces cerevisiae</i> .	nauki biologiczne; dyscyplina naukowa biochemia
Żaneta Jastrzębska	Fosforylacja ligazy ubikwitynowej Rsp5 i jej wpływ na funkcjonowanie komórek	nauki biologiczne; dyscyplina naukowa

	drożdży <i>S. cerevisiae</i> .	biochemia
Iwona Brzozowska	Charakterystyka funkcjonalna systemu toksyna-antytoksyna plazmidu pSM19035.	nauki biologiczne; dyscyplina naukowa biochemia
Katarzyna Zientara-Rytter	Identyfikacja oraz charakterystyka receptora selektywnej autofagii z tytoniu.	nauki biologiczne; dyscyplina naukowa biochemia
Marcin Mielecki	Oddziaływanie kinaz białkowych JAK oraz RIO z pochodnymi kwasu cynamonowego.	nauki biologiczne; dyscyplina naukowa biochemia
Izabela Zawisza	Wpływ syntetycznych modyfikacji aminokwasów na kompleksowanie jonów metali i hydrolizę wiązania peptydowego.	nauki biologiczne; dyscyplina naukowa biochemia
Kamila Maliszewska-Olejniczak	Rola białka TFIIS4 w regulacji rearanżacji genomowych z udziałem niekodujących RNA u <i>Paramecium tetraurelia</i> .	nauki biologiczne; dyscyplina naukowa biochemia
Fabian Giska	Rola bakteryjnego czynnika HopQ1 w modulowaniu odpowiedzi roślin na infekcje.	nauki biologiczne; dyscyplina naukowa biochemia
Marta Ukleja	Architecture of the CCR4-NOT complex from <i>Schizosaccharomyces pombe</i> , a multifunctional cellular machine.	nauki biologiczne; dyscyplina naukowa biochemia
Yanwu Guo	Genetic and molecular characterization of novel DOG1 regulators.	nauki biologiczne; dyscyplina naukowa biologia
Wojciech Siwek	The mechanism of action of N6-methyladenine dependent restriction endonuclease R.DpnI.	nauki biologiczne; dyscyplina naukowa biochemia

II.6.4. Udział pracowników jednostki w różnych formach kształcenia podyktorskiego w instytucjach zagranicznych (studia, staże, stypendia, inne, ukończone w roku sprawozdawczym). Dotyczy osób, które będąc pracownikami jednostki, uczestniczyły w tych formach kształcenia.

Imię i nazwisko pracownika	Zagraniczny ośrodek naukowy	Forma kształcenia	Okres kształcenia, rok od-do	Wybrane uzyskane najważniejsze rezultaty badawcze (ew. publikacje)
Piotr Golec	Ernst-Moritz-Arndt-University in Greifswald	staż	2014.04.22-2014.06.07	Analiza proteomiczna odpowiedzi bakterii morskich na stres oksydacyjny. Publikacja w przygotowaniu.
Adam Jóźwiak	Institute of Molecular, Cellular and Systems Biology, University of Glasgow, Great Britain prof. A. Amtmann	staż	2014 02.12-16.12	Przeprowadzono badania architektury systemu korzeniowego roślin rzodkiewnika z mutacjami w genach kodujących reduktazy poliprenolu.

Adam Józwiak	Tohoku University, Sendai, Japan, prof. H. Sagami	staż	2014 07.24 -08.14	Przeprowadzono badania składu lipidowego tkanek wybranych roślin. Próbkki zawierające długołań- cuchowe lipidy zostały zebrane do dalszych analiz fizykochemicz- nych w IBB PAN.
Anna Kulik	Université De Bourgogne, Dijon, France, prof. D. Wendehenne	staż	2012-2014	Astier J, Kulik A, Koen E, Besson-Bard A, Bourque S, Jeandroz S, Lamotte O, Wendehenne D. „Protein S-nitrosylation: what's going on in plants?”, Free Radic Biol Med. 2012 Sep 1;53(5):1101-10. Koen E, Trapet P, Brulé D, Kulik A, Klinguer A, Atauri-Miranda L, Meunier-Prest R, Boni G, Glauser G, Mauch-Mani B, Wendehenne D, Besson-Bard A. „β-Aminobutyric Acid (BABA)-Induced Resistance in <i>Arabidopsis thaliana</i>: Link with Iron Homeostasis.”, Mol Plant Microbe Interact. 2014 Nov;27(11):1226-40. Trapet P, Kulik A, Lamotte O, Jeandroz S, Bourque S, Nicolas-Francès V, Rosnoblet C, Besson-Bard A, Wendehenne D. „NO signaling in plant immunity: A tale of messengers.”, Phytochemistry. 2014 Apr 5. pii: S0031-9422(14)00134-4. doi: 10.1016/j.phytochem.2014.03.015. [Epub ahead of print] Kulik A, Noirot E, Grandperret V, Bourque S, Fromentin J,

				Salloignon P, Truntzer C, Dobrowolska G, Simon-Plas F, Wendehenne D. „Interplays between nitric oxide and reactive oxygen species in cryptogeiin signalling.”, Plant Cell Environ. 2014 Feb 10. doi: 10.1111/pce.12295. [Epub ahead of print] PMID: 24506708
Jadwiga Nieminuszczy	Weatherall Institute of Molecular Medicine, university of Oxford, dr Wojciech Niedzwiedz	staż	2010-2014	Schwab R.A., Nieminuszczy J., Shin-ya K., Niedzwiedz W. „FANCI couples replication past natural fork barriers with maintenance of chromatin structure.”, Journal of Cell Biology (2013) 201(1): 33-48
Przemysław Płociński	Genome Damage & Stability Centre, University of Sussex	staż	2014-2016	Wyniki badań zostaną wykorzystane w publikacji naukowej
Anna Szambowska	Leibniz Institute for Age Research, Jena, Niemcy	staż	2011.07-2014.12	Szambowska A., Tessmer I., Kursula P., Usskilat C., Prus P., Pospiech H., Grosse F. „DNA binding properties of human Cdc45 suggest a function as molecular wedge for DNA unwinding.”, Nucleic Acids Research (2014) 42(4): 2308–2319 Olszewski P., Szambowska A., Barańska S., Narajczyk M., Węgrzyn G., Glinkowska M. „A dual promoter system regulating λ DNA replication initiation.”, Nucleic Acids Research (2014) 42(7): 4450-4462

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
94	46	10	35

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	20	14
a) w uczelniach wyższych	20	4
b) w innych instytucjach		10
2. za granicą	2	1

Wykaz krajowych i/lub zagranicznych ośrodków naukowych, w których pracownicy jednostki prowadzili działalność dydaktyczną w roku sprawozdawczym.

lp	Nazwa placówki	Kraj
1.	Instytut Biologii Doświadczałnej PAN im Nenckiego, Warszawa	Polska
2.	Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin - Państwowy Instytut Badawczy w Młochowie, Młochów	Polska
3.	Międzynarodowy Instytut Biologii Molekularnej i Komórkowej, Warszawa	Polska
4.	Politechnika Warszawska, Warszawa	Polska
5.	Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego, Warszawa	Polska
6.	Uniwersytet Gdański, Gdańsk	Polska
7.	Uniwersytet Warszawski, Warszawa	Polska
8.	Tohoku University, Sendai	Japonia
9.	Center of Molecular Bioscience, University of the Ryukyus, Senbaru, Nishihara, Okinawa	Japonia
10.	Hong Kong University of Technology, Hong Kong	Hong Kong

II.8. Współpraca z zagranicą

II.8.1. Umowy i porozumienia o współpracy naukowej zawarte przez jednostkę z partnerem zagranicznym

kraj	partner	nazwa dokumentu	okres obowiązywania
Belgia	Dr. W. Van Camp, Ghent University, Ghent	PITN-GA-2010-264296	2011–2014
EU	Dr. T. Kroj (Chair of the Action)	FA COST Action FA1208	2013-2017
EU	Dr. R. Barrio (Chair of the Action)	COST Action BM1307 MOU COST 047/13	2013-2017
Francja	Prof. M.Rohmer, Université de Strasbourg, Strasbourg	MPD/2009-3/2	2011-2014
Francja	Dr. Fabien Chardon, Institut National de la Recherche	PITN-GA-2010-264296	2011–2014

	Agronomique (INRA), Paris		
Francja	Dr. B. Séraphin, Institut de Génétique et de Biologie Moléculaire et Cellulaire (IGBMC), Centre Européen de Recherche en Biologie et en Médecine (CERBMGIE)	Umowa partnerska	2013-2016
Francja	Prof. O. Lefebvre Institute of Biology Technologies - Saclay (iBiTec-S), CEA, Gif-Sur-Yvette	MPD/2009-3/2	2010-2015
Francja	Dr E. Bidenko, Institut Micalis, UMR1319, INRA, Jouy-en-Josas	Convention Internationale de Cotutelle de These DRI/GL/AV/CJ-26/05/05	2011-2015
Francja	Dr M. Mercier-Bonin French National Institute for Agricultural Research INRA, Paris	MPD/2009-3/2	2010-2015
Hiszpania	Prof. M. Coll, Institute of Research in Biomedicine, Barcelona	2012/04/M/NZ1/00068	2012-2015
Holandia	Dr. D. Lefeber, Radboud University, Nijmegen	Projekt Harmonia	2013-2016
Holandia	Dr. L. J. De Kok, University of Groningen, Groningen	PITN-GA-2010-264296	2011–2014
Niemcy	Prof. J. Parker, Max Planck Institut für Pflanzenzüchtungsforschung, Kolonia	MPD/2009-3/2	2010-2015
Niemcy	Prof. R. Hell, Universität Heidelberg, Heidelberg	PITN-GA-2010-264296	2011–2014
Niemcy	Dr Rainer Hoefgen, Max-Planck-Institut für Molekulare Pflanzenphysiologie, Kolonia	PITN-GA-2010-264296	2011–2014
Niemcy	Prof. dr Ralf Erdmann, Ruhr-Universität Bochum, Bochum	UMO-2013/08/M/NZ3/01028	2013-2016
Norwegia	Prof. A. Klungland, Oslo University Hospital, Department of Molecular Biology, Institute of Microbiology, Oslo	POL-NOR/196258/59/2013	2013-2016
Norwegia	Dr R. Storvold, Norwegian Research Institute Tromsø, Tromsø	POL-NOR/203156/70/2013	2013-2016
Norwegia	Prof. R. A. Engh, University of Tromsø, Tromsø	POL-NOR/203156/70/2013	2013-2016

Norwegia	Prof. Dzung B. Diep Norwegian University of Life Science, Oslo	UMO- 2013/08/M/NZ9/01025	2013-2016
USA	Prof. A. Hopper, Ohio State University, Columbus	MPD/2009-3/2	2010-2014
Węgry	Dr. T. Kiss, University of Szeged, Szeged	Protocol to the agreement on scientific cooperation between The Polish Academy of Sciences and The Hungarian Academy of Sciences	2014-2016
Wielka Brytania	Prof. K. Ayscough, University of Sheefield, Sheffield	POKL.04.03.00-00- 060/12	2014
Wielka Brytania	Dr. S. Kopriva, John Innes Institute, Norwich	PITN-GA-2010-264296	2011–2014
Wielka Brytania	Dr. M. Hawkesford, Rothamsted Research, Harpenden, Hertfordshire	PITN-GA-2010-264296	2011–2014
Włochy	Prof. G. A. Sacchi, Università Degli Studi Di Milano, Milano	PITN-GA-2010-264296	2011–2014

II.8.2. Zagraniczne instytucje naukowe, z którymi jednostka współpracuje w sposób ciągły bez zawartego porozumienia

kraj	partner	nazwa dokumentu	okres obowiązywania
Argentyna	MSc M. M. Santos, Instituto Antártico Argentino – División Biología, Buenos Aires, Argentina	-	-
Australia	University of Melbourne, Melbourne	-	-
Australia	Dr. L. Emmerson, University of Tasmania, Hobart	-	-
Australia	Prof. R. Maleszka, Australian National University, Canberra, Australia, hydroksymetylacja	-	-
Belgia	Vlaams Instituut voor Biotechnologie, Ghent	-	-
Belgia	Veterinary and Agrochemical Research Centre CODA-CERVA, Brussels	-	-
Chile	Dr M. A. Molina-Montenegro, Universidad de Concepción, Concepción	-	-
Chile	Dr Marely Cuba Díaz, Universidad de Chile, Santiago	-	-
Chiny	Z. Liu, Nanjing University, Jiangsu	-	-
Czechy	Prof. V. Zarsky, Academy of Sciences of the Czech Republic Institute of Experimental Botany, Prague	-	-
Dania	Prof. T. H. Jensen, Aarhus Universitet, Aarhus	-	-
Finlandia	Biomedicum Helsinki, Institute of Biomedicine, Biochemistry/Developmental Biology, Meilahti Clinical Proteomics Core	-	-

	Unit, University of Helsinki, Helsinki		
Francja	Prof. J.P. di Rago, Institut de Biochimie et Génétique Cellulaires, CNRS, Bordeaux	-	-
Francja	Université de Bourgogne, INRA, Dijon	-	-
Francja	Prof. M. Saparbaev, Institut de Cancérologie Gustave Roussy, CNRS, Villejuif	-	-
Francja	Prof. B. Castaign, DNA repair: structural and functional approaches group, Centre de Biophysique Moléculaire, Orleans	-	-
Francja	Exercise & Health Research Laboratory, Université Joseph Fourier, Grenoble,	-	-
Francja	Cea Leti - Clinatec / Innovation platforms, Grenoble	-	-
Francja	Prof. A. Edelman, INSERM, U845, Institut Cochin, Faculte de Medecine, Universite Paris Descartes, Paris	-	-
Hiszpania	Prof. F. de la Cruz, University of Cantabria, Cantabria	-	-
Hiszpania	Prof. J.M. Valpuesta, Universidad Complutense de Madrid, Madrid	-	-
Hiszpania	Consejo Superior de Investigaciones Científicas - Instituto de Productos Lácteos de Asturias, Asturias	-	-
Holandia	Universiteit van Amsterdam, Amsterdam	-	-
Holandia	Rijksuniversiteit Groningen, Groningen	-	-
Holandia	Leiden University, Leiden		
Irlandia	The Queen's University of Belfast, Belfast	-	-
Izrael	Hebrew University of Jerusalem, Jerusalem	-	-
Izrael	Weizmann Institute of Science, Rehovot		
Japonia	Prof. H. Sagami, Institute of Multidisciplinary Research for Advanced Materials, Tohoku University, Sendai	-	-
Japonia	Prof. H. Araki, Division of Microbial Genetics, National Institute of Genetics, Shizuoka	-	-
Niemcy	Westfälische Wilhelms University, Munster	-	-
Niemcy	Max Planck Institute, Köln	-	-
Niemcy	Karlsruher Institut für Technologie, Karlsruher	-	-
Niemcy	Freie Universität, Berlin	-	-
Niemcy	prof. G. Doehlemann, Cologne Biocenter, Universität zu Köln, Köln	-	-
Niemcy	Dr J. Lee, Leibniz-Institut für Pflanzenbiochemie, Halle Saale	-	-
Niemcy	Universität Düsseldorf, Düsseldorf	-	-
Niemcy	Prof. A. Jeltsch, Universität Stuttgart, Stuttgart	-	-
Niemcy	Prof. T. Jurkowski, Universität Stuttgart, Stuttgart, metylacja, hydroksymetylacja	-	-
Niemcy	Prof. T. Lahaye, Universität Tübingen, Tübingen, białka TAL	-	-

Niemcy	Prof. M. Hecker, Ernst-Moritz-Arndt-University in Greifswald	-	-
Niemcy	Prof. T. Schweder, Ernst-Moritz-Arndt-University in Greifswald	-	-
Niemcy	Prof. U. Volker, Ernst-Moritz-Arndt-University in Greifswald	-	-
Niemcy	Freie Universitat, Berlin		
Szwajcaria	Universität Zürich, Zürich	-	-
Szwajcaria	Universität Bern, Departement Klinische Forschung, Bern	-	-
Szwecja	Prof. G. Dallner, Stockholms Universitet, Stockholm	-	-
Szwecja	Prof. A. Ostlund-Farrants, Stockholms Universitet, Stockholm	-	-
Ukraina	Dr. G. Milinevsky, Taras Shevchenko National University of Kyiv, Kyiv	-	-
USA	Prof. M. Kurosu, The University of Tennessee Health Science Center Memphis, Tennessee	-	-
USA	Dr. P. Mieczkowski, Department of Genetics School of Medicine University of North Carolina, Raleigh	-	-
USA	Prof. G. Coaker, University of California Davis, Sacramento	-	-
USA	Dr. G. Watters, Dr. J. Hinke, The Antarctic Ecosystem Research Division, National Oceanic & Atmospheric Administration, La Jolla	-	-
USA	Prof. A. Hopper, Ohio State University, Ohio	-	-
USA	Prof. V. A. Bohr, Laboratory of Molecular Gerontology, National Institute on Aging, Baltimore	-	-
USA	Prof. L. Niedernhofer, Department of Metabolism and Aging, The Scripps Research Institute, Scripps Florida	-	-
USA	Prof. R. Schaaper, National Institute of Environmental Health Sciences, Durham	-	-
USA	Prof. J. Campbell, California Institute of Technology, Pasadena	-	-
USA	Prof. A. Ballabio, Texas Children Hospital oraz Baylor College of Medicine in Houston	-	-
USA	Experimental Therapeutics Department, MD Anderson Cancer Center, Houston, Texas	-	-
USA	Yale University, New Haven	-	-
USA	Department of Cell Biology and Physiology, University of Washington, Saint Louis	-	-
USA	Metheor Therapeutics Corp, Seattle	-	-
Węgry	Prof. Ch. Chinopoulos, Semmelweis Egyetem, Budapest	-	-

Wielka Brytania	Dr R. Lloyd, University of Portsmouth, Portsmouth	-	-
Wielka Brytania	Prof. A. Amtmann, University of Glasgow, Glasgow	-	-
Wielka Brytania	Prof. Paul Frazer, University of London, Surrey	-	-
Wielka Brytania	Prof.C.M. Thomas, University of Birmingham, Birmingham	-	-
Wielka Brytania	Prof. D. Tollervey, Wellcome Centre for Cell Biology, Edinburgh	-	-
Wielka Brytania	Dr. B. Latinkic, Cardiff University, Cardiff, czynniki GATA	-	-
Wielka Brytania	Prof. W. Niedźwiedz, The Weatherall Institute of Molecular Medicine, University of Oxford, Oxford	-	-
Włochy	Dr. V. Pallottini, Università Degli Studi Roma Tre, Rome	-	-
Włochy	Università degli Studi del Molise, Campobasso	-	-
Włochy	Dr. D. Medina, Telethon Institute of Genetics and Medicine (TIGEM), Naples	-	-

II.8.3. Tematy realizowane we współpracy z zagranicą – **liczba tematów ogółem 70**

II.8.4. Uzyskane rezultaty współpracy:

We współpracy opublikowano 38 publikacji (4 kolejne w przygotowaniu), uzyskano 1 patent w USA oraz zgłoszono 20 wniosków patentowych. Odbyla się obrona doktoratu mgr inż A.M. Kabali pod tytułem „Biogenesis of mitochondrial ATP synthase and its dysfunction leading to diseases” (18.12.2014) zrealizowanego we współpracy. Na konferencjach zaprezentowano 3 wspólne komunikaty konferencyjne. Opracowano test polaryzacji fluorescencji dla wymodelowanych peptydów i białka Epsilon

– wybrane rezultaty współpracy, np. wspólne publikacje, patenty, nowe metody badawcze i technologie (krótki opis 3 wybranych wyników).

1.

Segatto M., Manduca A., Lecis C., Rosso P., Józwiak A., Świeżewska E., Moreno S., Trezza V., Pallottini V.

Simvastatin treatment highlights a new role for the isoprenoid/cholesterol biosynthetic pathway in the modulation of emotional reactivity and cognitive performance in rats.

Neuropsychopharmacology (2014) 39(4): 841-854

IF 7.833

Celem badań opisanych w pracy było wyjaśnienie roli szlaku biosyntezy izoprenoidów, ze szczególnym uwzględnieniem cholesterolu, w modulacji odpowiedzi emocjonalnej i konsolidacji pamięci (utrwalaniu nabytych informacji) u gryzoni. W pracy stosowano inhibicję *in vivo* oraz *in vitro* simwastatyną reduktazy 3-hydroksy 3-metyloglutarylo koenzymu A (HMGR) – kluczowego enzymu regulującego szlak mewalonowy. Badane były reakcje szczurów (stado Wistar, trzymiesięczne samce) traktowanych przez 21 dni simwastatyną – wykorzystując testy behawioralne analizowano interakcje socjalne, oceniano poziom lęku (test uniesionego labiryntu krzyżowego i test

unikania miejsca). Po przeprowadzeniu testów behawioralnych zwierzęta uśmiercano, z ich mózgu izolowano ciało migdałowate (amygdala), hipokamp, korę przedczołową (prefrontal cortex), prążkowie grzbietowe i brzuszne (dorsal and ventral striatum) i użyto do testów biochemicznych. W celu uzyskania dokładniejszego wglądu w mechanizm molekularny badanych procesów użyto hodowli pierwotnych neuronów hipokampa.

Inhibicja HMGR przez simwastatinę spowodowała indukcję stanów podobnych do lękowych w testach interakcji socjalnych, ale nie w teście uniesionego labiryntu krzyżowego, a także poprawiła konsolidację pamięci w teście unikania miejsca. Na poziomie biochemicznym zaobserwowano zaburzenia w aktywności badanych prenylowanych białek - Rab3 (zaangażowane w uwalnianiu neurotransmiterów) i RhoA (regulujące plastyczność synaptyczną).

Podsumowując, uzyskane wyniki wskazują iż szlak biosyntezy izoprenoidów / cholesterolu odgrywa kluczową rolę w modulacji procesów emocjonalnych i poznawczych u gryzoni.

2.

Mathys H., Basquin J., Ozgur S., Czarnocki-Cieciura M., Bonneau F., Aartse A., Dziembowski A., Nowotny M., Conti E., Filipowicz W.

Structural and biochemical insights to the role of the CCR4-NOT Complex and DDX6 ATPase in MicroRNA repression.

Molecular Cell (2014) 54(5): 751-765

IF 14.464

MikroRNA (miRNA) pełnią ważną rolę w regulacji ekspresji genów poprzez hamowanie translacji i przyspieszanie degradacji mRNAi. Kompleks CCR4-NOT jest kluczem efektem działania miRNA oddziałując z kompleksem RISC (ang. RNA-induced silencing complex).

Badania prowadzone we współpracy z ośrodkami w Szwajcarii i Niemczech pozwoliły przybliżyć nas do zrozumienia roli kompleksu CCR4-NOT w zależnej od miRNA represji translacji. Odkryto molekularny mechanizm oddziaływania CCR4-NOT z kompleksem RISC. Ponadto wykazaliśmy, że kompleks Ccr4-NOT oddziałuje z helikazą RNA DDX6, wpływając na jej aktywność i promując hamowanie translacji przez miRNA.

3.

Czerwińska J., Poznański J., Dębski J., Bukowy Z., Bohr V.A., Tudek B., Speina E.

Catalytic activities of Werner protein are affected by adduction with 4-hydroxy-2-nonenal.

Nucleic Acids Research (2014) 43(17): 11119-11135

IF 8.808

Badano wpływ jednego z głównych produktów peroksydacji lipidów, 4-hydroksynonenalu (HNE) na przebieg zespołu Wernera (*Werner syndrome*, WS) z upośledzoną helikazą WRN. Pacjenci dotknięci WS cierpią na schorzenia charakterystyczne dla podeszłego wieku, takie jak katarakty, cukrzyca i choroby krążenia oraz pojawiają się u nich nowotwory tkanek miękkich. Wykazano, że HNE hamował helikazową/ATPazową, a także egzonukleazową aktywność helikazy WRN zarówno *in vitro*, jak i w immunokompleksach oczyszczonych z ekstraktów komórkowych. Przy użyciu spektrometrii mas zmapowano miejsca addycji HNE do następujących aminokwasów: Lys577, Cys727, His1290, Cys1367, Lys1371 i Lys1389. Modelowanie *in silico* zasugerowało, że addukty Lys577 i Cys727 zaburzają strukturę białka, co może być potencjalnym mechanizmem hamowania aktywności przez HNE. Tak więc, stres oksydacyjny i addycja HNE do WRN może przyczyniać się do przedwczesnego starzenia.

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: 3

z tego:

l.p.	Nazwa konferencji miejsce, data	Organizator, współorganizatorzy	Rodzaj konferencji		Liczba wystąpień
			krajowa	międzynar. od.	
1.	8th International Conference Inhibitors of Protein Kinases, Warszawa, Polska 21-25.09.2014	IBB PAN, UW, IMDiK PAN		X	2
2.	Cost meeting - "How can plant metabolomics research benefit from the systems biology revolution?", Warszawa, Polska, 03-05.09.2014	COST Action FA1006, IBB PAN		X	2
3.	Cost meeting - "Pathogen-Informed Strategies For Sustainable Broad-Spectrum Crop Resistance" 2nd Annual Conference of the SUSTAIN Action, Zakopane, Polska 15-17.10.2014	COST FA 1208, IBB PAN		X	1

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 XVIII Festiwal Nauki (Warszawa, 19-28 września 2014 r.) pracownicy Instytutu przygotowali i przeprowadzili 2 spotkania festiwalowe:

1.

Arabidopsis – chwast w służbie nauki – M. Lirski, M. Kroteń, S. Sacharowski, M. Cyrek, R. Archacki

Rośliny to cenne narzędzia badawcze. W łatwy sposób można uszkodzić ich geny lub wprowadzić do ich genomów obce geny. O tym, jak modyfikuje się rośliny, jak wyglądają ciekawe mutanty i jak identyfikować rośliny transgeniczne za pomocą metody PCR.

2.

Jak śledzić białko? – K. Gałązka, J. Patryn, A. Palusiński, D. Gratkowska, B. Zugaj,
W laboratoriach zajmujących się biologią molekularną stosowane są metody, które pozwalają na identyfikację i obserwację wybranych białek. Będziemy obserwować jedno z białek roślinnych z dołączonym znacznikiem GFP.

Oraz dwie lekcje dla młodzieży

1.

Jak „zobaczyć” geny plazmidowe u bakterii mlekowych?

A. Grylak, M. Chmielewska-Jeznach, Z. Truszkowska, R. Górecki, M. Kowalczyk, J. Bardowski

2.

Fermentowane artykuły spożywcze, otrzymywane przy udziale bakterii mlekowych, są smaczne i mogą korzystnie wpływać na kondycję człowieka. Zajrzymy do wnętrza komórek, zobaczymy, czym się różnią i jak wygląda ich DNA.

Czym są plazmidy i jaką rolę odgrywają u bakterii?

Czym są plazmidy? Jaką rolę odgrywają u bakterii te cząsteczki DNA? Dlaczego bakterie stają się niewrażliwe na antybiotyki i co mają plazmidy z tym wspólnego?

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);
- 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 równorzędných, 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
Order Palm Akademickich	Za zasługi dla społeczności akademickiej i świata szkolnictwa, które przyczyniły się do intelektualnej, naukowej i artystycznej ekspansji Francji w świecie	Ministra Edukacji Narodowej Francji	J. Bardowski
Stypendium dla wybitnych młodych naukowców	Stypendium za osiągnięcia naukowe	Minister Nauki i Szkolnictwa Wyższego	P. Szczęsny
Stypendium dla wybitnych młodych naukowców	Stypendium za osiągnięcia naukowe	Minister Nauki i Szkolnictwa Wyższego	A. Muszewska
Nagroda Komitetu Biotechnologii PAN imienia Profesora Wacława Szybalskiego za najlepszą oryginalną pracę naukową, opublikowaną w roku 2013 przez młodego badacza	Za publikację: Giska F., Lichocka M., Piechocki M., Dadlez M., Schmelzer E., Hennig J. and Krzymowska M. (2013) Phosphorylation of HopQ1, a Type III Effector from <i>Pseudomonas syringae</i> , Creates a Binding Site for Host 14-3-3 Proteins. Plant Physiol. 161, 2049-2061	Komitet Biotechnologii PAN	F. Giska
Nagroda za najlepszy plakat na konferencji „GfOe Annual Meeting 2014” w Hildesheim, Niemcy (8-12.09. 2014)	Tytuł plakatu: „Do we stop analytical thinking halfway? Uncertainty communication problems are at the heart of scientific activities.” Autorzy: Tomasz Wyszomirski, Marlena Siwiak	Ecological Society of Germany, Austria and Switzerland	M. Siwiak
RNA Institute Award	Za abstrakt na 25th tRNA Conference, Kyllini, Grecja, 21-25.09. 2014	The RNA Institute at Albany (NY, USA)	A. Domańska

Nagroda Dyrektora Leibniz Institute for Age Research, Jena (Niemcy)	Nagroda przyznana za publikację	Dyrektor : Leibniz Institute for Age Research, Jena Niemcy	A. Szambowska
I nagroda za najlepszą publikację w 2013 r	Za publikację: „Uracil in duplex DNA is a substrate for the nucleotide incision repair pathway in human cells” opublikowaną w Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America 110: E3695-703 (2013)	Komisja ds. Nagród Rady Naukowej IBB PAN	B. Tudek, P. Prorok
II nagroda za najlepszą publikację w 2013 r	Za publikację: “Exonuclease hDIS3L2 specifies an exosome- independent 3'-5' degradation pathway of human cytoplasmic mRNA” opublikowaną w <i>EMBO Journal</i> 32: 1855- 68 (2013)	Komisja ds. Nagród Rady Naukowej IBB PAN	Tomecki R., Cysewski D., Lubas M., Dziembowski A.
III nagroda za najlepszą publikację	Za publikację: „AlkB dioxygenase preferentially repairs protonated substrates: specificity against exocyclic adducts and molecular mechanism of action” opublikowaną w <i>Journal of Biological Chemistry</i> 288:432- 41(2013)	Komisja ds. Nagród Rady Naukowej IBB PAN	A.M. Maciejewska, J. Poznański, Z. Kaczmarek, B. Krowisz, J. Nieminuszczy, A. Polkowska- Nowakowska, E. Grzesiuk, J.T. Kuśmierek
Wyróżnienie pracy doktorskiej	Za pracę doktorską: „Identyfikacja oraz charakterystyka receptora selektywnej autofagii z tytoniu”	Rada Naukowa IBB PAN	K. Zientara- Rytter
Wyróżnienie pracy doktorskiej	Za pracę doktorską: „Oddziaływanie kinaz białkowych JAK oraz RIO z pochodnymi kwasu cynamonowego”	Rada Naukowa IBB PAN	M. Mielecki

Wyróżnienie pracy doktorskiej	Za pracę doktorską: „Wpływ syntetycznych modyfikacji aminokwasów na kompleksowanie jonów metali i hydrolizę wiązania peptydowego”	Rada Naukowa IBB PAN	I. Zawisza
Wyróżnienie pracy doktorskiej	Za pracę doktorską: „The mechanism of action of N6-methyladenine dependent restriction endonuclease R.DpnI”	Rada Naukowa IBB PAN	W. Siwek
Wyróżnienie pracy doktorskiej	Za pracę doktorską: „Charakterystyka funkcjonalna systemu toksyna-antytoksyna plazmidu pSM19035”	Rada Naukowa IBB PAN	I. Brzozowska
Wyróżnienie pracy doktorskiej	Za pracę doktorską: „Cell-wide, time resolved and quantitative model of translation”	Rada Naukowa IBB PAN	M. Siwiak
Nagroda Rektora GUMed Naukowa Zespołowa II stopnia, 2013	Nagroda przyznana za badania nad patogenezą neuroosteoartropatii Charcota w przebiegu zespołu stopy cukrzycowej	Rektora GUMed	M. Gabig-Cimińska
Polska Nagroda Innowacyjności	Za innowacyjność i dbałość o sferę badawczo-rozwojową	Polski Kongres Przedsiębiorczości	IBB PAN
EuroSymbol Innowacji 2014	Za rozwijanie badań metagenomicznych polegających na sekwencjonowaniu DNA izolowanego bezpośrednio z naturalnych środowisk oraz za efektywne wykorzystanie środków unijnych	Kapituła Programu Promocyjnego Symbol 2014 - „Monitor Rynkowy” i „Monitor Biznesu”	IBB PAN

II.12.2. Nagrody i wyróżnienia przyznane za praktyczne zastosowanie wyników B+R

nazwa-rodzaj nagrody/za co przyznana/przez kogo/komu

(m.in. Prezydenta RP, Prezesa Rady Ministrów, nagrody PAN, nagrody resortowe, uczelni wyższych, fundacji, towarzystw, instytucji oraz osób działających na rzecz nauki, krajowych izb gospodarczych, medali i wyróżnień przyznanych na targach krajowych i zagranicznych, nagrody przyznawane przez jednostkę).

Nazwa/rodzaj nagrody	Za co przyznana	Przez kogo przyznana	Komu przyznana
-	-	-	-

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	
291	114	34	2	7	0	38	35	117

III.2. Zatrudnienie średnioroczne w przeliczeniu na pełne etaty*:

Liczba ogółem/w tym naukowych.

275,44/102,78

*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:

Nazwa/data powołania Centrum/status nadany przez....

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

IV.3. Przynależność jednostki do sieci naukowych (definicja sieci naukowej stosownie do przepisów obowiązującej ustawy o zasadach finansowania nauki):

Liczba ogółem: **6**

Podać nazwy 5 najważniejszych dla działalności jednostki

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.	Krajowa Sieć Informacji o Bioróżnorodności (Global Biodiversity Information Facility GBIF) http://www.gbif.edu p/ 09.12.2003, GBIF- 2001/	28.08.2008	Poznanwanie i ochrona różnorodności biologicznej, ze szczególnym uwzględnieniem obszaru Polski, a także gromadzenia, przetwarzania i udostępniania danych o bioróżnorodności	Uniwersytet Warszawski, Centrum Badań Ekologicznych PAN, Instytut Badawczy Leśnictwa, Instytut Biochemii i Biofizyki PAN, Instytut Dendrologii PAN, Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin, Instytut Ochrony Przyrody PAN, Instytut Systematyki i Ewolucji Zwierząt PAN, Morski Instytut Rybacki, Muzeum i Instytut Zoologii PAN, Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego, Uniwersytet Gdański, Uniwersytet Jagielloński, Uniwersytet Mikołaja Kopernika, Uniwersytet Opolski, Uniwersytet Śląski, Uniwersytet w Białymstoku, Uniwersytet Wrocławski, Zakład Badania Ssaków PAN
3.	Sterowanie programem rozwoju układu pokarmowego i ekosystemu jelitowego noworodków dla poprawy zdrowia dorosłych zwierząt i człowieka	27.05.2008	Badania zajmujące się problematyką z zakresu rozwoju struktury i funkcji przewodu pokarmowego, mikrobiologii przewodu pokarmowego, żywienia nowo narodzonych ssaków, jak również ich praktycznym wykorzystaniem w rolnictwie i medycynie.	Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego, Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie, Uniwersytet Jagielloński – Collegium Medicum, Instytut Genetyki i Hodowli Zwierząt PAN, Instytut Biochemii i Biofizyki PAN, Uniwersytet Medyczny – Collegium Medicum im. Ludwika Rydygiera w Bydgoszczy, Katolicki Uniwersytet Lubelski, Uniwersytet Rolniczy im. Hugona Kołłątaja

4.	Metabolizm RNA u eukariota	20.02.2008	Badania metabolizmu RNA u eukariota.	Uniwersytet Warszawski, Uniwersytet Adama Mickiewicza, Uniwersytet Marii Curie-Skłodowskiej, Instytut Biochemii i Biofizyki PAN, Instytut Biologii Doświadczalnej im. M. Nenckiego PAN, Instytut Chemii Bioorganicznej PAN, Instytut Fizyki PAN, Centrum Onkologii – Instytut
5.	Nowe zastosowania spektroskopii magnetycznego rezonansu jądrowego w chemii, biologii, farmacji i medycynie	20.05.2008	Działalność na rzecz rozwoju metodologii pomiarów magnetycznego rezonansu jądrowego, mającą na celu wdrożenie i komercjalizację badań NMR w chemii organicznej, bioorganicznej i farmaceutycznej oraz biologii i medycynie oraz diagnostyce medycznej <i>in vitro</i>	Centrum Badań Molekularnych i Makromolekularnych PAN; Instytut Chemii Bioorganicznej PAN; Instytut Chemii Organicznej PAN; Instytut Chemii Fizycznej PAN; Uniwersytet Warszawski, Wydział Chemii; Politechnika Warszawska, Szkoła Zaawansowanych Technologii Chemicznych i Materiałowych, Wydział Chemiczny; Politechnika Łódzka, Wydział Chemiczny; Instytut Biochemii i Biofizyki PAN; Narodowy Instytut Leków; Instytut "Pomnik - Centrum Zdrowia Dziecka"

IV.4. Przynależność jednostki do konsorcjów naukowych (definicja konsorcjum naukowego stosownie do przepisów obowiązującej ustawy o zasadach finansowania nauki):

Liczba ogółem: **20**

Podać nazwy 5 najważniejszych dla działalności jednostki

Nazwa/ data powołania konsorcjum naukowego/ specjalność naukowa/ jednostki tworzące konsorcjum

L.p.	Nazwa	Data powołania	Specjalność naukowa	Jednostki naukowe tworzące konsorcjum
1.	Polskie Konsorcjum Polarne (PKPol)	25.09.2014	badania polarne	Instytut Biochemii i Biofizyki PAN, Uniwersytet Śląski, Uniwersytet Jagielloński, Uniwersytet im. Adama Mickiewicza, Uniwersytet Marii Curie Skłodowskiej, Uniwersytet Gdański, Uniwersytet Jana Kochanowskiego, Uniwersytet Mikołaja Kopertka, Uniwersytet Wrocławski, Instytut Geofizyki PAN, Instytut Oceanologii PAN, Instytut Nauk Geologicznych PAN, Akademia Morska w Gdyni, Państwowy Instytut Geologiczny –

				Państwowy Instytut Badawczy, Politechnika Gdańska, Uniwersytet Warszawski, Uniwersytet Łódzki, 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: “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
4.	Konsorcjum realizujące projekt: „Funkcjonalne zróżnicowanie niekodujących RNA u Eukariota”	01.02.2013	biochemia	Instytut Biochemii i Biofizyki PAN, Universite de Geneve, Uniwersytet Warszawski
5.	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.	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

Nazwa/ data powołania/ specjalność naukowa/ jednostki tworzące

miejsce, dnia 22.01.2015 r.

Katarzyna Jagiełło-Wilgat, 22-592-21-41, e-mail: sn@ibb.waw.pl

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