

INSTYTUT BIOCHEMII I BIOFIZYKI
Polskiej Akademii Nauk

ul. Pawińskiego 5A
02-106 Warszawa

SPRAWOZDANIE Z DZIAŁALNOŚCI
za 2015 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. Szolajska	I.1
Temat nr 5.3: Dodekahedron adenowirusowy – wektor transferu wewnątrzkomórkowego	
dr hab. E. Szolajska	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-Ostojka	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 glikokoniuugatów 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 mutagenazy 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.21-22
Temat nr 33: Mechanizmy aktywnej segregacji niskopiętowego plazmidu P1 do komórek potomnych w czasie podziału komórkowego	
dr hab. M. Łobocka	I.23
Temat nr 34: Udział struktur chromatynowych w regulacji transkrypcji genów	
prof. dr hab. A. Jerzmanowski.....	I.24
Temat nr 35: Ekspresja genów kodujących białka o znaczeniu terapeutycznym w roślinach	
prof. dr hab. A. Sirko	I.25
Temat nr 36: Metody informatyczne w biologii molekularnej	
prof. dr hab. P. Zielenkiewicz	I.26
Temat nr 37: Mechanizmy kontrolujące proces patogenezę komórek roślinnych	
prof. dr hab. J. Hennig	I.27
Temat nr 38: Funkcjonalna analiza otwartych ramek odczytu z <i>Saccharomyces cerevisiae</i>	
dr B. Rempola.....	I.28
Temat nr 39: Badanie polimorfizmu mitochondrialnego DNA w populacji polskiej	
prof. dr hab. E. Bartnik.....	I.29
Temat nr 41: Oksydacyjne uszkodzenia DNA	
prof. dr hab. B. Tudek	I.30
Temat nr 42: Mutacje indukowane i adaptacyjne	
prof. dr hab. E. Grzesiuk	I.31
Temat nr 43: Biologia plazmidu RK2 z grupy IncP <i>Escherichia coli</i>	
prof. dr hab. G. Jagura-Burdzy	I.32
Temat nr 44: Środowiskowe Laboratorium Magnetycznego Rezonansu Jądrowego	
prof. dr hab. A. Ejchart.....	I.33
Temat nr 47: Modelowanie struktury i funkcji białek	
prof. dr hab. P. Zielenkiewicz	I.34
Temat nr 48: Badania wczesnych etapów związania i agregacji białek	
prof. dr hab. M. Dadlez	I.35
Temat nr 49: Metabolizm cukrów u bakterii mlekowych	
prof. dr hab. J. Bardowski	I.36
Temat nr 50: Przewodzenie sygnału stresu osmotycznego w roślinach	
prof. dr hab. G. Dobrowolska.....	I.37
Temat nr 51: Strukturalne i funkcjonalne konsekwencje modyfikacji potranslacyjnych białek	
dr A. Wyślouch-Cieszyńska	I.38
Temat nr 52: Analiza wybranych genów metabolizmu komórkowego <i>Arabidopsis thaliana</i>	
dr hab. E. Kraszewska	I.39

Temat nr 54: Mechanizmy molekularne działania jonów metali czynnych biologicznie	
prof. dr hab. W. Bal	I.40
Temat nr 55: Analiza genetyczna podstaw wybranych chorób dziedzicznych	
dr hab. B. Burzyńska	I.41
Temat nr 56: Genomika <i>Paramecium tetraurelia</i>	
dr R. Gromadka	I.42
Temat nr 57: Mechanizmy wierności replikacji DNA	
dr hab. A. Bębenek	I.43
Temat nr 58: Identyfikacja i charakterystyka mikroorganizmów potencjalnie użytecznych w bioremediacji	
dr hab. U. Zielenkiewicz	I.44
Temat nr 60: Mechanizmy podziałów komórkowych	
dr hab. A. Kurlandzka	I.45
Temat nr 61: Dynamika transkryptomu w normie i stresie	
dr hab. M. Koblowska	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>	
prof. 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
Temat nr 71: Stres środowiskowy jako źródło niestabilności genetycznej	
dr A. Skoneczna	I.55
Temat nr 72: Genomika funkcjonalna odpowiedzi komórek eukariotycznych na stresy środowiskowe	
dr hab. M. Skoneczny	I.56
Temat nr 73: Uwarunkowania biologiczne, geochemiczne i genetyczne struktur i funkcjonowania ekosystemów polarnych na tle gwałtownych zmian klimatycznych	
dr hab. K. Chwedorzewska	I.57-I.58
Pracownia Analiz Mikromacierzy	
dr hab. M. Koblowska	I.59
Serwis Bakoluwirusa	
dr hab. E. Szolajska	I.60

Pracownia Hodowli Komórkowych

dr hab. E. Szolajska I.61-I.62

Pracownia Sekwencjonowania DNA i Syntezy Oligonukleotydów

dr R. Gromadka I.63-I.66

Laboratorium Analiz Modyfikacji Genetycznych

prof. dr hab. B. Tudek I.67

Środowiskowe Laboratorium Spektrometrii Mas

prof. dr hab. M. Dadlez I.68

Pracownia Mikroskopii Konfokalnej i Fluorescencyjnej

dr A. Anielska-Mazur, dr M. Lichocka I.69

Kolekcja Szczepów IBB PAN „COLIBB”

dr Karolina Makiela-Dzbeńska..... I.70

Lista seminariów IBB PAN..... I.71-I.74**Lista publikacji.....II**

Artykuły..... II.75-II.96

Abstrakty II.97-II.123

Rozprawy habilitacyjne..... II.123

Rozprawy doktorskie..... II.123-II.127

Prace magisterskie II.127-II.130

Miscellanea..... II.131

Informacje o działalności jednostki naukowej PAN w 2015 r..... III

Podstawowe dane III.133-III.135

Publikacje naukowe jednostki, które ukazały się drukiem (liczbowo)..... III.136

Aktywność wydawnicza jednostki III.137

Projekty, zadania badawcze realizowane w roku sprawozdawczym..... III.137-III.154

Zadania badawcze realizowane w ramach działalności statutowej III.154

Wyniki prac badawczych III.155-III.157

Działalność jednostki o charakterze innowacyjnym, aplikacyjnym..... III.158

Kształcenie i rozwój kadry naukowej III.159-III.163

Współpraca z zagranicą..... III.163-III.166

Międzynarodowe centra naukowe (działające w strukturze jednostki)..... III.166

Upowszechnianie i promocja osiągnięć naukowych III.167

Działalność zaplecza naukowego o charakterze ogóln środowiskowym III.168

Nagrody, wyróżnienia naukowe uzyskane przez pracowników PAN w roku sprawozdawczym III.168-III.171

Zatrudnienie..... III.171

Inne formy zrzeszenia jednostek naukowych PAN..... III.171-III.175

Instytut Biochemii i Biofizyki Polskiej Akademii Nauk

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 2015 r.:

Przyznane dotacje:	80 368 421,08
w tym:	
Działalność statutowa	27 164 980,00
Projekty badawcze: NCN, NCBiR, MNiSW, FNP, OPI i inne	53 203 441,08
w tym:	
<i>Fundusze strukturalne</i>	<i>13 058 925,08</i>
<i>Projekty badawcze MNiSW</i>	<i>305 240,00</i>
<i>Projekty badawcze NCBiR</i>	<i>843 121,00</i>
<i>Projekty UE</i>	<i>2 132 725,00</i>
<i>Projekty międzynarodowe współfinansowane</i>	<i>4 221 385,21</i>
<i>Projekty badawcze NCN</i>	<i>14 020 088,00</i>
<i>Program Badań Stosowanych</i>	<i>4 403 707,55</i>
<i>Mobilność Plus</i>	<i>161 000,00</i>
<i>Dotacja celowa dla młodych naukowców</i>	<i>1 158 740,00</i>
<i>SPUB Zintegrowane laboratorium wielkoskalowych analiz genów i białek</i>	<i>1 157 200,00</i>
<i>SPUB Polska Stacja Antarktyczna im. H. Arctowskiego</i>	<i>6 541 600,00</i>
<i>Pomoc materialna dla doktorantów</i>	<i>63 400,00</i>
<i>Inwestycja z zakresu dużej infrastruktury badawczej Mikroskop do mikromanipulacji i mikroiniekcji służący do transgenizacji Caenorhabditis elegans</i>	<i>539 999,82</i>
<i>Termomodernizacja</i>	<i>4 596 309,42</i>
Inne	7 866 336,19
w tym:	
<i>Prawa do wynalazku</i>	<i>100 000,00</i>
<i>Działalność gospodarcza</i>	<i>1 559 079,56</i>
<i>Sprzedaż usług naukowych</i>	<i>3 572 207,61</i>
<i>Konferencje i HORIZON</i>	<i>225 825,00</i>
<i>Działalność finansowa</i>	<i>471 588,48</i>
<i>Pozostałe</i>	<i>1 937 635,54</i>
ŁĄCZNIE:	88 234 757,27

Publikacje w roku 2015:

Liczba ogółem	Monografie ¹ (lub rozdziały)	Podr. akadem. ¹ (lub rozdziały)	Publikacje w czasopismach recenzowanych			pozostałe publ. nauk.
			publikacje 1	publikacje 2	publikacje 3	
167	4		152		6	5

Sprawozdanie merytoryczne
z działalności statutowej
za 2015 rok

Temat nr 5.1: Terminalne białko wirusa ziemniaka Y

Zespół: dr hab. Ewa Szolajska, dr hab. Jadwiga Chroboczek (konsultant), mgr Małgorzata Podsiadła-Białoskórska (technik)

Cel badania

Celem badań jest identyfikacja peptydów pochodzących z wirusowego białka VPg jako antagonistów onkogenu, 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. Powoduje to zatrzymanie wzrostu i śmierć komórek rakowych *in vitro*, oraz zahamowanie wzrostu guza w zwierzęcym modelu nowotworu. Zidentyfikowaliśmy peptydy pochodzące z białka VPg oddziałujące silniej z eIF4E niż całkowite białko, w tym najlepiej oddziałujący peptyd VPg5 (26 reszt aminokwasowych). W okresie sprawozdawczym, na podstawie porównania sekwencji odpowiednich rejonów białek VPg pochodzących z innych potywirusów, wytypowaliśmy w obrębie peptydu VPg5 aminokwasy, które mogą być zaangażowane w tę interakcję. Analiza mutacyjna wykazała, że zamiana jednego aminokwasu - tyrozyny 64 (pozycja w białku VPg pełnej długości) na alaninę znosi oddziaływanie z eIF4E. Wariant peptydu niezdolny do interakcji z eIF4E będzie wykorzystywany jako kontrola negatywna w dalszych badaniach.

Przygotowaliśmy odpowiednie konstrukty w celu potwierdzenia czy peptyd VPg5 efektywnie wiąże się z eIF4E podobnie jak całkowite białko VPg posiada właściwość zatrzymywania eIF4E w cytoplazmie komórki. Pozytywny wynik tych doświadczeń będzie podstawą do rozpoczęcia badania antynowotworowego działania pVPg5, które planujemy wykonać w mysim modelu nowotworu wątroby (HCC). W tym celu nawiązaliśmy współpracę z Dr Paulą A. Oliveira z Universidade de Trás-os-Montes e Alto Douro em Portugal.

Opis najważniejszych osiągnięć

Wykazaliśmy, kluczową rolę tyrozyny 64 (pozycja w białku VPg pełnej długości), dla oddziaływania peptydu VPg5 z eIF4E.

Wykorzystanie uzyskanych wyników

Otrzymane wyniki są przedmiotem przygotowywanej do druku publikacji.

Temat nr 5.3: Dodekahedron adenowirusowy – wektor transferu wewnątrzkomórkowego

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

Cel badania

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

Opis realizowanych prac

Jedną z głównych przyczyn niepowodzeń systemowej terapii nowotworowej jest zjawisko oporności wielolekowej. Z zastosowaniem immunoenzymatycznego testu In-Cell ELISA oraz obserwacji w mikroskopie konfokalnym wykazaliśmy wydajne wnikanie Dd do ludzkich komórek mięsaka macicy MES-SA/Dx5 charakteryzujących się opornością wielolekową. Możliwość wykorzystania VLP jako wektora dostarczającego chemioterapeutyki do komórek lekoopornych potwierdzamy wykorzystując przygotowany koniugat Dd z doksorubicyną.

Równolegle przygotowaliśmy wyznakowane fluorescencyjnie dodekahedrony, które zostały wykorzystane do badania dystrybucji w ciele myszy z rozwijającym się podskórnym guzem. Przy użyciu systemu detekcji *in vivo* w bliskiej podczerwieni zbadano dystrybucję, czas krążenia oraz kinetykę usuwania cząstek z organizmu po podaniu – dożylnym i lokalnie do guza. Badanie zostało wykonane we Francuskiej Firmie Floralis.

Badając lokalizację Dd w komórkach HeLa stwierdziliśmy przy użyciu mikroskopii konfokalnej, że Dd nie wnika do mitochondriów.

Opis najważniejszych osiągnięć

Wykazaliśmy wydajne wnikanie Dd do ludzkich komórek mięsaka macicy MES-SA/Dx5 wykazujących oporność wielolekową, co wskazuje na możliwość wykorzystania Dd jako wektora dostarczającego chemioterapeutyki do komórek lekoopornych.

Badanie dystrybucji Dd *in vivo* po podaniu dożylnym potwierdziło tropizm wektora do guzów nowotworowych oraz wykazało obecność znaczących ilości Dd w tkance nowotworowej przez 24 godziny po lokalnym podaniu do guza.

Wykorzystanie uzyskanych wyników

Wyniki badania dystrybucji *in vivo* zostaną wykorzystane przy wyborze nowotworów będących celem terapii opartej na użyciu Dd, jako nośnika czynników terapeutycznych oraz platformy dostarczającej antygeny w konstruowanej w ramach tematu nr 63 szczepionce antynowotworowej. Otrzymane wyniki są przedmiotem opracowywanej do druku publikacji.

Patenty

P 387 78001.10.2015 „Wektorowa cząsteczka wirusopodobna, sposób jej wytwarzania, zastosowanie oraz kompozycja farmaceutyczna zawierająca wektorową cząsteczkę wirusopodobną”, przyznany przez Urząd Patentowy RP.

JP201253411(A) 11.11.2015 „A virus-like particle vector for delivery of pharmaceutical agents, a process for the manufacture thereof, its uses and a pharmaceutical composition”, przyznany przez Japoński Urząd Patentowy.

Publikacje

5108, 3902/A

Temat nr 6.1: Molekularne podstawy infekcji wiroidowej

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

Cel badania

Kontynuacja badań nad poznaniem mechanizmu patogenezы wiroida wrzecionowatości bulw ziemniaka (PSTVd), a w szczególności poszerzenie wiedzy dotyczącej infekcji wiroidowej w korzeniach, która jest znikoma. Badania zmierzają w kierunku zrozumienia, w jaki sposób niekodujące RNA wiroidowe przeprogramowuje aparat komórkowy gospodarza, wywołując swoiste objawy chorobowe bądź namnaża się praktycznie bezobjawowo.

Opis realizowanych prac

Wiroidy wywołują infekcję systemiczną, która obejmuje: import do jądra komórkowego w celu replikacji, eksport do sąsiednich komórek przez plazmodesmy, a następnie transport długodystansowy, pokrywający się z kierunkiem transportu asymilatów, do górnej części pędu i korzeni przez floem w celu opanowania nowego miejsca infekcji.

Zainfekowano rośliny pomidora odmiany 'Rutgers' ostrym i łagodnym wariantem sekwencyjnym PSTVd, a następnie zebrano próbki z liści i korzeni na różnym etapie infekcji: 1) wczesny etap infekcji – bezobjawowy, 2) wczesny etap objawów chorobowych, 3) etap pełnej infekcji – maksimum objawów, 4) późny etap – rośliny „zdrowiejące”. Z otrzymanych próbek wyizolowano RNA i określono stężenie RNA wiroidowego.

Opis najważniejszych osiągnięć

Zaobserwowano duże różnice w biomasie korzeni zainfekowanych ostrym (3,3-krotnie mniejsza) bądź łagodnym wariantem sekwencyjnym PSTVd (1,2-krotnie mniejsza) w porównaniu do korzeni z roślin kontrolnych. Wstępne analizy stężenia RNA wiroidowego w liściach i korzeniach wykazują wzrost ilości cząsteczek PSTVd wraz z upływem czasu od inokulacji.

Wykorzystanie uzyskanych wyników

Wyniki badań zostaną wykorzystane w publikacjach naukowych.

Publikacje

3806/A

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, prof. dr hab. Tadeusz Chojnacki, dr Anna Buczkowska, dr Daniel Buszewicz, dr Małgorzata Gutkowska-Stronkowska, dr Wiesław Jankowski, dr Adam Józwiak, dr Adriana Mika, dr Karolina Skorupińska-Tudek, dr Liliana Surmacz, mgr Katarzyna Gawarecka, mgr Agata Lipko, mgr Przemysław Surowiecki, magistranci: Magda Baca (PW), inżynieranci: Beata Piechota (PW), Maja Myrcha (PW), Katarzyna Mańko (PW)

Cel badań

Kontynuacja następujących kierunków badań:

1. Badania końcowego etapu biosyntezy dolicholi – konwersję poliprenoli do dolicholi poprzez redukcję podwójnego wiązania. Badania prowadzono w modelu roślinnym (*Arabidopsis thaliana*) i zwierzęcym;
2. Poszukiwania genów kandydatów odpowiedzialnych za regulację biosyntezy poliizoprenoidów dla wybranej populacji mapującej *Arabidopsis* (współpraca z dr A. Ihnatowicz, UG);
3. Charakterystyka *cis*-prenylotransferaz (CPT) i RabGGTy u roślin;
4. Badania struktury chemicznej utlenionych pochodnych izoprenoidów;
5. Badania nad zastosowaniem kationowych pochodnych poliizoprenoidów.

Opis realizowanych prac

Scharakteryzowano reduktazę poliprenolu (PPRD) u rzodkiewnika. Badano wpływ mutacji w genie kodującym ludzką reduktazę poliprenolu (*SRD5A3*) na profil lipidów, glikozylowanych białek i ekspresję wybranych genów w komórkach HEK wyrażających zmutowane formy reduktazy hSDR5A3. Scharakteryzowano krótko-łańcuchowe poliprenole – nowe, wcześniej niezidentyfikowane alkohole poliizoprenoidowe powstające w komórkach drożdży. Wykazano, że synteza dolicholi u pomidora wymaga współdziałania CPT i białka wiążącego CPT (SLCPTBP), które jest homologiem ludzkiego białka – receptora Nogo-B. Badano wpływ stresu cieplnego na zawartość lipidów i fenotyp mutantów pozbawionych poszczególnych AtCPT, charakteryzowano wybrane AtCPTazy – badania koncentrowały się na CPT7. Wyniki oznaczeń lipidów dla 150, linii populacji mapującej *Est1xCol0* wykorzystano do wytypowania genów regulujących biosyntezę Pren i Dol.

Opublikowano wyniki prac nad podjednostką beta AtRabGGTazy – jest ona istotna dla płodności męskiej i wzrostu wierzchołkowego korzenia. Wykazano, że izoprenoidy są wrażliwe na termooksydację i scharakteryzowano struktury chemiczne produktów tego procesu. Kontynuowano działalność Kolekcji Poliprenoli – udostępniono preparaty poliizoprenoidowe kilkunastu grupom badawczym.

Opis najważniejszych osiągnięć

Wykazanie, że niedobór dolicholu spowodowany mutacją w genie kodującym PPRD2 (PolyPrenol Reductase 2) jest letalny u *Arabidopsis* i powoduje zaburzenia w kiełkowaniu pyłku skutkujące męską sterylnością (publikacja 5179).

Wykrycie w komórkach drożdży *S. cerevisiae* obecności krótko-łańcuchowych prenoli: w trzech badanych szczepach *all-trans* Pren-7, a w dwu szczepach także Pren-11, który był syntetyzowany w fazie stacjonarnej (publikacja 5139).

Wykorzystanie uzyskanych wyników

Wyniki badań zostaną wykorzystane w publikacjach naukowych.

Publikacje

5032, 5034, 5060, 5089, 5099, 5139, 5177, 5179, 3799/A, 3801/A, 3802/A, 3803/A, 3891/A, 3950/A, 3970/A

Temat nr 18: Molekularne regulacje syntezy glikokoniugatów w drożdżach

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

Cel badania

Kontynuacja badań nad poznaniem zależności funkcjonalnych pomiędzy biosyntezą dolicholu i poziomem glikozylacji białek a wrażliwością komórek na czynniki zewnętrzne, zdolnością do tworzenia struktur opornych na leki (biofilmy) a także morfogenezą prowadzącą do powstawania strzępek, zdolnych do kolonizacji nowych powierzchni w drożdżach patogennych *Candida albicans*.

Opis realizowanych prac

Skonstruowano mutanty *C. albicans* zaburzone w biosyntezie dolicholu (*dfg10* oraz *cwh8*) a także w kompleksie genów kodujących białka zaangażowane w reakcję syntezy dwu cukru GlcNac₂ związanego z fosforanem dolicholu (DolPPGlcNac₂) czyli w początkową reakcję syntezy wiązania N- (mutacja genu *ALG13*) i O- glikozydowego (mutacje genów *DPM1-DPM3*). Oznaczono skład ściany komórkowej metodami chemicznymi oraz skład mono-cukrowy metodą HPLC DIONEX. Zbadano poziom enzymów odpowiedzialnych za syntezę wiązań N- i O glikozydowych (kompleksy białek: Alg7, Alg13 i Alg14 oraz białek: Dpm1, Dpm2 i Dpm3), zbadano zdolność przylegania komórek do powierzchni stałych metodą płytkowo spektrofotometryczną oraz mikroskopowo, zdolność do tworzenia strzępek.

Określono skład populacji białek wydzielanych do podłoża podczas tworzenia biofilmu metodą sekwencjonowania białka oraz zbadano stężenie wydzielanego DNA.

Metodą RTPCR określono stopień ekspresji genów kodujących najbardziej zmienione ilościowo białka odpowiedzialne za przyleganie komórek do podłoża tj. adhezynę Als1 i białko ściany strzępki Hwp1.

Opis najważniejszych osiągnięć

Zahamowanie ekspresji genu *ALG13*, podobnie jak delecje genów *DFG10* i *CWH8* zwiększyło wrażliwość szczepów na czynniki zewnętrzne w tym na kaspofunginę i tunikamycynę.

W otrzymanych mutantach obserwowano zmiany w składzie ściany komórkowej. Różnice dotyczyły ilości wszystkich składników ściany a głównie obserwowano zmniejszenie ilości rozpuszczalnego glukanu i chityny. Stwierdzono również obniżoną aktywność cis-prenylotransferazy produkującej lipidowy akceptor fosforan dolicholu dla enzymów biorących udział w procesach N- i O-glikozylacji.

Podczas tworzenia biofilmów przez komórki mutantu *alg13*, w odróżnieniu od szczepu dzikiego, obserwowano obecność licznych białek wydzielanych do pożywki.

Podsumowując: nasze dotychczasowe wyniki wskazują, że każda zmiana prowadząca do ograniczenia syntezy Dol lub przebiegu N- czy O-glikozylacji białek 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 *C. albicans*, które mogą wyjaśnić mechanizmy patogenności tego mikroorganizmu.

Publikacje

5113

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

Zespół: prof. dr hab. Joanna Kruszewska, dr Urszula Perlińska-Lenart, dr Sebastian Piłsyk, mgr Sebastian Graczyk

Cel badania

1. Kontynuacja prac nad określeniem struktury dolicholi w grzybach strzępkowych;
2. Przypisanie funkcji kontrolnej aminokwasom w pętli cytoplazmatycznej transportera siarczanowego AstA w stosunku do transportowanego substratu;
3. Poszukiwanie grzybów strzępkowych o korzystnych właściwościach do utylizacji odpadów;
4. Określenie funkcji białka YIL102cA w drożdżach *Saccharomyces cerevisiae*;
5. Zmiany aktywności glikozylacji podczas starzenia a substancje kosmetyczne anti-age.

Opis realizowanych prac

Ad1. Strukturę dolicholi badano metodą MS i określono ilość wiązań nasyconych w dolicholach wyizolowanych z kilku grzybów strzępkowych (współpraca prof. Ewa Świeżewska);

Ad2. Wytypowano rejon wiązania substratu w pętli pomiędzy TM6 i TM7 w transporterze siarczanu AstA. Wytypowano 4 lizyny K₂₆₀, K₂₆₂, K₂₆₃ i K₂₆₄ mogące mieć znaczenie w wiązaniu substratu podczas transportu przez błonę cytoplazmatyczną. Lizyny zostały kolejno zastąpione przez alaniny lub leucyny. Trwają badania skutków tych substytucji;

Ad3. Ze środowiska naturalnego wyizolowano kilkanaście szczepów grzybów. Grzyby zostały zidentyfikowane i niektóre z nich zbadane pod względem wzrostu na odpadach;

Ad4. Przygotowano szczep drożdżowy $\Delta YIL102cA$ – narzędzie do dalszych badań;

Ad5. Badano wpływ substancji kosmetycznych na procesy starzenia związane z aktywnością wybranych enzymów procesów glikozylacji białek (współpraca Dr Irena Eris S. A.)

Opis najważniejszych osiągnięć

U grzybów strzępkowych stwierdzono obecność niespotykanych dolicholi wielonasyconych.

Stwierdzono różnice we właściwościach transportera AstA u mutantów *Aspergillus* z substytucjami lizyn do alaniny i leucyny w stosunku do kontroli.

Stwierdzono, że niektóre grzyby strzępkowe korzystnie zmniejszają masę odpadów.

Wykorzystanie uzyskanych wyników

Wyniki związane z procesami starzenia przedstawiono na zjeździe dermatologicznym. Kompozycje grzybowe do utylizacji odpadów ujęto w zgłoszeniu patentowym nr. P.415013 pt.: "Kompozycja szczepów mikroorganizmów i sposób utylizacji odpadów ściekowych".

Publikacje

5077, 5113, 3809/A, 829/N

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

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

Cel badania

Wykazanie powiązań regulacyjnych pomiędzy aktywnością polimerazy III RNA a wczesnymi etapami dojrzewania tRNA u drożdży *Saccharomyces cerevisiae*.

Opis realizowanych prac

Cząsteczki tRNA u eukariotów są syntetyzowane przez RNA polimerazę III (Pol III) jako prekursorzy z wydłużonymi końcami. W ogólnie przyjętym modelu dojrzewanie 5' końca poprzedza usuwanie dodatkowej sekwencji z 3' końca, do którego następnie dodawany jest triplet CCA. Procesy te warunkują eksport pre-tRNA z jądra komórkowego do cytoplazmy.

Nasze poprzednie badania wykazały, że aktywność Pol III jest obniżona w warunkach stresu i w regulacji tej pośredniczy białko Maf1. Obecnie analizowano wpływ warunków wzrostu na dojrzewanie końców pre-tRNA. Wykazano złożoność tego procesu, w którym kolejność może różnić się od ogólnie przyjętego modelu 5' koniec przed 3' końcem. Wykazano również specyficzne zmiany w dojrzewaniu 3' końca w zależności od warunków, a także typu tRNA. Dodatkowo stwierdzono, że w warunkach stresu obniża się poziom ekspresji 3'egzonukleazy Rex1 zaś poziom białka Lhp1 wiążącego 3' koniec pre-tRNA jest stały. Poprzez zmniejszoną dostępność Rex1, egzonukleolityczne cięcie 3'-końca w takich warunkach jest mniej skuteczne, tym bardziej, że poziom transkrypcji pre-tRNA się obniża i wskutek zmiany proporcji Lhp1: pre-tRNA zwiększa się ochrona 3' końca pre-tRNA przez Lhp1. Analizowano również efekt braku negatywnego regulatora Pol III, Maf1 na wczesne etapy dojrzewania tRNA. Stwierdzono, że w szczepie *maf1Δ* w warunkach stresowych zmniejsza się aktywność dodawania sekwencji CCA do 3' końca. Mniejsza ilość prekursorów z sekwencją CCA na 3' końcu może przyczyniać się do obserwowanego nagromadzenia pre-tRNA w jądrze komórek *maf1Δ*. Wyniki uzyskano posługując się techniką hybrydyzacji Northern oraz poprzez sekwencjonowanie prekursorów tRNA, zarówno na skalę mikro jak i na skalę globalną.

Opis najważniejszych osiągnięć

Dojrzewanie 3 końców prekursorów tRNA jest negatywnie regulowane przez stres. Regulacja transkrypcji tRNA przez Maf1 jest związana z procesem dodawania sekwencji CCA na 3' końcu tRNA.

Wykorzystanie uzyskanych wyników

Większą część wyników opisano w publikacji, która została przyjęta do druku w *RNA Journal* i ukaże się w 2016 roku.

Publikacje

5026, 5178, 3832/A, 3835/A, 3836/A, 3948/A, 3950/A, 3951/A, 3953/A, 808/N, 823/N, 841/N

Temat nr 20.2: Genetyczne regulacje metabolizmu w drożdżach *Saccharomyces cerevisiae*

Zespół: dr hab. Róża Kucharczyk, prof. dr hab. Joanna Rytka, doktoranci: mgr Krystyna Bińko, mgr Katarzyna Niedźwiecka, mgr Natalia Skoczeń, mgr Jarosław Kula, Emilia Baranowska

Cel badania

1. Skonstruowanie szczepu *S.cerevisiae* nosącego mutację odpowiadającą zmianie 8969G>A w genie *ATP6* w mitochondrialnym DNA człowieka, prowadzącej do miopatii nerki. Charakterystyka efektów tej mutacji na poziomie molekularnym i biochemicznym;
2. Zbadanie efektów mutacji w genie *ATP6* drożdży, odpowiadających mutacjom 8932C>T i 8716A>G. zidentyfikowanym w genie *ATP6* w komórkach nowotworowych;
3. Identyfikacja w systemie dwu-hybrydowym białkowych partnerów czynników regulujących ekspresję mitochondrialnego genu *ATP9* syntazy ATP: Aep1, Aep2 i Atp25.

Opis realizowanych prac

Ad1. Skonstruowano szczep *S. cerevisiae* z mutacją *atp6-S175N*. W mutancie oznaczono poziom syntezy i hydrolizy ATP, aktywność łańcucha oddechowego, ilość w pełni złożonych kompleksów syntazy ATP, zmiany potencjału wewnętrznej błony mitochondrialnej, syntezę białek kodowanych w genomie mitochondrialnym;

Ad2. W mutantach *atp6-L163P* i *atp6-K90E*, nosących gen *OM45-GFP*, oznaczono stężenie jonów wapnia indukujące kanały wysokiej przepuszczalności (PTP) w mitochondriach. Zbadano ilość dimerów Atp6 i dimerów syntazy ATP po zadziałaniu jonami wapnia;

Ad3. Przeszukano bibliotekę do systemu dwu-hybrydowego firmy Dual Systems w czterech układach: stosując jako przynętę plazmidy zawierające geny *AEP1*, *AEP2* i *ATP25* – C i N końcową część. Otrzymano plazmidy kodujące interesujące białka oddziałujące z powyższymi przynętami.

Opis najważniejszych osiągnięć

Ad1. Zaproponowano mechanizm choroby spowodowanej mutacją 8969G>A w genie *ATP6* syntazy ATP – zaburza ona nie tylko składanie podjednostki Atp6 do kompleksu enzymu, ale też funkcję kanału protonów. Modelowanie struktury białka pozwoliło ponadto przypisać serynie 175 bezpośredni udział w tworzeniu kanału przepływu protonów syntazy ATP;

Ad2. Wykazano, że mutacje 8932C>T i 8716A>G opisane w guzach mają wpływ na homeostazę jonów wapnia w komórce i modulację kanału PTP przez te jony.

Wykorzystanie uzyskanych wyników

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

Publikacje

5084, 3842/A, 3889/A, 774/N

Temat nr 20.3: Genetyczna kontrola szlaków metabolizmu siarkowego u grzybów

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

Cel badania

Poznanie roli czynnika transkrypcyjnego METZ specyficznego dla regulacji genów metabolizmu siarkowego u *Aspergillus nidulans*.

Opis realizowanych prac

Analiza genomu *Aspergillus nidulans* ujawniła gen kodujący czynnik transkrypcyjny wykazujący duże podobieństwo do czynnika transkrypcyjnego METR, niezbędnego dla aktywacji szeregu genów metabolizmu siarkowego u tego grzyba. Gen kodujący ten nowy czynnik nazwano *metZ*. Stwierdzono, że jego ekspresja jest zależna od metabolicznej represji siarkowej i od aktywności genu *metR*. Dla sprawdzenia roli fizjologicznej METZ transformowano szczep *mezR* genem *Metz* pod promotorem niezależnym od METR. Okazało się, że gen *Metz* częściowo komplementuje gen *metR* – transformanty nie odzyskiwały pełnej prototrofii siarkowej ale miały aktywną permeazę siarczanową. Niestety nie powiodły się próby delecji *Metz* stąd nie mamy pewności, czy jego unieczynnienie prowadzi do auktotrofii siarkowej.

A. nidulans jest pierwszym poznanym grzybem posiadającym dwa czynniki transkrypcyjne specyficznym aktywujące geny metabolizmu siarkowego. Przegląd genomów grzybowych wykazał, że taka sytuacja charakteryzuje wyłącznie grzyby z rzędu *Euriotiales*.

Opis najważniejszych osiągnięć

Odkrycie nowego czynnika transkrypcyjnego aktywującego geny metabolizmu siarkowego.

Wykorzystanie uzyskanych wyników

Wyniki badań będą publikowane w czasopismach naukowych.

Publikacje

5072, 3943/A

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

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

Cel badania

Zbadanie udziału ligazy ubikwitynowej Rsp5 z rodziny Nedd4 w funkcjonowaniu cytoszkieletu aktynowego, autofagii i odpowiedzi na stres oksydacyjny.

Opis realizowanych prac

Ludzka ligaza ubikwitynowa Nedd4, homolog drożdżowego Rsp5, i jej warianty produkowane w komórkach drożdży hamują ich wzrost i zmieniają w nich organizację cytoszkieletu aktynowego. Fragment genu *ATG2* (*ATG2-C1*), kodującego białko Atg2 zaangażowane w autofagię, poprawia wzrost i organizację cytoszkieletu aktynowego w szczepie produkującym Nedd4w4. Białko GFP-Atg2-C1 lokalizuje się w punktowej strukturze przy wakuoli, która w komórkach produkujących Nedd4w4 otoczona jest filamentami aktynowymi. Struktura ta jest obecna w niektórych mutantach *atg* pozbawionych białek niezbędnych do autofagii, więc raczej nie jest to struktura preautofagosomalna (PAS). Mutanty *atg14Δ* i *atg18Δ* nie wykazują defektu wzrostu pod wpływem produkcji Nedd4w4. Oba te mutanty mają zmieniony metabolizm fosforanu 3 fosfatydyloinozytolu, co wskazuje na wpływ lipidów na działanie ligazy Nedd4w4. Produkcja Nedd4w4 w drożdżach powoduje zwiększenie poziomu poliubikwitynowanych białek, a GFP-Atg2-C1 odwraca ten efekt. Analiza wykazała obecność domen APT1 i ATG-C w białku Atg2-C1. Domena APT1, o nieznanej funkcji, jest obecna w białkach z 42. rodzin u eukariota, w tym w białkach Vps13, które są związane z chorobami genetycznymi u ludzi. Mutant *vps13Δ* wykazuje zaburzenia organizacji cytoszkieletu aktynowego, ale nie wykazuje defektu autofagii.

Mutant *rsp5-T761D*, który mimikuje fosforylację Rsp5 w miejscu rozpoznawanym przez kinazę białkową A, ma ograniczoną zdolność do formowania kolonii, podwyższony poziom reaktywnych form tlenu (ROS) i jest nadwrażliwy na związki generujące ROS i powodujące stres oksydacyjny. Udział ligazy ubikwitynowej Rsp5 w ochronie komórki przed stresem oksydacyjnym wynika, między innymi, z wpływu na białko Hem12, jeden z enzymów szlaku biosyntezy hemu, kofaktora hemoprotein (np. katalazy) ważnych w stresie oksydacyjnym. Hem 12 jest monoubikwitynowane przez Rsp5 i ta modyfikacja nie kieruje go do degradacji, lecz wpływa na jego funkcjonowanie. Mutacja *hem12-K8A*, skutkująca podstawieniem lizyny w pobliżu motywu PY, wiążącego Rsp5, powoduje defekt wzrostu na glicerolu w temperaturze 38°C, a mutacja *hem12-L36A,P37A* uszkadzająca motyw PY powoduje znaczny defekt wzrostu na pożywce z glukozą lub z glicerolem w temperaturze 25°C. Szlak biosyntezy hemu jest zachowany w ewolucji a mutanty *hem12* mimikują chorobę porfirię skórną późną (PCT), która jest wynikiem mutacji w homologicznym genie *UROD*. Jest możliwe, że ludzki enzym *UROD* jest również regulowany przez ubikwitynację zależną od ludzkiego homologa z rodziny Nedd4.

Opis najważniejszych osiągnięć

Rsp5 bierze udział w ochronie komórki przed stresem oksydacyjnym poprzez ubikwitynację Hem12, enzymu biosyntezy hemu.

Wykorzystanie uzyskanych wyników

Praca magisterska Aleksandry Suskiej, praca doktorska Anny Domańskiej.

Publikacje

5129, 5161, 5182, 3829/A, 3830/A, 3839/A, 3841/A, 804/N, 825/N, 827N

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 Małgorzata Alabrudzińska, dr Michał Dmowski, dr Bartosz Wawrzynow, mgr Katarzyna Masłowska, mgr Milena Denkiewicz, mgr Anna Zawada, mgr Ewa Szwejcak, mgr Małgorzata Majewska

Cel badania

Poznanie źródeł powstawania mutacji spontanicznych oraz udziału polimerazy DNA epsilon w kontroli prawidłowego przebiegu cyklu komórkowego.

Opis realizowanych prac

W odpowiedzi na stres replikacyjny, komórki drożdży spowalniają progresję cyklu komórkowego i syntezy DNA, zwiększają pulę dostępnych do syntezy nukleotydów oraz indukują ekspresję licznych potrzebnych do tego genów. Nasze wcześniejsze prace sugerowały, że niekatalityczna podjednostka Dpb2 polimerazy DNA epsilon (Pol ϵ) jest zaangażowana w tę odpowiedź. Tę hipotezę weryfikowano przy użyciu mutantu *dpb2-103*.

Wykazano, że komórki szczepu *dpb2-103* w warunkach stresu replikacyjnego nie zatrzymują efektywnie syntezy DNA ani progresji cyklu komórkowego. Ponadto wykazano syntetyczną letalność szczepu *dpb2-103* z delecją *Ddc1* (element kompleksu 9-1-1), kodującym białko przekazujące sygnał o stresie replikacyjnym z nici opóźnionej. Ponadto ustalono, że w komórkach szczepu *dpb2-103* ścieżka Dun1/Crt1, odpowiedzialna za indukcję genów kodujących reduktazę rybonukleotydów działa prawidłowo. Natomiast w komórkach *dpb2-103* nie dochodzi do prawidłowej indukcji genów ścieżki MCB, co tłumaczy brak prawidłowej odpowiedzi komórek niosących allel *dpb2-103* na stres replikacyjny.

Wykazano, że zmiany w puli nukleotydów w komórkach *Escherichia coli* wpływają na indukcję systemu SOS poprzez modulację aktywności białka RecA względem represora regulonu SOS, białka LexA (Masłowska i inni, Nucleic Acids Res 2015, 43:4109).

Opis najważniejszych osiągnięć

Otrzymano wyniki wykazujące rolę niekatalitycznej podjednostki Dpb2 polimerazy DNA epsilon w kontroli prawidłowego przebiegu cyklu komórkowego.

Zaproponowano hipotezę wyjaśniającą znaczenie wewnątrzkomórkowej puli nukleotydów w indukcji systemu SOS w komórkach bakteryjnych.

Wykorzystanie uzyskanych wyników

Otrzymane wyniki będą podstawą publikacji naukowych.

Publikacje

5086, 5090, 3834/A, 3841/A, 3941/A, 3944/A, 3983/A, 3984/A, 810/N

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

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

Cel badania

Celem badań jest ustalenie roli jaką odgrywają nukleaza Rad27, ortolog ludzkiej nukleazy FEN1, i nukleaza Nuc1, ortolog ludzkich nukleaz ENDOG i EXOG, w utrzymaniu stabilności genomu mitochondrialnego *S. 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 badaniach wykazano, że inaktywacja nukleazy Rad27, ortologa ludzkiej nukleazy FEN1, prowadzi do fenotypu mitochondrialnego mutatora. W celu zrozumienia mechanizmu odpowiedzialnego za podwyższenie częstości mutacji mitochondrialnych w mutancie *rad27*, mutacje mitochondrialne powstające w tym szczepie poddano analizie sekwencyjnej. Okazało się, że wśród mutacji powodujących oporność na erytromycynę (E^R) przeważają tranzycje GC – AT. Ten typ mutacji wynika często z oksydatywnej deaminacji cytozyny. Za oksydacyjnym pochodzeniem tych mutacji przemawia także fakt, że nadprodukcja katalazy A, enzymu rozkładającego H_2O_2 , prowadzi do znaczącego obniżenia częstości mutacji E^R powstających w mutancie *rad27*. Te dane wskazują, że nukleaza Rad27 jest czynnie zaangażowana w naprawę uszkodzeń oksydacyjnych w mtDNA. W ostatnich badaniach staramy się także zweryfikować hipotezę, że inaktywacja nukleazy Rad27 może pośrednio powodować podwyższoną mutagenезę mitochondrialną w wyniku aktywacji szlaku kontrolnego Mec1/Rad53 i podwyższenia poziomu puli dNTP. Przeciwno tej hipotezie przemawia jednak fakt, że podwyższenie puli dNTP przez inny mechanizm, na przykład przez eliminację aktywności inhibitora reduktazy rybonukleotydów, Sml1, nie prowadzi do fenotypu mitochondrialnego mutatora. Ważnym elementem w reparacji mtDNA może być w warunkach stresu relokalizacja enzymów „reparacyjnych”. Wykonane ostatnio doświadczenia wykazały, że takiej relokalizacji ulega inna nukleaza Nuc1, ortolog ludzkiego enzymu EXOG, i w warunkach stresu oksydacyjnego przemieszcza się ona z przestrzeni międzybłonowej do wnętrza mitochondriów. Czy taka relokalizacja dotyczy też nukleazy Rad27 w komórkach poddanych strasowi oksydacyjnemu jest przedmiotem prowadzonych badań.

Opis najważniejszych osiągnięć

Wykazano, że nukleaza Rad27 odgrywa istotną rolę w naprawie uszkodzeń oksydacyjnych genomu mitochondrialnego. Stwierdzono, że w warunkach stresu oksydacyjnego nukleaza Nuc1 ulega relokalizacji i przemieszcza się z przestrzeni międzybłonowej do wnętrza mitochondriów. Badane są konsekwencje takiej relokalizacji dla metabolizmu mtDNA.

Wykorzystanie uzyskanych wyników

Otrzymane wyniki będą podstawą publikacji naukowych.

Publikacje

5052, 5116, 5144, 3917/A

Temat nr 25.3: Koordynacja procesów naprawy DNA w komórkach eukariotycznych

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

Cel badania

Celem badań jest identyfikacja procesów kontrolujących stabilność genetyczną komórek. W szczególności badane są mechanizmy zaangażowane w procesy tolerancji uszkodzeń DNA.

Opis realizowanych prac

Pełniące zasadniczą rolę w kontroli stabilności genetycznej procesy tolerancji uszkodzeń DNA obejmują funkcjonowanie wyspecjalizowanych polimeraz DNA, tzw. polimeraz TLS, zdolnych do syntezy poprzez uszkodzenia matrycy oraz mechanizmy rekombinacyjne pozwalające na ominięcie uszkodzenia lub reperację pęknięć DNA związanych z rozpadem widełek replikacyjnych.

Nasze badania koncentrowały się na ustaleniu roli modyfikacji czynnika procesywności replikacji PCNA w funkcjonowaniu różnych ścieżek rekombinacji homologicznej. Analiza obejmowała mechanizmy spontanicznej rekombinacji intrachromosomalnej pomiędzy prostymi powtórzeniami homologicznych sekwencji DNA oddalonych o ponad 5kb. Wykorzystując konstrukt genetyczny obejmujący powtórzenia różnych alleli genu *LEU2*, rozdzielonych sekwencją kodującą *URA3*, badano częstość spontanicznej konwersji genów i rekombinacji typu SSA (ang. Single Strand Annealing). Badania pokazały, że zarówno poliubikwitynacja jak i sumoliacja PCNA kontrolują częstość konwersji genów. Wykazano, że poliubikwitynacja PCNA działa prorekombinacyjnie stymulując niekanoniczną konwersję genów zależną od rekombinacyjnych białek Rad52, Rad51 i Rad59. Stwierdzono też, że to właśnie ten typ rekombinacji jest głównym celem antyrekombinacyjnej aktywności zależnej od sumoliacji PCNA. Stwierdzono także, że ligaza/helikaza Rad5, niezależnie od udziału tego białka w kompleksie poliubikwitynującym PCNA, działa inhibując na SSA.

Kontynuowano także badania mechanizmów kontrolujących funkcjonowanie polimeraz TLS. Uprzednie badania wykazały, że polimeraza iota, najbardziej mutagenna z polimeraz TLS, jest poliubikwitynowana i degradowana w wyniku działania na komórkę ludzką 1,4-naftochinonów, związków o szerokim spektrum działania przeciwrakowego, przeciwzapalnego, przeciwgrzybicznego itd. Analiza tego efektu wykazała, że poliubikwitynacja ioty, indukowana działaniem naftochinonów, związana jest z ich inhibitorowym działaniem w stosunku do acetyltransferazowej aktywności wielofunkcyjnego białka p300.

Opis najważniejszych osiągnięć

1. Sumoliacja PCNA specyficznie chroni komórkę przed spontaniczną intrachromosomalną rekombinacją indukowaną przez poliubikwitynację PCNA.
2. Białko ludzkiej polimerazy iota jest poliubikwitynowane i degradowane w odpowiedzi na inhibicję acetyltransferazy p300.

Wykorzystanie uzyskanych wyników

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

Publikacje

5091, 5075, 5153, 3831/A, 3833/A, 3939/A, 831/N, 834/N

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 *orf35*, *nikA* i *nikB* i *traH* w plazmidzie pCTX-M3*orf36::cat*. Plazmid pCTX-M3*orf36::cat* ulega transferowi w koniugacji *Escherichia coli* *E. coli* z częstością ok. 3x większą niż plazmid dzikiego typu. Co więcej, gdy pCTX-M3*orf36::cat* jest plazmidem pomocniczym, to plazmidy niosące *oriT*_{pCTX-M3} są mobilizowane do *E. coli* z częstością 3-5-krotnie wyższą, a do *Agrobacterium tumefaciens* ok. dziesięciokrotnie wyższą, niż gdy funkcję plazmidu pomocniczego pełni pCTX-M3 dzikiego typu. W celu wyjaśnienia tego zjawiska została przeprowadzona analiza poziomu transkrypcji genów *orf35*, *nikA* i *nikB* i *traH* w plazmidach pCTX-M3 i pCTX-M3*orf36::cat*. Ponadto podjęto próbę skonstruowania plazmidu pCTX-M3*orf35::tet orf36::cat* będącego podwójnym mutantem, w genach *orf35* i *orf36* – wprowadzenie mutacji w genie *orf35* do plazmidu pCTX-M3 skutkuje ok. 1000-krotnym wzrostem wydajności mobilizacji plazmidów. Przeprowadzono również badania oddziaływania białka NikA z DNA w rejonie *oriT*_{pCTX-M3}.

Opis realizowanych prac

Przeprowadzono analizę poziomu transkrypcji genów *orf35*, *nikA* i *nikB* i *traH* w plazmidach pCTX-M3 i pCTX-M3*orf36::cat*. Trwają prace nad konstrukcją podwójnego mutantu pCTX-M3*orf35::tet orf36::cat*. Ponadto przeprowadzono badania wiązania NikA i 6HisNikA (białko NikA wyposażonego w znacznik heksahistydynowy na końcu aminowym) obecnego w ekstraktach z *E. coli* do DNA w rejonie *oriT*_{pCTX-M3}.

Opis najważniejszych osiągnięć

Wykazano, że białko, będące produktem genu *orf36* jest represorem transkrypcji genu *traH*, ale nie genów *orf35*, *nikA* i *nikB*. Wykazano, że zarówno białko NikA jak i 6HisNikA wiąże się do DNA w rejonie *oriT*_{pCTX-M3}, w obszarze zawierającym odwrócone powtórzenia.

Publikacje

5023, 5070, 5125, 3868/A, 830/N

Temat nr 28: Chemiczne podstawy mutagenезy i reperacja adduktów cyklicznych

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

Cel badań

Celem badań jest ustalenie specyficzności substratowej i kinetyki naprawy przez dioksygenazy z rodziny AlkB. Zespół zajmuje się właściwościami mutagennymi i naprawą adduktów egzocyklicznych do zasad DNA. Głównymi obiektami badań są: addukty akroleiny: 1,N⁶- α -hydroksypropanoadenina (HPA) i 3,N⁴- α -hydroksypropanocytozyna (HPC), addukty aldehydu chlorooctowego: 1,N⁶-etenoadenina (ϵ A) i 3,N⁴-etenocytozyna (ϵ C) – oraz białka naprawcze: dioksygenaza AlkB i jej ludzkie homolog i oraz glikozylaza AlkA.

Opis realizowanych prac

1. Naprawa przez AlkB /dezintegracja modyfikowanych dezoksytryjfosforanów adenozy i cytozyny (ϵ dCTP i ϵ dATP) w obecności jonów żelaza. Ustalono, że badane związki nie są naprawiane przez AlkB, jednakże ulegają one rozpadowi do niemodyfikowanych dezoksimonofosforanów w obecności wyższych stężeń jonów Fe(II) w kwaśnym pH. Nieenzymatyczna spontaniczna dealkilacja oksydacyjna modyfikowanych dNTP może stanowić dodatkową ochronę DNA przed inkorporacją alkilowanych zasad.
2. Wydajność naprawy przez AlkB – badania kinetyczne naprawy najlepszego substratu AlkB – 3mC. Wykazano, że początkowe etapy procesu naprawy można potraktować, jako reakcję pierwszego rzędu, aktywność AlkB jest hamowana przez powstający produkt, a enzym wykonuje ograniczoną liczbę obrotów. Ponadto, AlkB ulega spontanicznej dezaktywacji w czasie, podczas inkubacji przed dodaniem substratu (współpraca prof. J. Poznański, IBB PAN).
3. Kokrystalizacja dioksygenaz z rodziny AlkB z E. coli z trimerami DNA zawierającymi HPA, HPC, ϵ A lub 3mC. Przygotowano substraty – trimery T(HPA)T i T(HPC)T T(ϵ A)T i T(3mC)T na dużą skalę, oczyszczono dioksygenazy AlkB, ABH2 i ABH3. Podczas pobytu w IRB Barcelona przeprowadzono próby ich kokrystalizacji z badanymi substratami DNA (współpraca Prof. M. Coll, IRB).
4. Modelowanie struktury ludzkiej dioksygenazy hABH2 i weryfikacja potencjalnej aktywności naprawczej ABH2 wobec HPA *in silico*. Modelowanie struktury ludzkiej dioksygenazy ABH2 przeprowadzono na podstawie struktury krystalograficznej i znanych struktur białek homologicznych. Uzyskano modele kompleksów ABH2 z badanymi ligandami dwuniciowymi. Obliczenia wskazują, że izomer R HPA może być równie dobrym substratem ABH2, jak ϵ A. (współpraca prof. J. Poznański, IBB PAN).

Opis najważniejszych osiągnięć

1. ϵ dCTP i ϵ dATP ulegają dezintegracji w obecności jonów żelaza;
2. Opracowanie modelu kinetycznego reakcji naprawy przez AlkB.

Wykorzystanie uzyskanych wyników

Prace badawcze dotyczą badań podstawowych, choć jego wyniki mogą mieć znaczenie dla rozwoju metod diagnostycznych i terapii nowotworów

Publikacje

5093, 3850/A, 3855/A, 3860/A, 3878/A, 3880/A, 3881/A, 3893/A, 3898/A, 3909/A

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

Zespół: prof. dr hab. Piotr Węgleński, dr Agnieszka Dzikowska, dr Michał Koper, mgr Joanna Gawlik, dr Danijela Popović, dr Mateusz Baca

Cel realizacji zadania

Poznanie mechanizmu regulacji ekspresji genów. Wykonanie analizy tanskryptomów szczepu suDpro (kodującego składnik kompleksu KEOPS) i szczepu dzikiego w celu ustalenia funkcji tego kompleksu. Rozpoczęcie prac nad antycznym DNA i zastosowaniami genetyki molekularnej w badaniach nad ochroną środowiska, ewolucją i restytucją gatunków.

Opis realizowanych prac

1. Ustalono funkcję białka kodowanego przez gen suDpro, będącego podstawowym składnikiem kompleksu KEOPS, regulującego katabolizm argininy w odpowiedzi na dostępność źródeł azotu i węgla.
2. Ustalono obecność w wodach Polski mieszańców międzygatunkowych *Coregonus peled* i *Coregonus lavaretus*

Opis najważniejszych osiągnięć

Opracowanie modelu regulacji metabolizmu argininy.

Publikacje

5133

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

Zespół: prof. dr hab. Piotr Stępień

Cel badania

Ustalenie funkcji produktu genu SUV3 w jądrze komórkowym.

Opis realizowanych prac

Konstruowano warianty genu SUV3 pozbawione lidera mitochondrialnego oraz posiadające mutację w domenie warunkującej aktywność helikazową. Badano endocytozę nanocząstek up-konwertujących kwanty, opartych na Gd₂O₃, z domieszkami Er, Yb i Zn.

Opis najważniejszych osiągnięć

Badania wykazały istotną funkcję jądrowego wariantu helikazy SUV3, wpływającą na podziały komórek.

Wykorzystanie uzyskanych wyników

Prace magisterskie I. Grzędy i K. Tkaczuk

Publikacje

5180

Temat nr 31: Studia doktoranckie

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

Na studiach doktoranckich (SD) w IBB PAN zarejestrowano 150 osób, w tym 116 w IBB PAN, 29 w Międzynarodowym Instytucie Biologii Molekularnej i Komórkowej (MIBMiK) oraz 5 w „Centrum Nowych Technologii Ochota” Uniwersytetu Warszawskiego. Pierwszoroczni uczestnicy SD (21 osób) zostali przyjęci w wyniku trójstopniowego egzaminu wstępnego, do którego przystąpiło 35 osób. Egzamin obejmował znajomość języka angielskiego, pisemny test oraz ustną prezentację wyników prac magisterskich, połączoną z rozmową z kandydatami. Egzamin ustny przeprowadziła 12-to osobowa komisja składająca się z samodzielnych pracowników naukowych, reprezentujących poszczególne kierunki badawcze Instytutu. 11 osób zostało przyjętych w ramach rekrutacji do projektów realizowanych w IBB PAN. Ponadto 3 osoby do końca 2015 r. uczestniczyły 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 2015 roku 20 doktorantom został nadany tytuł doktora.

Działalność dydaktyczna:

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

1. "Bioenergetyka komórki ssaczek" prowadzący: prof. Lech Wojtczak, dr hab. Joanna Szczepanowska, dr hab. Mariusz Wieckowski, dr Magdalena Lebiedzinska-Arciszewska, dr Michał Wasilewski, prof. Agnieszka Chacinska;
2. "Zastosowanie sekwencjonowań nowej generacji w badaniach naukowych", prowadzący mgr Jan Gawor, dr Rafał Archacki, mgr Anna Fogtman, dr Bartłomiej Wilczyński, dr Bartłomiej Wilczyński
3. "Introduction to macro-molecular crystallography" prof. Matthias Bochtler

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. 38. pełnych prac naukowych oraz 104 komunikatów lub plakatów przedstawionych na zjazdach krajowych i zagranicznych. Dwunastu doktorantów otrzymało dodatkowe finansowanie z funduszy SD (7-8 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. W 2015 roku pięciu doktorantów otrzymało granty PRELUDIUM, dwóch doktorantów granty ETIUDA.

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 Piotr Golec, mgr Marta Moskot

Cel badania

1. Wyznaczenie molekularnych markerów łuszczycy dla diagnostyki i monitorowania terapii;
2. Opisanie molekularnego mechanizmu działania flawonoidów oraz NLPZ na procesy komórkowe zachodzące w ludzkich fibroblastach w aspekcie potencjalnego ich zastosowania w leczeniu genetycznie uwarunkowanych chorób metabolicznych;
3. Zrozumienie mechanizmów regulacji ekspresji genów, inicjacji replikacji i naprawy DNA w komórkach prokariotycznych z użyciem modelu bakteriofagowego;
4. Poznanie molekularnych mechanizmów regulacji ekspresji genów i zmian w proteomie w komórkach prokariotycznych w odpowiedzi na czynniki stresowe;
5. Wykorzystanie zmodyfikowanych genetycznie bakteriofagów do opracowania nowych przyjaznych dla środowiska metod syntezy nanocząstek tlenków metali.

Opis realizowanych prac

Ad1. Badania nad wyznaczeniem molekularnych markerów łuszczycy, pozwoliły określić grupę genów przypisaną do dwu genetycznych paneli screeningowych dla określenia względnego poziomu transkryptów wyselekcjonowanych: I) 45 potencjalnych genów markerowych łuszczycowych (ang. psoriasis screening qRT-PCR array I), oraz II) 45 potencjalnych genów markerowych procesu zapalnego (ang. psoriasis screening qRT-PCR array II)), których aktywność może być monitorowana i stanowić wskaźnik efektywności leczniczego działania genisteiny. Oba panele screeningowe są analizowane z użyciem materiału w postaci keratynocytów pochodzących z hodowli *in vitro* (2D-model naskórka), a także badań *in vivo* (skóry pacjentów);

Ad2. Weryfikacja hipotezy o kluczowej roli czynnika transkrypcyjnego TFEB w metabolizmie złogów komórkowych występujących u chorych na LChS poddanych terapii genisteiną, daidzeiną, kemferolem, bądź ich mieszaninami pozwoliła stwierdzić podniesienie, pod wpływem działania genisteiny, poziomu ekspresji nawet ponad 60% genów kodujących białka lizosomalne, w tym lizosomalne hydrolazy, czego skutkiem jest wzmożony metabolizm całego lizosomu. Z kolei, w stosunku do badanych NLPZ stwierdzono wpływ nimesulidu i indometacyny, a także mieszaniny tych związków z genisteiną na poziom aktywacji wybranych receptorów komórkowych (EGFR oraz PI3K);

Ad3. Stwierdzono, że poliadenylacja RNA odgrywa istotną rolę w regulacji ekspresji genów lambdoidalnych fagów kodujących toksyny Shiga. Ma to bezpośredni wpływ na kontrolę procesów rozwoju litycznego, lizogenizacji oraz indukcji profaga;

Ad4. Realizowane prace obejmujące analizę proteomiczną i transkryptomiczną odpowiedzi na stres osmotyczny oraz beztlenowy bakterii morskich pozwoliły wytypować transkrypty oraz białka odgrywające dużą rolę w molekularnych mechanizmach odpowiedzi na stres u bakterii morskich;

Ad5. Realizowane prace obejmujące optymalizację przyjaznych dla środowiska metod syntezy nanocząstek tlenków metali oraz metali szlachetnych z wykorzystaniem matrycy bakteriofagowej pozwoliły stwierdzić, że możliwe jest syntetyzowanie nanocząstek wykazujących pożądane właściwości fizyko-chemiczne.

Opis najważniejszych osiągnięć

Ad1. Uzyskana wiedza jest podstawą do stworzenia metody diagnozowania pacjentów z łuszczycą, których ze względów na profil genetyczny choroby będzie można zakwalifikować do leczenia jako grupę rokującą na odpowiedź na określony terapeutyk, przy zastosowaniu genetycznego panelu screeningowego, ang. psoriasis screening qRT-PCR array platform;

Ad2. Opisanie wzoru ekspresji informacji genetycznej odegrało znaczącą rolę w wyjaśnieniu molekularnego mechanizmu działania flawonoidów na procesy komórkowe zachodzące w ludzkich fibroblastach. W stosunku do badanych wyselekcjonowanych niesteroidowych leków przeciwzapalnych stwierdzono, iż to nimesulid i indometacyna wykazują najsilniejsze spośród testowanych substancji działanie modulujące metabolizm spichrzanych związków u chorych na LChS;

Ad3. Wykazanie roli poliadenylacji RNA w regulacji ekspresji genów bakteriofagów kodujących toksyny Shiga;

Ad4. Identyfikacja kluczowych transkryptów i białek biorących udział w molekularnych mechanizmach odpowiedzi na czynniki stresowe;

Ad5. Opracowanie metod syntezy nanocząstek tlenków metali oraz metali szlachetnych.

Wykorzystanie uzyskanych wyników

Otrzymane wyniki były prezentowane na konferencjach naukowych i będą podstawą publikacji naukowych. Dokonano również zgłoszenia patentowego: Węgrzyn, G., **Gabig-Cimińska, M.**, Jakóbkiewicz-Banecka, J., **Moskot, M.**, Smolińska, E. (2015), "Identification method of response of patients with psoriasis to genistein treatment, molecular test and the use of gene expression for *in vitro* detection of psoriasis"; registr. no.: PCT/PL2015/000198.

Zdeponowane w GEO NCBI danych ekspresji genomów sumarycznie

1. Gabig-Cimińska, M., Moskot, M. GEO Series accession number GSE34074;
2. Gabig-Cimińska, M., Moskot, M. GEO Series accession number GSE43692;
3. Gabig-Cimińska, M., Mozolewski, P. GEO Series accession number GSE63239;
4. Gabig-Cimińska, M., Moskot, M. GEO Series accession number GSE60971.

Zdeponowane w NCBI genomy bakteryjne sumarycznie

1. Karczewska-Golec, J., Kochanowska-Łyżeń, M., Olszewski, P., Moskot, M., Bałut, M., Piotrowski, A., Golec, P., Szalewska-Pałasz, A. (2015) *Flavobacterium* sp. 316, whole genome shotgun sequencing project, accession no. JYGZ000000000;
2. Kochanowska-Łyżeń, M., Karczewska-Golec, J., Olszewski, P., Moskot, M., Bałut, M., Piotrowski, A., Szalewska-Pałasz, A., Golec, P. (2015) *Paracoccus* sp. 361, whole genome shotgun sequencing project, accession JYGY000000000.

Publikacje

5054, 5062, 5082, 5119, 5135, 5136, 5138, 5147, 5156, 5172, 5183, 3818/A, 3942/A

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

Zespół: prof. dr hab. Maciej Żylicz

Cel badania

Rola białek opiekuńczych w nabywaniu własności onkogennych zmutowanego *TP53* i amplifikacji *MDM2*.

Opis realizowanych prac

1. Udział białek opiekuńczych w nabywaniu chemiooporności komórek nowotworowych zawierających mutacje typu zmiany sensu w genie *TP53*;
2. Udział białka opiekuńczego MDM2 w nabywaniu chemiooporności komórek nowotworowych zawierających delecje genu *TP53*;
3. Indukcja angiogenezy w komórkach nowotworowych pochodzących z raka piersi.

Opis najważniejszych osiągnięć

Ad1. Wykazano, że w komórkach raka piersi i raka płuca podstawowy poziom chemiooporności, w przypadku ekspresji zmienionego na drodze mutacji genu *TP53*, spowodowany jest wzrostem ekspresji genu transportera *ABCC2*, którego białkowy produkt usuwa cytostatyki z komórki. Ponadto, gdy mutacja w genie *TP53* skutkuje zmianą konformacji białka p53 (mp53), komórki nowotworowe są bardziej odporne na chemioterapeutyki (tworzy się kompleks mp53-TAp73 stabilizowany przez białka opiekuńcze) aniżeli komórki, w których ekspresji ulega *TP53* zawierający mutacje kontaktowe (brak kompleksu mp53-TAp73). Nadprodukcja egzogennej białka MDM2 (linia H1299 wywodząca się z niedrobnokomórkowego raka płuca, *TP53*^{-/-}) lub wysoki poziom endogennej MDM2 (linia SKBR3 wywodząca się z raka piersi, *TP53*^{R175H/R175H}) powodują usuwanie białek opiekuńczych HSP70 i HSP40 z kompleksu mp53-TAp73, co skutkuje tworzeniem się trójskładnikowego kompleksu mp53-TAp73-MDM2, który dodatkowo stymuluje chemiooporność. Nutlin-3, inhibitor MDM2, powoduje odwrócenie reakcji, uwolnienie MDM2 z kompleksu i tworzenie kompleksu mp53-TAp73 stabilizowanego przez HSP70 i HSP40. Analiza profilu molekularnego komórek nowotworowych pobranych od pacjentów z rakiem piersi i płuca (baza danych zawarta w TCGA, *The Cancer Genome Atlas*) wykazała, że pacjenci leczeni chemioterapią, których komórki nowotworowe zawierają jednocześnie: mutacje w genie *TP53* i wzrost poziomu mRNA kodującego MDM2, mają znacząco skrócony czas całkowitego przeżycia w stosunku do pozostałych pacjentów dotkniętych nowotworem.

Ad2. Uprzednio wykazano, że niezmienny WT MDM2 w nieobecności p53, stymuluje naprawę dwuniciowych pęknięć DNA spowodowanych obecnością cytostatyków. Obecnie wykazano, że WT MDM2 jest białkiem niestabilnym i po dodaniu radiomimetyku neokarcynostatyny (NCS) ulega degradacji przy udziale proteasomu. Zmienione białko MDM2 K454A z zablokowaną aktywnością opiekuńczą w tych warunkach wykazuje większą stabilność w stosunku do wariantu niezmiennego. Ponadto wyprowadzono stabilne linie komórkowe H1299 (*TP53*^{-/-}) nadprodukujące WT MDM2 i MDM2 K454A, oraz wykazano, stosując technikę monitorowania wzrostu komórek H1299 w czasie rzeczywistym, platforma xCelligence, Real-Time Cell Analyzer), że ekspresja WT MDM2 zmniejsza skutki dodania NCS na wzrost komórek. Obserwuje się częściową chemiooporność komórek nadprodukujących WT MDM2. W przypadku ekspresji wariantu *MDM2* K454A wzrost jest zahamowany i kinetyka reakcji jest podobna do sytuacji gdy dodano NCS bez ekspresji WT MDM2.

Ad3. Uprzednio wykazano, że MALAT1 (długie niekodujące RNA) umożliwia tworzenie się specyficznego kompleksu białek mp53, ID4 oraz ASF/SF2 (czynniki splicingowe z rodziny białek SR biorący udział przy alternatywnym składaniu mRNA *VEGF-A*). Aby potwierdzić wpływ opisanego kompleksu rybonukleoproteinowego na potencjał angiogeny komórek raka piersi, zaprojektowano i otrzymano konstrukty do nadekspresji różnych izoform *VEGF-A*. Otrzymano dwa wektory kontrolne ekspresujące tylko jedną z izoform: proangiogenną *VEGF-A*₁₆₅ lub antyangiogenną *VEGF*_{165b} oraz wektor, do którego dodano ostatni intron rozdzielający eksony 7 i 8. W komórkach, do których wprowadzono taki wektor, powstawać mogą zarówno *VEGF-A*₁₆₅ lub *VEGF-A*_{165b}. Otrzymane wektory zostały wprowadzone do komórek SKBR3. Medium zebrane z tych komórek wykorzystano w teście tworzenia naczyń (ang. *tube formation assay*). W doświadczeniach kontrolnych potwierdzono, że izoforma proangiogenna *VEGF-A*₁₆₅ pobudza komórki endotelialne EA.hy926 do tworzenia naczyń,

natomiast VEGF-A₁₆₅b nie wykazuje takich właściwości. Ponadto wykazano, że VEGF-A₁₆₅b hamuje proangiogenne działanie VEGF-A₁₆₅. Właściwości te były znacząco zredukowane, jeśli w komórkach nowotworowych wyciszono geny *TP53*, *ID4*, *ASF/SF2* lub *MALAT1*. Wysłano hipotezę, że opisywany wyżej mechanizm może wpływać na większą grupę genów równie istotnych w procesie onkogenezy jak VEGF-A. By wytypować geny modulowane zarówno przez zmieniony wariant p53, ID4 i MALAT1 wykorzystano mikromacierze SurePrint G3 Human Exon Microarray (Agilent). Analiza bioinformatyczna uzyskanych wyników pozwoliła na wyłonienie grupy 29 genów, które były wspólne dla zmutowanego *TP53*, *ID4* i *MALAT1* i, w których nastąpiła zmiana w składaniu transkryptu. Część z tych genów jest odpowiedzialna za adhezję i ruchliwość komórek, więc potencjalnie mogą być istotne w rozwoju nowotworów. Stwierdzono również, że zmutowane *TP53* i *ID4* modulują ekspresję genów kodujących różne białka wchodzące w skład spliceosomu.

Wykorzystanie uzyskanych wyników

Przygotowano dwa manuskrypty prac oraz obronę doktoratu na temat „MDM2 w niestabilności genomowej komórek nowotworowych” – Marta Małuszek. Obrona dwóch następnych doktoratów Zuzanny Tracz-Gołaszewskiej i Magdaleny Prusko przewidywane są w 2016 r. Wyniki pracy Tracz-Gołaszewskiej były referowane na „7th International Conference of Contemporary Oncology” w Poznaniu (marzec, 2015)

Publikacje

809/N

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

Zespół: dr hab. Małgorzata Łobocka, doktoranci: mgr Aleksandra Głowacka, mgr Tomasz Walter, mgr Agnieszka Kielan, mgr Agnieszka Zalewska

Cel badania

Poznanie molekularnych mechanizmów działania systemu aktywnej segregacji (partycji) modelowego plazmidu-profaga P1 oraz jego udziału w stabilnym utrzymaniu plazmidu w komórkach różnych gospodarzy, a także określenie minimalnych wymogów stabilizacji heterologicznych plazmidów z udziałem tego systemu.

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 PAN badano losy P1 po zainfekowaniu komórek środowiskowych izolatów rodzaju *Pantoea* i *Pseudomonas*. W przypadku *Pseudomonas* uzyskano jedynie dowody abortywnej infekcji, w przypadku *Pantoea* wykazano możliwość wykorzystania P1 jako wektora do wprowadzania heterologicznego DNA do komórek tej bakterii. Kontynuowano badania nad udziałem poszczególnych elementów systemu lizy faga P1 w regulacji procesu uwalniania bakteriofagów potomnych po indukcji rozwoju litycznego profaga. Wykazano funkcjonalność w procesie lizy dwóch poprzednio zidentyfikowanych genów kodujących holiny. Przeprowadzono analizę wyników obserwacji mikroskopowych wskazujących na relokację w komórce przez białko ParB P1 plazmidów o replikonie typu pSC101 z wstawionym rejonem centromerowym P1, *parS*. Na podstawie wyników analiz rozszerzono proponowany poprzednio model destabilizującego działania ParB oparty o transkrypcyjne wyciszanie genów z udziałem tego białka, o dodatkowy element uwzględniający konkurencję ParB z własnymi białkami heterologicznych plazmidów uczestniczącymi w ich aktywnej segregacji. Przygotowano wahadłowy wektor do badania możliwości stabilizacji plazmidów bakterii Gram-dodatnich przez system partycji P1.

Opis najważniejszych osiągnięć

Wykazanie funkcjonalności nowych potencjalnych holin P1 oraz ich udziału w procesie lizy komórek. Rozszerzenie modelu wyjaśniającego mechanizm destabilizacji heterologicznych plazmidów niosących kasetę partycyjną P1 przez białko ParB.

Wykorzystanie uzyskanych wyników

Zgłoszenia patentowe do Europejskiego Urzędu Patentowego: PCT/IB2015/056510, PCT/IB2015/056606, PCT/IB2015/056607.

Publikacje

5175, 3862/A, 3864/A, 3869/A, 3870/A, 3871/A, 3872/A, 3873/A, 3874/A, 3876/A, 3877/A, 645/N

Temat nr 34: Udział struktur chromatynowych w regulacji transkrypcji genów

Zespół: prof. dr hab. Andrzej Jerzmanowski, dr hab. Marta Koblowska; dr hab. Tomasz Sarnowski, dr Roksana Iwanicka-Nowicka; dr Kinga Rutowicz, dr Szymon Świeżewski, mgr Maciej Lirski, mgr Magda Kroteń, mgr Katarzyna Wawerska, mgr Małgorzata Tybor, dr Anna Maassen, dr Szymon Kubala, mgr Sebastian Sacharowski, mgr Dominika Gratkowska, mgr inż. Paweł Ćwiek, mgr Dorota Zugaj, inż. Paulina Kondrak, inż. Monika Cieśla, inż. Klaudia Kogut, dr Ruslan Yetushevich, dr Lien Brzeźniak, mgr. Justyna Kowalczyk, mgr. Małgorzata Cyrek, mgr. Halina Fedak, mgr. Agata Wróblewska, mgr. Katarzyna Krzyczmonik, mgr. Grzegorz Brzyżek, dr. Krzysztof Kokoszka.

Cel badania

Ustalenie molekularnych mechanizmów działających na poziomie chromatyny, odpowiedzialnych za koordynację wzrostu, rozwoju i procesów adaptacji roślin do środowiska. Określenie udziału tych mechanizmów w kontroli podstawowych procesów metabolicznych. Poznanie mechanizmów regulacji czasu spoczynkowego nasion.

Opis realizowanych prac

Badano udział przebudowy chromatyny w kontroli genów odpowiedzialnych za rozwój organów wegetatywnych i generatywnych poprzez regulację dystrybucji i stężenia hormonów, w warunkach normalnych oraz w warunkach działania złożonych stresów abiotycznych. Badano role mechanizmów regulacji transkrypcji w tym przez regulację struktury chromatyny w regulacji genu DOG1 kluczowego regulatora czasu spoczynkowego nasion. Badano rolę przebudowy chromatyny w kontroli podstawowych procesów metabolicznych.

Opis najważniejszych osiągnięć

1) Wykazano, że specyficzny dla roślin wariant histonu H1, który wyewoluował około 140 milionów lat temu wraz z powstaniem roślin kwiatowych, pełni kluczową rolę w adaptacji do złożonych zmian środowiskowych i warunkuje zależną od nich metylację DNA; 2) Ustalono rolę konserwowanych ewolucyjnie podjednostek SWP73 kompleksu SWI/SNF remodelującego chromatynę, w kontroli rozwoju u Arabidopsis. 3) Określono funkcję kompleksów SWI/SNF w odpowiedzi Arabidopsis na działanie podwyższonej temperatury oraz chłodu. 4) Wykazano istotną rolę kompleksów SWI/SNF w kontroli procesów metabolicznych. 5) Opisano alternatywną poliadenylacji genu DOG1. 6) Opisano mechanizm regulacji tempa transkrypcji na genie DOG1 w sposób zależny od wydajności splicingu.

Wykorzystanie uzyskanych wyników

Kontynuacja badań.

Publikacje

5101, 5152, 5040, 5152. 3848A, 3852/A, 3857/A, 3858/A, 3860/A, 3884/A, 3918/A, 3919/A, 3921/A, 3938/A, 3964/A, 3965/A, 3966/A, 3967/A, 3968/A, 3972/A, 3973/A, 3974/A, 3975/A, 3886/A, 3913/A3955/A, 3973/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, doktorantki: mgr Róża Sawicka, mgr Barbara Kalenik

Cel badania

Celem badań było sprawdzenie aktywności chimerycznego białka CMTI::GM-CSF oraz ocena jego skuteczności *in vivo*, jako adjuwanta w przygotowywanej szczepionce DNA przeciwko wirusowi grypy H5N1. Wyprodukowane w roślinach rekombinowane białko CMTI::GM-CSF złożone jest z mysiego czynnika stymulującego tworzenie kolonii granulocytów i makrofagów (mGM-CSF) i inhibitora proteaz CMTI-I (ang. *cucurbita maxima trypsin inhibitor I*).

Opis realizowanych prac

Prace prowadzone w okresie sprawozdawczym są rozszerzeniem i uzupełnieniem prowadzonych przez grupę szeroko zakrojonych badań nad szczepionką DNA przeciwko wirusowi grypy oraz metodach wykrywania wirusa grypy. Badania opisane poniżej koncentrują się nad uzyskaniem skutecznego, bezpiecznego dla immunizowanego gospodarza oraz ekonomicznego w produkcji adjuwanta, który zdolny byłby do wzmocnienia odpowiedzi na szczepionkę DNA oraz uzyskania skutecznej odpowiedzi immunologicznej chroniącej przed zakażeniem nowymi wariantami wirusa grypy. Możliwość taką zapewnia wykorzystanie systemów roślinnych do produkcji białek o znaczeniu terapeutycznym. Białko fuzyjne CMTI::mGMCSF zostało w naszym laboratorium wyprodukowane zarówno w stabilnie transformowanych roślinach jak i w roślinnym systemie ekspresji przejściowej. Zostało ono oczyszczone z wykorzystaniem etykiety 6xHis, oznaczono jego stężenie i czystość. Nasze wcześniejsze badania wykazały, że białka fuzyjne z GM-CSF są bardziej odporne na trawienie trypsyną i proteinazą K w warunkach *in vitro*. Ustalono schemat immunizacji myszy (dwukrotna immunizacja), przygotowano preparaty do szczepień zawierające szczepionkowy plazmid z nośnikiem lipidowym (Lipofectin) oraz rekombinowane białko CMTI::GM-CSF. Testowano różne dawki szczepionki różniące się stężeniem białka fuzyjnego. W immunizacji kontrolnej wykorzystano także plazmid kodujący białko fuzyjne CMTI::GM-CSF, który podano łącznie z plazmidem szczepionkowym, kodującym antygen wirusa H5N1. Efekty immunizacji oszacowano testem ELISA i cytometrią przepływową. Stwierdzono różny poziom odpowiedzi humoralnej i komórkowej w zależności od użytego preparatu do szczepień.

Opis najważniejszych osiągnięć

Oczyszczone z roślin białko chimeryczne CMTI::GM-CSF zostało przetestowane w szczepieniach myszy przeciwko wirusowi grypy.

Wykorzystanie uzyskanych wyników

Wyniki badań zostaną wykorzystane w publikacjach naukowych.

Publikacje

5030, 5130, 5142, 3960/A, 3961/A

Temat nr 36: Metody informatyczne w biologii molekularnej

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

Cel badania

Zastosowanie metod bioinformatycznych do rozwiązywania problemów biologii molekularnej.

Opis realizowanych prac

Kontynuowano pracę nad projektem, który zakłada iż specyficzna cząsteczka miRNA pochodząca z liści kapusty głowiastej odpowiada za przeciwzapalne właściwości tej rośliny. W pierwszym etapie opisywanego projektu wyznaczono, wykorzystując narzędzia bioinformatyczne, cząsteczkę miR172 która oddziałuje z mRNA kodującym białko FAN. Białko to poprzez interakcję z domeną NSD receptora TNF-R1 moduluje ekspresję genów indukowanych przez czynnik TNF- α , w tym białka pro-zapalne takie jak IL-6 czy CXCL-2. W poprzednich dwóch latach, wpływ obecności cząsteczki miR172 na proliferację oraz fenotyp ludzkich komórek MNC, a także na poziom białka FAN w komórkach PBMC potwierdzony został wynikami analiz *in vitro*. W roku 2015 przeprowadzono kolejne eksperymenty *in vitro*, które wykazały iż obecność tejże cząsteczki (w formie dupleksu) obniża poziom białka FAN w ludzkich fibroblastach oraz w mysich embrionalnych fibroblastach. W związku z tak zadowalającymi wynikami, w nadchodzącym roku planowane są doświadczenia *in vivo* na myszach. Opis wykonanych analiz oraz wpływu dupleksu cząsteczki miR172 na ludzkie fibroblasty zawarty został w zgłoszonym do UP wniosku patentowym (nr wniosku P.413560).

Ukończono i opublikowano pracę nad projektem w którym analizowane było zjawisko dominacji genetycznej w kontekście interakcji genetycznych. Rozpoczęto projekt dotyczący hypofosfatemii – analiza dostępnych danych literaturowych w celu znalezienia potencjalnych markerów biochemicznych w moczu różnicujących hypofosfatemie o różnych etiologiach. Kontynuowano współpracę dotyczącą sąsiedztwa genomycznego transpozonów wykrytych w genomach grzybowych.

Opis najważniejszych osiągnięć

Wykorzystanie uzyskanych wyników

Zgłoszony do UP wniosek patentowy nr P.413560.

Publikacje

5078, 5100, 5102, 5133, 5164, 3890/A

Temat nr 37: Mechanizmy kontrolujące proces patogenezy komórek roślinnych

Zespół: prof. dr hab. Jacek Hennig, dr Marta Grech-Baran, dr Małgorzata Lichocka, mgr I. Barymow-Filoniuk, mgr D. Kamrowska, mgr Karolina Morgiewicz, mgr inż. Wojciech Rymaszewski.

Cel badania

Kontynuowano badania mechanizmów obronnych włączanych podczas odpowiedzi obronnej roślin Ziemniaka uprawnego (*Solanum tuberosum* L.) na infekcję wirusem Y ziemniaka (Potato Virus Y, PVY). Ponadto, rozpoczęto badania nad określeniem funkcji białek z rodziny aneksyn *Arabidopsis thaliana* (aneksyny-5) w procesie rozwoju organów generatywnych roślin.

Opis realizowanych prac

Wśród kilku opisanych typów odporności na infekcje PVY, reakcja krańcowej odporności (ang. *Extreme Resistance*, ER) wydaje się mieć szczególnie duże znaczenie dla hodowli i uprawy ziemniaka. Naszym głównym celem było uzyskanie danych na temat zmian zachodzących w transkryptomie microRNA podczas odpowiedzi ER po infekcji PVY. Do wykonania globalnej analizy transkryptomu microRNA wykorzystano zestaw technik NGS (ang. Next-Generation Sequencing). W toku przeprowadzonej analizy udało się zidentyfikować 137 rodzin microRNA, wśród których znaleźli się zarówno przedstawiciele rodzin konserwowanych (występujących w wielu gatunkach roślin), jak i microRNA specyficzne wyłącznie dla ziemniaka. Dla 42 rodzin microRNA stwierdzono statystycznie istotną różnicę w ekspresji po infekcji PVY w stosunku do warunków kontrolnych. Czternaście z nich może być zaangażowanych w różne etapy odpowiedzi obronnej po infekcjach patogennych. Są to: miR396, miR482, miR6023, miR6024, miR6025, miR6026, miR6027, miR6148, miR6150, miR6153, miR7981, miR7984, miR7985, miR8001. Zastosowanie programu psRNATarget (<http://plantgrn.noble.org/psRNATarget/>) umożliwiło wytypowanie białek docelowych dla poszczególnych klas microRNA. Analiza ta wykazała, że zwiększony poziom miR6026 może regulować poziom białka Prf. Białko to podczas reakcji obronnej roślin oddziałuje z białkiem HC-Pro, to jest białkiem charakterystycznym dla potywirusów (rodzina wirusów do której należy PVY). Dalsza analiza funkcji poszczególnych rodzin microRNA jest kontynuowana.

Uzyskano homozygotyczne linie *Arabidopsis thaliana* o drastycznie zmniejszonej, jak i konstytutywnie wysokiej ekspresji genu *AnnAt5*. Szczegółowa analiza fenotypu roślin *A. thaliana* o zmienionej ekspresji genu *AnnAt5* jest w toku.

Opis najważniejszych osiągnięć

Wykonanie globalnej analizy ekspresji microRNA w roślinach ziemniaka podczas odpowiedzi obronnej typu ER. W przypadku 42 rodzin microRNA stwierdzono, że dochodzi do znaczących zmian w poziomie ich transkrypcji.

Wykorzystanie uzyskanych wyników

Wyniki badań zostaną wykorzystane w publikacjach naukowych.

Publikacje

5102, 5160, 3957/A

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

Zespół: dr Bożenna Rempola

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 była identyfikacja białek oddziałujących z Nus1p.

Opis realizowanych prac

Szukając genetycznych powiązań białka Nus1z innymi białkami z *S. cerevisiae* wyizolowano wcześniej, metodą zastąpienia uracylowego plazmidu niosącego gen *NUS1* w szczepie $\Delta nus1$ [pURA3-*NUS1*] przez wielokopijny leucynowy plazmid z biblioteki genów *Saccharomyces cerevisiae*, około 60. żywotnych klonów. Dokładna analiza uzyskanych potencjalnych supresorów nie doprowadziła do identyfikacji genów, innych niż *NUS1*, znoszących efekt fenotypowy mutacji $\Delta nus1$.

W związku z przejściem na emeryturę z dniem 31.07.2015 r. temat zamknięto.

Temat nr 39: Badania polimorfizmu mitochondrialnego DNA w populacji polskiej

Zespół: prof. dr hab. Ewa Bartnik

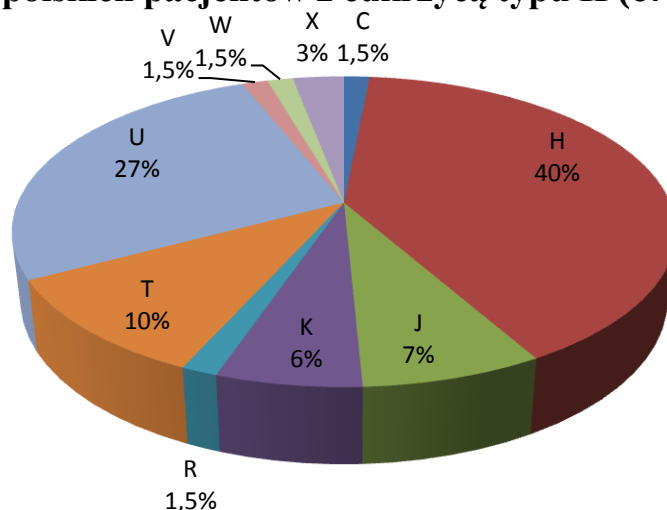
Cel badania

Badanie haplogrup mitochondrialnych w populacji polskiej.

Opis realizowanych prac

Wiele badań sugeruje udział wariantów sekwencji oraz zestawów specyficznych polimorfizmów mitochondrialnego DNA (haplogrupy mitochondrialne) w rozwoju złożonych, wieloczynnikowych chorób metabolicznych człowieka, jak np. cukrzyca typu 2. Z wykorzystaniem opracowanej w naszej pracowni metody sekwencjonowania wysokoprzepustowego całych genomów mitochondrialnych na platformie MiSeq, Illumina, zidentyfikowano warianty mtDNA i określono haplogrupę mitochondrialną dla 67. pacjentów polskiego pochodzenia (36 kobiet i 31 mężczyzn) z cukrzycą typu II. Procentowy rozkład haplogrup mitochondrialnych przedstawiono na diagramie poniżej.

Rozkład haplogrup mitochondrialnych w grupie polskich pacjentów z cukrzycą typu II (67)



Rozkład haplogrup mitochondrialnych w grupie pacjentów nie odbiega znacząco od rozkładu dla grup kontrolnych polskiego pochodzenia publikowanych w literaturze, ale niezbędna jest analiza własnej, dopasowanej grupy kontrolnej dla ostatecznego potwierdzenia braku asocjacji z chorobą. Ponadto w badanej grupie pacjentów zidentyfikowano wiele rzadkich i nowych wariantów mtDNA, których charakter i znaczenie w rozwoju cukrzycy typu II jest nadal badane.

Opis najważniejszych osiągnięć

Określenie haplogrupy mitochondrialnej oraz identyfikacja wariantów mtDNA dla 67 pacjentów z cukrzycą typu II.

Wykorzystanie uzyskanych wyników

Wyniki badań zostaną wykorzystane w publikacjach naukowych.

Publikacje

5022, 5035, 5041, 5079, 5095, 5116, 5118, 5132, 5174

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, dr Konrad Kosicki (UW), mgr Somayeh Shahmoradi Ghahe (doktorant UW)

Cel badania

Wpływ metabolizmu komórkowego na przebieg chorób związanych z dysfunkcją naprawy DNA jest zagadnieniem stosunkowo słabo zbadanym. Badano znaczenie peroksydacji lipidów na przebieg chorób związanych z dysfunkcją naprawy DNA, a także wpływ naprawy DNA na rezultat terapii przeciwnowotworowych. Poszukiwano także związków zwiększających skuteczność tych terapii.

Opis realizowanych prac

Badano wpływ produktów peroksydacji lipidów (LPO), 4-hydroksynonenalu (HNE), aldehydu krotonowego (CRO) i akroleiny (ACR), a także stężenia tlenu na przebieg zespołu przedwczesnego starzenia z upośledzoną endonukleazą ERCC1/XPF, a także zespołu niedokrwiłości Fanconiego (FA) z dysfunkcją białek FANCD2 i FANCD1. Prowadzono badania nad obrazowaniem dynamiki replikacji w ludzkich fibroblastach i komórkach HeLa pod wpływem działania HNE za pomocą techniki immunofluorescencyjnej wizualizacji włókien DNA. Kontynuowano też eksperymenty nad wpływem produktów LPO na sygnalizację uszkodzeń DNA, cykl komórkowy i indukcję senescencji w celu określenia różnicy w działaniu stosowanych aldehydów na linii *FANCD2*^{-/-}, *FANCD1*^{-/-} oraz kontrolne. Zbadano także wpływ inhibitorów różnych systemów naprawy DNA na wrażliwość komórek nowotworowych na terapię fotodynamiczną.

Opis najważniejszych osiągnięć

Badając wpływ stresu oksydacyjnego i peroksydacji lipidów na przebieg zespołu przedwczesnego starzenia z powodu dysfunkcji endonukleazy ERCC1/XPF zaobserwowano, że komórki *ERCC1*^{-/-} mają wyższy poziom 5-hydroksymetylocytozyny oraz 5-hydroksymetylouracylu w stosunku do komórek typu dzikiego (WT), a w obu genotypach poziom 8-oksyGua w DNA jest podobny gdy hodowane są one w 3% tlenu, ale wzrasta gdy komórki rosną w 21% tlenu, nieznacznie bardziej w komórkach *ERCC1*^{-/-}. W 21% O₂ w komórkach *ERCC1*^{-/-} zaobserwowano też zwiększoną stabilizację białka TP53 i senescencję w stosunku do komórek WT. Wyniki te sugerują, że przedwczesne starzenie myszy *Ercc1*^{-/-} może być spowodowane między innymi przez oksydacyjne uszkodzenia DNA oraz deregulację ekspresji genów.

Badając rolę LPO w przebiegu zespołu Fanconiego wykazano silniejsze spowolnienia replikacji w linii *FANCD2*^{-/-} niż kontrolnej *FANCD2* *MH* (genotyp przywrócony) po potraktowaniu HNE, CRO i AKR. Różnice w prędkości replikacji pomiędzy badanymi liniami utrzymywały się do 24h. HNE w linii HeLa spowodował ok. 10-procentowy wzrost liczby zablokowanych widełek replikacyjnych w stosunku do kontroli. Zaobserwowano także zaburzenia w sygnalizacji obecności uszkodzeń DNA przez HNE. Do 6 h od potraktowania komórek HeLa przez HNE system odpowiedzi na uszkodzenia DNA (DDR) był zablokowany. Nie następowała aktywacja kinaz Chk2, Chk1, SMC1, KAP1 ani białka RPA, a to powodowało blokowanie cyklu komórkowego na granicy faz G2/M i nasiloną apoptozę. Wyniki te rzucają nowe światło na mechanizm starzenia i chorób degeneracyjnych pod wpływem stresu oksydacyjnego.

Badając rolę naprawy DNA w oporności na terapię fotodynamiczną (PDT), w której fotouczulacz i światło widzialne generują reaktywne formy tlenu zabijające komórki, wyizolowano linie nowotworów mózgu (U87) i szyjki macicy (HeLa, SKGIIIa) odporne na PDT. Wykazano, że inhibitory polimerazy poli(ADP-rybozy)1, AP-endonukleazy, APE1 oraz kinazy ATM uwrażliwiają linie odporne na PDT, jednak w zróżnicowany sposób.

Wykorzystanie uzyskanych wyników

Uzyskane wyniki wykorzystano w komunikatach zjazdowych i będą opisane w publikacjach.

Publikacje

5088, 3846/A, 3879/A, 3883/A, 3896/A, 3897/A

Temat nr 42: Mutacje indukowane i adaptacyjne

Zespół: prof. dr hab. Elżbieta Grzesiuk, dr hab. Anna Sikora, dr Jadwiga Nieminuszczy, dr Michał Wrzesiński, dr Damian Mielecki, dr Aleksandra Chojnacka, mgr Jan Piwowski, mgr Tomasz Pilzys, mgr Michał Marcinkowski, mgr Anna Detman, mgr Damian Garbicz

Cel badania

Realizowano następujące cele: 1. Określenie udziału jonów żelaza w naprawie uszkodzeń alkilacyjnych w DNA; 2. Opracowanie nowej metody analizy białek w moczu; 3. Określenie właściwości antynowotworowych nowych pochodnych stilbenów i oksepin; 4. Określenie odpowiedzi bakterii *Pseudomonas putida* KT2440 i *Shewanella oneidensis* MR-1 na czynniki alkilujące MMS, MNNG i cis-platynę.

Opis realizowanych prac

1. Wykryto nowy szlak naprawy uszkodzeń alkilacyjnych polegający na dealkilacji dNTP w puli nukleotydowej *E. coli*, niezależny od białka AlkB, angażujący jony żelaza. Praca została opublikowana w Mutat Res 778, 52-60, 2015;
2. Ogólnie stosowane w diagnostyce badania moczu analizują próbki odwirowane, co prowadzi do eliminacji wielu białek, szczególnie agregujących, co charakteryzuje stany chorobowe. Opracowaliśmy nową metodę diagnostyczną z użyciem moczu niewirowanego, którą zastrzeżliśmy zgłoszeniem patentowym „Sposób analizy białek w moczu” P.415033;
3. Praca jest realizowana we współpracy z Wydziałem Chemii PW (dwa zgłoszenia patentowe, P.412489 i P.412490 w załączeniu). Wykorzystując testy proliferacji (AlamarBlue, BrdU incorporation) oraz analizę Western-blot wybranych kaspaz i PARP, przebadano 15 pochodnych stilbenów i oksepin. Trzy spośród nich wykazały podwyższoną aktywność antyproliferacyjną w stosunku do linii nowotworowych HeLa oraz U87;
4. Badania prowadzono w warunkach tlenowych i beztlenowych i stwierdzono znacznie obniżone przeżycie bakterii po działaniu MMS w warunkach beztlenowych, brak wrażliwości na cis-platynę i bardzo zmienną odpowiedź na MNNG.

Opis najważniejszych osiągnięć

Odkrycie nowej metody analizy białek w moczu – zgłoszenie patentowe P.415033.

Wykorzystanie uzyskanych wyników

Uzyskane wyniki są wykorzystywane do przygotowania patentów, publikacji oraz prac magisterskich, doktorskich i habilitacji.

Publikacje

5046, 5093, 5165, 5078, 5108, 5058, 5067, 3855/A, 3860/A, 3878/A, 3892/A, 3893/A, 3894/A, 3895/A, 3898/A, 3899/A, 3934/A, 3976/A, 815/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, dr Adam Kawalek, mgr Ewa Lewicka (Słoniewska), mgr Paulina Jęcz, mgr Marta Ludwiczak

Cel badania

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

Opis realizowanych prac

Kontynuowano badania nad mechanizmami stabilności plazmidów BHR analizując właściwości stabilizacyjne licznych wariantów delecyjnych modułu stabilizacyjnego RA3 w *Escherichia coli*, po sklonowaniu tych wariantów do niestabilnego wektora o wąskim zakresie gospodarzy. Przygotowano niestabilny wektor o szerokim spektrum gospodarzy do przeklonowania tych kaset, w celu sprawdzenia funkcji poszczególnych genów w stabilizacji plazmidów w różnych gospodarzach. Skonstruowane warianty delecyjne regionu stabilizacyjnego RA3 były analizowane z wykorzystaniem RT-qPCR, aby rozstrzygnąć, czy zachodzi proces przechodzenia polimerazy RNA (ang. *reading through*) przez cały dziesięciogenowy moduł stabilizacyjny.

Poprzednie badania transkryptomyczne w fazie wzrostu logarytmicznego mutantów *P. aeruginosa parA*, *parB* czy *parS_{null}* (pozbawionego 10. głównych miejsc wiązania ParB w chromosomie) sugerowały funkcje ParA i ParB jako globalnych regulatorów transkrypcji. Kontynuowano analizę transkryptomów mutantów w pojedynczych sekwencjach *parS* (lub ich kombinacjach). Opracowano warunki immunoprecypitacji DNA (ChIP) z przeciwciałami anti-ParB do przeprowadzenia analizy ChIP-seq, aby zidentyfikować inne miejsca wiązania ParB w chromosomie poza głównymi sekwencjami *parS*. Skonstruowano kolejne fuzje transkrypcyjne między wybranymi regionami promotorowymi, a *lacZ* i badano zależność ekspresji genów od obecności białek Par. Metodą EMSA analizowano wiązanie oczyszczonego białka ParB do regionów promotorowych regulowanych genów. Przeszukiwano bibliotekę genów *P. aeruginosa* w systemie BACTH i stosowano immunoprecypitację (przeciwciała anti-ParB) w celu znalezienia partnerów ParB i ParA.

Opis najważniejszych osiągnięć

1. Potwierdzono możliwość tworzenia różnych transkryptów dla poszczególnych genów regionu stabilizacyjnego plazmidu RA3, a tym samym istnienie dodatkowego poziomu regulacji ekspresji genów tego modułu (ang. *transcript dosage*);
2. Analiza transkryptomiczna szczepu dzikiego *P. aeruginosa* i dwóch mutantów *parA* i *parB* w fazie stacjonarnej wykazała, że globalne zmiany w regulacji ekspresji genów w mutantach *par* obserwowane w fazie logarytmicznej (wcześniejsze wyniki) są znamienne dla szczepu dzikiego w fazie stacjonarnej.
3. Wytypowano szereg potencjalnych partnerów ParB z *P. aeruginosa*, a następnie dla wybranych partnerów potwierdzono ich oddziaływanie alternatywnymi metodami.

Wykorzystanie uzyskanych wyników

Uzyskane wyniki badań znalazły się w publikacji naukowej, dwóch prac doktorskich i jednej magisterskiej oraz są podstawą doniesienia zjazdowego.

Publikacje

5066, 820/N, 824/N, 832/N, 3861/A

Temat nr 44: Środowiskowe Laboratorium Magnetycznego Rezonansu Jądrowego

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

Cel badania

1. Zastosowanie NMR do wyznaczania struktury i dynamiki białek i peptydów; Wyjaśnienie zmiany powinowactwa białka S100A1 do jonów wapnia na skutek tonylacji cysteiny C85. Wyznaczenie struktury BacSp222, bakteriocyny z *Staphylococcus pseudintermedius*. Wyznaczenie struktur modyfikowanych deltorfyny I i dermorfyny;
2. Badania struktury, oddziaływania i mechanizmów przekształcania prostych związków o znaczeniu biologicznym; Wyznaczanie struktury prostych peptydów, nukleotydów, skwalenów, steroidów, leków przeciwnowotworowych oraz badanie mechanizmów reakcji prowadzących do ich otrzymywania. Oddziaływania międzycząsteczkowe w roztworach;
3. Zastosowania medyczne badań NMR płynów ustrojowych i ekstraktów tkankowych; Zastosowania medyczne badań NMR składu płynów ustrojowych i ekstraktów tkankowych w metabolomice chorób serca – chorobie wieńcowej i chorobie zastawkowej.

Opis realizowanych prac

Ad1. Publikacja analizująca zmianę konformacji białka S100A1 spowodowanej mutacją C85M w przygotowaniu. Widma NMR ^{15}N , ^{13}C znakowanego BacSp222 są w trakcie analizy. Manuskrypt dotyczący modyfikowanych pochodnych deltorfyny I został zaakceptowany. Manuskrypt dotyczący pochodnych dermorfyny znajduje się w opracowaniu;

Ad2. Publikacja dotycząca przegrupowań w prawdopodobnych inhibitorach kinazy tyrozynowej, w uzupełnieniach wysłana po recenzjach. Manuskrypt publikacji dotyczącej rozdziału dynamicznego kinetycznego obejmujący enacjo-selektywne acetylowanie hydroksyketonów z udziałem lipazy *Candida antarctica* został wysłany do wydawcy;

Ad3. Wykonano widma protonowe ekstraktów lipidowych surowicy krwi chorych zwiększając grupy odpowiednio do 30 i 20 (chorych) oraz analizę dyskryminacyjną profilu lipidowego obu grup chorych z prawdopodobieństwem 90%.

Opis najważniejszych osiągnięć

Ad1. Nowe analogi deltorfyny I wykazują zróżnicowane powinowactwo do opioidowych receptorów δ zależne od konfiguracji α , α -dipodstawionych reszt aminokwasowych;

Ad2. Dokonano identyfikacji nowych krótkich łańcuchowych poliprenoli w trzech szczepach drożdży (SS328, BY4741 and L5366);

Ad3. Ustalono, że profil lipidowy pozwala na rozróżnienie chorób wieńcowej i zastawkowej.

Wykorzystanie uzyskanych wyników

Ad1. Uzyskane wyniki znalazły się w dwóch opublikowanych pracach naukowych. Kolejne trzy publikacje znajdują się w przygotowaniu;

Ad2. Uzyskane wyniki zostały zamieszczone w dwóch publikacjach naukowych;

Ad3. Wyniki przedstawiono w doniesieniu konferencyjnym. Dwie publikacje znajdują się w przygotowaniu.

Publikacje

5036, 5071, 5073, 5123, 5139, 5159, 3812/A, 3814/A, 3845/A, 3851/A, 3946/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 Marta Stępniewska-Dziubińska, mgr Maciej Wójcikowski, mgr Norbert Odolczyk

Cel badania

Zastosowanie metod modelowania molekularnego do przewidywania struktury i funkcji biopolimerów.

Opis realizowanych prac

Hem12 – dehydrogenaza cytoplazmatycznego uroporfirynogenu jest jednym z ważnych enzymów biosyntezy hemu. Skonstruowano przestrzenny model struktury homodimeru drożdżowego Hem12 a także na podstawie porównania sekwencji aminokwasowych z różnych organizmów znaleziono wysoce zachowawcze lizyny. Wykorzystując model struktury Hem12 wytypowano takie lizyny, które leżą na powierzchni i mogą być targetami dla ubiquitynacji. To posłużyło do zaprojektowania punktowych mutacji i zaprezentowania, że mutacja K8A prowadzi do zahamowania wzrostu komórek.

Drożdżowy enzym Rsp5 jest ligazą ubiquitynową o modularnej architekturze typowej dla tego typu białek. Na podstawie modelowania molekularnego pokazano, jakie zmiany w strukturze fragmentu katalitycznego zachodzą pod wpływem mutacji T761D, T761A i L733S. Dzięki tym mutacjom pokazano, że fosforylacja (oraz jej regulacja) w pozycji T761 jest ważna dla lokalizacji komórkowej Rsp5.

Stworzone zostało oprogramowanie Open Drug Discovery Toolkit (ODDT); opublikowano je na wolnej licencji BSD (<https://github.com/oddt/oddt>). Oprogramowanie zostało opisane w czasopiśmie *Journal of Cheminformatics* (zyskało status *Highly Accessed*). Oprogramowanie ma ułatwić tworzenie procedur do modelowania molekularnego, oceny interakcji pomiędzy ligandem a białkiem oraz być bazą dla dalszego rozwijania projektu o nowe funkcjonalności i algorytmy stosowane w projektowaniu leków.

W ramach projektu opracowano nowy sposób reprezentowania farmakoforu oraz heurystyczne algorytmy umożliwiające wydajne porównywanie tak zdefiniowanych modeli. Opracowana metoda została zaimplementowana w języku Python i udostępniona jako pakiet DeCAF (<https://bitbucket.org/marta-sd/decaf/>). Pakiet DeCAF został wykorzystany do przewidywania bioaktywności cząsteczek chemicznych i przetestowany na danych z baz DUD-E oraz ChEMBL.

Opis najważniejszych osiągnięć

Wykorzystanie uzyskanych wyników

ODDT udostępnione w sieci jako oprogramowanie otwarte.

Publikacje

5104, 5129, 5152, 5161

Temat nr 48: Badania wczesnych etapów związania i agregacji białek

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

Cel badania

Temat poświęcony jest badaniom własności strukturalnych białkowych układów o tendencjach agregacyjnych. Białkowe układy agregujące często związane są z powstawaniem amyloidoz. Najważniejszym obiektem badawczym są oligomery peptydu A β , związanego z chorobą Alzheimera, najczęściej występującym schorzeniem neurodegeneracyjnym. Obecnie uważa się, że choroba ta powodowana jest przez agregację peptydu amyloidowego (A β) w tkance mózgowej. Mechanizm choroby oraz czynniki inicjujące agregację A β nie zostały do końca wyjaśnione. W świetle ostatnich doniesień, głównym czynnikiem odpowiedzialnym za powstawanie i rozwój choroby Alzheimera, wydają się być oligomery peptydu A β . Zespół bada wpływ różnych podstawień i modyfikacji peptydu na zmiany przekroju czynnego różnych form oligomerycznych. Prowadzone są badania struktury oligomerów peptydu A β i jego różnorodnych wariantów w oparciu o dane uzyskane w spektrometrii mobilności jonów sprzężonej ze spektrometrią mas (IMS-MS) oraz inne nowoczesne metody spektrometrii mas, takie jak śledzenie wymiany proton-deuter w roztworze i w fazie gazowej. Metody te stosowane są także do innych układów agregujących takich jak białka filamentu pośredniego i białka natywnie nieustrukturowane.

Opis realizowanych prac

Uzyskano nową serię punktowych mutantów peptydu A β , tym razem skupiając się na pozycjach histydyn 6,13,14 ponieważ reszty te uczestniczą w wiązaniu jonów metali (Cu, Zn) do peptydu. Prowadzono analizy mobilności jonów dla oligomerów tych wariantów w obecności metali, porównując te wyniki z danymi uzyskanymi poprzednio dla innych mutantów i formy WT.

Wdrożono też opracowane niedawno procedury pomiarów wymiany proton-deuter w fazie gazowej w celu uzyskania informacji strukturalnej dotyczącej wiązań wodorowych tworzonych przez reszty boczne. Wstępne rezultaty wskazują na istotne zaangażowanie tego typu wiązań w stabilizację struktur oligomerycznych, już na etapie dimerów wymiana jest znacznie opóźniona, a na etapie tetramerów w zasadzie praktycznie ustaje. Jest to bardzo ważny wniosek, jak dotąd rola oddziaływań reszt bocznych w stabilizacji struktur oligomerów A β nie była wyeksponowana, a w świetle uzyskanych wyników może być kluczem do zrozumienia fenomenu oligomeryzacji tego peptydu. Aby przetestować tę hipotezę uzyskano też nadekspresję form rev i scrambled peptydu, odpowiednio o sekwencji odwróconej i zrandomizowanej. Posłużą one do stwierdzenia czy spowolnienie wymiany jest czymś szczególnym dla sekwencji WT.

Spośród innych układów scharakteryzowano, mierząc wzory wymiany proton-deuter (HDex), własności strukturalne różnych form oligomerycznych vimentyny i pary keratyn 8/18, jako białek filamentu pośredniego (5157). Badania te dały podstawę do zaproponowania nowego modelu molekularnego struktur ULF, stadiów pośrednich przy tworzeniu włókien IF, przybliżając tym samym rozstrzygnięcie zagadki formowania włókien IF, wciąż nierozwiązanej od momentu postawienia problemu przez F. Astbury'ego w latach 30-tych zeszłego stulecia. Uzyskano też stosując podejście HDex, lokalizację strukturalnego rdzenia białka Chd64 (5124) i określono miejsce wiązania ligandu do fosforylasy PNP (KAZAŻIĆ S., BERTOŠA B., LUIĆ M., MIKLEUŠEVIĆ G., TARNOWSKI K., DADLEZ M., NARCZYK M., BZOWSKA A. New insights into active site conformation dynamics of *E. coli* PNP revealed by combined H/D exchange approach and molecular dynamics simulations. Journal of the American Society for Mass Spectrometry (2016) 27(1): 73-82 DOI: 10.1007/s13361-015-1239-2).

Opis najważniejszych osiągnięć

Opracowanie nowego modelu struktur ULF białek filamentu pośredniego. Uzyskanie informacji o istnieniu sieci wiązań wodorowych reszt bocznych, stabilizujących strukturę oligomerów peptydu A β .

Wykorzystanie uzyskanych wyników

Uzyskane rezultaty wejdą w skład publikacji.

Publikacje

5124, 5157, 3914/A, 3940/A

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 Sztraj, dr Agnieszka Szczepankowska, dr Joanna Życka-Krzesińska, mgr Magdalena Chmielewska-Jeznach, mgr Aleksandra Grylak-Mielnicka, mgr Joanna Radziwiłł-Bieńkowska, mgr Joanna Żylińska

Cel badania

Poszerzenie wiedzy o bakteriach fermentacji mlekowej w obszarze biologii molekularnej komórki, w aspekcie poznawczym i aplikacyjnym.

Opis realizowanych prac

Analiza bioróżnorodności szczepów bakterii mlekowych, zdeponowanych w Kolekcji Szczepów IBB PAN „COLIBB”, wykazała wysoki stopień zróżnicowania. Kontynuując badania nad metabolizmem cukrów u bakterii mlekowych wykazano, że ich potencjał metaboliczny jest bardzo zróżnicowany i jest skorelowany zarówno z przynależnością gatunkową oraz szczepową tych bakterii, jak i z typem środowiska, w którym one bytują. Analizując plazmidową pulę genów bakterii mlekowych wykazano, że klaster genów *spaCBA-srtA*, kodujący piliny u *Lactobacillus casei* LOCK 0919 jest zlokalizowany na plazmidzie, co jest unikatowe, ponieważ jego homologi występujące u innych szczepów *Lactobacillus* zlokalizowane są w chromosomie. Badania funkcjonalne wykazały, że ekspresja genu *spaC* podlega represji glukozowej. Obecność plazmidu pLOCK 0919 warunkuje właściwości hydrofobowe i agregacyjne szczepu LOCK 0919 i ułatwia mu kolonizację jelita u myszy. W badaniach nad adhezją szczepu *L. lactis* IBB477 wykazano, że produkty genów *prrP* oraz genu kodującego domenę podobną do białka immunoglobuliny. W badaniach nad wykorzystaniem bakterii mlekowych jako szczepionek doustnych wykazano możliwość biosyntezy w ich komórkach antygenów bakterii *Campylobacter* oraz białek mielinowych. Badania nad bakteriofagami litycznymi dla bakterii *Lactococcus* doprowadziły do scharakteryzowania ponad 30 fagów pod względem struktury ich regionu DNA kodującego polimerazę DNA.

Opis najważniejszych osiągnięć

1. Wykazanie unikatowej, plazmidowej, lokalizacji klastera genów *spaCBA-srtA*, kodującego piliny u *Lactobacillus casei* LOCK 0919.
2. Poznanie genomowej sekwencji nukleotydowej regionu polimerazy DNA u ponad 30 fagów aktywnych wobec bakterii *Lactococcus*.

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. Podjęto 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 edukacji studentów szkół wyższych na II i III stopniu kształcenia.

Publikacje

5021, 5049, 5063, 5087, 5112, 5117, 5137, 5158, 5173, 3804/A, 3805/A, 3827/A, 3853/A, 3859/A, 3977/A

Temat nr 50: Przewodzenie sygnału stresu osmotycznego w roślinach

Zespół: prof. dr hab. Grażyna Dobrowolska, dr Maria Bucholc, dr Jadwiga Szczegielniak, dr Dorota Konopka-Postupolska, dr Lidia Polkowska-Kowalczyk, dr Anna Kulik, dr Maria Klimecka, dr Olga Sztatelman, dr Arkadiusz Ciesielski, mgr Barbara Sierpień, mgr inż. Wojciech Pac, doktorantki: mgr Katarzyna Szymańska, mgr Justyna Maszkowska, prof. dr hab. Grażyna Muszyńska

Cel badania

Celem prowadzonych badań było poznanie roli kinaz białkowych: SnRK2 (SNF1-related protein kinases 2) i CDPK (Calcium-dependent protein kinases) oraz aneksyn w odpowiedzi roślin na zmienne warunki środowiska.

Opis realizowanych prac

1. Stosując metody fosfoproteomiczne wykazano, że dehidryny ERD10, ERD14, COR 47 oraz białko wiążące RNA, GRP8 są substratami komórkowymi kinaz SnRK2. Kinazy SnRK2 oddziałują z powyższymi białkami *in planta* i je fosforylują zarówno *in vitro* jak i *in vivo*. Zidentyfikowano miejsca fosforylacji metodą spektrometrii mas (MS) i potwierdzono je za pomocą ukierunkowanej mutagenезy. Obecnie badana jest rola tej fosforylacji;
2. Nasze wcześniejsze wyniki wskazywały, że kinazy SnRK2 4 i SnRK2.10 regulują poziom reaktywnych form tlenu (RFT) powstających w roślinie w pierwszych minutach stresu zasolenia oraz, że kinazy te fosforylują *in vitro* oksydazę AtRBOHD;
3. Analiza MS wykazała, że kinazy SnRK2 fosforylują między innymi seryny, których fosforylacja jest konieczna do aktywności enzymatycznej oksydazy. Pokazano ponadto, że kinazy SnRK2.10 i SnRK2.4 oddziałują z AtRBOHD *in planta* potwierdzając tym samym, że oksydaza AtRBOHD najprawdopodobniej jest komórkowym substratem kinaz SnRK2 i jest przez nie aktywowana w roślinie w warunkach stresu zasolenia;
4. Zbadano rolę fosforylacji białka wiążącego wapń SCS, negatywnego regulatora kinaz SnRK2. Fosforylacja reszty Ser 250 w białku SCS potęguje jego działanie jako inhibitora aktywności kinazowej;
5. Nasze wcześniejsze wyniki wskazywały na udział ZmCPK11 w regulacji odporności rośliny na zasolenie. Obecnie wykazano, że ZmCPK11 reguluje ekspresję genów kodujących czynniki transkrypcyjne rodziny CBF biorące udział w odpowiedzi roślin na stres zasolenia i zimna;
6. Stwierdzono, że aneksyna 1 rzodkiewnika jest substratem kinaz SnRK2 *in vitro*; fosforylowana jest Ser70. Analiza danych literaturowych wskazuje, że zidentyfikowany peptyd jest też fosforylowany *in vivo*. Fosforylacja seryny 70 ma prawdopodobnie wpływ na wiązanie wapnia i oddziaływanie z błonami biologicznymi.

Opis najważniejszych osiągnięć

Po raz pierwszy pokazano, że dehidryny (białka pełniące ochronne funkcje w komórkach roślinnych) są substratami kinaz SnRK2 *in vivo*.

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 o zwiększonej tolerancji na niekorzystne warunki środowiska.

Publikacje

5038, 5053, 5074, 5102, 5171, 3819/A, 3820/A, 3821/A, 3822/A, 3823/A, 3824/A, 3825/A, 3914/A, 3970/A, 3971/A

Temat nr 51: Strukturalne i funkcjonalne konsekwencje modyfikacji potranslacyjnych białek

Zespół: dr Aleksandra Wysłouch-Cieszyńska

Cel badania

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

Planowane efekty naukowe i praktyczne

Lepsze zrozumienie słabo poznanego mechanizmu regulacji ścieżek przekazywania sygnału w komórkach, wykorzystującego reaktywność łańcuchów bocznych cystein w białkach. Identyfikacja białek będących fizjologicznym celem redoksowych 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 2015 roku zostały zakończone typowo proteomiczne eksperymenty z użyciem spektrometrii mas, których celem była identyfikacja białek, endogennie, potranslacyjnie nitrozylowanych na resztach bocznych cystein, w kilku modelach eksperymentalnych, m.in. w mysim modelu choroby Alzheimera. Obecnie, kilka ze zidentyfikowanych białek uzyskano w formie rekombinowanej oraz opracowano chemiczną nitrozylację ich cystein w lokalizacjach obserwowanych w eksperymentach proteomicznych. Nitrozylowane, rekombinowane białka są wykorzystywane do uzyskania informacji na temat zmian wywołanych obecnością potranslacyjnej S-nitrozytacji na konformację samych białek oraz na ich oddziaływanie ze znanymi, fizjologicznymi partnerami białkowymi. Podstawową metodą wykonywanych badań jest obserwacja zmian szybkości wymiany protonów na deuter za pomocą spektrometrii mas (HDex-MS). HDex-MS pozwala na analizę zmian konformacji białek w szerokim zakresie warunków eksperymentalnych, również dla układów, w szczególności dla białek S-nitrozylowanych, dla których zastosowanie klasycznych sposobów analizy struktury jak NMR czy krystalografia, jest trudniejsze lub niemożliwe.

Opis najważniejszych osiągnięć

Zastosowanie analizy szybkości wymiany protonów na deuter za pomocą spektrometrii mas (HDex-MS) do analizy zmian konformacyjnych białek wywołanych S-nitrozylacją.

Wykorzystanie uzyskanych wyników

S-nitrozylacja jest ważną modyfikacją potranslacyjną, zidentyfikowaną dla kilku tysięcy białek, wpływającą na ich biologiczną aktywność. Z powodu labilności S-nitrozytacji jest niezwykle mało badań strukturalnych, opisujących zmiany w białkach będące konsekwencją jej utworzenia.

Uzyskiwane wyniki zmierzają do wypełnienia tej luki i lepszego zrozumienia na poziomie molekularnym wpływu S-nitrozytacji na właściwości poszczególnych białek oraz ich oddziaływań międzycząsteczkowych w ważnych procesach biologicznych.

Publikacje

5134, 3795/A, 3889/A

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

Zespół: dr hab. Elżbieta Kraszewska, doktoranci: mgr Marta Modzelan, mgr Martyna Kujawa, mgr Dominika Korulczyk, mgr Mateusz Zięcina

Cel badania

Ustalenie biologicznej funkcji białek Nudix z *Pseudomonas aeruginosa*.

Opis realizowanych prac

Z wykorzystaniem metody wymiany alleli, skonstruowano szczepy nie wyrażające białek Nudix PA0990 oraz PA3180. Szczegółowa analiza fenotypowa mutantów (analiza wzrostu hodowli, ruchów komórek czy zdolności do tworzenia biofilmu) nie wykazała różnic pomiędzy szczepem rodzicielskim a szczepem zmutowanym. W odróżnieniu od mutantów pozbawionych aktywności w/w białek, szczepy je nadprodukujące charakteryzują się zdecydowanym upośledzeniem wzrostu co sugeruje, że nadmiar PA0990 oraz PA3180 jest dla komórek *P. aeruginosa* toksyczny. W analizach biochemicznych przeprowadzonych *in vitro* ustalono, że hydrolaza PA0990 preferuje ADP-rybozę jako główny substrat. Z analizy *in silico* wynika, że homologii PA0990 oraz PA3180 występują wyłącznie w niektórych gatunkach bakterii patogennych (np. *Vibrio cholerae*) co sugeruje, że mogą one brać udział w procesach związanych z infekcją.

Opis najważniejszych osiągnięć

Ustalenie warunków eksperymentalnych do badania roli białek Nudix w procesie patogenezy z wykorzystaniem nicienia jako eukariotycznego organizmu modelowego.

Wykorzystanie uzyskanych wyników

Uzyskane wyniki dotyczące wcześniej charakteryzowanego białka Nudix PA0336 były prezentowane na międzynarodowej konferencji oraz są opracowywane do druku.

Publikacje

3963/A

Temat nr 54: Mechanizmy molekularne działania jonów metali czynnych biologicznie

Zespół: prof. dr hab. Wojciech Bał, dr hab. Marcin Grynberg, dr Igor Żukow, dr Grażyna Goch, dr Adam Mieczkowski, dr Tomasz Frączyk, dr Arkadiusz Bonna, dr Izabela Zawisza, dr Krzysztof Drabikowski, mgr Wojciech Goch, mgr Ewa Podobas, mgr Aleksandra Witkiewicz-Kucharczyk, mgr Dawid Płonka, mgr Nina Wezynfeld, mgr Karolina Bossak, mgr Mariusz Mital, mgr Tomasz Żurawik, mgr Ewelina Stefaniak, prof. dr hab. Kazimierz Wierzchowski, prof. dr hab. Andrzej Bierzyński, prof. dr hab. Magdalena Fikus

Cel badania

Celem badań jest 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. Zwracamy również uwagę na praktyczne wykorzystanie uzyskiwanych wyników.

Opis realizowanych prac

Kontynuowano 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 2015 artykułu, opisującego podatność na hydrolizę niklową białka AAT, endogennego inhibitora enzymów proteolitycznych, zapewniającego ochronę tkanki płucnej przed uszkodzeniem (5059). Artykuł został zaprezentowany na stronie tytułowej numeru specjalnego czasopisma *Metallomics*, poświęconego biologii niklu.

W obszarze badań oddziaływań jonów Cu(II) z peptydem Aβ i układami modelowymi we współpracy z dr. S.C. Drew i wsp. (University of Melbourne) w prestiżowym czasopiśmie *Angew. Chem. Int. Ed.* przedstawiono oddziaływanie jonów Cu(II) z nową formą peptydu, Aβ_{4-x} (5120).

Zgodnie z planem na rok 2015, we współpracy z prof. A. Hartwig (Karlsruhe Institute of Technology) opublikowano artykuł wyjaśniający podatność białka PARP-1 na stres oksydacyjny (5043). We współpracy z prof. A. Krężelem (Uniwersytet Wrocławski) opublikowano artykuł, przedstawiający właściwości cząsteczki DTBA, nowego antyutleniacza (5033).

Dr I. Żukow, współpracując z badaczami ze Słowenii, Niemiec, Włoch i Wielkiej Brytanii opublikował model strukturalny segmentów transmembranowych białka bilitranslokazy (5128), a współpracując z zespołem z UAM w Poznaniu przedstawił dokładny opis parametrów szeregu miceli, które zostaną użyte do badań strukturalnych białek błonowych w r. 2016 (5145). Dr hab. Marcin Grynberg, we współpracy z prof. A. Kurlandzką z IBB PAN, zidentyfikował w *Saccharomyces cerevisiae* nieznaną wcześniej formę fuzyjnego białka, IMI1, wpływającego na metabolizm glutationu i prawdopodobnie na mitochondria. Zdefiniowano potencjalną strukturę IMI1 o bardzo silnie solenoidalnym charakterze oraz powtórzenia tworzące tę strukturę. Dr A. Mieczkowski, współpracując z grupą prof. K. Woźniaka (Uniwersytet Warszawski) opublikował struktury krystalograficzne i badania oddziaływań molekularnych w fazie stałej dla trzech pochodnych 6,5'-O-anhydrourydyny (5083), a współpracując z prof. J. Wietrzyk (Instytut Immunologii i Terapii Doświadczalnej PAN) przedstawił syntezę i właściwości cytotoksyczne 16. nowych analogów leku przeciwbiałaczkowego – cytarabiny (5131).

Sześć kolejnych artykułów grupy zostało przyjęte do druku.

Opis najważniejszych osiągnięć

Sformułowanie koncepcji o fizjologicznej roli peptydu Aβ₄₋₄₂ jako synaptycznego przenośnika jonów miedziowych.

Wykorzystanie uzyskanych wyników

Dokonano zgłoszenia patentowego dotyczącego przeciwciał wobec peptydu Aβ₄₋₄₂. Planowana jest kontynuacja badań peptydów Aβ, opublikowanie wyników palladowej hydrolizy wiązania peptydowego i rozwój zastosowań praktycznych metalozależnej hydrolizy wiązania peptydowego.

Publikacje

5033, 5043, 5059, 5083, 5097, 5120, 5128, 5131, 5145

Temat nr 55: Analiza genetyczna podstaw wybranych chorób dziedzicznych

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

Cel badania

1. Wyznaczenie nowych biomarkerów genetycznych (na poziomie mRNA i miRNA) prowadzących do pozawałowej przebudowy lewej komory mięśnia sercowego;
2. Badania genetyczne pacjentów, u których stwierdzono niedokrwistości hemolityczne uwarunkowane genetycznie.

Opis realizowanych prac

1. Ocena zmian ekspresji transkryptów w kolejnych punktach czasowych od wystąpienia zawału serca na grupie badanej oraz na niezależnej grupie pacjentów z rozwiniętą niewydolnością serca. Ocena przydatności diagnostycznej transkryptów: *JDP2*, *FMN1*, *RNASE1* jako potencjalnych biomarkerów niewydolności serca. Ocena profilu ekspresji krążących miRNA w osoczu u pacjentów między 4-6 dobą od przebytego zawału serca oraz na grupie kontrolnej. Wytypowanie najbardziej zmienionych miRNA;
2. Analiza sekwencji oraz ekspresji genów globinowych oraz genów kodujących białka błonowe krwinki czerwonej. Poszukiwanie mutacji sprawczych odpowiedzialnych za występowanie anemii hemolitycznej.

Opis najważniejszych osiągnięć

1. Scharakteryzowano grupę transkryptów: *FMN1*, *JDP2*, *RNASE1*, które mogą posłużyć jako potencjalne biomarkery prognostyczne rozwoju pozawałowej niewydolności serca. Zaobserwowano zmiany ekspresji krążących miRNA w ostrym zawale serca oraz w kolejnych punktach czasowych;
2. W grupie pacjentów z wrodzoną niedokrwistością hemolityczną zidentyfikowano mutacje powodujące występowanie talasemii i hemoglobinopatii.

Wykorzystanie uzyskanych wyników

Otrzymane wyniki zostaną zamieszczone w przygotowywanych publikacjach. Ponadto, opracowanie testu opartego na biomarkerach transkryptomicznych, umożliwi diagnostykę i/lub określenie prognozy dla pacjenta z zagrożeniem niewydolności pozawałowej.

Publikacje

5055, 5064, 5092, 5069, 5154, 5162

Temat nr 56: Genomika *Paramecium tetraurelia*

Zespół: dr Robert Gromadka, dr Jacek Nowak, 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 krótkich, jednokopijnych, nie kodujących sekwencji IES (ang. Internal Eliminated Sequence). Wzór rearanzacji jest dziedziczony epigenetycznie pomiędzy starym i nowym makronukleusem. W tym procesie 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 skanujące RNA (scnRNA) pochodzące z mikronukleusa, dłuższe, niekodujące transkrypty (ncRNA) syntetyzowane w matczynym makronukleusie, długie natywne transkrypty i krótkie iesRNA z nowego makronukleusa.

Celem badania było poszukiwanie białek zaangażowanych w syntezę niekodujących RNA i regulację rearanzacji genomowych. Strategia zakładała analizę funkcjonalną genów, które są wyrażane specyficznie podczas procesów płciowych i wykazujących podobieństwo do znanych czynników biorących udział w metabolizmie RNA.

Opis realizowanych prac

Kontynuowano badanie białek wykazujących podobieństwo do czynników elongacyjnych transkrypcji Spt5 i TFIIS. Wykonano globalną analizę wpływu dezaktywacji genów *SPT5m* i *TFIIS4* na ekspresję małych RNA specyficznych dla procesów płciowych. Wykorzystano w tym celu sekwencjonowanie wysokoprzepustowe (Illumina) RNA wyizolowanego z komórek poddanych wyciszeniu. Potwierdzono ilościowo wcześniejsze wyniki świadczące o tym, iż białko Spt5m wpływa istotnie na syntezę krótkich ncRNA. Obserwowano 50-krotne zmniejszenie ilości scnRNA i 5-krotne zmniejszenie ilości iesRNA, przy wyciszeniu genu *SPT5m*. W przypadku wyciszenia genu *TFIIS4* synteza scnRNA zachodzi normalnie, natomiast istotnie zmniejsza się ilość iesRNA.

Opis najważniejszych osiągnięć

Wykonanie globalnej analizy ekspresji małych RNA podczas wyciszenia genów *TFIIS4* i *SPT5m*. Wykazanie wpływu białka Spt5m na syntezę krótkich niekodujących scnRNA oraz iesRNA. Potwierdzenie wpływu TFIIS4 na syntezę iesRNA. Badania pokazały, że homologi czynników TFIIS i Spt5 pełnią istotną rolę w syntezie regulatorowych niekodujących RNA.

Wykorzystanie uzyskanych wyników

Wyniki badań zostaną wykorzystane w publikacjach naukowych.

Publikacje

5122, 3815/A, 3816/A

Temat nr 57: Mechanizmy wierności replikacji DNA.

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

Cel badania

Replisom faga T4 stanowi prosty system do badania oddziaływań białek, oraz białek z DNA jakie mają miejsce w miejscu inicjacji replikacji oraz w widelkach replikacyjnych. Replisom faga T4 tworzy 8 białek: czynnik procesywności polimerazy DNA, tzw. kłamra (gp45), kompleks białek ładujących kłamrę na DNA (gp44/66), helikaza (gp41), białko ładujące helikazę na DNA (gp59), prymaza (gp61), białka wiążące się z jednoniciowym DNA (gp32) oraz polimeraza DNA (gp43). Replikacja DNA odbywa się w kierunku 5'-3' jednocześnie na obu niciach. Jedna z nici syntetyzowana jest w sposób ciągły i procesywny (nić wiodąca), druga jako nić opóźniona syntetyzowana jest w sposób nieciągły w postaci tzw. fragmentów Okazaki i wymaga dysocjacji polimerazy od DNA, syntezy nowego startera RNA i ponownego przyłączenia się polimerazy. Do tej pory dla faga T4 nie został wyjaśniony mechanizm w jaki polimeraza, która syntetyzuje DNA na nici opóźnionej, podlega recyklingowi i w jaki sposób wiąże się z nowym starterem. W naszej pracowni zajmujemy się badaniem oddziaływania prymazy gp61 z polimerazą DNA faga RB69. Jednym z założeń jest 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. Takie oddziaływania wcześniej nie były pokazywane.

Opis realizowanych prac

Analizowano tworzenie kompleksów prymazy i polimerazy RB69 za pomocą znakowanego izotopowo czynnika sieciującego BS3, formy „lekkiej” (d0) i „ciężkiej” (d4). Badania te prowadzono we współpracy ze Środowiskowym Laboratorium Spektrometrii Mas IBB PAN. W wyniku analizy połączeń typu „inter-link” pomiędzy peptydami za pomocą programu Stavrox udało się pokazać listę 7 połączeń pomiędzy badanymi białkami. Połączenia te zostały następnie naniesione na dostępną strukturę polimerazy RB69 i model prymazy gp61 przez prof. Jarosława Poznańskiego z IBB PAN. W cząsteczce prymazy zmapowano dwa blisko siebie leżące rejony, które mogą odpowiadać za wiązanie się z polimerazą. Również dwa rejony potencjalnie zaangażowane w oddziaływanie z prymazą zostały zmapowane w polimerazie RB69, które jak się okazało znajdowały się w odległych od siebie rejonach białka. Otrzymany wynik może wskazywać na inną niż dotychczas wynikająca z naszych badań stechiometrii tworzenia kompleksu polimerazy i prymazy. Nie jak wcześniej zakładano 1:1 a 1:2, dwie cząsteczki prymazy i jedna cząsteczka polimerazy. Wyniki te wymagają potwierdzenia.

Opis najważniejszych osiągnięć

Po raz kolejny wyniki naszych doświadczeń potwierdziły istnienie kompleksów prymazy i polimerazy.

Wykorzystanie uzyskanych wyników

Wyniki badań zostaną wykorzystane w publikacjach naukowych.

Publikacje

5090

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, konsorcjów mikroorganizmów oraz grzybów z różnych środowisk.

Opis realizowanych prac

1. Opracowany w ubiegłym roku test polaryzacji fluorescencji dla specjalnie wymodelowanego peptydu i białka Epsilon został wykorzystany do wielkoskalowego przeszukiwania komercyjnej chemoteki (45 000) związków znoszących interakcje białko-białko. Kilkaset wytypowanych w teście związków zostało zweryfikowanych w testach istotności wykazywanych aktywności;
2. Ustalono ostateczne sekwencje nukleotydowe genomu *Acinetobacter lwoffii*: pełne dla wszystkich 9 plazmidów (w tym jednego mega plazmidu - 200 tys. par zasad) oraz chromosomu na poziomie tzw. draft - 3 200 183 par zasad (ilość sekwencji kodujących oceniono na 3 175);
3. Zakończono badania 5 środowiskowych szczepów *Fusarium oxysporum* wyizolowanych z konsorcjów mikroorganizmów ługujących uran. Szczepy zostały scharakteryzowane morfologicznie i fizjologicznie; określono warunki wzrostowe, stopień oporności na antybiotyki oraz metabolizm cukrów (Biolog) wszystkich szczepów;
4. Analizowano zróżnicowanie proteaz serynowych w królestwie grzybów w kontekście ewolucyjnym i ekologicznym.

Opis najważniejszych osiągnięć

1. Uzyskanie wskazań kilkudziesięciu cząstek chemicznych znoszących interakcje białko-białko. (wykorzystany własny test polaryzacji fluorescencji peptyd/ białko Epsilon);
2. Ustalenie sekwencji genomu *Acinetobacter lwoffii*;
3. Opracowanie katalogu proteaz serynowych w królestwie grzybów.

Wykorzystanie uzyskanych wyników

Wybrane cząsteczki znoszące interakcje białko-białko staną się podstawą dla projektowania celowanych peptydo-mimetyków o możliwym zastosowaniu medycznym, zwłaszcza w kontekście antybiotykooporności bakteryjnych szczepów klinicznych.

Uzyskane wyniki są podstawą dla dwóch obronionych prac magisterskich, trzech opublikowanych prac oraz trzech przygotowywanych manuskryptów publikacji.

Publikacje

5078, 5152, 5176, 3844/A, 3928/A, 3931/A, 3932/A, 3973/A, 3979/A, 3980/A, 3981/A, 3982/A, 836/N, 846/N

Temat nr 60: Mechanizmy podziałów komórkowych

Zespół: dr hab. Anna Kurlandzka, dr Piotr Kowalec

Cel badania

Ustalenie cytoplazmatycznego partnera białka Irr1 drożdży *Saccharomyces cerevisiae*.

Opis realizowanych prac

Kontynuowano prace nad stromaliną Irr1, zachowanym w ewolucji, wielofunkcyjnym białkiem niezbędnym m.in. do prawidłowej segregacji chromosomów.

W okresie sprawozdawczym wykazano, że Irr1, którego dotychczas opisane funkcje przebiegały w jądrze komórkowym (kohezja chromatyd, transkrypcja, kondensacja chromosomów), jest obecne także na terenie cytoplazmy. Zidentyfikowano dotychczas nieopisane białko cytoplazmatyczne Imi1 oddziałujące z Irr1. Imi1 jest ważne dla utrzymywania stabilności mitochondrialnego DNA i zachowania potencjału redoks komórki. Brak Imi1 wpływa na poziom glutationu i fitochelatyn oraz powoduje duże rearanżacje mtDNA. Ukończono także prace nad organizacją złożonego, kilkuskładnikowego sygnału eksportu z jądra w ludzkim białku SA2, które jest odpowiednikiem Irr1.

Opis najważniejszych osiągnięć

Zidentyfikowano nowe białko Imi1 i przypisano mu funkcję biologiczną.

Wykorzystanie uzyskanych wyników

Wyniki wykorzystano w publikacjach oraz pracy doktorskiej Piotra Kowalca.

Publikacje

5097, 5110, 821/N

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

Cel badania

1. Poznanie mechanizmów funkcjonujących na poziomie chromatyny zaangażowanych w regulację ekspresji genów aktywnie transkrybowanych w odpowiedzi komórek roślinnych na działanie czynników stresowych;
2. Badanie funkcji genów zidentyfikowanych we wcześniejszych analizach istotnych dla regulacji odpowiedzi *Arabidopsis* na stresy abiotyczne.

Opis realizowanych prac

1. Identyfikacja zmian wybranych modyfikacji potranslacyjnych histonów rdzeniowych H3 i H4 zachodzących w pierwszych minutach odpowiedzi komórek *Arabidopsis* T87 na stres zasolenia i chłodu;
2. Badanie roli acetylacji histonu H4 w regulacji ekspresji genów wczesnej odpowiedzi na stresy abiotyczne;
3. Analiza funkcji genu wczesnej odpowiedzi na stres zasolenia kodującego nieznane białko DUF1 *Arabidopsis thaliana*.

Opis najważniejszych osiągnięć

Po raz pierwszy w komórkach roślinnych wykazano, że pod wpływem działania stresów abiotycznych (stresu chłodu i stresu zasolenia) poziom fosforylacji seryny 28 histonu H3 (H3S28Ph) oraz acetylacji lizyny 16 histonu H4 (H4K16Ac) podlega silnym i dynamicznym zmianom w pierwszych stu minutach działania stresu.

Wykorzystując metodę Chip-seq oraz przeciwciała specyficznie rozpoznające acetylowaną lizynę 16 histonu H4 ustalono lokalizację badanej modyfikacji w chromatynie *Arabidopsis* przed i po zadziałaniu stresu zasolenia. Analizy bioinformatyczne wskazały, że H4K16Ac znajduje się przede wszystkim na obszarze genów, których transkrypcja dynamicznie zmienia się (maleje bądź rośnie) w odpowiedzi na działanie czynników zewnętrznych.

Analiza mutantu nadekspresyjującego białko DUF1 *Arabidopsis* oraz rośliny z wyłączonym genem *duf1* wykazała, że badany gen jest istotny dla odporności rośliny na stres zasolenia.

Wykorzystanie uzyskanych wyników

Zgłoszenie Wynalazku do Urzędu Patentowego RP pt. „Roślina transgeniczna o zwiększonej tolerancji na stresy, sposób otrzymywania rośliny o zwiększonej tolerancji na stresy oraz zastosowanie genu i/lub jego homologu do zwiększenia tolerancji rośliny na stresy”. Znak zgłoszenia patentowego 25269/PAT/15.

Publikacje

3964/A

Temat nr 63: Dodekahedron adenowirusa jako platforma szczepionkowa

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

Cel badania

Celem badań jest skonstruowanie szczepionki antynowotworowej, której mechanizm działania opiera się na stymulacji proliferacji cytotoksycznych limfocytów T (CTL) naprowadzających na tkanki nowotworowe, dzięki temu, że zawiera ona epitopy białka nadprodukowanego na powierzchni nowotworu.

Opis realizowanych prac

Zamierzony cel osiągany jest poprzez odpowiedni dobór antygeny oraz jego wydajne dostarczenie do komórek układu immunologicznego na platformie dodekahedronu adenowirusowego (Dd). Do struktury Dd zostały wprowadzone na drodze manipulacji genetycznej sekwencje kodujące peptydowe fragmenty glikoproteiny-3 (ang. glycosylphosphatidylinositol[GPI]-anchored membrane protein; GPC-3), białka które jest nadprodukowane na powierzchni guza w raku wątrobowo-komórkowym (HCC) oraz w czerniaku złośliwym, przy nieobecności na zdrowych tkankach. Wykazaliśmy, że wprowadzenie sekwencji epitopu GPC-3 w wybrane pozycje Dd nie zakłóca procesu składania cząstek nośnika, ani nie zaburza jego zdolności penetracyjnych. Otrzymano homogenne preparaty DdGPC3 odznaczające się wysoką stabilnością podczas przechowywania, które wykorzystano w badaniach funkcjonalności konstruowanej szczepionki. Badania w mysim modelu HCC oraz czerniaka złośliwego prowadzono we współpracy z Oddziałem Immunoterapii Nowotworów Narodowego Centrum Onkologii w Kashiwa (Japonia) oraz Wydziałem Medycyny Uniwersytetu im. Josepha Fourier (UJF) w Grenoble (grupa Therex). Aktualnie we współpracy z partnerem z Japonii prowadzone są testy mające na celu ocenę poziomu indukcji cytotoksycznych limfocytów T w wyniku immunizacji preparatami DdGPC3.

Opis najważniejszych osiągnięć

Otrzymano homogenne preparaty dodekahedronów niosących epitopy GPC-3, które wykazują wysoką stabilność podczas przechowywania.

Wstępne doświadczenia w mysim modelu czerniaka złośliwego wykazały opóźnienie wzrostu guza pierwotnego w wyniku immunizacji trzema dawkami preparatu szczepionkowego DdGPC3 (współpraca z UJF).

Wykorzystanie uzyskanych wyników

Uzyskane wyniki są przedmiotem opracowywanej publikacji.

Uzyskano patent nr P 388 403/13 11 2015 „Wektorowa cząsteczka wirusopodobna, sposób jej wytwarzania, zastosowanie oraz kompozycja farmaceutyczna zawierająca wektorową cząsteczkę wirusopodobną“ przyznany przez Urząd Patentowy RP.

Publikacje

3900/A, 3935/A, 816/N

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

Zespół: dr hab. Magdalena Krzymowska, dr Rafał Hoser, dr Fabian Giska, dr Patrycja Zembek, mgr Karolina Morgiewicz, doktoranci: mgr Marcin Piechocki, mgr-inż. Marek Żurczak, mgr-inż. Jakub Kwiatkowski

Cel badania

Poznanie molekularnego mechanizmu działania białka efektorowego See1 z grzyba *Ustilago maydis*.

Opis realizowanych prac

Białko SGT1 stanowi ważny element kompleksów receptorowych uczestniczących w odpowiedzi obronnej roślin na infekcje mikroorganizmów. Wcześniejsze badania pokazały, że SGT1 z tytoniu ulega specyficznej fosforylacji przez kinazę MAP aktywowaną w wyniku infekcji. Modyfikacja ta zwiększa pulę jądrową białka SGT1. Ponadto, przekierowanie SGT1 do jądra komórkowego, prowadzi do zwiększonej akumulacji w tym przedziale komórkowym białek N i Rx - dwóch analizowanych receptorów odpowiedzi obronnej na wirusy TMV i PVX. Eksperymenty przeprowadzone przez grupę Prof. G. Doehlemanna (University of Cologne) wykazywały, że białko SGT1 z kukurydzy (*Zea mays*) wiąże się z efektem See1 pochodzącym z grzyba *Ustilago maydis*. Wyniki te stały się podstawą nawiązania współpracy, której celem było zbadanie znaczenia tego oddziaływania dla wirulencji grzyba oraz wyjaśnienie mechanizmu działania białka See1. W związku z tym, sprawdzono, jak obecność See1 wpływa na właściwości białka SGT1 z kukurydzy. Analiza spektrometrii mas ujawniła, że na skutek koekspresji z See1 dochodzi do specyficznych zmian w statusie fosforylacji SGT1, które mogą wpływać na równowagę jądrowo-cytoplazmatyczną tego białka.

Opis najważniejszych osiągnięć

Efektor See1 z grzyba *Ustilago maydis* blokuje proces fosforylacji białka SGT1 gospodarza, tym samym zaburzając proces obronny roślin.

Wykorzystanie uzyskanych wyników

Uzyskane dane mogą w przyszłości być wykorzystane do uzyskiwania nowych odmian roślin o podwyższonej odporności na infekcje.

Publikacje

5076, 3920/A, 3958/A

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

Zespół: prof. dr hab. Jarosław Poznański, dr Honorata Czapińska, mgr Maria Winiewska, mgr Katarzyna Kucińska

Cel badania

Głównym celem prowadzonych badań jest poszukiwanie zależności między strukturą a funkcją biologiczną. Podstawową metodą badawczą jest analiza wysokorozdzielczych struktur, które budowane są w oparciu o dane dostępne dla podobnych układów (np. modelowanie przez homologię), uzupełnione innymi wynikami doświadczalnymi (dane kinetyczne, termodynamiczne, spektroskopowe, analizy statystyczne). Poszukiwane są molekularne podstawy mechanizmów związanych z obserwowanym efektem biologicznym. Poprzednio prowadzone badania będą kontynuowane.

Opis realizowanych prac

1. Wiązanie halogenowe w układach biologicznych. Pomiary termodynamiczne przeprowadzone, dla dużej serii halogenowanych związków heterocyklicznych, równolegle metodami DSF, DSC, ITC oraz DSC jednoznacznie dowodzą, że siła wiązania halogenowanych ligandów do białka jest zdeterminowana przez relację między oddziaływaniami hydrofobowymi w roztworze i elektrostatycznymi w kompleksie. Oszacowany wkład wiązania halogenowego nie przekracza 10kJ/mol. Publikacje: 5024, 5146, 246/M, 3843/A, 3903/A, 3911/A, 3922-3/A, 3925-7/A;
2. Strukturalne konsekwencje wiązania jonów w układach biologicznych. Współpraca z prof. Wojciechem Balem z IBB PAN. Publikacja 5043;
3. Molekularne mechanizmy naprawy DNA/RNA przez białka z rodziny AlkB, we współpracy z Zakładem Biologii Molekularnej IBB PAN. Publikacje: 5093, 3878/A, 3855/A, 3880-1/A, 3893/A, 3898/A, 3909/A;
4. Modelowanie oddziaływania szlaków metabolicznych zaangażowanych w syntezę poliprenoidów. Współpraca z prof. Ewą Świeżewską z Zakładu Biochemii Lipidów IBB PAN. Publikacje: 3799/A, 3891/A, 3904/A;
5. Strukturalne konsekwencje mutacji zidentyfikowanych jako potencjalne przyczyny chorób o podłożu genetycznym. Współpraca z prof. Jerzym Balem z Instytutu Matki i Dziecka. Publikacje: 5048, 5168.

Opis najważniejszych osiągnięć

Parametry termodynamiczne wiązania halogenowanych ligandów przez CK2a jednoznacznie dowodzą, że wkład wiązania halogenowego jest przeszacowany. Udana zastosowanie niestandardowych metod modelowania strukturalnego.

Wykorzystanie uzyskanych wyników

Wyniki badań zostaną wykorzystane w publikacjach naukowych.

Publikacje

5024, 5043, 5048, 5093, 5146, 5168, 3799/A, 3843/A, 3855/A, 3878/A, 3880/A, 3881/A, 3891/A, 3893/A, 3898/A, 3903/A, 3904/A, 3909/A, 3911/A, 3914/A, 3922/A, 3923/A, 3925/A, 3926/A, 3927/A, 246/M

Temat nr 66: Metodyka sekwencjonowań genomowych

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

Cel badania

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

Opis realizowanych prac

W ramach współpracy z innymi laboratoriami wykonano badanie pilotażowe otwierające projekt sekwencjonowania genomu *Prototheca wickerhamii* w ramach projektu „Poszukiwanie genów kodujących czynniki wirulencji *Prototheca wickerhamii*, oportunistycznego patogenu dla ludzi. W ramach współpracy przy granicie „Nowoczesne technologie w hodowli jesiota” zostało wykonane sekwencjonowanie transkryptomów jesiota. Wykonano również sekwencjonowanie próbek metagenomicznych dla projektu „Program niezbędnego rozpoznania warunków konserwatorsko-biologicznych oraz prac konserwatorsko-chemicznych wraz z oceną zagrożeń deterioracyjnych wybranych sal ekspozycyjnych Muzeum Pałacu w Wilanowie”

Na sekwenatorze genomowym Roche GS FLX + Titanium zsekwencjonowano 10 transkryptomów jesiota uzyskując łącznie ok. 0,7 GB par zasad.

Ponadto z wykorzystaniem aparatu MiSeq firmy Illumina wykonano sekwencjonowanie totalnego DNA z 17 szczepów bakterii psychrofilnych (*Polaromonas* sp.) i 20 próbek metagenomicznych pobranych z kriokonitów lodowcowych, a także jeden genom eukariotyczny algi *Prototheca wickerhamii*. Dla każdej próbki uzyskano około 0,5 miliona 2x300 nukleotydowych odczytów (metoda PairEnd-Illumina), czyli średnio 400 Mb par zasad na próbkę. Uzyskano łącznie 16,8 GB par zasad. Pozwoliło to na złożenie pełnych genomów jak również obecnych w komórkach plazmidów.

Również z użyciem aparatu MiSeq wykonano sekwencjonowanie 64 próbek metagenomicznych pochodzących z pałacu w Wilanowie uzyskując łącznie 7,7 Gb par zasad.

W ramach projektu FunChleb wykonano pilotażowe sekwencjonowanie 4 próbek metagenomicznych mające na celu wstępne określenie składu konsorcjów bakteryjnych i drożdżowych w próbkach z żuru chlebowego.

Opis najważniejszych osiągnięć

Uzyskano szkic sekwencji genomu patogennej algi *Prototheca wickerhamii*. Złożono sekwencje pełnych genomów bakterii psychrofilnych (*Polaromonas* sp.) wraz z przenoszonymi przez nie plazmidami oraz sekwencje 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. Badanie składu żurów do wypieku chleba umożliwi dobranie optymalnego zestawu bakterii i grzybów dla uzyskania chleba o najlepszych wartościach odżywczych i smakowych przy zachowaniu długo świeżości bez stosowania konserwantów. Analiza bakterii występujących na eksponatach muzealnych posłuży do opracowania środków chroniących obiekty muzealne. Poznanie kolejnych genomów fagów pozwoli na bezpieczne wprowadzenie ich do praktycznego wykorzystania w terapii u ludzi.

Publikacje

3810/A, 3819/A, 3824/A, 3864/A, 3872/A, 3873/A, 3876/A

Temat nr 67: Metabolizm siarki w roślinach

Zespół: prof. dr hab. Agnieszka Sirko, dr Anna Wawrzyńska, dr Katarzyna Zientara-Rytter, dr Milagros Collados Rodriguez, dr Leszek Tarnowski, doktorantka: mgr inż. Anna Niemiro

Cel badania

W grupie badane są procesy selektywnej degradacji białek na drodze autofagii lub proteasomalnej oraz ich wzajemne powiązania w odpowiedzi roślin na niedobory związków odżywczych. Procesy te służą nie tylko usuwaniu i przetwarzaniu białek, ale również regulacji metabolizmu w zależności od uwarunkowań rozwojowych i środowiskowych. Podejmowane są próby zdefiniowania ich udziału w przyswajaniu składników mineralnych przez rośliny.

Opis realizowanych prac

Charakteryzowany jest obecnie transkryptom (oddzielnie dla liści i korzeni) *Arabidopsis* nadprodukujących białko AtNBR1, receptor selektywnej autofagii, hodowanych w warunkach optymalnej dostępności oraz przy niedoborze siarki. Stosując technikę TAP-MS zidentyfikowane zostały białka potencjalnie oddziaływujące z AtNBR1. Trwają prace nad potwierdzeniem tych oddziaływań przy pomocy dodatkowych technik. Prowadzone są również prace nad szczegółową charakterystyką oddziaływań tytoniowego homologa białka AtNBR1, JOKA2 z różnymi izoformami białek Atg8. Skonstruowane zostały rośliny *Arabidopsis* z nadekspresją 4 izoform białek LSU, partnerów AtNBR1, silnie i specyficznie ekspresjonowanych podczas 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. Ich wyniki wskazują na udział modyfikacji posttranslacyjnych (fosforylacja, ubikwitynacja) oraz ścieżki degradacji proteasomalnej w kontroli stabilności białka SLIM1, kluczowego białka w ścieżce sygnału baku siarki. Dodatkowo badana jest możliwość interakcji pomiędzy białkami SLIM1 i EIN3, która może mieć wpływ na ich wiązanie z DNA. Przygotowany został materiał do sprawdzenia odpowiedzi transkryptomu linii *Arabidopsis* ze zmienionym poziomem białka SLIM1 na niedobór siarki.

Opis najważniejszych osiągnięć

Wytypowanie białek potencjalnie oddziaływujących z AtNBR1 oraz określenie jego udziału w kontroli transkrypcji podczas niedoboru siarki. Wykazanie istnienia u roślin sekwencji LIR o zmienionym konsensusie oddziaływujących ze specyficznymi izoformami białek Atg8. Zademonstrowanie zdolności homo- i hetero-oligomeryzacji pomiędzy białkami SLIM1 i EIN3 oraz wpływu tych oddziaływań na wiązanie do DNA.

Wykorzystanie uzyskanych wyników

Uzyskano rozszerzoną ochronę patentową wynalazku P.392772 w RPA (patent na wynalazek został udzielony w dniu 27.10.2014).

Na podstawie uzyskanych wyników napisano i obroniono jedną pracę doktorską (Milagros Collados Rodriguez; data obrony: 18.06.2015 r).

Publikacje

5028, 5167, 3813/A, 3959/A, 818/N

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

Zespół: prof. dr hab. P. 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

Prowadzono analizę porównawczą organizacji transkryptomu różnych gatunków drożdży. Badano wpływ mutacji w genie *MIP1* kodującym mitochondrialną polimerazę DNA na stabilność genomu.

Opis najważniejszych osiągnięć

Opisano transkryptom mitochondrialny *Candida albicans* w kontekście ewolucyjnym i zaproponowano mechanizm ewolucji organizacji ekspresji genomów mitochondrialnych u drożdży.

Stworzono modele alleli genu kodującego mitochondrialną polimerazę DNA, zidentyfikowanych jako sprawcze w chorobach mitochondrialnych człowieka.

Wykorzystanie uzyskanych wyników

Wyniki opublikowano w artykułach 5116 i 5148 w modelu otwartego dostępu (Open Access).

Publikacje

5116, 5148

Temat nr 69: Metabolizm RNA u Eucaryota

Zespół: prof. dr hab. Andrzej Dziembowski, dr hab. Rafał Tomecki, dr Przemysław Płociński, mgr Krystian Stodur, mgr Katarzyna Kowalska, doktoranci: mgr Dominik Cysewski, mgr Ewa Furmańczyk, mgr Katarzyna Kalisiak, mgr Michał Kamiński, mgr Paweł Krawczyk, mgr Anna Łabno, mgr Jacek Miłek, mgr Adam Pyzik, mgr Aleksandra Siwaszek, mgr Agata Jędruszkowiak, magistranci: Marta Błaszczewicz, Anna Kotrys, Róża Węglińska, licencjusze: Maciej Aleksander, Salvador Cyranowski, Mieszko Majka, Radosław Salamon, dr Łukasz Borowski, dr Leszek Lipiński, dr Roman Szczęsny, dr Zbigniew Warkocki, mgr Dorota Adamska, mgr Kamila Affek (technik), mgr Aleksander Chlebowski (technik), mgr Weronika Jonko, mgr Kamila Kłosowska (technik), mgr Kamil Kobylecki, Tomasz Kuliński (technik), mgr Ewelina Owczarek (technik), mgr Magdalena Wójcik (technik), mgr Anna Maksymiuk (technik)

Cel badania

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

Opis realizowanych prac

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

Analiza kompleksu egzosomu:

Zakończono wysokoprzepustowe analizy substratów jądrowej podjednostki katalitycznej egzosomu, DIS3 u ludzi, które wykazały podstawową rolę tego enzymu w degradacji niestabilnych produktów transkrypcji. Prowadzimy dalsze analizy mające na celu poznanie wpływu nadekspresji niestabilnych RNA na strukturę chromatyny

Analiza Rybonukleazy DIS3L2:

Przeprowadzono dogłębne analizy funkcji cytoplazmatycznej rybonukleazy DIS3L2. Wykazano, że we współpracy z nie-kanonicznymi poli(U) polimerazami reguluje ona poziomy Y RNA i Vault RNA oraz uczestniczy w kontroli jakości snRNA.

Degradacja RNA w mitochondriach:

Odkryto, że mitochondria są głównym źródłem dwuniciowego RNA w komórkach ludzkich, oraz że degradosom mitochondrialny we współpracy z mitochondrialną poli(A) polimerazą są odpowiedzialne za jego degradację.

Analiza niekanonicznych poli(A) polimeraz:

Analizowano, specyficzną dla zwierząt, rodzinę poli(A) polimeraz. Wykorzystując metodologię CRISPR, skonstruowano linie myszy zawierające mutacje genach kodujących wszystkie białe z tej rodziny. Aktualnie prowadzone są badania fenotypów. Wstępne wyniki są bardzo obiecujące

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

Wykazanie, że rybonukleaza DIS3L2 we współpracy z poli(U) polimerazami kontroluje poziom Vault i Y RNA oraz uczestniczy w kontroli jakości snRNA.

Wykazanie, że mitochondria są głównym źródłem dsRNA w komórkach ludzkich.

Wykorzystanie uzyskanych wyników

Wyniki badań zostaną wykorzystane w publikacjach naukowych.

Publikacje

5031, 5044, 5047, 5056, 5100, 5107, 5140, 5163

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

Zespół: prof. dr hab. Matthias Bochtler, dr Joanna Krwawicz, dr Małgorzata Perycz, dr Anna Piasecka-Fricke, dr Honorata Czapińska, dr Humberto Couto Fernandes, mgr Michał Pastor, mgr Marlena Kisiała

Cel badania

Zespół prowadzi badania nad endonukleazami w szczególności tymi, które mogą być używane w inżynierii genomowej.

Opis realizowanych prac

Systemy metylacji i restrykcji zostały użyte jako modele badawcze mające na celu wykazanie jak grupy metylowe w DNA wpływają na wiązanie się białek do kwasów nukleinowych. Dostępne dane literaturowe dotyczące efektu metylacji DNA i jego cięcia przez endonukleazy restrykcyjne zostały skorelowane z liczbą i wielkością zaważ sterycznych. Uzyskane dane pokazały, że zaważ przestrzenne są spowodowane nie tylko przez grupy metylowe blokujące cięcie DNA, ale także przez grupy metylowe, które nie uczestniczą w tym blokowaniu (Mierzejewska et al. 2015).

Nukleaza Cas9 jest obecnie powszechnie używanym narzędziem w inżynierii genomowej. W pracach na embrionach zwierzęcych (*Danio rerio* i *Nasonia vitripennis*) używana jest do transgenezy typu knock-out. W trakcie prac okazało się, że istotnym czynnikiem we wczesnym monitorowaniu wprowadzonych w DNA zmian jest czułość metody wykrywania mutacji, która zaszła w małym procencie komórek (Krwawicz i wsp., manuskrypt w przygotowaniu).

Podjęto także próbę scharakteryzowania nowego systemu CRISPR. Jak dotychczas, opublikowano jedynie wyniki analizy systemu CRISPR z *Porphyrromonas gingivalis* (współpraca z dr Krzysztofem Pyrciem i prof. Janem Potempą, Burmistrz i wsp., 2015). Obecnie, we współpracy z profesorem Virgisem Siksnyssem (Uniwersytet w Wilnie), prowadzone są prace nad wykorzystaniem nukleaz CRISPR typu I i typu III jako efektywnych narzędzi w inżynierii genomowej.

W poszukiwaniu nowych narzędzi do inżynierii genomowej przeprowadzono szeroko zakrojone poszukiwania białek o wielu powtarzających się domenach, które różnią się tylko kilkoma aminokwasami zawsze w tym samym rejonie zmiennym (jak powtórzenia typu TAL). Analiza ta wyłoniła kilka interesujących grup potencjalnych kandydatów białek mogących oddziaływać z DNA (Perycz i wsp., manuskrypt w przygotowaniu).

Dokończono również zainicjowane wcześniej badania. W pracy Grabowska i wsp. 2015 przedstawione zostały badania krystalograficzne, które pozwoliły wyjaśnić sposób wiązania substratu do LytM, reprezentatywnego białka wchodzącego w skład rodziny amidaz peptydoglikanu.

Opisano również nową metodę wysoko dokładnego oczyszczania PSII z roślin wyższych (Haniewicz i wsp. 2015).

Opis najważniejszych osiągnięć

Opracowano pierwszą ilościową korelację pomiędzy zaważami przestrzennymi wywołanymi metylacją kwasów nukleinowych i efektami biologicznymi. Do tej pory analiza objęła endonukleazy restrykcyjne DNA. Pomimo tych ograniczeń mamy nadzieję, że wnioski z tej pracy mogą choć w części posłużyć dla innych grup białek wiążących DNA.

Wykorzystanie uzyskanych wyników

Narzędzia do przewidywania oddziaływań mogą zostać wykorzystane jeśli okaże się, że uzyskane wyniki można zastosować do szerszej grupy białek niż tylko dla endonukleaz restrykcyjnych DNA, na których opracowano tę metodę.

Jeżeli uda się zaadaptować nowe systemy CRISPR do edycji genomu w Eukariota, lub znaleźć nowe białka typu TAL lub palców cynkowych i odczytać kod łączący sekwencje powtórzeń w białku z rozpoznawanymi zasadami DNA, to nowe narzędzia do inżynierii genomowej mogą zostać wykorzystane przez genetyków.

Publikacje

5096, 5143, 5169, 3995/A, 3906/A, 3908/A

Temat nr 71: Stres środowiskowy jako źródło niestabilności genetycznej

Zespół: dr hab. Adrianna Skoneczna, dr Wioletta Górka-Nieć, dr Izabela Brózda, mgr Kamil Król, mgr Justyna Jendrysek, mgr Justyna Kurdziel, mgr Paulina Adamus

Cel badania

Zeocyna jest związkiem z rodziny bleomycyn, radiomimetykiem stosowanym w medycynie, dlatego informacje o sposobie jej działania, oraz o możliwych przyczynach nadwrażliwości czy oporności komórek na ten związek może być użyteczna np. podczas terapii przeciwnowotworowych. Wyniki dotychczas przeprowadzonych doświadczeń całogenomowych, wykorzystujących mikromacierze „molekularnych kodów kreskowych” i kolekcję szczepów delecyjnych drożdży *Saccharomyces cerevisiae*, wskazały na zaangażowanie 133 genów w ochronę komórek przed stresem wywołanym zeocyną. Celem badań jest poznanie mechanizmu toksyczności zeocyny, jak również mechanizmów warunkujących odporność na ten chemoterapeutyk.

Opis realizowanych prac

Badania fenotypów związanych ze stabilnością genetyczną komórek drożdży niosących mutacje uwrażliwiające je na zeocynę wykazało anomalie zawartości DNA u ponad połowy z nich. Dalsze badania wykazały także niezdolność do naprawy uszkodzeń DNA powodowanych zeocyną, oraz zmieniony poziom mutagenezy w analizowanych szczepach. Szczepy te wykazywały również podwyższoną częstość rekrutacji białka Rad52 do uszkodzeń DNA, świadczących o zwiększonej ilości uszkodzeń DNA, lub spowolnionej ich naprawie w tych szczepach. Wśród analizowanych szczepów nadwrażliwych na zeocynę, cechy takie wykazywały m.in. szczepy pozbawione genów kodujących białka uczestniczące w transporcie pęcherzykowym (25 spośród 49. wskazanych w doświadczeniu mikromacierzowym), enzymy szlaku remodelowania kotwic lipidowych (*GUP1*, *PER1*, *LAS21*) i białek regulujących cykl komórkowy (*SWI6*). Część z analizowanych szczepów wykazywała różne fenotypy w zależności od ploidalności badanych komórek. Otrzymane wyniki sugerują, że białka niezbędne do przetrwania stresu wywołanego zeocyną uczestniczą w różnorodnych procesach gwarantujących zachowanie stabilnego genomu.

Opis najważniejszych osiągnięć

Geny związane z transportem pęcherzykowym, remodelowaniem kotwic lipidowych są niezbędne do przetrwania stresu powodowanego zeocyną i zachowania stabilności genetycznej komórek.

Przeprowadzona analiza wykazała istnienie kilku niezależnych mechanizmów warunkujących ochronę komórek przed zeocyną: (1) redukcja poziomu toksycznej substancji w komórkach, (2) zabezpieczenie przed skutkami stresu oksydacyjnego, (3) regulacja odpowiedzi na stres genotoksyczny, (4) wstrzymanie cyklu komórkowego, (5) aktywacja systemów reperacji uszkodzeń DNA.

Wykorzystanie uzyskanych wyników

Uzyskane wyniki badań są podstawą publikacji naukowych, pracy doktorskiej i pracy magisterskiej.

Publikacje

5052, 5065, 5144, 5151, 5155, 3837/A, 3840/A, 3947/A, 805/N, 814/N, 840/N, 842/N

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

Zespół: dr hab. Marek Skoneczny, dr Anna Chelstowska, mgr Urszula Natkańska, mgr Błażej Kempański, 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 motywów w promotorze *HSP31* odpowiedzialnych za jego odpowiedź na stres wysokiego stężenia etanolu. Stworzono w tym celu bibliotekę mutacji punktowych w promotorze *HSP31* podłączonym do reportera lacZ. Zidentyfikowano do tej pory około 10 reszt nukleotydowych w promotorze, potencjalnie istotnych dla tej regulacji. Badania są w toku.
2. Rola konserwowanej cysteiny Cys138 w białku Hsp31p. Obecność lub brak tej reszty aminokwasowej wydaje się być bez znaczenia dla lokalizacji wewnątrzkomórkowej białka. Obecność cysteiny jest natomiast kluczowa dla jego funkcji. Wykazano w szczególności, że nadprodukcja Hsp31p w komórce, ale tylko jeśli obecna jest w nim reszta Cys138, odwraca częściowo nadwrażliwość komórek drożdży szczepu *glo1Δ*, niezdolnych do produkcji glioksalazy, na metylglioksal.
3. Lokalizacja wewnątrzkomórkowa Hsp31p. Zaobserwowane poprzednio struktury drobinowe w jakich znajduje się białko Hsp31p w warunkach stresu oksydacyjnego nie należą do żadnej ze znanych kategorii struktur subkomórkowych o zbliżonej morfologii, uwidocznionej metodą mikroskopii fluorescencyjnej: P-bodies, stress granules, peroksysomy, aparat Golgi'ego, itp. Najprawdopodobniej są to niespecyficzne agregaty białkowe, być może niefunkcjonalnego, uszkodzonego stresem oksydacyjnym białka. Ostatecznie lokalizacja natywnego Hsp31p została ustalona jako cytoplazmatyczna.

Ad 2. Badania nad nową drogą importu białek do peroksysomów, zależną od hipotetycznego sygnału PTS3 prowadzono w dwóch wątkach.

1. Dalsza charakterystyka sygnału PTS3. Skonstruowano szczepy produkujące białko Pox1p ze zmodyfikowanymi resztami aminokwasowymi tworzącymi domniemany złożony sygnał PTS3. Szczepy te poddano testom importu Pox1p do peroksysomów *in vivo*. Wykazano wpływ modyfikacji na wydajność importu. Rozpoczęto badania zmierzające do identyfikacji reszt aminokwasowych tworzących hipotetyczny PTS3 w białku Cat2p.
2. Poszukując dalszych białek, których import zależy od sygnału PTS3 zidentyfikowano białko Cta1p o aktywności katalazy.

Opis najważniejszych osiągnięć

Wykazanie aktywności metylglioksalazy białka Hsp31p *in vivo*.

Identyfikacja kolejnego białka, Cta1p, czwartego już białka w drożdżach *S. cerevisiae*, importowanego do peroksysomów hipotetycznym szlakiem PTS3.

Wykorzystanie uzyskanych wyników

Wyniki badań zostaną wykorzystane w publikacjach naukowych.

Publikacje

5065, 5072, 5129, 5144, 5151, 5155, 5161, 3837/A, 3838/A, 3840/A, 3947/A, 3978/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. Katarzyna Chwedorzewska, dr Małgorzata Korczak-Abshire, mgr Anna Znój

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 płetwonogich na terenach badawczych i dane porównano z danymi archiwalnymi. Obserwowano również pojawienie się gatunków obcych dla tej szerokości geograficznej.

Prowadzono analizę przyczyn, przebiegu i skutków ekspansji jedyne go obcego gatunku *Poa annua* L. w okolicach Stacji „Arctowskiego”. Przeprowadzono badania morfologiczne, genetyczne, epigenetyczne *Poa annua*, porównano z gatunkami rodzimymi *Deschampsia antarctica* i *Colobanthus quitensis*. Zbadano również frakcje węgla organicznego i rozwój gleb w zależności od występowania czynników glebotwórczych.

Opis najważniejszych osiągnięć

Zaobserwowano drastyczny spadek liczebności populacji *Pygoscelis antarcticus* i *Pygoscelis 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.

Przeanalizowano zmienność genetyczną i morfologiczną dwóch populacji *P. annua* z centrum jej naturalnego zasięgu i spoza niego, przeanalizowano zmienność genetyczną i epigenetyczną gatunku rodzimego. Rozpoczęto badania alokacji biomasy u *D. antarctica* pod wpływem zmiennych warunków troficznych.

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

5051, 5057, 5085, 5094, 5103, 5111, 5114, 5115, 5126, 5141, 5127, 5150, 3800/A, 3807/A, 3808/A, 3817/A, 3937/A, 240/M

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

Polaromonas sp i *Variovorax* spp pochodzące z kolekcji szczepów IBB PAN były analizowane pod kątem obecności plazmidów we współpracy z Zakładem Genetyki Bakterii UW i Pracownią Sekwencjonowania DNA i Syntezy Oligonukleotydów IBB PAN.

Wyodrębniano nowe szczepy, z grupy bakterii mlekowych z materiałów pochodzenia morskiego, lodowcowego i gleby metodą namnażania w specjalnie skomponowanym podłożu płynnym promującym wzrost bakterii z tej grupy (hodowla namnażająca) w warunkach beztlenowych. Uzyskano 10 izolatów bakterii z rodzaju *Carnobacterium*, 2 z rodzaju *Lactococcus* i 1 z rodzaju *Lactobacillus*. Izolaty przekazano Zakładowi Biochemii Drobnoustrojów IBB PAN w celu dalszej analizy.

Cześć grzybowych izolatów o znaczeniu biotechnologicznym i biokontrolnym przekazano zespołowi genetycznej modyfikacji grzybów w Pracowni Glikobiologii Grzybów IBB PAN. Tam w próbkach z powierzchni Lodowca Ekologii (Antarktyka) oznaczono grzyby należące do rzędów: *Cystofilobasidiales* i *Leucosporidiales*. W próbkach z powierzchni Lodowców Hansa i Werenskiolda (Arktyka) oznaczono grzyby należące do rzędów *Coniochaetales* i *Cystofilobasidiales*, co ciekawe te ostatnie rosły a także wydzielaly proteazy, celulazy i ksylolazy w całym stosowanym spektrum temperatur do 28°C.

Opis najważniejszych osiągnięć

Przeprowadzone badania dowodzą, że plazmidy są częstym komponentem genomów bakterii psychrofilnych, zasiedlających lodowce Arktyki i Antarktyki. Jak wykazano, replikony te niosą różnorodną informację genetyczną (w tym geny o charakterze adaptacyjnym), która stanowi doskonały marker do detekcji oraz analizy częstości zdarzeń horyzontalnego transferu genów. Z kolei identyfikacja miniaturowych plazmidów *Variovorax* spp., o unikatowej sekwencji i strukturze, pokazuje, że bakterie psychrofilne mogą być źródłem nowych typów systemów replikacyjnych, stanowiących doskonałe modele genetyczne do bardziej dogłębnych analiz molekularnych.

Według naszej wiedzy opublikowane wyniki badań (5117, 5158) prowadzonych w Antarktyce i Arktyce stanowią pierwszą próbę wyjaśnienia prawidłowości rozwoju mikroorganizmów na powierzchni lodowca odsłanianego w miarę przesuwania się linii śniegowej w kierunku linii równowagi. Uzyskane wyniki mogą pomóc lepiej zrozumieć zmienność w supraglacialnych siedliskach a także skorygować procedury poboru próbek oraz dostarczyć informacji o interakcjach zachodzących w mikrobiomie.

Wykorzystanie uzyskanych wyników

Wysłano do recenzji w FEMS Microbiology Ecology (Special Thematic Issue on Polar and Alpine Microbiology), pracę pt. "Identification of the miniature plasmids of Arctic psychrophilic bacteria of the genus *Variovorax*". trwają prace nad publikacją pt.: "Diversity of plasmids of psychrophilic *Polaromonas* spp. isolated from Arctic and Antarctic glaciers".

Publikacje

5117, 5158, 3810/A, 3826/A, 3827/A, 3828/A

Pracownia Analiz Mikromacierzy

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

W 2015 roku Pracownia Analiz Mikromacierzy uczestniczyła w wykonaniu eksperymentów z użyciem technologii mikromacierzy i sekwencjonowania nowej generacji dla wymienionych poniżej naukowców z IBB PAN:

L.p.	Zakład lub Pracownia IBB PAN	Zamawiający	Rodzaj analizy
1.	Zakład Biochemii Lipidów	prof. Ewa Świeżewska	12 analiz RNA ludzkiego
2.	Zakład Biochemii Roślin	prof. Agnieszka Sirko	32 analizy RNA mysiego, 12 analiz RNA <i>A.thaliana</i> 32 analizy RNA kurzego
3.	Zakład Biosyntezy Białka	dr Anna Góra	69 analiz RNA izolowanego z pomidora
4.	Zakład Biosyntezy Białka	dr Szymon Świeżewski	6 analiz RNA izolowanego z <i>A.thaliana</i>
5.	Zakład Biochemii Drobnoustrojów	dr hab. Urszuli Zielenkiewicz	sekwencjonowanie hiperzmiennych regionów genu kodującego 16SrRNA do analiz metagenomicznych przy użyciu Ion PGM.

Dla większości wykonanych eksperymentów mikromacierzowych przeprowadzono analizę bioinformatyczną uzyskanych wyników przy użyciu oprogramowania Partek Genomics Suite.

Pracownia Analiz Mikromacierzy wykonała zlecenia otrzymane z następujących jednostek badawczych:

L.p.	Instytucja	Rodzaj analizy
1.	Międzynarodowy Instytut Biologii Molekularnej i Komórkowej	sekwencjonowanie nowej generacji, analiza RNA-seq przy użyciu urządzenia Ion Proton
2.	Instytut Medycyny Doświadczalnej i Klinicznej PAN	analiza z zastosowaniem technologii mikromacierzy
3.	Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu	analiza z zastosowaniem technologii mikromacierzy
4.	Wydział Biologii, Uniwersytet Warszawski	sekwencjonowanie hiperzmiennych regionów genu kodującego 16SrRNA do analiz metagenomicznych przy użyciu Ion PGM

W ramach współpracy naukowej z wymienionymi poniżej jednostkami badawczymi Zespół Pracowni Analiz Mikromacierzy wykonał szereg eksperymentów z zastosowaniem technologii mikromacierzy oraz sekwencjonowania nowej generacji. Przeprowadzono także odpowiednie analizy bioinformatyczne uzyskanych w pracowni danych.

Jednostki naukowe, z którymi Pracownia współpracuje naukowo:

1. Wydział Biologii, Uniwersytet Warszawski
2. Instytut Medycyny Doświadczalnej i Klinicznej PAN
3. Międzynarodowy Instytut Biologii Molekularnej i Komórkowej
4. Warszawski Uniwersytet Medyczny
5. Instytut Psychiatrii i Neurologii

Wykorzystanie uzyskanych wyników

5107, 5152

Serwis Bakulowirusa

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

W 2015 roku w pracowni nadprodukowano w komórkach owadzych (system Bac-To-Bac oraz FlashBac):

1. Białka ludzkie: FTO i kalmodulinę

2. Białko bakteryjne: AlkA *Pseudomonas putida*

3. Białka wirusowe:

- białko podstawy pentonu adenowirusa, białko typu dzikiego oraz zawierające epitopy białka M1 wirusa grypy, epitopy glikoproteiny 3 oraz domenę katalityczną anhidrazy węglanowej IX,

- hemaglutyninę wirusa ptasiej grypy w fuzji z N-końcowym fragmentem białka włókna adenowirusa oraz domeną trymerizacyjną.

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

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

tubulinę oraz kinezynę Kif5, oba białka pochodzące z myszy *Mus musculus* dla Instytutu Biologii Doświadczalnej PAN im M. Nenckiego.

Pracownia Hodowli Komórkowych

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

W 2015 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 i mysich (dr Iwona Brzozowska, grupa dr Urszuli Zielenkiewicz, Zakład Biochemii Drobnoustrojów).
2. Badania nad reduktazą poliprenolu SRD5A3 – analiza ekspresji genów, profilu białkowego i lipidowego w komórkach HEK i HeLa (dr Anna Buczkowska, Zakład Biochemii Lipidów).
3. Badania na unieśmiertelnionej linii komórkowej monocytów ludzkich THP-1 oraz wyprowadzonej z nich linii komórek Langerhansa (Monocyte-Derived Langerhans Cells) (grupa prof. dr hab. Wojciecha Bala, Zakład Biofizyki).
4. Charakterystyka aktywacji receptora RAGE w komórkach linii bEnd.3 wywołana peptydem A β 16-23 (dr Magdalena Kulma, grupa prof. dr hab. Michała Dadleza, Zakład Biofizyki).
5. Rola naprawy DNA i peroksydacja lipidów w stabilności genetycznej, procesach starzenia komórkowego i efektywności terapii fotodynamicznej (grupa prof. dr hab. Barbary Tudek, Zakład Biologii Molekularnej).
6. 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).
7. Badanie efektu antynowotworowego związków z grupy stilbenów i oksepiny na wybranych nowotworowych liniach komórkowych (grupa prof. dr hab. Elżbiety Grzesiuk, Zakład Biologii Molekularnej).
8. Zastosowanie wirusopodobnej cząstki wektorowej – dodekahedronu adenowirusa jako wektora dla czynników o potencjalnym działaniu terapeutycznym i platformy szczepionkowej (grupa dr hab. Ewy Szolajskiej, Zakład Biosyntezy Białka).
9. 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 Mutagenyzy i Reperacji DNA).
10. Rola ubikwitynacji w regulacji ludzkiej polimerazy iota (dr Justyna McIntyre, Pracownia Mutagenyzy i Reperacji DNA).
11. Analiza zawartości DNA genomowego szczepów drożdży *S. cerevisiae* niosących różnego typu mutacje. Badanie ich ploidalności i zaburzeń cyklu komórkowego (dr hab. Adrianna Skoneczna, mgr Justyna Jendrysek, Anastazja Markowska, Pracownia Mutagenyzy i Reperacji DNA).
12. Badanie wpływu wektorów drożdżowych na genom gospodarza poprzez analizę zawartości ich DNA genomowego (dr hab. Adrianna Skoneczna, Magda Włosek, Pracownia Mutagenyzy i Reperacji DNA).
13. Badanie zmian ekspresji białek fluoryzujących w populacji komórek drożdży *S. cerevisiae* w odpowiedzi na stres środowiskowy (dr hab. Adrianna Skoneczna i mgr Justyna Kurdziel, Pracownia Mutagenyzy i Reperacji DNA, oraz mgr Urszula Natkańska i dr hab. Marek Skoneczny, Zakład Genetyki).
14. 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).
15. Analiza porównawcza poziomu wybranych białek w komórkach DT40 z wykorzystaniem cytometru przepływowego (grupa prof. dr hab. Andrzeja Dziembowskiego, Pracownia Biologii RNA i Genomiki Funkcjonalnej).

16. 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).
17. Oznaczenie zmian poziomu dwuniciowego RNA w komórkach HeLa (grupa prof. dr. hab. Andrzeja Dziembowskiego, Pracownia Biologii RNA i Genomiki Funkcjonalnej).
18. Oznaczenie poziomu retrotranspozycji (grupa prof. dr hab. Andrzeja Dziembowskiego, Pracownia Biologii RNA i Genomiki Funkcjonalnej).
19. 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 Żuchniewicz, dr Piotr Dzierzbicki.

W 2015 roku ramach działalności usługowej dla IBB zsyntetyzowano 4 270 oligonukleotydów oraz zsekwencjonowano na aparatach ABI 3730 i ABI 3730 xl 16 919 matryc DNA, co przy średniej długości odczytu 850 bp daje 14 381 150 zasad.

Dla 152 zleceniodawców spoza IBB zostały zrealizowane zamówienia na zsekwencjonowanie 32 474 matryc i zsyntetyzowano 15 712 oligonukleotydy.

Za pomocą sekwenatora genomowego MiSeq Illumina zsekwencjonowano dla IBB 74 genomy bakteryjne, 24 genomy bakteriofagów, 12 plazmidów bakteryjnych i 14 próbek środowiskowych uzyskując łącznie 24 GB par zasad.

W ramach współpracy z jednostkami spoza Instytutu zsekwencjonowano: 20 genomów bakteryjnych, 91 plazmidów bakteryjnych, 3 genomy wirusów, 2 genomy mitochondrialne, 1 genom algi oraz 19 próbek środowiskowych otrzymując około 18GB par zasad.

Dodatkowo w ramach przyznanych minigrantów wykonano 142 sekwencjonowania matryc DNA i 4 654 reakcji analizy polimorfizmu.

Syntezy oligonukleotydów i sekwencjonowanie matryc wykonano dla następujących zakładów IBB:

		matryce	oligonukleotydy
1.	Zakład Genetyki	273	132
2.	Zakład Biochemii Drobnoustrojów	421	110
3.	Zakład Biosyntezy Białka	203	95
4.	Zakład Biochemii Roślin	475	180
5.	Zakład Biofizyki	495	330
6.	Zakład Biologii Molekularnej	620	212
7.	Zakład Genetyki UW	3 220	490
8.	Pracownia Mutagenazy i Reperacji DNA	223	157
9.	Pracownia Glikobiologii Grzybów	154	103
10.	Pracownia Sekwencjonowania DNA	140	150
11.	Zakład Biochemii Lipidów	195	111
12.	Pracownia Biologii RNA i Genomiki Funkcjonalnej	10 500	2 200

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, Warszawa
2.	Instytut Biocybernetyki i Inżynierii Biomedycznej PAN, Warszawa
3.	Instytut Biologii Medycznej PAN, Łódź
4.	Instytut Biologii Ssaków PAN, Białowieża
5.	Instytut Chemii Bioorganicznej PAN, Poznań
6.	Instytut Chemii Fizycznej PAN, Warszawa
7.	Instytut Dendrologii PAN, Kórnik
8.	Instytut Farmakologii PAN, Kraków
9.	Instytut Genetyki Człowieka PAN, Poznań
10.	Instytut Genetyki i Hodowli Zwierząt PAN, Jastrzębiec
11.	Instytut Genetyki Roślin PAN, Poznań
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, Olsztyn
18.	Zakład Ichtiobiologii i Gospodarki Rybackiej PAN, Gołysz
19.	Międzynarodowy Instytut Biologii Molekularnej i Komórkowej, Warszawa
20.	Instytut Biotechnologii i Antybiotyków, Warszawa
21.	Instytut Badawczy Leśnictwa, Sękocin Stary
22.	Instytut Biotechnologii Przemysłu Rolno-Spożywczego, Warszawa
23.	Instytut Chemii i Techniki Jądrowej, Warszawa
24.	Instytut Fizjologii i Patologii Słuchu, Warszawa
25.	Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin, Radzików
26.	Instytut Matki i Dziecka, Warszawa
27.	Instytut Medycyny Pracy, Łódź
28.	Instytut Ochrony Roślin PIB, Poznań
29.	Instytut Psychiatrii i Neurologii, Warszawa
30.	Instytut Zootechniki PIB, Kraków
31.	Instytut Reumatologii, Warszawa
32.	Instytut Włókien Naturalnych i Roślin Zielarskich, Poznań
33.	Państwowy Instytut Weterynaryjny, Puławy
34.	Państwowy Instytut Badawczy -Instytut Sportu, Warszawa
35.	Wojskowy Instytut Higieny i Epidemiologii, Warszawa
36.	Narodowy Instytut Leków, Warszawa
37.	Narodowy Instytut Zdrowia Publicznego - PZH, Warszawa
38.	Uniwersytet Gdański, Gdańsk
39.	Uniwersytet im. A. Mickiewicza, Poznań
40.	Uniwersytet Jagielloński, Kraków
41.	Uniwersytet Jagielloński- Collegium Medicum, Kraków
42.	Uniwersytet Jana Kochanowskiego, Kielce
43.	Uniwersytet im. Kardynała Stefana Wyszyńskiego, Warszawa
44.	Uniwersytet Kazimierza Wielkiego, Bydgoszcz
45.	Uniwersytet Łódzki, Łódź
46.	Uniwersytet Marii Curie-Skłodowskiej, Lublin
47.	Uniwersytet Mikołaja Kopernika, Toruń
48.	Uniwersytet Przyrodniczy, Lublin
49.	Uniwersytet Przyrodniczy, Poznań
50.	Uniwersytet Przyrodniczy, Wrocław
51.	Uniwersytet Rolniczy, Kraków
52.	Uniwersytet Rzeszowski, Rzeszów
53.	Uniwersytet Szczeciński, Szczecin
54.	Uniwersytet Śląski, Katowice
55.	Uniwersytet Technologiczno-Przyrodniczy, Bydgoszcz
56.	Uniwersytet Wrocławski, Wrocław
57.	Uniwersytet Warszawski, Warszawa
58.	Uniwersytet w Białymstoku, Białystok
59.	Uniwersytet Warmińsko-Mazurski, Olsztyn

60.	Uniwersytet Medyczny, Białystok
61.	Uniwersytet Medyczny, Lublin
62.	Uniwersytet Medyczny, Łódź
63.	Uniwersytet Medyczny, Poznań
64.	Uniwersytet Medyczny, Wrocław
65.	Gdański Uniwersytet Medyczny, Gdańsk
66.	Pomorski Uniwersytet Medyczny, Szczecin
67.	Śląski Uniwersytet Medyczny, Katowice
68.	Warszawski Uniwersytet Medyczny, Warszawa
69.	Zachodniopomorski Uniwersytet Technologiczny, Szczecin
70.	Politechnika Gdańska, Gdańsk
71.	Politechnika Warszawska, Warszawa
72.	Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego, Warszawa
73.	Lubuska Wyższa Szkoła Zdrowia Publicznego, Zielona Góra
74.	Akademia im. J. Długosza, Częstochowa
75.	Akademia Wychowania Fizycznego, Poznań
76.	Centrum Badań DNA Sp. z o.o., Poznań
77.	Centrum Biologii Medycznej PAN, Łódź
78.	Centrum Ekologii Człowieka, Warszawa
79.	Centrum Medyczne Kształcenia Podyplomowego, Warszawie
80.	Centrum Onkologii Bydgoszcz, Bydgoszcz
81.	Centrum Onkologii Warszawa, Warszawa
82.	Gdyńskie Centrum Innowacji, Gdynia
83.	Centralny Instytut Ochrony Pracy PIW, Warszawa
84.	Agencja Bezpieczeństwa Wewnętrznego, Warszawa
85.	Wojewódzki Inspektorat Weterynarii, Krosno
86.	Wojewódzki Inspektorat Weterynarii, Opole
87.	Weterynaryjne Laboratorium Diagnostyczne, Gietrzwałd
88.	Wojewódzka Stacja Sanitarno-Epidemiologiczna, Bydgoszcz
89.	Wojewódzka Stacja Sanitarno-Epidemiologiczna, Rzeszów
90.	Zakład Diagnostyki Medycznej, Poznań
91.	Wojewódzki Inspektorat Weterynarii, Siedlce
92.	Związek Międzygminnej Zatoki Puckiej, Władysławowo
93.	Adamed Sp. z o.o., Pieńków
94.	Agila Specialities Polska Sp. z o.o., Warszawa
95.	AMICUS- fundacja Uniwersytet Mikołaja Kopernika, Toruń
96.	Bioanalytic, Gdańsk
97.	Biochemik-Laboratorium Usługowo Badawcze, Kaczory
98.	Bionicum, Warszawa
99.	BioTe21, Kraków
100.	Bioton, Warszawa
101.	Centrum Diagnostyki Genetycznej Genescreen, Kobylnica
102.	Celther Polska Sp. z o.o., Zakroczym
103.	Clematis, Pruszków
104.	Curiocity Diagnostics, Warszawa

105.	Europejskie Regionalne Centrum Eko Hydrologii, Łódź
106.	EURx sp. z o.o., Gdańsk
107.	Fundacja Bioedukacji, Warszawa
108.	Fundacja Natura Optima Dux, Warszawa
109.	Genesis Polska, Poznań
110.	Genet Reserch Sp. z o.o., Wrocław
111.	Genoplast Biochemical, Pruszków
112.	Główny Inspektorat Jakości Handlowej Artykułów Rolno-Spożywczych, Warszawa
113.	Instytut Analiz Genetycznych Sp. z o.o., Warszawa
114.	Izba Celna, Gdynia
115.	Klinika Niepłodności i Endokrynologii Rozrodu, Poznań
116.	Krzysztof Kucharczyk – Techniki Elektroforetyczne, Warszawa
117.	LabGen-Podlaskie Centrum Genetyki, Białystok
118.	Laboratorium Badań Genetycznych Sp. z o.o., Lublin
119.	Laboratorium Diagnostyki Molekularne Sp. z o.o., Wrocław
129.	Laboratorium kosmetyczne dr Ireny Eris, Piaseczno
121.	Lubelskie Stowarzyszenie na Rzecz Przeciwdziałania Kamicy Moczowej, Lublin
122.	MedGen, Warszawa
123.	MediGen, Warszawa
124.	Novazym Polska, Poznań
125.	Oncogene Diagnostics, Kraków
126.	Parco Tecnologico Padano, Włochy
127.	Phage Consultans, Gdańsk
128.	Proteon Pharma Ceuticals SA, Łódź
129.	Rewlab, Warszawa
130.	Rex Company, Wrocław
131.	Regionalny Zarząd Gospodarki Wodnej, Kraków
132.	Samodzielny Publiczny Centralny Szpital Kliniczny, Warszawa
133.	Szpital Specjalistyczny, Brzozów
134.	Studio Opracowań Przyrodniczych, Warszawa
135.	Synevo Polska, Warszawa
136.	Vet-Lab, Brudzew
137.	VitaGenum, Lublin

Laboratorium Analiz Modyfikacji Genetycznych

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

Cel badania

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

Opis realizowanych prac

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

Opis najważniejszych osiągnięć

- (i) Laboratorium uczestniczyło w dwóch międzylaboratoryjnych badaniach sprawności jakościowej i ilościowej detekcji GMO organizowanych przez Instytut Materiałów Referencyjnych i Pomiarów UE w Centrum Badań Połączonych, Geel, Belgia.
- (ii) Wykonano usługi pomiaru ilościowego mRNA w różnych próbkach dostarczonych przez klientów IBB oraz zewnętrznych. Oznaczano również liczbę kopii genów w materiale dostarczonym przez klientów. Wykonano około 25 000 reakcji, łącznie z opracowaniem metodyki analiz i projektowaniem starterów.

Wykorzystanie uzyskanych wyników

Wyniki badań zostaną wykorzystane w publikacjach naukowych.

Publikacje

5021, 5149, 3819/A, 3821/A, 3824/A, 3825/A, 3879/A, 3897/A

Środowiskowe Laboratorium Spektrometrii Mas

Zespół: prof. dr hab. Michał Dadlez, dr Magdalena Kaus-Drobek, dr Dominik Domański, dr Monika Zaręba-Koziół, dr Krzysztof Drabikowski, dr Aleksander Moysa, 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

Laboratorium, jak w latach poprzednich, uczestniczyło w wielu projektach wykonując wszystkie niezbędne analizy proteomiczne i analizy leków i ich metabolitów. Spośród projektów zakończonych publikacjami należy wymienić uzyskanie lokalizacji ważnej funkcjonalnie fosforylacji ligazy ubikwitynowej Rsp5 na pozycji T761 (5161), określenie partnerów molekularnych białka *Drosophila melanogaster* FKBP39, zasocjowanego z chromatyną (5081), czy interaktomu tioesterazy białek palmitylowanych w komórkach neuroblastoma (5098, 5170). Analizy globalne proteomów pozwoliły na ocenę zmian proteomu moczu towarzyszących progresji nefropatii cukrzycowych (5050), czy też analizę subproteomu jąderkowego (we wsp. z prof. M. Hetmanem, Kentucky Univ., publikacja w rewizji w Mol. Cell. Proteomics). Analizy celowane z użyciem techniki MRM pozwoliły opracować panel peptydów cytokeratynowych pozwalający na klasyfikację płynów z jamy opłucnowej w zależności od patologii leżącej u podstaw jego pojawienia się, ze szczególnym uwzględnieniem chorych na raka płuc. Wyniki te stały się podstawą zgłoszenia patentowego K-4857p/15 dot. multipleksowego panelu cytokeratynowego w klasyfikacji pacjentów z nowotworem płuc i publikacji złożonej do Mol. Cell. Proteomics. W dziedzinie badań strukturalnych zakończyliśmy kilka wątków dotyczących m. in. kompleksu łącznikowego Mis12 białek kinetochoru (współpraca z dr M. Przewłoką, prof. D. Gloverem, Cambridge Univ., praca w rewizji w Open Biology), czy nowego oddziaływania w obrębie kompleksu białkowego procesingu histonowych mRNA (współpraca z prof. Z. Domińskim, N. Carolina Univ., praca w rewizji w J. Mol. Biol).

Część laboratorium odpowiedzialna za analizy substancji niskocząsteczkowych kontynuowała niektóre projekty rozpoczęte w poprzednich latach jak: oznaczanie leków immunosupresyjnych w osoczu (Novartis) i w krwi pełnej i mleku pacjentek, dla dr hab. Bożeny Kociszewskiej-Najman (WUM), metabolitu leflunomidu (Sandoz) oraz witaminy D w osoczu pacjentów (DUO-MED). Prowadzono badania farmakokinetyczne nowych związków dla OncoArendi i prof. Grażyny Niewiadomskiej (Instytut Nenckiego). Opracowano metodę oznaczania metabolitów nikotyny dla Synevo, kwasów abscysynowego i jasmonowego w ekstraktach roślinnych dla prof. Grażyny Dobrowolskiej, prof. Ewy Świeżewskiej (IBB PAN), siarczanu indoksyli dla dr hab. Barbary Lisowskiej-Myjak (WUM), asymetrycznej i symetrycznej dimetyloargininy (ADMA) w dializatach płynu mózgowo-rdzeniowego dla dr hab. Magdaleny Zielińskiej (IMDiK). Zakończono analizy związane z oceną metabolizmu tamoksifenu u kobiet chorych na raka piersi i związku jego metabolizmu z prognozą rozwoju choroby (5105), związku metabolizmu kwasu mykofenolowego z pojawianiem się komplikacji i dysfunkcji szpiku u osób po przeszczepach nerki (5106), wdrożeniem metody LC-MS/MS pomiaru 17-Hydroksyprogesteronu i wykazanie jego lepszej wiarygodności diagnostycznej w ocenie hiperandrogenizmu (5134)

Opis najważniejszych osiągnięć

Opracowanie panelu cytokeratynowego w diagnostyce raka z płynu jamy opłucnowej.

Wykorzystanie uzyskanych wyników

Uzyskane rezultaty wchodzi w skład publikacji i zgłoszenia patentowego nr P.414159 pt.: "Multipleksowy panel cytokeratynowy, sposób wytwarzania multipleksowego panelu cytokeratynowego i sposób klasyfikowania pacjentów z nowotworem płuc."

Publikacje 5037, 5039, 5050, 5081, 5098, 5105, 5106, 5134, 5161, 5170, 3795/A, 3796/A, 3847/A, 3866/A, 3871/A, 3888/A, 3901/A, 3964/A, 3822/A

Pracownia Mikroskopii Konfokalnej i Fluorescencyjnej IBB PAN

dr Małgorzata Lichocka - p/o Kierownika PMKiF

dr Anna Anielska-Mazur (w roku 2015 na urlopie wychowawczym)

W okresie sprawozdawczym 01.01.15 – 31.12.15, działalność PMKiF przebiegała zgodnie z założeniami statutowymi.

PMKiF była dostępna dla użytkowników przez większą część roku, od 01.08 do 30.10 była zamknięta a sprzęt zabezpieczony na czas termomodernizacji budynku. Mikroskop fluorescencyjny E800 był użytkowany nieodpłatnie przez przeszkolonych użytkowników, natomiast mikroskop konfokalny Nikon TE2000 C1 zgodnie z cennikiem dostępnym na stronie internetowej IBB lub w ramach współpracy naukowej.

Mikroskop fluorescencyjny Nikon E-800 wykorzystano w wymiarze 200 godz. do samodzielnej pracy przez użytkowników, którzy przeszli szkolenie z obsługi mikroskopu fluorescencyjnego.

Przeprowadzono szkolenie w trybie indywidualnym kolejnych 5 osób:

1. Paweł Ćwiek – Zakład Biosyntezy Białka IBB PAN
2. Kamila Jarończyk – Zakład Biosyntezy Białka IBB PAN
3. Łukasz Rymer – Zakład Genetyki IBB PAN
4. Błażej Kempański – Zakład Genetyki IBB PAN
5. Maciej Frydryszak – Cintamani Poland Majewscy i Koć Sp. J.

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

Mikroskop konfokalny Nikon C1 wykorzystano w wymiarze 394 godz. przez samodzielnych użytkowników z IBB PAN po szkoleniu bezpłatnie, w ramach usług mikroskopowych PMKiF dla pracowników IBB PAN oraz jednostek zewnętrznych.

Jednostki zewnętrzne korzystające z usług Pracowni w 2015r.:

1. Instytut Ogrodnictwa Zakład Genetyki, Hodowli i Biotechnologii Roślin Warzywnych w Skierniewicach.
2. Uniwersytet Warszawski, Wydział Biologii, Instytut Mikrobiologii, Zakład Wirusologii.
3. Cintamani Poland Majewscy i Koć Sp. J.
4. Instytut Fizyki Jądrowej w Krakowie.

Prowadzono nadzór nad stanem technicznym mikroskopów i innego wyposażenia w PMKiF w celu nieprzerwanej funkcjonalności powierzonej pracowni. Zakupiono nowy oświetlacz i monitor do mikroskopu Nikon E-800. Bieżącą konserwację sprzętu mikroskopowego zlecono serwisowi PRECOPTIC, na podstawie zawartej umowy serwisowej.

Publikacje

5034, 5102, 5179

Kolekcja Szczepów IBB PAN „COLIBB”

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. W roku 2012 do zasobów kolekcji włączono podgrupę psychrofilnych szczepów Arktycznych i Antarktycznych.

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

Obecnie przechowujemy 3036 szczepów bakteryjnych, 3882 drożdżowych i 2242 plazmidów, 300 izolatów środowiskowych oraz 2792 szczepy psychrofilne.

Gatunki bakterii zdeponowane w kolekcji to m.in:

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

Psychrobacter sp

Sejongia sp

Arthrobacter sp.

Yersinia sp.

Acinetobacter sp.

Flavobacterium sp.

Pseudomonas sp.

Serratia sp.

Leifsonia sp.

Polaromonas sp.

Hymenobacter sp.

Agrococcus sp.

Gatunek drożdży zdeponowany w kolekcji:

Saccharomyces cerevisiae

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

Seminaria instytutowe w roku 2015

13.01.2015

mgr Dominika Foretek - Zakład Genetyki

„Regulation of different steps of tRNA biogenesis under stress conditions”

20.01.2015

mgr Kamil Król - Pracownia Mutagenyzy i Reperacji DNA

„Quest for genes responsible for proper response of *Saccharomyces cerevisiae* cells to chemically induced DNA double strand break stress”

27.01.2015

mgr Marcin Jaciuk - Międzynarodowy Instytut Biologii Molekularnej i Komórkowej

„Damage detection and verification in bacterial nucleotide excision repair system (NER)”

03.02.2015

mgr Magdalena Kania - Zakład Biochemii Lipidów

„Mass spectrometry studies on identification and biosynthesis of polyisoprenoids”

10.02.2015

mgr Katarzyna Masłowska - Pracownia Mutagenyzy i Reperacji DNA

„Control of the *E. coli* SOS response by intracellular dNTP pools”

17.02.2015

mgr Aleksandra Witkiewicz-Kucharczyk - Zakład Biofizyki

„The interactions of XPAzf with intracellular carriers of redox signal”

24.02.2015

dr Małgorzata Cieśla - Zakład Genetyki

„Rbs1, a new protein implicated in RNA polymerase III biogenesis in yeast *Saccharomyces cerevisiae*”

03.03.2015

dr Bartosz Wawrzynów - Pracownia Mutagenyzy i Reperacji DNA

„MDM2 oncoprotein modulates DNA damage response in human cancer”

10.03.2015

mgr inż. Aleksandra Kacprzyk-Stokowiec - Zakład Biofizyki, Środowiskowe Laboratorium Spektrometrii Mas

„Structural changes of perfringolysin O during membrane channels formation analyzed by hydrogen-deuterium exchange coupled with mass spectrometry”

10.03.2015

mgr Aleksandra Skrajna - Zakład Biofizyki, Środowiskowe Laboratorium Spektrometrii Mas

„Structural studies on FLASH protein and its interaction with LSM11 and NPAT proteins supported by Hydrogen Deuterium Exchange Mass Spectrometry /HDXMS/”

17.03.2015

mgr Joanna Radziwiłł-Bieńkowska - Zakład Biochemii Drobnoustrojów

„Adhesive and muco-adhesive properties of the sequenced *Lactococcus lactis* subsp. *cremoris* IBB477 strain”

24.03.2015

prof. dr hab. Ewa Świeżewska - Zakład Biochemii Lipidów

„Zastosowanie pochodnych poliizoprenoidów jako nośników leków”

31.03.2015

mgr Karol Ruszel - Zakład Biologii Molekularnej

„Contribution of AlkB, AlkA and Mug proteins to repair of exocyclic DNA adducts”

14.04.2015

dr Agnieszka Maciejewska - Zakład Biologii Molekularnej

„New substrates for AlkB family dioxygenases. Mutagenic properties and repair of selected exocyclic DNA adducts”

21.04.2015

dr hab. Marta Koblowska - Pracownia Analiz Mikromacierzy

„DNA microarrays and Next Generation Sequencing - applied technologies in Laboratory of Microarrays Analysis”

21.04.2015

prof. Wojciech Bal - Zakład Biofizyki

„Set of instruments for thermodynamic characterization of proteins and small molecules”

27.04.2015

dr Roger Woodgate - Laboratory of Genomic Integrity National Institute of Child Health and Human Development Bethesda, USA

„Ribonucleotide Repair in Prokaryotes”

28.04.2015

prof. Michał Dadlez - Środowiskowe Laboratorium Spektrometrii

„Ważenie molekuł - co z tego mamy?”

28.04.2015

prof. Andrzej Dziembowski - Pracownia Biologii RNA i Genomiki Funkcjonalnej

„Instrumentation for automatic protein purification (AKTExpress), characterization of macromolecules (MALS-SEC, DLS) and genome-wide siRNA screenings (Janus pipetting workstation)”

05.05.2015

mgr Katarzyna Gawarecka - Zakład Biochemii Lipidów

„Studies on the biosynthesis and application of plant polyisoprenoids”

12.05.2015

mgr Michał Miętus - Laboratorium Struktury Białka, Międzynarodowy Instytut Biologii Molekularnej i Komórkowej

„Structural and biochemical characterisation of rad2 endonuclease”

19.05.2015

prof. Waldemar Priebe - Experimental Therapeutics - Unit 1950, The University of Texas MD Anderson Cancer Center

„Targeting Carbohydrates Metabolism for Antitumor Activity”

22.05.2015

dr Katarzyna Zaremba-Niedźwiedzka - Program of Molecular Evolution Department of Cell and Molecular Biology Biomedical Centre, Uppsala University

„Powstanie złożonych komórek eukariotycznych ...czyli czego można się dowiedzieć dzięki bioinformatycznej analizie metagenomu z dna oceanu...”

26.05.2015

dr André Verdel - Department of Cell Differentiation and Transformation Albert Bonniot Institute Faculté de Médecine Rond point de la Chantourne

„(Inc)RNA-based chromatin gene silencing mechanisms in fission yeast”

02.06.2015

mgr Krzysztof Tarnowski - Zakład Biofizyki

„Studies of protein structure and dynamics by hydrogen-deuterium exchange monitored by mass spectrometry”

02.06.2015

mgr inż. Aiswarya Premchandrar - Zakład Biofizyki

„Endocytosis and intracellular signal transduction: a link through APPL proteins”

09.06.2015

mgr Marek Żurczak - Pracownia Patogenezy Roślin

„Multifunctional protein SGT1 directs signaling of NLR receptors towards nucleus in plant immunity”

10.06.2015

dr Jerzy Kantorski - Instrument Key Account Manager, BD Biosciences

„Sortowanie komórek metodą FACS”

16.06.2015

mgr Aleksandra Grylak-Mielnicka - Zakład Biochemii Drobnoustrojów

„Identification of Rho dependant network(s) in *Bacillus subtilis*”

17.06.2015

prof. Judith Campbell - Caltech, Pasadena, USA

„Too much of a good thing?: Regulation of DNA2 helicase/nuclease for genome stability”

23.06.2015

mgr Michał Plachta - Pracownia Mutogenezy i Reperacji DNA

„Cell cycle regulation of Translesion Synthesis DNA /TLS/ polymerases”

30.06.2015

mgr inż. Dorota Tulacz - Zakład Genetyki

„Correlation between heart and blood transcriptomic profiles in a rat model of post-infarction heart failure”

07.07.2015

dr Celia Baroux - Institute of Plant Biology and Zurich-Basel Plant Science Center University of Zurich

„Chromatin dynamics when plant cells change their fate – Driver or Readout?”

24.07.2015

dr John V. Bason - MRC Mitochondrial Biology Unit, Cambridge, UK

„ATP Synthase: Towards understanding the mechanism of rotary catalysis”

07.09.2015

dr Greg Clark - The University of Texas at Austin/

„Extracellular ATP and apyrases regulate plant growth and development”

13.10.2015

dr Paweł Zawadzki - Department of Biochemistry, University of Oxford, UK

„Mechanisms of bacterial chromosome repair and segregation studied by smFRET and Super-Resolution microscopy”

03.11.2015

dr Damian Graczyk - Zakład Genetyki

„Involvement of RNA Polymerase III in Immune Responses”

03.11.2015

dr Jolanta Topczewska - Northwestern University, Feinberg School of Medicine Chicago, USA
„All you need is... zebrafish: using an animal model in human diseases research”

17.11.2015

prof. Eran Perlson - Department of Physiology and Pharmacology, Sackler Faculty of Medicine
Tel Aviv University
„Molecular communication mechanisms of motor neuron survival and synapse”

04.12.2015

prof. Michael Barrett - Institute of Infection, Immunity and Inflammation, The University of Glasgow
„Glasgow Polyomics: Improved inference in Integration”

08.12.2015

mgr Agata Lipko - Zakład Biochemii Lipidów
„Biosynteza poliizoprenoidów u *Arabidopsis thaliana* – badania *in vivo*”

09.12.2015

prof. Gregora Anderluha - Narodowy Instytut Chemii w Lublanie
„Structure and assembly of invertebrate cytolysin pore”

15.12.2015

mgr Julita Gruchota - Pracownia Sekwencjonowania DNA i Syntezy Oligonukleotydów
„Czynniki elongacji transkrypcji w syntezie niekodujących RNA”

22.12.2015

mgr Karolina Morgiewicz - Pracownia Patogenezy Roślin
„Zjawisko skrajnej odporności roślin ziemniaka (*Solanum tuberosum* L.) na infekcje – często wykorzystywane w hodowli, choć słabo scharakteryzowane”

Lista publikacji za 2015 rok

ARTYKUŁY 2015

5021

ALEKSANDRZAK-PIEKARCZYK T., STASIAK-RÓŻAŃSKA L., CIEŚLA J. M., BARDOWSKI J.K.
ClaR—a novel key regulator of cellobiose and lactose metabolism in *Lactococcus lactis* IL1403.

Applied Microbiology and Biotechnology (2015) 99(1): 337-347

IF 3.337

5022

PIOTROWSKA A., KORWIN M., BARTNIK E., TOŃSKA K.

Leber hereditary optic neuropathy - historical report in comparison with the current knowledge.

Gene (2015) 555(1): 41-49

IF 2.138

5023

WASYL D., KERN-ZDANOWICZ I., DOMAŃSKA-BLICHARZ K., ZAJĄC M., HOSZOWSKI A.

High-level fluoroquinolone resistant *Salmonella enterica* serovar Kentucky ST198 epidemic clone with IncA/C conjugative plasmid carrying *bla*CTX-M-25 gene.

Veterinary Microbiology (2015) 175(1): 85-91

IF 2.511

5024

WINIEWSKA M., MAKOWSKA M., MAJ P., WIELECHOWSKA M., BRETNER M., POZNAŃSKI J., SHUGAR D.

Thermodynamic parameters for binding of some halogenated inhibitors of human protein kinase CK2.

Biochemical and Biophysical Research Communications (2015) 456(1): 282-287

IF 2.297

5025

DEREWIAKA D., MOLIŃSKA (NÉE SOSIŃSKA) E.

Cholesterol transformations during heat treatment.

Food Chemistry (2015) 171: 233-240

IF 3.391

5026

CHOJNACKA M., SZEWIŃSKA J., MIELECKI M., NYKIEL M., IMAI R., BIELAWSKI W., ORZECOWSKI S.

A triticale water-deficit-inducible phytocystatin inhibits endogenous cysteine proteinases *in vitro*.

Journal of Plant Physiology (2015) 174: 161-165

IF 2.557

5027

GUZEK D., GŁĄBSKA D., GŁĄBSKI K., POGORZELSKI G., BARSZCZEWSKI J., WIERZBICKA A.
Relationships between sarcomere length and basic composition of *infraspinatus* and *longissimus dorsi* muscle.

Turkish Journal of Veterinary and Animal Sciences (2015) 39: 96-101

IF 0.242

5028

SIRKO A., WAWRZYŃSKA A.K., COLLADOS-RODRIGUEZ M., SEKTAS P.

The family of LSU-like proteins.

Frontiers in Plant Science 2015 (5): 9p.

doi: 10.3389/fpls.2014.00774

IF 3.948

5029

SIKORA B., FRONC K., KAMIŃSKA I., KOPER K., CHWASTYK M., STĘPIEŃ P.P., PASZKOWICZ W., WOJCIECHOWSKI T., SOBCZAK K., ELBAUM D.

Fluorescence resonance energy transfer between ZnO/MgO/carboxymethyl- β -cyclodextrin and NileRed in HeLa cells – biosensing applications.

RSC Advances (2015) 5: 1323–1330

IF 3.840

5030

MAŁECKA K., STACHYRA A., GÓRA-SOCHACKA A., SIRKO A., ZAGÓRSKI-OSTOJA W., DEHAEN W., RADECKA H., RADECKI J.

New redox-active layer create via epoxy–amine reaction – the base of genosensor for the detection of specific DNA and RNA sequences of avian influenza virus H5N1.

Biosensors and Bioelectronics (2015) 65: 427-434

IF 6.409

5031

LUBAS M., ANDERSEN P.R., SCHEIN A., DZIEMBOWSKI A., KUDŁA G., JENSEN T. H.

The human nuclear exosome targeting complex is loaded onto newly synthesized RNA to direct early ribonucleolysis.

Cell Reports (2015) 10(2): 178-192

IF 8.358

5032

BUCZKOWSKA A., ŚWIEŻEWSKA E., LEFEBER D.J.

Genetic defects in dolichol metabolism.

Journal of Inherited Metabolic Disease (2015) 38(1): 157-169

IF 3.365

5033

ADAMCZYK J., BAL W., KRĘŻEL A.

Coordination properties of dithiobutylamine (DTBA), a newly introduced protein disulfide reducing agent.

Inorganic Chemistry (2015) 54(2): 596-606

IF 4.762

5034

GUTKOWSKA M., WNUK M., NOWAKOWSKA J., LICHOCKA M., STRONKOWSKI M., ŚWIEŻEWSKA E.

Rab geranylgeranyl transferase β subunit is essential for male fertility and tip growth in *Arabidopsis*.

Journal of Experimental Botany (2015) 66(1): 213-224

IF 5.526

5035

KAMIŃSKA K., SZCZYLIK C., BIELECKA Z.F., BARTNIK E., PORTA C., LIAN F., CZARNECKA A.M.

The role of the cell–cell interactions in cancer progression.

Journal of Cellular and Molecular Medicine (2015) 19(2): 283-296

IF 4.014

5036

LASOTA A., FRĄCZAK O., LEŚNIAK A., MUCHOWSKA A., LIPKOWSKI A.W., NOWAKOWSKI M., EJCHART A., OLMA A.

Analogues of deltorphin I containing conformationally restricted amino acids in position 2: structure and opioid activity.

Journal of Peptide Science (2015) 21(2): 120-125

IF 1.546

5037

GEGECKAS A. GUDIUKAITE R., DĘBSKI J., CITAVICIUS D.
Keratinous waste decomposition and peptide production by keratinase from *Geobacillus stearothermophilus* AD-11.
International Journal of Biological Macromolecules (2015) 75: 158-165
IF 2.858

5038

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 cryptogean signalling.
Plant, Cell and Environment (2015) 38(2): 331-348
IF 6.960

5039

CZUBIŃSKI J., BARCISZEWSKI JAKUB GILSKI M., SZPOTKOWSKI K., DĘBSKI J., LAMPART-SZCZAPA E., JASKÓLSKI M.
Structure of γ -conglutin: insight into the quaternary structure of 7S basic globulins from legumes.
Acta Crystallographica. Section D, Biological Crystallography (2015) 71(Pt 2): 224-238
IF 2.674

5040

DOLATA J., GUO Y., KOŁOWERZO A., SMOLIŃSKI D., BRZYŻEK G., JARMOŁOWSKI A., ŚWIEŻEWSKI S.S.
NTR1 is required for transcription elongation checkpoints at alternative exons in *Arabidopsis*.
EMBO Journal (2015) 34(4): 544-558
IF 10.434

5041

MATAK D., SZYMAŃSKI Ł., SZCZYLIK C., ŚLEDZIEWSKI R., LIAN F., BARTNIK E., SOBOCIŃSKA E., CZARNECKA A.M.
Biology of renal tumour cancer stem cells applied in medicine.
Współczesna Onkologia-Contemporary Oncology (2015) 19(1A): A44-A51
IF -

5042

JURCZYK B., HURA K., TRZEMECKA A., RAPACZ M.
Evidence for alternative splicing mechanisms in meadow fescue (*Festuca pratensis*) and perennial ryegrass (*Lolium perenne*) Rubisco activase gene.
Journal of Plant Physiology (2015) 176: 61-64
IF 2.557

5043

BOSSAK K., GOCH W., PIĄTEK K., FRĄCZYK T., POZNAŃSKI J., BONNA A., KEIL C., HARTWIG A., BAL W.
Unusual Zn(II) affinities of zinc fingers of poly(ADP-ribose) polymerase 1 (PARP-1) nuclear protein.
Chemical Research in Toxicology (2015) 28(2): 191-201
IF 3.529

5044

TOMECKI R., DRAŻKOWSKA K., KRAWCZYK A., KOWALSKA K., DZIEMBOWSKI A.
Purification of eukaryotic exoribonucleases following heterologous expression in bacteria and analysis of their biochemical properties by in vitro enzymatic assays.
Chapter in: **RNA Remodeling Proteins: Methods and Protocols**, Methods in Molecular Biology, Editor: M. Boudvillain, vol 1259, Springer; ISBN 978-1-4939-2213-0 [470p.] 2015, p.417-452

5045

SMOLAREK D., HATTAB C., BUCZKOWSKA A., KACZMAREK R., JARZĄB A., COCHET S., DE BREVERN A.G., ŁUKASIEWICZ J., JACHYMEK W., NIEDZIELA T., GRODECKA M., WAŚNIEWSKA K., ARONOVICZ Y.C., BERTRAND O., CZERWIŃSKI M.

Studies of a murine monoclonal antibody directed against DARC: reappraisal of its specificity.

PLOS ONE (2015) 10(2): e0116472 (17 p.)

doi: 10.1371/journal.pone.0116472

IF 3.234

5046

MIELECKI D., WRZESIŃSKI M., GRZESIUK E.

Inducible repair of alkylated DNA in microorganisms.

Mutation Research/Reviews in Mutation Research (2015) 763: 294-305

IF 6.213

5047

EHEBAUER M.T., ZIMMERMANN M., JAKOBI A.J., NOENS E.E., LAUBITZ D., CICHOCKI B., MARRAKCHI H., LANÉELLE M.A., DAFFÉ M., SACHSE C., DZIEMBOWSKI A., SAUER U., WILMANN M.

Characterization of the mycobacterial Acyl-CoA carboxylase holo complexes reveals their functional expansion into amino acid catabolism.

PLOS PATHOGENS (2015) 11(2): e1004623 (23 p.)

doi: 10.1371/journal.ppat.1004623

IF 7.562

5048

RYGIEL A.M., BEER S., SIMON P., WERTHEIM-TYSAROWSKA K., ORACZ G., KUCHARZIK T., TYSAROWSKI A., NIEPOKÓJ K., KIERKUS J., JUREK M., GAWLIŃSKI P., POZNAŃSKI J., BAL J., LERCH M.M., SAHIN-TÓTH M., WEISS F.U.

Gene conversion between cationic trypsinogen (*PRSS1*) and the pseudogene trypsinogen 6 (*PRSS3P2*) in patients with chronic pancreatitis.

Human Mutation (2015) 36(3): 350-356

IF 5.144

5049

WYSZYŃSKA A., KOBIERECKA P., BARDOWSKI J.K., JAGUSZTYN-KRYNICKA E.K.

Lactic acid bacteria-20 years exploring their potential as live vectors for mucosal vaccination.

Applied Microbiology and Biotechnology (2015) 99(7): 2967-2977

IF 3.337

5050

LEWANDOWICZ A., BAKUN M., KOHUTNICKI R., FABIAŃSKA A., KISTOWSKI M., IMIELA J., DADLEZ M.

Changes in urine proteome accompanying diabetic nephropathy progression.

Polskie Archiwum Medycyny Wewnętrznej (2015) 125(1-2): 27-38

IF 2.121

5051

PRUS W., FABIAŃSKA M.J., ŁABNO R.

Geochemical markers of soil anthropogenic contaminants in polar scientific stations nearby (Antarctica, King George Island).

Science of the Total Environment (2015) 518-519C: 266-279

IF 4.099

5052

KANIAK-GOLIK A., SKONECZNA A.

Mitochondria–nucleus network for genome stability.

Free Radical Biology & Medicine (2015) 82: 73-104

IF 5.736

5053

JULKOWSKA M.M., McLOUGHLIN F., GALVAN-AMPUDIA C.S., RANKENBERG J.M., KAWA D., KLIMECKA M.M., HARING M.A., MUNNIK T., KOOIJMAN E.E., TESTERINK C.

Identification and functional characterization of the *Arabidopsis* Snf1-related protein kinase SnRK2.4 phosphatidic acid-binding domain.

Plant, Cell and Environment (2015) 38(3): 614-624

IF 6.960

5054

KADZIŃSKI L., PROKOPOWICZ M., JAKÓBKIEWICZ-BANECKA J., GABIG-CIMIŃSKA M., ŁUKASIAK J., BANECKI B.

Effect of silicone on the collagen fibrillogenesis and stability.

Journal of Pharmaceutical Sciences (2015) 104(4): 1275-1281

IF 2.590

5055

MACIEJAK A., KILISZEK M., MICHALAK M., TUŁACZ D., OPOLSKI G., MATLAK K., DOBRZYCKI S., SEGIET A., GÓRA M., BURZYŃSKA B.

Gene expression profiling reveals potential prognostic biomarkers associated with the progression of heart failure.

Genome Medicine (2015) 7: 26 (15 p.)

doi 10.1186/s13073-015-0149-z

IF 5.338

5056

CIEŚLA M., MAKALA E., PŁONKA M., BAZAN R., GEWARTOWSKI K., DZIEMBOWSKI A., BOGUTA M.

Rbs1, a new protein implicated in RNA polymerase III biogenesis in yeast *Saccharomyces cerevisiae*.

Molecular and Cellular Biology (2015) 35(7): 1169-1181

IF 4.777

5057

GIEŁWANOWSKA I., PASTORCZYK M., KELLMANN-SOPYŁA W., GÓRNIAK D., GÓRECKI R. J. Morphological and ultrastructural changes of organelles in leaf mesophyll cells of the Arctic and Antarctic plants of Poaceae family under cold influence.

Arctic, Antarctic, and Alpine Research (2015) 47(1): 17-25

IF 1.515

5058

BRODERICK R., NIEMINUSZCZY J., BLACKFORD A.N., WINCZURA A., NIEDŹWIEDŹ W. TOPBP1 recruits TOP2A to ultra-fine anaphase bridges to aid in their resolution.

Nature Communications (2015): e6:6572 (12p.)

doi: 10.1038/ncomms7572

IF 11.470

5059

WEZYNFELD N.E., BONNA A., BAL W., FRĄCZYK T.

Ni(II) ions cleave and inactivate human alpha-1 antitrypsin hydrolytically, implicating nickel exposure as a contributing factor in pathologies related to antitrypsin deficiency.

Metallomics (2015) 7(4): 596-604

IF 3.585

5060

MOLIŃSKA E., KLIMCZAK U., KOMASZYŁO J., DEREWIĄKA D., OBIEDZIŃSKI M., KANIA M., DANIKIEWICZ W., ŚWIEŻEWSKA E.

Double bond stereochemistry influences the susceptibility of short-chain isoprenoids and polyprenols to decomposition by thermo-oxidation.

Lipids (2015) 50(4): 359-370

IF 1.854

5061

WIEDEMANN CH., SZAMBOWSKA A., HÄFNER S., OHLENSCHLÄGER O., GÜHRS K.H., GÖRLACH M.

Structure and regulatory role of the C-terminal winged helix domain of the archaeal minichromosome maintenance complex.

Nucleic Acids Research (2015): 43(5): 2958-2967

IF 9.112

5062

MOSKOT M., JAKÓBKIEWICZ-BANECKA J., KLOSKA A., SMOLIŃSKA E., MOZOLEWSKI P., MALINOWSKA M., RYCHŁOWSKI M., BANECKI B., WĘGRZYN G., GABIG-CIMIŃSKA M.

Modulation of expression of genes involved in glycosaminoglycan metabolism and lysosome biogenesis by flavonoids.

Scientific Reports (2015) 5: 1-13

DOI 10.1038/srep09378

IF 5.578

5063

SIEMIANOWSKI K., BOHDZIEWICZ K., SZPENDOWSKI J., KOŁAKOWSKI P., ŻYLIŃSKA J., BARDOWSKI J.K.

Wpływ zawartości suchej masy w surowcu na teksturę i mikrostrukturę twarogu kwasowego.

Acta Agrophysica (2015) 22(2): 183-193

IF -

5064

NOWAK K.J., TRZEWIK A., TUŁACZ D., ORLIKOWSKA T., ORLIKOWSKI L.B.

Characterization of polish *Phytophthora lacustris* isolates obtained from water environments.

Polish Journal of Environmental Studies (2015) 24(2): 619-630

IF 0.871

5065

KRÓL K., BRÓZDA I., SKONECZNY M., BRETNER M., SKONECZNA A.

A genomic screen revealing the importance of vesicular trafficking pathways in genome maintenance and protection against genotoxic stress in diploid *Saccharomyces cerevisiae* cells.

PLOS ONE (2015) 10(3): e0120702 (32 p.)

DOI:10.1371/journal.pone.0120702

IF 3.234

5066

JĘCZ P., BARTOSIK A.A., GŁĄBSKI K., JAGURA-BURDZY G.

A single *parS* sequence from the cluster of four sites closest to *oriC* is necessary and sufficient for proper chromosome segregation in *Pseudomonas aeruginosa*.

PLOS ONE (2015) 10(3): e0120867 (20 p.)

DOI: 10.1371/journal.pone.0120867

IF 3.234

5067

BLACKFORD A.N., NIEMINUSZCZY J., SCHWAB R.A., GALANTY Y., JACKSON S.P., NIEDŹWIEDŹ W.

TopBP1 interacts with BLM to maintain genome stability but is dispensable for preventing BLM degradation.

Molecular Cell (2015) 57(6): 1133-1141

IF 14.018

5068

SIWIAK M., ZIELENKIEWICZ P.

Co-regulation of translation in protein complexes.

Biology Direct (2015) 10(1): 18(13p.)

DOI 10.1186/s13062-015-0048-7

IF 4.658

5069

BURZYŃSKA B., LESZCZYŃSKA A.

Statyny a komórkowe procesy molekularne i transkrypcja genów.

Rozdział w: **Hipercholesterolemie i dyslipidemie: mechanizmy, diagnostyka, leczenie.** Red. Filipiak J.K., Sitkiewicz D., Medyk; ISBN 9788364045257 [183 s.] 2015, s. 172-176

5070

OBSZAŃSKA K., KERN-ZDANOWICZ I., SITKIEWICZ I.

Optimized protocol for PFGE analysis of *Anginosus (milleri)* Streptococci.

Polish Journal of Microbiology (2015) 64(1): 61-64

IF 0.697

5071

BARANOWSKI M.R., NOWICKA A. RYDZIK A.M., WARMIŃSKI M., KASPRZYK R., WOJTCZAK B.A., WÓJCIK J., CLARIDGE T.D.W., KOWALSKA J., JEMIELITY J.

Synthesis of fluorophosphate nucleotide analogues and their characterization as tools for ^{19}F NMR studies.

Journal of Organic Chemistry (2015) 80(8): 3982-3997

IF 4.721

5072

PIŁSYK S., NATORFF R. SIENKO M., SKONECZNY M., PASZEWSKI A., BRZYWCZY J.

The *Aspergillus nidulans metZ* gene encodes a transcription factor involved in regulation of sulfur metabolism in this fungus and other *Eurotiales*.

Current Genetics (2015) 61(2): 115-125

IF 2.682

5073

JAREMKO Ł., JAREMKO M., BUCZEK A., BRODA M.A., KUPKA T., JACKOWSKI K.

^1H and ^{13}C shielding measurements in comparison with DFT calculations performed for two 2-(acetyloamino)-N,N-dimethyl-3-phenylacrylamide isomers.

Chemical Physics Letters (2015) 627: 1-6

IF 1.897

5074

ŁUCZAK M., KRZESZOWIEC - JELEŃ M., KONOPKA-POSTUPOLSKA D., WOJTASZEK P.

Collagenase as a useful tool for the analysis of plant cellular peripheries.

Phytochemistry (2015) 112: 195-209

IF 2.547

5075

McINTYRE J., WOODGATE R.

Regulation of translesion DNA synthesis: posttranslational modification of lysine residues in key proteins.

DNA Repair (2015) 29: 166-179

IF 3.111

5076

REDKAR A., HOSER R., SCHILLING L., ZECHMANN B., KRZYMOWSKA M., WALBOT V., DOEHLEMANN G.

A secreted effector protein of *Ustilago maydis* guides maize leaf cells to form tumors.

Plant Cell (2015) 27(4): 1332-1351

IF 9.338

5077

PIŁSYK S., NATORFF R. GAWIŃSKA-URBANOWICZ H., KRUSZEWSKA J.S.

Fusarium sambucinum astA gene expressed during potato infection is a functional orthologue of *Aspergillus nidulans astA*.

Fungal Biology (2015) 119(6): 509-517

IF 2.342

5078

CHOJNACKA A., SZCZĘSNY P., BŁASZCZYK M. ZIELENKIEWICZ U., DETMAN A., SALAMON A., SIKORA A.

Noteworthy facts about a methane-producing microbial community processing acidic effluent from sugar beet molasses fermentation.

PLOS ONE (2015) 10(5): e0128008 (23p.)

DOI: 10.1371/journal.pone.0128008

IF 3.234

5079

BARTNIK E.

Transgenesis.

Chapter in: **Encyclopedia of Global Bioethics**. Ed. Henk ten Have, Springer; ISBN 978-3-319-05544-2 (Online) 2015 [5p.]

IF -

5080

PANAGIOTOPOULOU H., BACA M., BACA K., STANKOVIC A., ŻMIHORSKI M.

Optimization and validation of a multiplex assay for microsatellite loci analysis in the field cricket, *Gryllus campestris* (Orthoptera: Gryllidae).

Journal of Asia-Pacific Entomology (2015) 18(3): 421-424

IF 0.946

5081

EDLICH-MUTH CH., ARTERO J.B., CALLOW P., PRZEWŁOKA M.R., WATSON A.A., ZHANG W., GLOVER D.M., DĘBSKI J., DADLEZ M., ROUND A.R., FORSYTH T.V., LAUE E.D.

The pentameric nucleoplasmin fold is present in *Drosophila* FKBP39 and a large number of chromatin-related proteins.

Journal of Molecular Biology (2015) 427(10): 1949-66

IF 4.333

5082

NEJMAN-FALEŃCZYK B., BLOCH S., LICZNERSKA K., DYDECKA A., FELCZYKOWSKA A., TOPKA G., WĘGRZYN A., WĘGRZYN G.

A small, microRNA-size, ribonucleic acid regulating gene expression and development of Shiga toxin-converting bacteriophage Φ 24B.

Scientific Reports (2015) 5:10080

DOI 10.1038/srep10080

IF 5.578

5083

GAJDA R., BAGIŃSKI M., TOMCZYK E., MIECZKOWSKI A., WOŹNIAK K.

Constrained nucleoside analogues – crystal and molecular structure of 6,5' - O-anhydrouridines fixed in the *anti* conformation.

Journal of Molecular Structure (2015) 1097: 199-206

IF 1.602

5084

LASSERRE J.-P., DAUTANT A., AIYAR R.S., KUCHARCZYK R., GLATIGNY A., TRIBOUILLARD-TANVIER D., RYTKA J., BLONDEL M., SKOCZEŃ N., REYNIER P., PITAYU L., RÖTIG A., DELAHODDE A., STEINMETZ L.M., DUJARDIN G., PROCACCIO V., DI RAGO J.-P.

Yeast as a system for modeling mitochondrial disease mechanisms and discovering therapies.

Disease Models & Mechanisms (2015) 8(6): 509-526

DOI:10.1242/dmm.020438

IF 4.973

5085

KELLMANN-SOPYŁA W., LAHUTA L.B., GIEŁWANOWSKA I., GÓRECKI R. J.

Soluble carbohydrates in developing and mature diaspores of polar *Caryophyllaceae* and *Poaceae*.

Acta Physiologiae Plantarum (2015) 37(6): 118

DOI 10.1007/s11738-015-1866-z

IF 1.584

5086

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

Suppression of the *E. coli* SOS response by dNTP pool changes.

Nucleic Acids Research 2015 43(8): 4109-4120

IF 9.112

5087

KASAREŁŁO K., KWIATKOWSKA-PATZER B., LIPKOWSKI A.W., BARDOWSKI J.K., SZCZEPANKOWSKA A.K.

Oral administration of *Lactococcus lactis* expressing synthetic genes of myelin antigens in decreasing experimental autoimmune encephalomyelitis in rats.

Medical Science Monitor (2015) 21: 1587-1597

IF 1.433

5088

ZDŻALIK D.P., DOMAŃSKA A., PROROK P., KOSICKI K., BORN van den E., FALNES P., RIZZO C. J., GUENGERICH P.F., TUDEK B.

Differential repair of etheno-DNA adducts by bacterial and human AlkB proteins.

DNA Repair (2015) 30: 1-10

IF 3.111

5089

BRASHER M.I., SURMACZ L., LEONG B., PITCHER J., ŚWIEŻEWSKA E., PICHERSKY E., AKHTAR T.A.

A two-component enzyme complex is required for dolicholbiosynthesis in tomato.

The Plant Journal (2015) 82(6): 903-914

IF 5.972

5090

GARBACZ M., ARAKI H., FLIS K., BĘBENEK A., ZAWADA A.E., JONCZYK P., MAKIEŁA-DZBEŃSKA K., FIJAŁKOWSKA I.J.

Fidelity consequences of the impaired interaction between DNA polymerase epsilon and the GINS complex.

DNA Repair (2015) 29: 23-35

IF 3.111

5091

PLACHTA M., HAŁAS A., McINTYRE J., ŚLEDZIEWSKA-GÓJSKA E.

The steady-state level and stability of TLS polymerase eta are cell cycle dependent in the yeast *S. cerevisiae*.

DNA Repair (2015) 29: 147-153

IF 3.111

5092

SZPAKOWICZ A., KILISZEK M., PEPIŃSKI W., WASZKIEWICZ E., FRANASZCZYK M., SKAWROŃSKA M., PŁOSKI R., NIEMCUNOWICZ-JANICA A., BURZYŃSKA B., TUŁACZ D., MACIEJAK A., KAMIŃSKI M.J., OPOLSKI G., MUSIAŁ W.J., KAMIŃSKI K.A.

The rs12526453 polymorphism in an intron of the *PHACTR1* gene and its association with 5-year mortality of patients with myocardial infarction.

PLOS ONE (2015) 10(6): e0129820 (14 p.)

DOI 10.1371/journal.pone.0129820

IF 3.234

5093

SIKORA A., MACIEJEWSKA A.M., POZNAŃSKI J., PILŻYS T., MARCINKOWSKI M., DYLEWSKA M., PIWOWARSKI J., JAKUBCZAK W., PAWLAK K., GRZESIUK E.

Effects of changes in intracellular iron pool on AlkB-dependent and AlkB-independent mechanisms protecting *E.coli* cells against mutagenic action of alkylating agent.

Mutation Research-Fundamental and Molecular Mechanisms of Mutagenesis (2015) 778: 52-60

IF 3.680

5094

CZERWIK-MARCINKOWSKA J., MASSALSKI A., OLECH M.A., WOJCIECHOWSKA A.

Morphology, ultrastructure and ecology of *Muriella decolor* (Chlorophyta) from subaerial habitats in Poland and the Antarctic.

Polish Polar Research (2015) 36(2): 163-174

IF 1.275

5096

BURMISTRZ M., DUDEK B., STANIEC D., MARTINEZ RODRIGUEZ J. J., BOCHTLER M., POTEPA J., PYRC K.

Functional analysis of porphyromonas gingivalis W83 CRISPR-Cas systems.

Journal of Bacteriology (2015) 197(16): 2631-2641

IF 2.808

5097

KOWALEC P., GRYNBERG M., PAJAŁ B., SOCHA A., WINIARSKA K., FRONK J., KURLANDZKA A.

Newly identified protein Imi1 affects mitochondrial integrity and glutathione homeostasis in *Saccharomyces cerevisiae*.

FEMS Yeast Research (2015) 15(6): 11p.

IF 2.818

5098

SCIFO E., SZWAJDA A., SOLIYMANI R., PEZZINI F., BIANCHI M., DAPKUNAS A., DĘBSKI J., UUSI-RAUVA K., DADLEZ M., GINGRAS A.C., TYYNELÄ J., SIMONATI A., JALANKO A., BAUMANN M., H., LALOWSKI M.

Proteomic analysis of the palmitoyl protein thioesterase 1 interactome in SH-SY5Y human neuroblastoma cells.

Journal of Proteomics (2015) 123: 42-53

IF 3.888

5099

MIKA A., KASKA Ł., KORCZYŃSKA J., MIROWSKA A., STEPNOWSKI P., PROCZKO M., RATNICKI - SKLUCKI K., GOYKE E., ŚLEDZIŃSKI T.

Visceral and subcutaneous adipose tissue stearoyl-CoA desaturase-1 mRNA levels and fatty acid desaturation index positively correlate with BMI in morbidly obese women.

European Journal of Lipid Science and Technology (2015) 117(7): 926-932

IF 1.812

5100

DZIEWIT Ł., PYZIK A., ROMANIUK K., SOBCZAK A., SZCZĘSNY P., LIPIŃSKI L., BARTOSIK D., DREWNIĄK Ł.

Novel molecular markers for the detection of methanogens and phylogenetic analyses of methanogenic communities.

Frontiers in Microbiology (2015) 6(12 p.)

doi: 10.3389/fmicb.2015.00694

IF 3.989

5101

SACHAROWSKI S.P., GRATKOWSKA D.M., SARNOWSKA E., KONDRĄK P., JANCEWICZ I., PORRI A., BUCIOR E., ROLICKA A.T., FRANZEN R., KOWALCZYK J., PAWLIKOWSKA K., HUETTEL B., TORTI S., SCHMELZER E., COUPLAND G., JERZMANOWSKI A.J., KONCZ C., SARNOWSKI T.J.

SWP73 subunits of *Arabidopsis* SWI/SNF chromatin remodeling complexes play distinct roles in leaf and flower development.

Plant Cell (2015) 27(7): 1889-1906

IF 9.338

5102

SZALONEK M., SIERPIEŃ B., RYMASZEWSKI W., GIECZEWSKA K., GARSTKA M., LICHOCKA M., SASS L., PAUL K., VASS I., VANKOVA R., DOBREV P., SZCZĘSNY P., MARCZEWSKI W., KRUSIEWICZ D., STRZELCZYK-ŻYTA D., HENNIG J., KONOPKA-POSTUPOLSKA D.

Potato annexin STANN1 promotes drought tolerance and mitigates light stress in transgenic *Solanum tuberosum* L. plants.

PLOS ONE (2015) 10(7): e0132683

doi: 10.1371/journal.pone.0132683

IF 3.234

5103

WASIŁOWSKA A., KOPCZYŃSKA E.E., RZEPECKI M.

Temporal and spatial variation of phytoplankton in Admiralty Bay, South Shetlands: the dynamics of summer blooms shown by pigment and light microscopy analysis.

Polar Biology (2015) 38: 1249–1265

IF 1.586

5104

WÓJCIKOWSKI M., ZIELENKIEWICZ P., SIEDLECKI P.

Open Drug Discovery Toolkit (ODDT): a new open-source player in the drug discovery field.

Journal of Cheminformatics (2015) 7: 26(6 p.)

DOI 10.1186/s13321-015-0078-2

IF 4.547

5105

HENNIG E.E., PIĄTKOWSKA M., KARCZMARSKI J., GORYCA K., BREWCZYŃSKA E.,

JAŻWIEC R., KLUSKA A., OMIOTEK R., PAZIEWSKA A., DADLEZ M., OSTROWSKI J.

Limited predictive value of achieving beneficial plasma (Z)-endoxifen threshold level by CYP2D6 genotyping in tamoxifen-treated Polish women with breast cancer.

BMC Cancer (2015) 15:570 (12 p.)

DOI 10.1186/s12885-015-1575-4

IF 3.362

5106

ZEGARSKA J., HRYNIEWIECKA E., ŻOCHOWSKA D., TSZYRSZNIC W., JAŻWIEC R.,

BOROWIEC A., PAWŁOWSKA E., DADLEZ M., PĄCZEK L.

Mycophenolic acid metabolites acyl-glucuronide and glucoside affect the occurrence of infectious complications and bone marrow dysfunction in liver transplant recipients.

Annals of Transplantation (2015) 20: 483-492

IF 1.261

5107

WRÓBEL L., TOPF U., BRAGOSZEWSKI P., WIESE S., SZTOLSZTENER M., OELJEKLAUS S.,

VARABYOVA A., LIRSKI M., CHROŚCICKI P., MROCZEK S., JANUSZEWICZ E.,

DZIEMBOWSKI A., KOBŁOWSKA M., WARSCHIED B., CHACIŃSKA A.

Mistargeted mitochondrial proteins activate a proteostatic response in the cytosol.

Nature (2015) 524(7566): 485-488

IF 41.456

5108

SZURGOT I., JEDYNAK M., PODSIADŁA-BIAŁOSKÓRSKA M., PIWOWARSKI J., SZOŁAJSKA E.,

CHROBOCZEK J.

Adenovirus dodecahedron, a VLP, can be purified by size exclusion chromatography instead of time-consuming sucrose density gradient centrifugation.

Molecular Biotechnology (2015) 57(6): 565-573

IF 1.876

5109

NEJMAN-FALEŃCZYK B., BLOCH S., LICZNERSKA K., FELCZYKOWSKA A., DYDECKA A.,

WĘGRZYN A., WĘGRZYN G.

Small regulatory RNAs in lambdoid bacteriophages and phage-derived plasmids: not only antisense.

Plasmid (2015) 78: 71-78

IF 1.578

5110

TARNOWSKI L.J., MILEWSKI M., FRONK J., KURLANDZKA A.
A compound C-terminal nuclear localization signal of human SA2 stromalin.
Acta Biochimica Polonica (2015) 62(2): 215-219
IF 1.153

5111

KELLMANN-SOPYŁA W., GIEŁWANOWSKA I.
Germination capacity of five polar *Caryophyllaceae* and *Poaceae* species under different temperature conditions.
Polar Biology (2015) 38: 1753-1765
IF 1.586

5112

KOBIERECKA P., WYSZYŃSKA A., MARUSZEWSKA M., WOJTANIA I., ŻYLIŃSKA J.,
BARDOWSKI J.K., JAGUSZTYN-KRYNICKA E.K.
Lactic acid bacteria as a surface display platform for *Campylobacter jejuni* antigens.
Journal of Molecular Microbiology and Biotechnology (2015) 25(1) :1-10
IF 2.104

5113

JUCHIMIUK M., KRUSZEWSKA J.S., PALAMARCZYK G.
Dolichol phosphate mannose synthase from the pathogenic yeast *Candida albicans* is a multimeric enzyme.
Biochimica et Biophysica Acta - General Subjects (2015) 1850(11): 2265-2275
IF 4.381

5114

ANDROSIUK P., CHWEDORZEWSKA K.J., SZANDAR K., GIEŁWANOWSKA I.
Genetic variation of *Colobanthus quitensis* from King George Island (Antarctica).
Polish Polar Research (2015) 36(3): 281-295
IF 1.275

5115

GALERA H., CHWEDORZEWSKA K.J., WÓDKIEWICZ M.
Response of *Poa annua* to extreme conditions: comparison of morphological traits between populations from cold and temperate climate conditions.
Polar Biology (2015) 38: 1657-1666
IF 1.586

5116

KALISZEWSKA M., KRUSZEWSKI J., KIERDASZUK B., KOSTERA-PRUSZCZYK A.,
NOJSZEWSKA M., ŁUSAKOWSKA A., VIZUETA J., SABAT D., LUTYK D., LOWER M.,
PIEKUTOWSKA-ABRAMCZUK D., KANIAK-GOLIK A., PRONICKA E., KAMIŃSKA A.,
BARTNIK E., GOLIK P., TONSKA K.
Yeast model analysis of novel polymerase gamma variants found in patients with autosomal recessive mitochondrial disease.
Human Genetics (2015) 134(9): 951-966
IF 4.824

5117

GRZESIAK J., GÓRNIK D., ŚWIĄTECKI A., ALEKSANDRZAK-PIEKARCZYK T., SZATRAJ K.,
ZDANOWSKI M.
Microbial community development on the surface of Hans and Werenskiöld Glaciers (Svalbard, Arctic): a comparison.
Extremophiles (2015) 19(5): 885-897
IF 2.306

5118

LINKOWSKA K., JAWIEN A., MARSZAŁEK A., MALYARCHUK B., A., TOŃSKA K., BARTNIK E., SKONIECZNA K., GRZYBOWSKI T.

Mitochondrial DNA polymerase γ mutations and their implications in mtDNA alterations in colorectal cancer.

Annals of Human Genetics (2015) 79: 320–328

IF 2.211

5119

MOSKOT M., JAKÓBKIEWICZ-BANECKA J., SMOLIŃSKA E., PIOTROWSKA E., WĘGRZYN G., GABIG-CIMIŃSKA M.

Effects of flavonoids on expression of genes involved in cell cycle regulation and DNA replication in human fibroblasts.

Molecular and Cellular Biochemistry (2015) 407(1-2): 97-109

IF 2.393

5120

MITAL M., WEZYNFELD N.E., FRĄCZYK T., WILOCH M.Z., WAWRZYŃIAK U.E., BONNA A., TUMPACH C., BARNHAM K.J., HAIGH C., L., BAL W., DREW S.C.

A functional role for A β in metal homeostasis? N-truncation and high-affinity copper binding.

Angewandte Chemie: International Edition (2015) 54(36): 10460-10464

IF 11.261

5121

SIERNICKA M., WINIARSKA M., BAJOR M., FIRCUK M., MUCHOWICZ A., BOBROWICZ M., FAURIAT C., GOŁĄB J., OLIVE D., ZAGOŹDŹON R.

Adenanthin, a new inhibitor of thiol-dependent antioxidant enzymes, impairs the effector functions of human natural killer cells.

Immunology (2015) 146(1): 173-183

IF 3.795

5122

MALISZEWSKA-OLEJNICZAK K., GRUCHOTA J., GROMADKA R., DENBY-WILKES C., ARNAIZ O., MATHY N., DUHARCOURT S., BETERMIER M., NOWAK J.K.

TFIIS-dependent non-coding transcription regulates developmental genome rearrangements.

PLOS Genetics (2015) 11(7): e1005383 (33 p.)

IF 7.528

5123

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

The quest for simplicity: remarks on the free-approach models.

Journal of Physical Chemistry B (2015) 119(36): 11978-11987

IF 3.302

5124

TARCZEWSKA A., KOZŁOWSKA M., DOBRYSZYCKI P., KAUS-DROBEK M., DADLEZ M., OŻYHAR A.

Insight into the unfolding properties of Chd64, a small, single domain protein with a globular core and disordered tails.

PLOS ONE (2015) 10(9): e0137074 (18 p.)

IF 3.234

5125

OBSZAŃSKA K., KERN-ZDANOWICZ I., SITKIEWICZ I.

MLVF analysis of anginosus (milleri) group streptococci.

Diagnostic Microbiology and Infectious Disease (2015) 83(2): 124-129

IF 2.457

5126

GIEŁWANOWSKA I., KELLMANN-SOPYŁA W.

Generative reproduction of Antarctic grasses, the native species *Deschampsia antarctica* Desv. and the alien species *Poa annua* L.

Polish Polar Research (2015) 36(3): 261-279

IF 1.275

5127

NEĐZAREK A., TÓRZ A., RAKUSA-SUSZCZEWSKI S., BONISŁAWSKA M.

Nitrogen and phosphorus release during fish decomposition and implications for the ecosystem of maritime Antarctica.

Polar Biology (2015) 38: 733-740

IF 1.586

5128

CHOUDHURY A.R., SIKORSKA E., VAN DEN BOOM J., BAYER P., POPENDA Ł., SZUTKOWSKI K., JURGA S., BONOMI M., SALI A., ZHUKOV I., PASSAMONTI S., NOVIČ M. Structural model of the bilitranslocase transmembrane domain supported by NMR and FRET data.

PLOS ONE (2015) 10(8): e0135455 (16 p.)

doi: 10.1371/journal.pone.0135455

IF 3.234

5129

CHELSTOWSKA A., JASTRZĘBSKA Ż., KAMIŃSKA J., SADURSKA A., PŁOCHOCKA D., RYTKA J., ŻOŁĄDEK T.

Hem12, an enzyme of heme biosynthesis pathway, is monoubiquitinated by Rsp5 ubiquitin ligase in yeast cells.

Acta Biochimica Polonica (2015) 62(3): 509-515

IF 1.153

5130

JAROCKA U., SAWICKA R., STACHYRA A., GÓRA-SOCHACKA A., SIRKO A., ZAGÓRSKI-OSTOJA W., SĄCZYŃSKA V., PORĘBSKA A., DEHAEN W., RADECKI J., RADECKA H.

A biosensor based on electroactive dipyrromethene-Cu(II) layer deposited onto gold electrodes for the detection of antibodies against avian influenza virus type H5N1 in hen sera.

Analytical and Bioanalytical Chemistry (2015) 407(25): 7807-7814

IF 3.436

5131

MIECZKOWSKI A., MAKOWSKA M., SEKUŁA J., TOMCZYK E., ZALEWSKA E., NASULEWICZ-GOLDEMAN A., WIETRZYK J.

Bicyclic cytarabine analogues: synthesis and investigation of antitumor properties of novel, 6-aryl- and 6-alkyl-3H-pyrrolo[2,3-d] pyrimidin-2(7H)-one arabinosides.

Tetrahedron (2015) 71(44): 8454-8461

IF 2.641

5132

KHAN M. I., CZARNECKA A.M., HELBRECHT I., BARTNIK E., LIAN F., SZCZYLIK C.

Current approaches in identification and isolation of human renal cell carcinoma cancer stem cells.

Stem Cell Research and Therapy (2015) 6(1): 178 (11p.)

DOI 10.1186/s13287-015-0177-z

IF 3.368

5133

DZIKOWSKA A., GRZELAK A., GAWLIK J., SZEWCZYK E., MROZEK P., BORSUK P., KOPER M., EMPEL J., SZCZĘSNY P., PIŁSYK S., PEKALA I., WĘGLEŃSKI P.

KAEA (SUDPRO), a member of the ubiquitous KEOPS/EKC protein complex, regulates the arginine catabolic pathway and the expression of several other genes in *Aspergillus nidulans*.

Gene (2015) 573(2): 310-320

IF 2.138

5134

AMBROZIAK U., KĘPCZYŃSKA-NYK A., KURYŁOWICZ A., WYSŁOUCH-CIESZYŃSKA A., MAŁUNOWICZ E., M., BARTOSZEWICZ Z., KONDRACKA A., JAŻWIEC R., PAWŁOWSKA E., SZCZEŚNIAK M., DADLEZ M., BEDNARCZUK T.

LC-MS/MS improves screening towards 21- hydroxylase deficiency.

Gynecological Endocrinology (2015) 31(4): 296-300

IF 1.333

5135

NOWICKI D., BLOCH S., NEJMAN-FALEŃCZYK B., SZALEWSKA-PALASZ A., WĘGRZYN A., WĘGRZYN G.

Defects in RNA polyadenylation impair both lysogenization by and lytic development of Shiga toxin-converting bacteriophages.

Journal of General Virology (2015) 96(7): 1957-1968

IF 3.183

5136

MOSKOT M., JAKÓBKIEWICZ-BANECKA J., SMOLIŃSKA E., BANECKI B., WĘGRZYN G., GABIG-CIMIŃSKA M.

Activities of genes controlling sphingolipid metabolism in human fibroblasts treated with flavonoids.

Metabolic Brain Disease (2015) 30(5): 1257-1267

IF 2.638

5137

ŻYCKA-KRZESIŃSKA J., BOGUSŁAWSKA J., ALEKSANDRZAK-PIEKARCZYK T., JOPEK J., BARDOWSKI J.K.

Identification and characterization of tetracycline resistance in *Lactococcus lactis* isolated from Polish raw milk and fermented artisanal products.

International Journal of Food Microbiology (2015) 211: 134-141

IF 3.082

5138

GRABOWSKI M., BANECKI B., KADZIŃSKI L., JAKÓBKIEWICZ-BANECKA J., KAŻMIERKIEWICZ R., GABIG-CIMIŃSKA M., WĘGRZYN G., WĘGRZYN A., BANECKA-MAJKUTEWICZ Z.

Genistein inhibits activities of methylenetetrahydrofolate reductase and lactate dehydrogenase, enzymes which use NADH as a substrate.

Biochemical and Biophysical Research Communications (2015) 465(3): 363-367

IF 2.297

5139

SURMACZ L., WÓJCIK J., KANIA M., BENTINGER M., DANIKIEWICZ W., DALLNER G., SUROWIECKI P., CMOCH P., ŚWIEŻEWSKA E.

Short-chain polyisoprenoids in the yeast *Saccharomyces cerevisiae* - new companions of the old guys.

Biochimica et Biophysica Acta - Molecular and Cell Biology of Lipids (2015) 1851(10): 1296-1303

IF 5.162

5140

TOMECKI R., ŁABNO A., DRAŹKOWSKA K., CYSEWSKI D., DZIEMBOWSKI A.
hUTP24 is essential for processing of the human rRNA precursor at site A₁, but not at site A₀.

RNA Biology (2015) 12(9): 1010-1029

IF 4.974

5141

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

Poa annua L. in the maritime Antarctic: an overview.

Polar Record (2015) 51(261): 637-643

IF 0.667

5142

KURZAŹKOWSKA K., SIRKO A., ZAGÓRSKI-OSTOJA W., DEHAEN W., RADECKA H.,
RADECKI J.

Electrochemical label-free and reagentless genosensor based on an ion barrier switch-off system
for DNA sequence-specific detection of the avian influenza virus.

Analytical Chemistry (2015) 87(19): 9702-9709

IF 5.636

5143

GRABOWSKA M., JAGIELSKA E., CZAPIŃSKA H., BOCHTLER M., SABAŁA I.

High resolution structure of an M₂₃ peptidase with a substrate analogue.

Scientific Reports (2015) 5: 14833

doi:10.1038/srep14833

IF 5.578

5144

SKONECZNA A., KANIAK A., SKONECZNY M.

Genetic instability in budding and fission yeast-sources and mechanisms.

FEMS Microbiology Reviews (2015) 39(6): 917-967

IF 13.244

5145

SIKORSKA E., WYRZYKOWSKI D., SZUTKOWSKI K., GREBER K., LUBECKA E., ZHUKOV I.
Thermodynamics, size, and dynamics of zwitterionic dodecylphosphocholine and anionic sodium
dodecyl sulfate mixed micelles.

Journal of Thermal Analysis and Calorimetry 2015: 4918 (13 p)

DOI: 10.1007/s10973-015-4918-0

IF 2.042

5146

WINIEWSKA M., KUCIŃSKA K., MAKOWSKA M., POZNAŃSKI J., SHUGAR D.

Thermodynamics parameters for binding of halogenated benzotriazole inhibitors of human protein kinase
CK2 α .

Biochimica et Biophysica Acta - Proteins and Proteomics (2015) 1854 (10 Pt B): 1708-1717

IF 2.747

5147

GABIG-CIMIŃSKA M., JAKÓBKIEWICZ-BANECKA J., MALINOWSKA M., KŁOSKA A.,
PIOTROWSKA E., CHMIELARZ I., MOSKOT M., WĘGRZYN A., WĘGRZYN G.

Combined therapies for lysosomal storage diseases.

Current Molecular Medicine (2015) 15(8): 746-771.

IF 3.621

5148

KOLONDRA A., ŁABĘDZKA-DMOCH K., WENDA J.M., DRZEWICKA K., GOLIK P.
The transcriptome of *Candida albicans* mitochondria and the evolution of organellar transcription units in yeasts.

BMC Genomics (2015) 16: 827 (22 p.)

doi:10.1186/s12864-015-2078-z

IF 3.986

5149

FRĄCZYK T., RUMAN T., WILK P., PALMOWSKI P., ROGOWSKA-WRZESIŃSKA A., CIEŚLA J., ZIELIŃSKI Z., NIZIOŁ J., JARUŁA A., MAJ P., GOŁOS B., WIŃSKA P., OSTAFIL S., WAŁAJTYS-RODE E., SHUGAR D., RODE W.

Properties of phosphorylated thymidylate synthase.

Biochimica et Biophysica Acta - Proteins and Proteomics (2015) 1854(12): 1922-1934

IF 2.747

5150

GRYZ P., KORCZAK-ABSHIRE M., GERLÉE A.

First record of the Austral Negrito (Aves: Passeriformes) from the South Shetlands, Antarctica.

Polish Polar Research (2015) 36(3): 297-304

IF 1.275

5151

DEREGOWSKA A., SKONECZNY M., ADAMCZYK J., KWIATKOWSKA A., RAWSKA E., SKONECZNA A., LEWIŃSKA A., WNUK M.

Genome-wide array-CGH analysis reveals *YRF1* gene copy number variation that modulates genetic stability in distillery yeasts.

Oncotarget (2015) 6(31): 30650-30663

IF 6.359

5152

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., JÖESAAR 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.

A specialized histone H1 variant is required for adaptive responses to complex abiotic stress and related DNA methylation in *Arabidopsis*.

Plant Physiology (2015) 169(3): 2080-2101

IF 6.841

5153

McINTYRE J., McLENIGAN M.P., FRANK E., DAI X., YANG W., WANG Y., WOODGATE R.

Posttranslational regulation of human DNA polymerase α .

Journal of Biological Chemistry (2015) 290(45): 27332-27344

IF 4.573

5154

KALISZ M., BARANOWSKA B., WOLIŃSKA-WITORT E., MĄCZEWSKI M., MACKIEWICZ U., TUŁACZ D., GÓRA M., MARTYŃSKA L., BIK W.

Total and high molecular weight adiponectin levels in the rat model of post-myocardial infarction heart failure.

Journal of Physiology and Pharmacology (2015) 66(5): 673-80

IF 2.386

5155

DEREGOWSKA A., ADAMCZYK J., KWIATKOWSKA A., GURGUL A., SKONECZNY M., SKONECZNA A., SZMATOŁA T., JASIELCZUK I., MAGDA M., RAWSKA E., PABIAN S., PANEK A., KAPŁAN J., LEWIŃSKA A., WNUK M.

Shifts in rDNA levels act as a genome buffer promoting chromosome homeostasis.

Cell Cycle (2015) 14(21): 3475-3487

IF 4.565

5156

NEJMAN-FALEŃCZYK B., BLOCH S., JANUSZKIEWICZ A., WĘGRZYN A., WĘGRZYN G.

A simple and rapid procedure for the detection of genes encoding shiga toxins and other specific DNA sequences.

Toxins (2015) 7(11): 4745-4757

DOI: 10.3390/toxins7114745

IF 2.938

5157

PREMCHANDAR A., KUPNIEWSKA A., TARNOWSKI K., MÜCKE N., MAUERMANN M., KAUS-DROBEK M., EDELMAN A., HERRMANN H., DADLEZ M.

Analysis of distinct molecular assembly complexes of keratin K8 and K18 by hydrogen-deuterium exchange.

Journal of Structural Biology (2015) 192(3): 426-440

DOI: 10.1016/j.jsb.2015.10.001

IF 3.231

5158

GRZESIAK J., ZDANOWSKI M., GÓRNIK D., ŚWIĄTECKI A., ALEKSANDRZAK-PIEKARCZYK T., SZATRAJ K., SASIN-KUROWSKA J., NIECKARZ M.

Microbial community changes along the Ecology Glacier ablation zone (King George Island, Antarctica).

Polar Biology (2015) 38(12): 2069-2083

DOI 10.1007/s00300-015-1767-z

IF 1.586

5159

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

Role of ryanodine and NMDA receptors in Tetrabromobisphenol A-induced calcium imbalance and cytotoxicity in primary cultures of rat cerebellar granule cells.

Neurotoxicity Research (2015) 28(3): 195-208

DOI 10.1007/s12640-015-9546-8

IF 3.538

5160

ZASŁONA H., TRUSEK-HOŁOWNIA A., RADOSIŃSKI L., HENNIG J.

Optimization and kinetic characterization of recombinant 1,3-beta-glucanase production in *Escherichia coli* K-12 strain BL21/pET SD10 – a bioreactor scale study.

Letters in Applied Microbiology (2015) 61(1): 36-43

DOI: 10.1111/lam.12419

IF 1.659

5161

JASTRZĘBSKA Ż., KAMIŃSKA J., CHEŁSTOWSKA A., DOMAŃSKA A., RZEPNIKOWSKA W., SITKIEWICZ E., CHOŁBIŃSKI P., GOURLAY C., PŁOCHOCKA D., ŻOŁĄDEK T.

Mimicking the phosphorylation of Rsp5 in PKA site T761 affects its function and cellular localization.

European Journal of Cell Biology (2015) 94(12): 576-88

DOI:10.1016/j.ejcb.2015.10.005

IF 3.825

5162

LE S. N., PORĘBSKI B.T., MCCOEY J., FODOR J., RILEY B., GODLEWSKA M., GÓRA M., CZARNOCKA B., BANGA J.P., HOKE D.E., KASS I., BUCKLE A.M.

Modelling of thyroid peroxidase reveals insights into its enzyme function and autoantigenicity.

PLOS ONE (2015) 10(12): e0142615 (16 p.)

DOI: 10.1371/journal.pone.0142615

IF 3.234

5163

SZCZEPIŃSKA T., KALISIAK K., TOMECKI R., ŁABNO A., BOROWSKI Ł.S., KULIŃSKI T. J., ADAMSKA D., KOSIŃSKA J., DZIEMBOWSKI A.

DIS3 shapes the RNA polymerase II transcriptome in humans by degrading a variety of unwanted transcripts.

Genome Research (2015) 25(11): 1622-1633

DOI: 10.1101/gr.189597.115

IF 14.630

5164

ARTHUR L. L., PAVLOVIC-DJURANOVIC S., KOUTMOU K.S., GREEN R., SZCZĘSNY P., DJURANOVIC S.

Translational control by lysine-encoding A-rich sequences.

Science Advances (2015) 1(6): e1500154 (11 p.)

DOI: 10.1126/sciadv.1500154

IF -

5165

KUKWA W., MIGACZ E., DRUC K., GRZESIUŁ E., CZARNECKA A.M.

Obstructive sleep apnea and cancer: effects of intermittent hypoxia?

Future Oncology (2015) 11(24): 3285-3298

DOI: 10.2217/fon.15.216

IF 2.477

5166

KARPOWICZ P., OSMULSKI P., WITKOWSKA J., SIKORSKA E., GIŻYŃSKA M., BELCZYK-CIESIELSKA A., GACZYŃSKA M., JANKOWSKA E.

Interplay between structure and charge as a key to allosteric modulation of human 20S proteasome by the basic fragment of HIV-1 tat protein.

PLOS ONE (2015) 10(11): e0143038 (25 p.)

DOI: 10.1371/journal.pone.0143038

IF 3.234

5167

WAWRZYŃSKA A., MONIUSZKO G., SIRKO A.

Links between ethylene and sulfur nutrition—a regulatory interplay or just metabolite association?

Frontiers in Plant Science (2015) 6: 1053 (7p.)

DOI: 10.3389/fpls.2015.01053

IF 3.948

5168

CHARZEWSKA A., OBERSZTYN E., HOFFMAN-ZACHARSKA D., LENART J., POZNAŃSKI J., BAL J.

Novel mutations in the IRF6 gene on the background of known polymorphisms in polish patients with orofacial clefting.

Cleft Palate-Craniofacial Journal (2015) 52(5): 161-167

DOI: 10.1597/14-030

IF 1.203

5169

HANIEWICZ P., FLORIS D., FARCI D., KIRKPATRICK J., LOI M.C., BÜCHEL C., BOCHTLER M., PIANO D.

Isolation of plant photosystem II complexes by fractional solubilization.

Frontiers in Plant Science (2015) 6: 1100 (9p.)

DOI: 10.3389/fpls.2015.01100

IF 3.948

5170

SCIFO E., SZWAJDA A., SOLIYMANI R., PEZZINI F., BIANCHI M., DAPKUNAS A., DĘBSKI J., UUSI-RAUVA K., DADLEZ M., GINGRAS A.C., TYYNELÄ J., SIMONATI A., JALANKO A., BAUMANN M., LALOWSKI M.

Quantitative analysis of PPT1 interactome in human neuroblastoma cells.

Data in Brief (2015) 4: 207–216

DOI: 10.1016/j.dib.2015.05.016

IF -

5171

MITUŁA F., TAJDEL M., CIEŚLA A., KASPROWICZ-MALUŚKI A., KULIK A., BABULA-SKOWROŃSKA D., MICHALAK M., DOBROWOLSKA G., SADOWSKI J., LUDWIKOW A. Arabidopsis ABA-activated kinase MAPKKK18 is regulated by protein phosphatase 2C ABI1 and the ubiquitin-proteasome pathway.

Plant and Cell Physiology (2015) 56(12): 2351-2367

DOI: 10.1093/pcp/pcv146

IF 4.931

5172

tu ma wejść 5184

5173

KOWALCZYK M., MAYO B., FERNANDEZ M., ALEKSANDRZAK-PIEKARCZYK T.

Updates in the metabolism of lactic acid bacteria in the light of the “omic” technologies.

Chapter 1 in: **Biotechnology of Lactic Acid Bacteria: Novel Applications**, Second Edition, Editor: F. Mozzi, Wiley-Blackwell, ISBN 978-1-118-86840-9 [392 p.] 2015, p.1-49

5174

MYSZCZYSZYN A., CZARNECKA A.M., MATAK D., SZYMAŃSKI Ł., LIAN F., KORNAKIEWICZ A., BARTNIK E., KUKWA W., KIEDA C., SZCZYLIK C.

The role of hypoxia and cancer stem cells in renal cell carcinoma pathogenesis.

Stem Cell Reviews and Reports (2015) 11(6): 919-943

DOI 10.1007/s12015-015-9611-y

IF 2.768

5175

WOŹNICA W., BIGOS J., ŁOBOCKA M.B.

Liza komórek bakteryjnych w procesie uwalniania bakteriofagów – kanoniczne i nowo poznane mechanizmy.

Postępy Higieny i Medycyny Doświadczalnej (2015) 69:114-126

IF 0.573

5176

MUSZEWSKA A., GINALSKI K.

Phylogenetic analysis especially in relation to fungi.

Chapter 3 in: **Molecular Biology of Food and Water Borne Mycotoxigenic and Mycotic Fungi. Food Microbiology**. Ed. Russel R., CRC Press; ISBN 978-1-4665-5986-8 [620 p.] 2015, p. 15-36

IF-

5177

RIEMERSMA M., FROESE D.S., VAN TOL W., ENGELKE U.F., KOPEĆ J., SCHERPENZEEL VAN M., ASHIKOV A., KROJER T., VON DELFT F., TESSARI M., BUCZKOWSKA A., ŚWIEŻEWSKA E., JAE L.T., BRUMMELKAMP T.R., MANYA H., ENDO T., BOKHOVEN van H., YUE W.W., LEFEBER D.J.
Human ISPD is a cytidyltransferase required for dystroglycan O-mannosylation.

Chemistry & Biology (2015) 22(12): 1643-1652

DOI: 10.1016/j.chembiol.2015.10.014

IF 6.645

5178

BOGUTA M.

Why are tRNAs overproduced in the absence of Maf1, a negative regulator of RNAP III, not fully functional?

PLOS Genetics (2015) 11(12): e1005743 (4 p.)

DOI: 10.1371/journal.pgen.1005743

IF 7.528

5179

JÓŹWIAK A., GUTKOWSKA M., GAWARECKA K., SURMACZ L., BUCZKOWSKA A., LICHOCKA M., NOWAKOWSKA J., ŚWIEŻEWSKA E.

Polyprenol reductase2 deficiency is lethal in *Arabidopsis* due to male sterility.

Plant Cell (2015) 27(12): 3336-3353

DOI: 10.1105/tpc.15.00463

IF 9.338

5180

KAMIŃSKA I., FRONC K., SIKORA B., MOUAWAD M., SIEMIARCZUK A., SZEWCZYK M., SOBCZAK K., WOJCIECHOWSKI T., ZALESZCZYK W., MINIKAYEV R., PASZKOWICZ W., STĘPIEŃ P.P., DZIAWA P., CISZAK K., PIĄTKOWSKI D., MAĆKOWSKI S., KALISZEWSKI M., WŁODARSKI M., MŁYŃCZAK J., KOPCZYŃSKI K., ŁAPIŃSKI M., ELBAUM D.

Upconverting/magnetic: Gd₂O₃:(Er³⁺, Yb³⁺, Zn²⁺) nanoparticles for biological applications: effect of Zn²⁺ doping.

RSC Advances (2015) 5(95): 78361-78373

DOI: 10.1039/C5RA11888C

IF 3.840

5181

BARTNIK E.

Personalized medicine.

Chapter in: **Encyclopedia of Global Bioethics**. Ed. Henk ten Have, Springer; ISBN 978-3-319-05544-2 (Online) 2015 [5 p.]

IF-

5182

DOMAŃSKA A., KAMIŃSKA J.

Role of Rsp5 ubiquitin ligase in biogenesis of rRNA, mRNA and tRNA in yeast.

RNA Biology (2015) 12(12): 1265-1274

DOI: 10.1080/15476286.2015.1094604.

IF 4.974

ABSTRAKTY 2015

3794/A

ZHUKOV I., BILJAN I., GIACHIN G., ILC G., JURGA S., PLAVEC J., LEGNAME G.

Analysis of molecular mobility in pathogenic and protective mutants of human prion protein from ^{15}N relaxation data.

Magnetic Moments in Central Europe, Krynica-Zdrój, Poland, 25th February-1st March 2015

Book of Abstracts p.85

3795/A

BUCHOLC K.A., WYSŁOUCH-CIESZYŃSKA A., DADLEZ M., ZARĘBA-KOZIOŁ M.

Age-related proteomic analysis of s-nitrosylation sites of postsynaptic density proteins in mouse models of Alzheimer's disease.

12th International Conference on Alzheimer's and Parkinson's Diseases AD/PD 2015: Mechanisms, Clinical Strategies, and Promising Treatments of Neurodegenerative Diseases, Nice, France, 18-22 March 2015

Neurodegenerative Diseases (2015) 15 (Suppl 1) p.532

3796/A

ZARĘBA-KOZIOŁ M., DADLEZ M.

Global analysis of synaptic proteins' s-sulfenylation in mouse models of Alzheimer's disease.

12th International Conference on Alzheimer's and Parkinson's Diseases AD/PD 2015: Mechanisms, Clinical Strategies, and Promising Treatments of Neurodegenerative Diseases, Nice, France, 18-22 March 2015

Neurodegenerative Diseases (2015) 15 (Suppl 1) p. 533

3797/A

BAL W., MITAL M., KUROWSKA E., GOCH W., RÓZGA M., ZAWISZA I., BONNA A., BARNHAM K.J., DREW S.C.

Detailed quantitative studies of Cu(II) binding to Abeta1-16: beyond the components model.

12th International Conference on Alzheimer's and Parkinson's Diseases AD/PD 2015: Mechanisms, Clinical Strategies, and Promising Treatments of Neurodegenerative Diseases, Nice, France, 18-22 March 2015

Neurodegenerative Diseases (2015) 15 (Suppl 1) p. 664

3798/A

WEZYNFELD N.E., MITAL M., FRĄCZYK T., BONNA A., WIŁOCH M.Z., WAWRZYNIAK U.E., TUMPACH C., BARNHAM K.J., DREW S., BAL W.

Extremely high Cu(II) affinity and redox properties make Abeta 4-x key factors in copper-related neurotoxicity in AD.

12th International Conference on Alzheimer's and Parkinson's Diseases AD/PD 2015: Mechanisms, Clinical Strategies, and Promising Treatments of Neurodegenerative Diseases, Nice, France, 18-22 March 2015

Neurodegenerative Diseases (2015) 15 (Suppl 1) p. 665

3799/A

JÓŹWIAK A., LIPKO A., KANIA M., DANIKIEWICZ W., PACZKOWSKI C., POZNAŃSKI J., SURMACZ L., ŚWIEŻEWSKA E.

Abiotic stress modulates biosynthesis of polyisoprenoid alcohols in *Arabidopsis thaliana* hairy root culture.

Challenges and prospects in PNP metabolic engineering and production, Sorrento, Italy, 15-17 April 2015

Book of Abstracts P-23

3800/A

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

Poa annua - an invasive species on King George Island in Antarctica.

28th Conference of the Plant Population Biology Section of the Ecological Society of Germany, Austria and Switzerland (GfÖ), Tübingen, Germany, 14-16 May 2015

Abstracts Book, p. 37

3801/A

SKORUPIŃSKA-TUDEK K., JAJIC I., STRZAŁKA K., ŚWIEŻEWSKA E.

Accumulation of polyisoprenoid alcohols in *Hordeum vulgare* during leaf senescence.

12-th International Meeting on Biosynthesis, Functions and Synthetic Biology of Isoprenoids TERPNET, Vancouver, Canada, 1-5 June 2015

Abstracts, p.7

3802/A

LIPKO A., ROHMER M., KANIA M., DANIKIEWICZ W., ŚWIEŻEWSKA E.

Contribution of the MVA and MEP pathways to polyisoprenoid biosynthesis in *Arabidopsis* tissues.

12-th International Meeting on Biosynthesis, Functions and Synthetic Biology of Isoprenoids TERPNET, Vancouver, Canada, 1-5 June 2015

Abstracts, p.8

3803/A

GAWARECKA K., ŚWIEŻEWSKA E.

Glicynoprenols – new isoprenoid components of *Arabidopsis thaliana* seedlings.

12-th International Meeting on Biosynthesis, Functions and Synthetic Biology of Isoprenoids TERPNET, Vancouver, Canada, 1-5 June 2015

Abstracts, p.2

3804/A

GÓRECKI R.K., PUZIO W., ŻYLIŃSKA J., BARDOWSKI J.K.

Probiotyki i synbiotyki w produkcji mięsnej i paszowej: ECO FCE projekt UE.

Zarządzanie Bezpieczeństwem i Jakością Żywności -7, Zakopane, Poland, 14-16 June 2015

Abstracts, p. 107

3805/A

GRYŁAK A., NICOLAS P., AUCOUTURIER A., GUILLOT A., DELUMEAU O., BARDOWSKI J.K., BIDNENKO E.

Transcription termination factor Rho influences transcriptomic and proteomic landscape in *Bacillus subtilis*.

8th International Conference on Gram-Positive Microorganisms, Tuscany, Italy, 21-25 June 2015

Abstracts, P54

3806/A

WIĘSYK A., GÓRA-SOCHACKA A.

Potato spindle tuber viroid infection in tomato roots.

Viroid-2015: International Conference on Viroids and Viroid-Like RNAs, České Budějovice, Czech Republic, 25-28 June 2015

Posters, p. 71

3807/A

ANDROSIUK P., KOC J., CHWEDORZEWSKA K.J., KORNIĄK T., ŁACHACZ A., GIEŁWANOWSKA I.

Zmienność genetyczna i adaptacyjna *Poa annua* L.

XXXIX Krajowa Konferencja Naukowa z cyklu Rejonizacja chwastów segetalnych: Biologia chwastów, Olsztyn, 25-26 czerwca 2015

Abstracts, p.25

3808/A

KOC J., KELLMANN-SOPYŁA W., GIEŁWANOWSKA I., CHWEDORZEWSKA K.J., ŁACHACZ A.
Rozwój struktur generatywnych wśród pięciu ekotypów wiechliny rocznej *Poa annua* L. (*Poaceae*) z różnych stref klimatycznych Ziemi.

XXXIX Krajowa Konferencja Naukowa z cyklu Rejonizacja chwastów segetalnych: Biologia chwastów, Olsztyn, 25-26 czerwca 2015

Abstracts, p.35

3809/A

PASIKOWSKA M., PERLIŃSKA-LENART U., KRUSZEWSKA J.S., ERIS I.

Age-related changes in N-glycosylation process in fibroblasts and its prospective reversal after cosmetic substances treatment.

45th Annual ESDR Meeting, Rotterdam, Netherlands, 9-12 September 2015

Journal of Investigative Dermatology (2015) 135: S54

3810/A

GAWOR J., ŻUCHNIEWICZ K., BORSUK P., ZDANOWSKI M., GRZESIAK J., GÓRNIAK D., SASIN-KUROWSKA J., GROMADKA R.

Arctic and Antarctic supraglacial bacterial diversity revealed by next generation metagenomics.

6th International Conference on Polar and Alpine Microbiology, České Budějovice, Czech Republic, 6-10 September 2015

Programme & Abstracts, Poster D-03 p.178

3811/A

KOWALEWSKA M., ZEGROCKA-STENDEL O., DUTKIEWICZ M., MACIEJKO D., FOGTMAN A., KOZIAK K.

Does the sex matter in vascular research?

Joint Meeting of the European Society for Microcirculation (ESM) European Vascular Biology Organisation (EVBO), Pisa, Italy, 3-6 June 2015

Journal of Vascular Research (2015), 52 (suppl 1) p.38 - 39

3812/A

TOCZYŁOWSKA B., SŁOWIKOWSKA A., MIERZEJEWSKA A., ZIEMIŃSKA E.

Preliminary study of serum lipid profile obtained from patients with coronary heart disease and aortic stenosis.

83rd Congress of the European-Atherosclerosis-Society (EAS), Glasgow, United Kingdom, 22 - 25 March 2015

Atherosclerosis 241(1): e122

3813/A

WAWRZYŃSKA A., SIRKO A.

Sulfur metabolism in *Arabidopsis thaliana* is regulated by proteasomal degradation of SLIM1 transcription factor.

EMBO Conference: Signalling in Plant Development, Brno, Czech Republic, 20-24 September 2015

Abstracts Book PO329, p.67

3814/A

LASOTA A., FRĄCZAK O., MUCHOWSKA A., MISICKA A., NOWAKOWSKI M., MACIEJCZYK M., EJCHART A., OLMAA A.

Dermorphin analogues modified with A-Alkyl-B-Azido (SecAmino) alanines: synthesis, biological activity and NMR studies.

American Peptide Symposium, Orlando. United States, 20-25 June 2015

Poster Abstracts YI-PO33, p.78

3815/A

GRUCHOTA J., DENBY-WILKES C., ARNAIZ O., SPERLING L., NOWAK J.K.
Developmentally induced elongation factor Spt5 influences non-coding transcription program in *P. tetraurelia*.

Ciliate Molecular Biology, Camerino, Italy, 10-16 July 2015

Abstracts BS

3816/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.

Ciliate Molecular Biology, Camerino, Italy, 10-16 July 2015

Abstracts BS

3817/A

ZNÓJ A., BORSUK P., CHWEDORZEWSKA K.J.

Genetic diversity of psychrophilic microorganisms from polar glaciers.

19th Cold Hardiness Seminar, Kórnik, Poland, 29-30 September 2015

Abstracts BS

3818/A

SMOLIŃSKA E., MOSKOT M., JAKÓBKIEWICZ-BANECKA J., WĘGRZYN G., GABIG-CIMIŃSKA M.

Psoriasis screening 1RT-PCR array as a potential tool for adjustment and monitoring the therapy of psoriasis patients.

4-th World Psoriasis and Psoriatic Arthritis Conference, Stockholm, Sweden, 8-11 July 2015

Journal of Investigative Dermatology 135: P144

3819/A

OLSZAK K., CIEŚLA J., GROMADKA R., SZCZEGIELNIAK J., MUSZYŃSKA G., POLKOWSKA-KOWALCZYK L.

Contribution of CDPKs and ROS in response of solanum species to elicitor from *Phytophthora infestans*.

International Conference Plant Abiotic Stress Tolerance III, Vienna, Austria, 29 June - 1 July 2015

Abstracts p.33

3820/A

BUCHOLC M., GOCH G., CIESIELSKI A., FEDAK H., KLIMECKA M.M., TARNOWSKI K.J., ANIELSKA-MAZUR A., DOBROWOLSKA G.

Functional characterization of two-isoforms of SnRK2-interacting calcium sensor.

International Conference Plant Abiotic Stress Tolerance III, Vienna, Austria, 29 June - 1 July 2015

Abstracts p.41

3821/A

MUSZYŃSKA G., BORKIEWICZ L., POLKOWSKA-KOWALCZYK L., CIEŚLA J., SZCZEGIELNIAK J.

Maize calcium-dependent protein kinase gene ZmCPK11 regulates salt responses in *Arabidopsis*.

International Conference Plant Abiotic Stress Tolerance III, Vienna, Austria, 29 June - 1 July 2015

Abstracts p.53

3822/A

SZYMAŃSKA K., JAŻWIEC R., LUDWIKOW A., SZCZEGIELNIAK J., DOBROWOLSKA G.
ABA-independent SnRK2 kinases are involved in *A.thaliana* response to wounding.

International Conference Plant Abiotic Stress Tolerance III, Vienna, Austria, 29 June - 1 July 2015

Abstracts p.56

3823/A

MASZKOWSKA J., KLIMECKA M.M., BUCHOLC M., KRZYWIŃSKA E., GOCH G., DOBROWOLSKA G.

Regulation of SnRK2s-dependent stress signaling by phospholipids.

International Conference Plant Abiotic Stress Tolerance III, Vienna, Austria, 29 June - 1 July 2015

Abstracts p.58

3824/A

OLSZAK K., CIEŚLA J., GROMADKA R., SZCZEGIELNIAK J., MUSZYŃSKA G., POLKOWSKA-KOWALCZYK L.

Involvement of CDPKs and ROS in response of *Solanum* species to stresses.

Joint 7th Conference of the Polish Society for Experimental Plant Biology and the Intercollegiate Faculty of Biotechnology UG&MUG, Gdańsk, Poland, 8-11 September 2015

Abstract Book P.4.7 p.120

3825/A

BORKIEWICZ L., POLKOWSKA-KOWALCZYK L., CIEŚLA J., MUSZYŃSKA G., SZCZEGIELNIAK J.

Heterologous expression of ZmCPK11 in *Arabidopsis* enhanced the salt tolerance and sensitivity to root growth inhibition by MeJa and ABA.

Joint 7th Conference of the Polish Society for Experimental Plant Biology and the Intercollegiate Faculty of Biotechnology UG&MUG, Gdańsk, Poland, 8-11 September 2015

Abstract Book P.5.17 p.160

3826/A

GÓRNIAK D., ŚWIĄTECKI A., MIECZAN T., GRZESIAK J., JABŁOŃSKA Z., ZDANOWSKI M.
Bacterial community composition in various supraglacial habitats of ecology glacier (King George Island, Antarctica).

6th International Conference on Polar and Alpine Microbiology, České Budějovice, Czech Republic, 6-10 September 2015

Programme & Abstracts Poster D-05 p. 182

3827/A

GRZESIAK J., ZDANOWSKI M., GÓRNIAK D., ŚWIĄTECKI A., ALEKSANDRZAK-PIEKARCZYK T., SZATRAJ K., SASIN-KUROWSKA J., NIECKARZ M.

Microbial community changes along the Ecology Glacier ablation zone (King George Island, Antarctica).

6th International Conference on Polar and Alpine Microbiology, České Budějovice, Czech Republic, 6-10 September 2015

Programme & Abstracts, Poster D-06 p. 184

3828/A

CIOK A., DZIEWIT Ł., GRZESIAK J., BUDZIK K., ZDANOWSKI M., BARTOSIK D.

Molecular miniature plasmids of arctic psychrophilic bacteria of the genus *Variovorax*.

6th International Conference on Polar and Alpine Microbiology, České Budějovice, Czech Republic, 6-10 September 2015

Programme & Abstracts, Poster B-41, p. 114

3829/A

KAMIŃSKA J., POLAK A., RZEPNIKOWSKA W., SIENKO M., BAŁA K., GRYNBERG M., KALISZEWSKI P., ŻOŁĄDEK T.

Toxicity of human Nedd4 ubiquitin ligase in yeast depends on Atg1, Atg14 and Atg18 autophagy related proteins.

EMBO Conference: Ubiquitin and ubiquitin-like modifiers: from molecular mechanisms to human diseases, Cavtat, Croatia, 18-22 September 2015

Abstracts, P192 p.284

3830/A

RZEPNIKOWSKA W., KAMIŃSKA J., URBANEK A., SMACZYŃSKA-de ROOI I., AYSCOUGH K., ŻOŁĄDEK T.

The Vps13 protein is involved in endocytic internalization and endosomal trafficking events in yeast.
EMBO Conference: Ubiquitin and ubiquitin-like modifiers: from molecular mechanisms to human diseases, Cavtat, Croatia, 18-22 September 2015

Abstracts, P193 p.285

3831/A

HAŁAS A., KRAWCZYK M. ŚLEDZIEWSKA-GÓJSKA E.

PCNA polyubiquitination stimulates intrachromosomal spontaneous gene conversion between direct repeats in yeast.

EMBO Conference: Ubiquitin and ubiquitin-like modifiers: from molecular mechanisms to human diseases, Cavtat, Croatia, 18-22 September 2015

Abstracts, P156

3832/A

CIEŚLA M., PŁONKA M., WAWRZYCKA D., WYSOCKI R., BOGUTA M.

Coupling of RNA polymerase III assembly and cell-cycle control in *Saccharomyces cerevisiae*.

27th International Conference on Yeast Genetics and Molecular Biology (ICYGMB), Levico Terme, Italy, 6-12 September 2015

Yeast 32(S1) Poster Sessions PS1-3

3833/A

KRAWCZYK M. HAŁAS A., ŚLEDZIEWSKA-GÓJSKA E.

The roles of PCNA postranscriptional modifications in modulating of intra-chromosomal homologous recombination pathways.

27th International Conference on Yeast Genetics and Molecular Biology (ICYGMB), Levico Terme, Italy, 6-12 September 2015

Yeast 32(S1) Poster Sessions PS1-10

3834/A

ZAWADA A., ALABRUDZIŃSKA M., MAJEWSKA M., JONCZYK P., FIJAŁKOWSKA I.J.

The participation of Dpb2, a noncatalytic subunit of DNA polymerase epsilon, in maintaining microsatellite stability.

27th International Conference on Yeast Genetics and Molecular Biology (ICYGMB), Levico Terme, Italy, 6-12 September 2015

Yeast 32(S1) Poster Sessions PS1-16

3835/A

KEPKA M., CIEŚLA M., BOGUTA M.

RAS/PKA signaling pathway is involved in regulation of RNA polymerase III transcription mediated by TFIIC factor.

27th International Conference on Yeast Genetics and Molecular Biology (ICYGMB), Levico Terme, Italy, 6-12 September 2015

Yeast 32(S1) Poster Sessions PS2-9

3836/A

PITRUSKA R., FURMANEK E., MCLEAN L., FILIPIAK A., CZMIEL S., FORETEK D., BOGUTA M., BEYNON R., ADAMCZYK M.A.

RNA polymerase III activity affects glucose transport in *S.cerevisiae*.

27th International Conference on Yeast Genetics and Molecular Biology (ICYGMB), Levico Terme, Italy, 6-12 September 2015

Yeast 32(S1) Poster Sessions PS2-18

3837/A

SKONECZNA A., KRÓL K., JENDRYSEK J., KURDZIEL J., BRÓZDA I., ADAMUS P., SKONECZNY M.

The *Saccharomyces cerevisiae* Swi6 is a genome maintenance protein, required especially after DSB stress.
27th International Conference on Yeast Genetics and Molecular Biology (ICYGMB), Levico Terme, Italy, 6-12 September 2015

Yeast 32(S1) Poster Sessions PS4-8

3838/A

RYMER Ł., SKONECZNY M.

Quest for new proteins imported into the peroxisomal matrix via the non-PTS1 and non-PTS2 pathway in *Saccharomyces cerevisiae*.

27th International Conference on Yeast Genetics and Molecular Biology (ICYGMB), Levico Terme, Italy, 6-12 September 2015

Yeast 32(S1) Poster Sessions PS8-13

3839/A

ŻOŁĄDEK T., KAMIŃSKA J., POLAK A., RZEPNIKOWSKA W., SIENKO M., BAŁA K., GRYNBERG M., KALISZEWSKI P.

Toxicity of human Nedd4 ubiquitin ligase in yeast depends on Atg1, Atg14 and Atg18 autophagy related proteins.

27th International Conference on Yeast Genetics and Molecular Biology (ICYGMB), Levico Terme, Italy, 6-12 September 2015

Yeast 32(S1) Poster Sessions PS9-14

3840/A

NATKAŃSKA U., SKONECZNA A., SKONECZNY M.

The importance of *S. cerevisiae* Hsp31p conserved Cys138 residue for the stability and subcellular localization of this protein.

27th International Conference on Yeast Genetics and Molecular Biology (ICYGMB), Levico Terme, Italy, 6-12 September 2015

Yeast 32(S1) Poster Sessions PS10-9

3841/A

RZEPNIKOWSKA W., KAMIŃSKA J., URBANEK A., SMACZYŃSKA-de ROOI I., AYSCOUGH K., ŻOŁĄDEK T.

The Vps13 protein is involved in endocytic internalization and endosomal trafficking events in yeast.

27th International Conference on Yeast Genetics and Molecular Biology (ICYGMB), Levico Terme, Italy, 6-12 September 2015

Yeast 32(S1) Poster Sessions PS9-8

3842/A

KUCHARCZYK R., KABALA A., NIEDŹWIECKA K., DAUTANT A., DI RAGO J.-P.

Yeast as a system for modeling mitochondrial disease mechanisms and therapies.

27th International Conference on Yeast Genetics and Molecular Biology (ICYGMB), Levico Terme, Italy, 6-12 September 2015

Yeast 32(S1) Poster Sessions PS7-19

3843/A

POZNAŃSKI J., SHUGAR D.

Thermodynamic contribution of a halogen bond to ligand binding: binding of halogenated ligands by a protein kinase.

Challenges in Molecular Biology, Biophysics and Biomedicine. Prof. David Shugar 100th Anniversary Conference, Warsaw, Poland, 17-19 September 2015

Conference Book L4, p.2

3844/A

BRZOZOWSKA I., FERNÁNDEZ-BACHILLER M., I., ZIELENKIEWICZ U., ODOLCZYK N., RADEMANN J., ZIELENKIEWICZ P.

Protein-protein interactions as a drugs target for new antibiotics.

Challenges in Molecular Biology, Biophysics and Biomedicine. Prof. David Shugar 100th Anniversary Conference, Warsaw, Poland, 17-19 September 2015

Conference Book SP07, p.12

3845/A

BARANOWSKI M.R., NOWICKA A. RYDZIK A.M., WARMIŃSKI M., KASPRZYK R., WOJTCZAK B.A., WÓJCIK J., CLARIDGE T.D.W., KOWALSKA J., JEMIELITY J.

The fluorophosphate containing nucleotides as molecular probes for studying molecular processes using 19F NMR and fluorescence spectroscopy.

Challenges in Molecular Biology, Biophysics and Biomedicine. Prof. David Shugar 100th Anniversary Conference, Warsaw, Poland, 17-19 September 2015

Conference Book PO2, p.13

3846/A

BORSUK E., M., KOSICKI K., TUDEK B., SPEINA E.

Lipid peroxidation products in etiology of Fanconi anemia.

Challenges in Molecular Biology, Biophysics and Biomedicine. Prof. David Shugar 100th Anniversary Conference, Warsaw, Poland, 17-19 September 2015

Conference Book P05, p.15

3847/A

CIEPLAK-ROTOWSKA M., K., TARNOWSKI K.J., DADLEZ M., FABIAN M. R. SONENBERG N., DARŻYNKIEWICZ E., NIEDŹWIECKA A.

Conformational dynamics and protein-peptide interactions involved in miRNA and tristetraprolinmediated silencing.

Challenges in Molecular Biology, Biophysics and Biomedicine. Prof. David Shugar 100th Anniversary Conference, Warsaw, Poland, 17-19 September 2015

Conference Book P09, p.16

3848/A

ĆWIEK P., SARNOWSKA E., KONCZ C., SARNOWSKI T.J.

Identification of new *Arabidopsis* lines carrying TDNA- insertion in the AtTOR gene.

Challenges in Molecular Biology, Biophysics and Biomedicine. Prof. David Shugar 100th Anniversary Conference, Warsaw, Poland, 17-19 September 2015

Conference Book P10, p.16

3849/A

DĄBROWSKI A., DĄBROWSKA A., SZTATELMAN O., GRZYB J.

Dimerization interface and peptide specific to semiconductor surfaces for nanodevices assembly.

Challenges in Molecular Biology, Biophysics and Biomedicine. Prof. David Shugar 100th Anniversary Conference, Warsaw, Poland, 17-19 September 2015

Conference Book P12, p.17

3850/A

DYLEWSKA M., SOKOŁOWSKA B., KORZENIOWSKA K., KUŚMIEREK J.T., MACIEJEWSKA A.M.
Both *E. coli* AlkA glycosylase and AlkB dioxygenase contribute to repair of acrolein adducts to adenine and cytosine in DNA.

Challenges in Molecular Biology, Biophysics and Biomedicine. Prof. David Shugar 100th Anniversary Conference, Warsaw, Poland, 17-19 September 2015

Conference Book P13, p.18

3851/A

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

Chemical shift perturbation and side chain dynamics: tools in structural study of S100A1 protein.

Challenges in Molecular Biology, Biophysics and Biomedicine. Prof. David Shugar 100th Anniversary Conference, Warsaw, Poland, 17-19 September 2015

Conference Book P14, p.18

3852/A

GRATKOWSKA D.M., SARNOWSKA E., SACHAROWSKI S.P., ROLICKA A.T., BUCIOR E., 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.

Challenges in Molecular Biology, Biophysics and Biomedicine. Prof. David Shugar 100th Anniversary Conference, Warsaw, Poland, 17-19 September 2015

Conference Book P16, p.19

3853/A

IZDEBSKA K., KORYSZEWSKA-BAGIŃSKA A., GÓRECKI R.K., ALEKSANDRZAK-PIEKARCZYK T.

Characterization of *Lactococcus lactis* IL594 plasmid-encoded proteins with unknown function by using bioinformatics methods

Challenges in Molecular Biology, Biophysics and Biomedicine. Prof. David Shugar 100th Anniversary Conference, Warsaw, Poland, 17-19 September 2015

Conference Book P19, p.20

3854/A

LECH A., SZOŁAJSKA E., IWANICKA-NOWICKA R., LESYNG B.

Stimulation of pro-metastatic properties of ovarian cancer cells by fatty acids secreted by peritoneal cavity microenvironment.

Challenges in Molecular Biology, Biophysics and Biomedicine. Prof. David Shugar 100th Anniversary Conference, Warsaw, Poland, 17-19 September 2015

Conference Book P27, p.24

3855/A

DYLEWSKA M., POZNAŃSKI J., GRZESIUK E., KUŚMIEREK J.T., MACIEJEWSKA A.M.

Disintegration of ϵ dATP and ϵ dCTP at high iron ion concentrations.

Challenges in Molecular Biology, Biophysics and Biomedicine. Prof. David Shugar 100th Anniversary Conference, Warsaw, Poland, 17-19 September 2015

Conference Book P28, p.25

3856/A

MACIOŁA A., OLSZEWSKA M., PIETRZAK M., ZDANOWSKI K., PROTAS A.M., GRZELAK K., ŚMIETANKA K., MINTA Z., ZAGÓRSKI-OSTOJA W., KOPERA E.

Production and protective efficacy of a subunit yeast-expressed H5 vaccine against challenge with H5N1 highly pathogenic avian influenza virus.

Challenges in Molecular Biology, Biophysics and Biomedicine. Prof. David Shugar 100th Anniversary Conference, Warsaw, Poland, 17-19 September 2015

Conference Book P29, p.25

3857/A

SACHAROWSKI S.P., GRATKOWSKA D.M., SARNOWSKA E., KONDRAK P., JANCEWICZ I., PORRI A., BUCIOR E., ROLICKA A.T., FRANZEN R., KOWALCZYK J., HUETTEL B., SCHMELZER E., COUPLAND G., JERZMANOWSKI A.J., KONCZ C., SARNOWSKI T.J.
SWP73A and SWP73B subunits of *Arabidopsis* SWI/SNF chromatin remodeling complexes modulate leaf and flower development.

Challenges in Molecular Biology, Biophysics and Biomedicine. Prof. David Shugar 100th Anniversary Conference, Warsaw, Poland, 17-19 September 2015

Conference Book P35, p.28

3858/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., LESZCZYNSKI 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. Challenges in Molecular Biology, Biophysics and Biomedicine. Prof. David Shugar 100th Anniversary Conference, Warsaw, Poland, 17-19 September 2015

Conference Book P36, p.28-29

3859/A

TYMOSZEWSKA A., ALEKSANDRZAK-PIEKARCZYK T., DIEP D.B., BARDOWSKI J.K.
Searching for genes involved in the development of resistance (receptors) for class II bacteriocins in lactic acid bacteria.

Challenges in Molecular Biology, Biophysics and Biomedicine. Prof. David Shugar 100th Anniversary Conference, Warsaw, Poland, 17-19 September 2015

Conference Book P39, p.30-31

3860/A

ZUGAJ D., MIELECKI D., MACIEJEWSKA A.M., SARNOWSKI T.J., GRZESIUK E.
Searching for the roles for *A. thaliana* AlkB dioxygenases in alkylating lesions repair and beyond.

Challenges in Molecular Biology, Biophysics and Biomedicine. Prof. David Shugar 100th Anniversary Conference, Warsaw, Poland, 17-19 September 2015

Conference Book P48, p.35

3861/A

BARTOSIK A.A., GŁĄBSKI K., MIKULSKA S., KONDRAT P., JAGURA-BURDZY G.
PARB-DNA interactions in *Pseudomonas aeruginosa* - implications for chromosome segregation and gene expression regulation.

5th ASM Conference on Prokaryotic Cell Biology and Development, Washington, USA, 12-16 June 2015

Abstracts p.70

3862/A

GŁOWACKA A., ULATOWSKA M.I., ŁOBOCKA M.B.

Staphylococcal Twort-like phages encode a homolog of bacterial virulence determinants. Can we use these phages for therapeutic purposes?

6th International Weigl Conference on Microbiology, Gdańsk, Poland, 8-10 July 2015

Acta Biochimica Polonica (2015) 62 (supplement 2) I.O.3 p.12

3863/A

TOPKA G., NECEL A., BLOCH S., NEJMAN-FALEŃCZYK B., DYDECKA A., LICZNERSKA K., WĘGRZYN G., WĘGRZYN A.

Role of the open reading frames *orf60a* and *orf63* located within *exo-xis* region in development of bacteriophage λ and Shiga toxin-converting phage Φ24_B.

6th International Weigl Conference on Microbiology, Gdańsk, Poland, 8-10 July 2015

Acta Biochimica Polonica (2015) 62 (supplement 2) I.P.9 p.57

3864/A

WALTER T., DĄBROWSKI K., GAWOR J., HEJNOWICZ M.S., GROMADKA R., WEBER-DĄBROWSKA B., ŁOBOCKA M.B.

The genomic characteristic of *Pseudomonas aeruginosa* Paer4_119 – a strain for the propagation of therapeutic phages.

6th International Weigl Conference on Microbiology, Gdańsk, Poland, 8-10 July 2015

Acta Biochimica Polonica (2015) 62 (supplement 2) I.P.10 p.57

3865/A

BLOCH S., NEJMAN-FALEŃCZYK B., DYDECKA A., LICZNERSKA K., FELCZYKOWSKA A., TOPKA G., WĘGRZYN A., WĘGRZYN G.

Role of the *exo-xis* region in development of bacterial viruses from the family of lambdoid phages.

6th International Weigl Conference on Microbiology, Gdańsk, Poland, 8-10 July 2015

Acta Biochimica Polonica (2015) 62 (supplement 2) I.O.7 p.16

3866/A

NIECKARZ M., RACZKOWSKA A., SKOREK K., STEFAŃSKA E., MILCZEWSKA I., STOSIO D., DADLEZ M., BRZOSTEK K.

Direct and indirect regulation of *kdgM2* gene expression by the OmpR two-component response regulator in *Yersinia enterocolitica*.

6th International Weigl Conference on Microbiology, Gdańsk, Poland, 8-10 July 2015

Acta Biochimica Polonica (2015) 62 (supplement 2) II.0.4 p.20

3867/A

KARCZEWSKA-GOLEC J., GOLEC P., MARKERT S., BERNHARDT J., KOCHANOWSKA-ŁYŻEŃ M., OLSZEWSKI P., SCHWEDER T., SZALEWSKA-PAŁASZ A.

Confronting the challenges of the brackish water environment – bacterial adaptations to osmotic stress analyzed by OMIC approaches.

6th International Weigl Conference on Microbiology, Gdańsk, Poland, 8-10 July 2015

Acta Biochimica Polonica (2015) 62 (supplement 2) VI.0.4 p.43

3868/A

OBSZAŃSKA K., KERN-ZDANOWICZ I., SITKIEWICZ I.

New molecular method for typing clinical strains of *Streptococcus Anginosus* Group.

6th International Weigl Conference on Microbiology, Gdańsk, Poland, 8-10 July 2015

Acta Biochimica Polonica (2015) 62 (supplement 2) VII.0.1

3869/A

GIERMASIŃSKA K., ŁOBOCKA M.B.

Scanning of the P1 bacteriophage genome for possible target sites of foreign DNA insertion.

4th Symposium Phages in Interaction, Leuven, Belgium, 29 September 2015

Abstract Book p.17

3870/A

GŁOWACKA A., ULATOWSKA M.I., ŁOBOCKA M.B.

Identification of the additional component of *Staphylococcal* Twort-like phages' lytic module.

4th Symposium Phages in Interaction, Leuven, Belgium, 29 September 2015

Abstract Book p.19

3871/A

SZKOP U., STRZYGA-LACH P., ROGOWSKA J., KANIEWSKA M., DĘBSKI J., DADLEZ M., ŁOBOCKA M.B.

Analysis of substrate specificity of P1 bacteriophage prohead protease.

4th Symposium Phages in Interaction, Leuven, Belgium, 29 September 2015

Abstract Book p.41

3872/A

WALTER T., DĄBROWSKI K., GAWOR J., HEJNOWICZ M.S., GROMADKA R., WEBER-DĄBROWSKA B., ŁOBOCKA M.B.

The genomic characteristic of a *Pseudomonas aeruginosa* strain for the efficient propagation of a PHIKZ-like phage.

4th Symposium Phages in Interaction, Leuven, Belgium, 29 September 2015

Abstract Book p.43

3873/A

ZAŁEWSKA A., GIZIŃSKI R., GIERMASIŃSKA K., GAŁAŁA U., GAWOR J., ŁOBOCKA M.B.

Characteristic of a T7-like viruses representative that is able to lysogenize its bacterial host.

4th Symposium Phages in Interaction, Leuven, Belgium, 29 September 2015

Abstract Book p.44

3874/A

ŁOBOCKA M.B.

Therapeutic phage genomics - what have we learned so far.

International Scientific Conference Clinical Phage Therapy 2015, Wrocław, Poland, 26 September 2015

Abstract Book p.27

3875/A

WĘGRZYN G.

100 years of studies on bacteriophages: input to 10 years of Phage Therapy Unit.

International Scientific Conference Clinical Phage Therapy 2015, Wrocław, Poland, 26 September 2015

Abstract Book p.29

3876/A

WALTER T., DĄBROWSKI K., GAWOR J., HEJNOWICZ M.S., GROMADKA R., WEBER-DĄBROWSKA B., ŁOBOCKA M.B.

Evaluation of *Pseudomonas aeruginosa* strain for the propagation of therapeutic phages, based on deep genomic sequencing data.

International Scientific Conference Clinical Phage Therapy 2015, Wrocław, Poland, 26 September 2015

Abstract Book p.42

3877/A

GŁOWACKA A., ULATOWSKA M.I., ŁOBOCKA M.B.

Functional analysis of a conserved gene in the region of Staphylococcal Twort-like viruses lytic module.

International Scientific Conference Clinical Phage Therapy 2015, Wrocław, Poland, 26 September 2015

Abstract Book p.51

3878/A

JAKUBCZAK W., SIKORA A., MACIEJEWSKA A., POZNAŃSKI J., GRZESIUK E., PAWLAK K.

Fractionation of iron in lysates of bacterial strains by ultrafiltration and SEC with ICP-MS detection.

European Winter Conference on Plasma Spectrochemistry, Münster, Germany, 22-26 February 2015

Abstracts, SP4-POO7

3879/A

CZERWIŃSKA J., NOWAK M., KOSICKI K., WOJTCZAK P., CIEŚLA J., NIEDERNHOFER L., SPEINA E., TUDEK B.

Lipid peroxidation contributes to the aging phenotype of ERCC1 deficient mice.

EMBO Conference: The DNA Damage Response in Cell Physiology and Disease, Cape Sounio, Greece, 5-9 October 2015

Abstracts, Poster 18, p.82

3880/A

DYLEWSKA M., KORZENIOWSKA K., POZNAŃSKI J., MACIEJEWSKA A.

Contribution of *Escherichia coli* AlkA glycosylase in repair of acrolein adducts to adenine and cytosine in DNA.

EMBO Conference: The DNA Damage Response in Cell Physiology and Disease, Cape Sounio, Greece, 5-9 October 2015

Abstracts, Poster 28, p.92

3881/A

DYLEWSKA M., POZNAŃSKI J., KUŚMIEREK J.T., MACIEJEWSKA A.M.

Molecular mechanism of AlkB dioxygenase and its human hABH3 homologue repair activity against acrolein adducts to adenine and cytosine.

EMBO Conference: The DNA Damage Response in Cell Physiology and Disease, Cape Sounio, Greece, 5-9 October 2015

Abstracts, Poster 54, p.118

3882/A

SZMAJDA E., SPEINA E.

Lipid peroxidation products in etiology of Fanconi anemia.

EMBO Conference: The DNA Damage Response in Cell Physiology and Disease, Cape Sounio, Greece, 5-9 October 2015

Abstracts, Poster 80, p.144

3883/A

SZMAJDA E., KOSICKI K., TUDEK B., SPEINA E.

Lipid peroxidation products in etiology of Fanconi anemia.

EMBO Young Scientists Forum, Warsaw, Poland, 2-3 July 2015

Book of Abstracts p.197

3884/A

GRATKOWSKA D.M., SARNOWSKA E., SACHAROWSKI S.P., ROLICKA A.T., BUCIOR E., KONCZ C., JERZMANOWSKI A.J., SARNOWSKI T.J.

The *Arabidopsis* SWI/SNF complex responds to environmental changes in temperature - dependent manner.

EMBO Young Scientists Forum, Warsaw, Poland, 2-3 July 2015

Book of Abstracts p.80

3885/A

PERYCZ M., BOCHTLER M.

Search for novel proteins with potential for DNA recognition similar to TAL effectors.

EMBO Young Scientists Forum, Warsaw, Poland, 2-3 July 2015

Book of Abstracts p.152

3886/A

PIETRAS Z., KOWALCZYK J., YATUSEVICH R., ŚWIEŻEWSKI S.S.

Elongin is involved in DOG1 gene regulation in *Arabidopsis thaliana*.

EMBO Young Scientists Forum, Warsaw, Poland, 2-3 July 2015

Book of Abstracts p.154

3887/A

PUŁAWSKI W., FILIPEK S., NIEWIECZERZAŁ S.

Modeling of protease-substrate complex.

EMBO Young Scientists Forum, Warsaw, Poland, 2-3 July 2015

Book of Abstracts p.164

3888/A

BUCHOLC K.A., WYSŁOUCH-CIESZYŃSKA A., DADLEZ M., ZARĘBA-KOZIOŁ M.

S-nitrosylation of postsynaptic density proteins in Alzheimer's disease.

EMBO Young Scientists Forum, Warsaw, Poland, 2-3 July 2015

Book of Abstracts p.47

3889/A

WEN S., CHEN H., XU S., NIEDŹWIECKA K., KUCHARCZYK R., LIANG S., ZENG C., XIE H., DI RAGO J.-P., LIU Z.

Mitochondrial DNA heteroplasmy of the M8969G>A: a novel A_{TPASE} 6 mutation contributes to kidney disease.

52nd Congress of the European Renal Association - European Dialysis and Transplant Association, London, England, 28-31 May 2015

Abstracts SP037

3890/A

BETKIER A., SZCZĘSNY P., GÓRECKI P.

Fast algorithms for inferring gene-species associations.

11th International Symposium on Bioinformatics Research and Applications (ISBRA), Norfolk, USA, 7-10 June 2015

Abstract BS

3891/A

JÓŹWIAK A., LIPKO A., KANIA M., DANIKIEWICZ W., PACZKOWSKI C., POZNAŃSKI J., SURMACZ L., ŚWIEŻEWSKA E.

Biosynthesis of polyisoprenoids in *Arabidopsis thaliana* - contribution of MVA and MEP pathways.

2nd International Conference on Natural Products Utilization: From Plants to Pharmacy Shelf, Plovdiv, Bulgaria, 14-17 October 2015

Book of Abstracts PP 206 p.297

3892/A

MARCINKOWSKI M., PILŹYS T., PIWOWARSKI J., GRZESIUK E.

How to avoid the most frequent mistakes in Western blot analysis – FTO protein as general example.

40th FEBS Congress: The Biochemical Basis of Life, Berlin, Germany, 4-9 July 2015

Abstracts LB-111 p.391

3893/A

PILŹYS T., SIKORA A., MACIEJEWSKA M., POZNAŃSKI J., PAWLAK K., GRZESIUK E.

Roles for free iron in AlkB-dependent and independent mechanisms in alkylated DNA repair.

40th FEBS Congress: The Biochemical Basis of Life, Berlin, Germany, 4-9 July 2015

Abstracts LB-116 p.393

3894/A

KAMIŃSKA K., CZARNECKA A.M., MARCINKOWSKI M., PIWOWARSKI J., GRZESIUK E., SZCZYLIK C.

Phenotypic and molecular changes under reciprocal interaction of normal and renal cancer cells.

40th FEBS Congress: The Biochemical Basis of Life, Berlin, Germany, 4-9 July 2015

Abstracts LB-058 p.377

3895/A

BIELECKA Z.F., KRASOWSKI P., MATAK D., PIWOWARSKI J., GRZESIUK E., SZCZYLIK C., CZARNECKA A.M.

Different protein expression occurs between TKI-resistant and untreated human kidney cancer stem-like cells in normoxia and hypoxia.

40th FEBS Congress: The Biochemical Basis of Life, Berlin, Germany, 4-9 July 2015

Abstracts LB-029 p.368

3896/A

GHAHE S.S., BAŻLEKOWA M., TUDEK B.

Characterization and sensitization of glioblastoma cells resistant to Photodynamic Therapy.

EMBO Young Scientists Forum, Warsaw, Poland, 2-3 July 2015

Book of Abstracts p.74

3897/A

CZERWIŃSKA J., NOWAK M., KOSICKI K., WOJTCZAK P., CIEŚLA J. M., NIEDERNHOFER L., SPEINA E., TUDEK B.

Contribution of lipid peroxidation to the aging phenotype of Ercc1 deficient mice.

EMBO Young Scientists Forum, Warsaw, Poland, 2-3 July 2015

Book of Abstracts p.56

3898/A

PILŻYS T., SIKORA A., MACIEJEWSKA A.M., POZNAŃSKI J., PAWLAK K., GRZESIUŁ E.

Fe(II)- and AlkB-dependent repair of alkylated lesions in DNA.

EMBO Young Scientists Forum, Warsaw, Poland, 2-3 July 2015

Book of Abstracts p.155

3899/A

FERENC K., OLSZOWKA A., PIWOWARSKI J., PIETRZAK P., GODLEWSKI M.M., GRZESIUŁ E., ZABIELSKI R.

Structural and functional changes in the intestine and liver of IUGR piglets may lead to diabetes mellitus type 2 predisposition and obesity in adults.

13th Digestive Physiology in Pigs Symposium, Kliczków, Poland, 19-21 May 2015

Book of Abstracts p.59

3900/A

SZURGOT I., SZOŁAJSKA E., LAURIN D., LAMBRECHT B., CHAPEROT L., NASKALSKA A., CHROBOCZEK J.

Adenoviral dodecahedron, a proteinaceous, multivalent delivery and vaccination nanoplatform with adjuvant properties.

5th International Conference on Modern Vaccines Adjuvants and Delivery Systems, Leiden, The Netherlands, 18-20 May 2015

Poster Session, Poster 101

3901/A

CIEPLAK-ROTOWSKA M., K., TARNOWSKI K.J., DADLEZ M., FABIAN M. R. SONENBERG N., DARZYŃKIEWICZ E., NIEDŹWIECKA A.

Conformational dynamics of GW182 silencing domain and CNOT1 fragment as monitored by hydrogen-deuterium exchange mass spectrometry.

40th FEBS Congress: The Biochemical Basis of Life, Berlin, Germany, 4-9 July 2015

FEBS Journal (2015) 282 (Suppl S1) P35-035 p.332

3902/A

JEDYNAK M., SZURGOT I., ŻOCHOWSKA M., SZOŁAJSKA E., JEMIELITY J., DUFOUR J.F., CHROBOCZEK J.

Use of biomolecules delivery vector, adenovirus dodecahedron, for targeted cancer therapy.

40th FEBS Congress: The Biochemical Basis of Life, Berlin, Germany, 4-9 July 2015

FEBS Journal (2015) 282 (Suppl S1) Lb-124 P.395

3903/A

WINIEWSKA M., POZNAŃSKI J.

Contribution of electrostatic interactions to the binding of halogenated benzotriazoles by protein kinase CK2 alpha confirmed by the single point mutation.

40th FEBS Congress: The Biochemical Basis of Life, Berlin, Germany, 4-9 July 2015

FEBS Journal (2015) 282 (Suppl S1) LB-132 p.397

3904/A

KUCIŃSKA K., WINIEWSKA M., POZNAŃSKI J.

Interaction between inclusion complexes of halogenated benzotriazoles with cyclodextrins and protein kinase CK2.

40th FEBS Congress: The Biochemical Basis of Life, Berlin, Germany, 4-9 July 2015

FEBS Journal (2015) 282 (Suppl S1) LB-157 p.404

3905/A

KAMIŃSKA K., CZARNECKA A.M., SZCZYLIK C.

In vitro modelling of cell-cell interactions in metastatic renal cell cancer tumors.

40th FEBS Congress: The Biochemical Basis of Life, Berlin, Germany, 4-9 July 2015

FEBS Journal (2015) 282 (Suppl S1) LB-061 p.378

3906/A

BOCHTLER M., MIERZEJEWSKA K., KAZRANI A.A., SIWEK W., CZAPIŃSKA H.

A structural biologist's view of DNA methylation and hydroxymethylation.

Multi-Pole Approach to Structural Science Conference, Warsaw, Poland, 10-13 May, 2015

Abstracts p.20

3907/A

DZIEMBOWSKI A., UKLEJA M., CUÉLLAR J., SIWASZEK A., KASPRZAK J.M., CZARNOCKI-CIECIURA M., BUJNICKI J.M., VALPUESTA J.M.

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

Multi-Pole Approach to Structural Science Conference, Warsaw, Poland, 10-13 May, 2015

Abstracts p.45

3908/A

FERNANDES H., ELKOMY M., BOCHTLER M.

Non-catalytic domains of the RNA-guided DNA methyltransferase DRM2.

Multi-Pole Approach to Structural Science Conference, Warsaw, Poland, 10-13 May, 2015

Abstracts p.132

3909/A

MACIEJEWSKA A.M., RUSZCZYŃSKA-BARTNIK K., DYLEWSKA M., KUŚMIEREK J.T., POZNAŃSKI J.

Acrolein DNA adduct - 1, N6- α -hydroxypropanoadenine subjects to Dimroth rearrangement.

Multi-Pole Approach to Structural Science Conference, Warsaw, Poland, 10-13 May, 2015

Abstracts p.170

3910/A

NOWACKA M., ŁACH G., PLUTA R., FERNANDES H., BUJNICKI J.M.

Zinc-finger Com-RNA complex as an example of specific protein-RNA interaction.

Multi-Pole Approach to Structural Science Conference, Warsaw, Poland, 10-13 May, 2015

Abstracts p.184

3911/A

POZNAŃSKI J., WINIEWSKA M., KUCIŃSKA K., SHUGAR D.

Topology, geometry and free energy of intermolecular halogen bond formed between halogenated ligand and protein kinase. Analysis of PDB structures and solution study.

Multi-Pole Approach to Structural Science Conference, Warsaw, Poland, 10-13 May, 2015

Abstracts p.195

3912/A

STEPNIEWSKA M.

DCAF (decaf) – Discrimination, Comparison, Alignment algorithm for small molecules.

Multi-Pole Approach to Structural Science Conference, Warsaw, Poland, 10-13 May, 2015

Abstracts p.208**3913/A**

ŚWIEŻEWSKI S.S.

The interconnection between transcription and splicing.

Multi-Pole Approach to Structural Science Conference, Warsaw, Poland, 10-13 May, 2015

Abstracts p.210**3914/A**

TARNOWSKI K.J., KLIMECKA M.M., CIESIELSKI A., POZNAŃSKI J., GOCH G., BUCHOLC M., DOBROWOLSKA G., DADLEZ M.

Structure and dynamics of newfound plant specific calcium sensor protein - SCS studied by mass spectrometry monitored hydrogen/deuterium exchange.

Multi-Pole Approach to Structural Science Conference, Warsaw, Poland, 10-13 May, 2015

Abstracts p.214**3915/A**

WÓJCIKOWSKI M.

One conformer to rule them all? A study on ligands multiple conformations in molecular docking experiments.

Multi-Pole Approach to Structural Science Conference, Warsaw, Poland, 10-13 May, 2015

Abstracts p.226**3916/A**

ZHUKOV I.

Unfolded N-terminal domain as important factor for analysis molecular dynamic processes in folded C-terminal part in human prion protein.

Multi-Pole Approach to Structural Science Conference, Warsaw, Poland, 10-13 May, 2015

Abstracts p.227**3917/A**KUBERSKA R., STYCZEŃ-BINKOWSKA E., DZIERZBICKI P., KANIAK-GOLIK A., CIEŚLA Z.
The Rad27 nuclease is involved in preventing mitochondrial mutagenesis and is required for efficient mitochondrial homologous recombination in *S. cerevisiae*.27th International Conference on Yeast Genetics and Molecular Biology (ICYGMB), Levico Terme, Italy, 6-12 September 2015**Yeast 32(S1) Poster Sessions PS4-4****3918/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. Joint 7th Conference of the Polish Society for Experimental Plant Biology and the Intercollegiate Faculty of Biotechnology UG&MUG, Gdańsk, Poland, 8-11 September 2015**Abstract Book T.2.1 p. 25**

3919/A

SACHAROWSKI S.P., GRATKOWSKA D.M., SARNOWSKA E., KONDRAK P., JANECWICZ I., PORRI A., BUCIOR E., ROLICKA A.T., FRANZEN R., KOWALCZYK J., PAWLIKOWSKA K.P., HUETTEL B., TORTI S., SCHMELZER E., COUPLAND G., JERZMANOWSKI A.J., KONCZ C., SARNOWSKI T.J.

SWP73A and SWP73B subunits of *Arabidopsis* SWI/SNF chromatin remodeling complexes play distinct roles during development.

Joint 7th Conference of the Polish Society for Experimental Plant Biology and the Intercollegiate Faculty of Biotechnology UG&MUG, Gdańsk, Poland, 8-11 September 2015

Abstract Book T.3.6. p.45

3920/A

HOSER R., ESCHEN-LIPPOLD L., PIECHOCKI M., LEE J., HENNIG J., KRZYMOWSKA M.

Elucidation of mechanisms underlying virulence function of *Pseudomonas syringae* HopQ1 effector in plant cells.

Joint 7th Conference of the Polish Society for Experimental Plant Biology and the Intercollegiate Faculty of Biotechnology UG&MUG, Gdańsk, Poland, 8-11 September 2015

Abstract Book T.4.1. p.110

3921/A

ĆWIEK P., PACYK K., PEPEK M., KONCZ C., JERZMANOWSKI A.J., SARNOWSKI T.J.

Identification of new *Arabidopsis* lines carrying T-DNA- insertion in the AtTOR gene.

Joint 7th Conference of the Polish Society for Experimental Plant Biology and the Intercollegiate Faculty of Biotechnology UG&MUG, Gdańsk, Poland, 8-11 September 2015

Abstract Book P.5.19. p.162

3922/A

WINIEWSKA M., POZNAŃSKI J.

The atp-binding site of CK2 carries two regions with antagonistic electrostatic potential that attracts charged ligands.

29th Annual Symposium of the Protein Society, Barcelona, Spain, 22-25 July 2015

Abstract Book PB-050

3923/A

KUCIŃSKA K., WINIEWSKA M., POZNAŃSKI J.

Cyclodextrins moderately affects binding of halogenated benzotriazoles by protein kinase CK2.

29th Annual Symposium of the Protein Society, Barcelona, Spain, 22-25 July 2015

Abstract Book PB-055

3924/A

KOPERA E., PIETRZAK M., MACIOŁA A., PROTAS -KLUKOWSKA A.,M., ZDANOWSKI K., GROMADZKA B., GRZELAK K., MINTA Z., ŚMIETANKA K., SZEWCZYK B.

Recombinant H5 antigen based on hydrolytic domain with deletion of polybasic cleavage site forms functional oligomers.

29th Annual Symposium of the Protein Society, Barcelona, Spain, 22-25 July 2015

Abstract Book PI-102

3925/A

KUCIŃSKA K., WINIEWSKA M., POZNAŃSKI J.

Calorimetric and spectrophotometric characterization of inclusion complexes formed in aqueous solution between halogenated benzotriazoles and cyclo-dextrins.

12th Conference on Calorimetry and Thermal Analysis of the Polish Society of Calorimetry and Thermal Analysis and 5th Joint Czech - Hungarian-Polish- Slovakian Thermoanalytical Conference CCTA 12, Zakopane, Poland, 6-10 September 2015

Book of Abstracts SO7 FP3

3926/A

WINIEWSKA M., MAKOWSKA M., POZNAŃSKI J.

ITC-derived binding constant may be biased due to a limited titrant solubility.

12th Conference on Calorimetry and Thermal Analysis of the Polish Society of Calorimetry and Thermal Analysis and 5th Joint Czech - Hungarian-Polish- Slovakian Thermoanalytical Conference CCTA 12, Zakopane, Poland, 6-10 September 2015

Book of Abstracts, S10 FP1 p.489

3927/A

WINIEWSKA M., POZNAŃSKI J.

Predominance of electrostatic interactions in binding of halogenated benzotriazoles by the catalytic subunit of human protein kinase ck2 confirmed by single point mutation.

12th Conference on Calorimetry and Thermal Analysis of the Polish Society of Calorimetry and Thermal Analysis and 5th Joint Czech - Hungarian-Polish- Slovakian Thermoanalytical Conference CCTA 12, Zakopane, Poland, 6-10 September 2015

Book of Abstracts S10 P10 p.508-509

3928/A

BRZOZOWSKA I., IZAK D., LEŚKIEWICZ-LAUDY A., ZIELENKIEWICZ U.

Evaluation of microbial diversity in historical velvet textiles from the Museum of King John III'S Palace at Wilanów, Poland.

BioMicroWorld 2015 : VI International Conference on Environmental, Industrial and Applied Microbiology, Barcelona, Spain, 28-30 October 2015

Abstracts BS

3929/A

KARCZEWSKA-GOLEC J., GOLEC P., MARKERT S., KOCHANOWSKA-ŁYŻEŃ M., SCHWEDER T., SZALEWSKA-PAŁASZ A.

Proteomics reveals osmotic stress adaptations of *Shewanella Baltica*, *Paracoccus* sp. and *Flavobacterium* sp. in a unique environment of the Baltic Sea.

6th International Congress of European Microbiologists FEMS, Maastricht, The Netherlands, 7-11 June 2015

Abstracts FEMS-2246

3930/A

KOCHANOWSKA-ŁYŻEŃ M., GOLEC P., OLSZEWSKI P., KARCZEWSKA-GOLEC J., BAŁUT M., PIOTROWSKI A., SZALEWSKA-PAŁASZ A.

Transcriptome analysis of the Baltic Sea isolates: *Shewanella Baltica*, *Paracoccus* sp. and *flavobacterium* sp. shows their specific response to osmotic stress.

6th International Congress of European Microbiologists FEMS, Maastricht, The Netherlands, 7-11 June 2015

Abstracts FEMS-2700

3931/A

WOLINSKA A., SZAFRANEK-NAKONIECZNA A., ZIELENKIEWICZ U., TOMCZYK-ŻAK K., BANACH A., M., BŁASZCZYK M. STEPNIEWSKA Z.

Quantification of soil microbiological activities based on crop type (oat, triticale).

6th International Congress of European Microbiologists FEMS, Maastricht, The Netherlands, 7-11 June 2015

Abstracts FEMS-0714

3932/A

WOLINSKA A., SZAFRANEK-NAKONIECZNA A., ZIELENKIEWICZ U., KUŹNIAR A.,
BŁASZCZYK M. STEPNIEWSKA Z.

Environmental factors influenced on soil microbiological activity.

6th International Congress of European Microbiologists FEMS, Maastricht, The Netherlands, 7-11 June 2015

Abstracts FEMS-0718

3933/A

CIEŻKOWSKA M., PYZIK A., POSZYTEK K., SOBCZAK A., LIPÍŃSKI L., SKŁODOWSKA A.,
DREWNIAK L.

Methanogenic consortia structure and stability changes after long-term storage.

6th International Congress of European Microbiologists FEMS, Maastricht, The Netherlands, 7-11 June 2015

Abstracts FEMS-2004

3934/A

SIKORA A.

Microbial hydrogen and methane production based on anaerobic digestion of by-products of the sugar industry.

Taiwan-Poland Workshop on Agricultural Biotechnology and Biocatalysis, Warsaw, Poland, 3 December 2015

Workshop Booklet p.75-76

3935/A

SZURGOT I., SZOŁAJSKA E., LAURIN D., LAMBRECHT B., CHROBOCZEK J.

Self-adjuvanting influenza candidate vaccine carrying HA stalk domain and M1 epitopes on a proteinaceous multivalent nanoplatform.

5th International Conference and Exhibition on Influenza Vaccines for the World, Albufeira, Portugal, 6-9 October 2015

Final Oral Programme & Poster Programme, Poster 111

3936/A

PIETRZAK M., MACIOŁA A., ZDANOWSKI K., PROTAS A.M., GRZELAK K., GROMADZKA B.,
CZARNOCKI-CIECIURA M., OLSZEWSKA M., ŚMIETANKA K., MINTA Z., SZEWCZYK B.,
ZAGÓRSKI-OSTOJA W., KOPERA E.

Highly immunogenic antigens produced in *Pichia pastoris* as candidates for influenza subunit vaccine.

5th International Conference and Exhibition on Influenza Vaccines for the World, Albufeira, Portugal, 6-9 October 2015

Final Oral Programme & Poster Programme, Poster 121

3937/A

ZMARZ A., KORCZAK-ABSHIRE M., STORVOLD R., RODZEWICZ M., KĘDZIERSKA I.

Indicator species population monitoring in Antarctica with UAV.

International Conference on Unmanned Aerial Vehicles in Geomatics, Toronto, Canada, 30 August-2 September 2015

The International Archives of the Photogrammetry, Remote Sensing and Spatial Information Sciences (2015) XL-1/W4: 189-193

3938/A

GRATKOWSKA D.M., SARNOWSKA E., SACHAROWSKI S.P., ROLICKA A.T., BUCIOR E.,
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.

Joint 7th Conference of the Polish Society for Experimental Plant Biology and the Intercollegiate Faculty of Biotechnology UG&MUG, Gdańsk, Poland, 8-11 September 2015

Abstract Book p.5.4.1 P.184

3939/A

HAŁAS A.

The roles of PCNA posttranscriptional modifications in modulation of spontaneous intrachromosomal recombination pathways.

6th Central European Genome Stability and Dynamics Meeting, Szeged, Hungary, 9-10 October 2015

Abstract BS

3940/A

DADLEZ M., KULMA M., KAUS-DROBEK M., ZARĘBA-KOZIOŁ M., KACPRZYK-STOKOWIEC A., TARNOŃSKI K., SKRAJNA A., PREMCHANDAR A.

Proteomics in characterization of selected protein assemblies.

Interdisciplinary FNP Conference, Warsaw, Poland, 9-10 April 2015

Abstract BS

3941/A

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

Impaired interaction of a non-catalytic subunit of polymerase ϵ with the CMG helicase complex affects genome stability in *Saccharomyces cerevisiae*.

Interdisciplinary FNP Conference, Warsaw, Poland, 9-10 April 2015

Abstract BS

3942/A

WĘGRZYN G., GABIG-CIMIŃSKA M., JAKÓBKIEWICZ-BANECKA J., WĘGRZYN A., NARAJCZYK M., PIOTROWSKA E., MALINOWSKA M., KŁOSKA A., CHMIELARZ I., MOSKOT M., SZCZEPANSKA A., SAWIUK K., KONIECZNA A., KOBIEŁA W.

A novel gene expression-targeted therapy for lysosomal diseases.

Interdisciplinary FNP Conference, Warsaw, Poland, 9-10 April 2015

Abstract BS

3943/A

SIEŃKO M., PASZEWSKI A., BRZYWCZY J.

Global effects of sulfur metabolism disturbances in *Aspergillus nidulans*.

11th VAAM Conference Molecular Biology of Fungi, Berlin, Germany, 7-9 October 2015

Abstracts p.111

3944/A

DMOWSKI M.,

The Dpb2 subunit of DNA polymerase epsilon is involved in cell cycle control in *Saccharomyces cerevisiae*.

6th Central European Genome Stability and Dynamics Meeting, Szeged, Hungary, 9-10 October 2015

Abstract BS

3945/A

WEZYNFELD N.E., BAL W., FRĄCZYK T.

Nickel oxide particles cause hydrolysis of alpha-1 antitrypsin, key protease inhibitor of human blood.

51st Congress of the European Societies of Toxicology EUROTOX, Porto, Portugal, 13-16 September 2015

Toxicology Letters (2015) 238(2) PO4-006 p.141

3946/A

TOCZYŁOWSKA B., SŁOWIKOWSKA A., MIERZEJEWSKA A., ZIEMIŃSKA E., CICHON R.

Lipidomika w chorobach serca.

XIX Krajowa Konferencja Naukowa Biocybernetyka i Inżynieria Biomedyczna, Warsaw, Poland, 14-16 October 2015

Abstracts p.113

3947/A

SKONECZNA A., KRÓL K., JENDRYSEK J., KURDZIEL J., BRÓZDA I., ADAMUS P., SKONECZNY M.

The Swi6 protein from *Saccharomyces cerevisiae* is required for genome maintenance, especially after DNA double strand breaks.

6th Central European Genome Stability and Dynamics Meeting, Szeged, Hungary, 9-10 October 2015

Poster Presentation

3948/A

KĘPKA M., CIEŚLA M., BOGUTA M.

Tfc3, a subunit of TFIIC transcription factor, is targeted by RAS/PKA signaling pathway and regulates RNA polymerase III transcription in Maf1 - independent manner.

Mechanisms of Eukaryotic Transcription, Cold Spring Harbor, USA, 25-29 August 2015

Abstract Book p.101

3949/A

MAKAŁA E., TUROWSKI T., FORETEK D., TOLLERVEY D., BOGUTA M.

Global analysis of transcriptionally engaged yeast RNA polymerase III at nucleotide resolution.

Mechanisms of Eukaryotic Transcription, Cold Spring Harbor, USA, 25-29 August 2015

Abstract Book p.138

3950/A

FURMANEK E., MORAWIEC E., LIPKO A., JÓŹWIAK A., ŚWIEŻEWSKA E., KIERZEK A.M., BOGUTA M., ADAMCZYK M.A.

Maf1 protein has a wide effect on metabolism in *Saccharomyces cerevisiae*.

27th International Conference on Yeast Genetics and Molecular Biology (ICYGMB), Levico Terme, Italy, 6-12 September 2015

Yeast 32(S1) Poster Sessions PS3-1

3951/A

TUROWSKI T., MAKAŁA E., BOGUTA M., TOLLERVEY D.

Global analysis of transcriptionally engaged yeast RNA polymerase III at nucleotide resolution.

10th EMBO Conference on Ribosome Synthesis, Brussels, Belgium, 19-23 August 2015

Abstract BS

3952/A

TOMECKI R., ŁABNO A., DRAŹKOWSKA K., CYSEWSKI D., DZIEMBOWSKI A.

hUTP24 is essential for processing of the human ribosomal RNA precursor at site A1, but not at site A₀.

20th Annual Meeting of the RNA Society, Madison, USA, 26-31 May 2015

Program & Abstracts 188

3953/A

FORETEK D., WU J., HOPPER A.K., BOGUTA M.

Fine-tuning pre-tRNA processing by environmental conditions in *S.cerevisiae*.

20th Annual Meeting of the RNA Society, Madison, USA, 26-31 May 2015

Program & Abstracts 277

3954/A

KALISIAK K., KULIŃSKI T. J., TOMECKI R., DZIEMBOWSKI A.

A novel isoform of HBS1L provides a link between the cytoplasmic exosome and a SKI complexes in human cells.

20th Annual Meeting of the RNA Society, Madison, USA, 26-31 May 2015

Program & Abstracts 369

3955/A

DOLATA J., GUO Y., KOŁOWERZO A., SMOLIŃSKI D., BRZYŻEK G., ŚWIEŻEWSKI S., JARMOŁOWSKI A.

NTR1 is required for transcription elongation checkpoints at alternative exons in *Arabidopsis thaliana*.

20th Annual Meeting of the RNA Society, Madison, USA, 26-31 May 2015

Program & Abstracts 522

3956/A

ARTHUR L. L., PAVLOVIC-DJURANOVIC S., SZCZĘSNY P., DJURANOVIC S.

Lysine-encoding A-rich sequences control gene expression through stalling and frameshifting.

20th Annual Meeting of the RNA Society, Madison, USA, 26-31 May 2015

Program & Abstracts 584

3957/A

RYMASZEWSKI W., VILE D., BEDIEE A., DAUZAT M., HENNIG J., GRANIER C.

Natural variation in *Arabidopsis thaliana* response to water deficit.

Plant Phenotyping Symposium EPPN: Next Generation Plant Phenotyping for Trait Discovery, Breeding and Beyond: Transnational Access to European Platforms, Barcelona, Spain, 11-12 November 2015

Book of Abstracts p.34

3958/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*.

9th International Conference on *Pseudomonas syringae* Pathovars and Related Pathogens, Málaga, Spain, 2-5 June 2015

Abstracts p.70

3959/A

COLLADOS-RODRIGUEZ M., ZIENTARA-RYTTER K., WAWRZYŃSKA A., SIRKO A.

Role of selective autophagy in plant response to sulfur deficit.

10th Jubilee Plant Sulfur Workshop, Plant Sulfur Metabolism in Higher Plants Fundamental, Environmental and Agricultural Aspects, Goslar, Germany, 1-4 September 2015

Programme and Abstracts p.22

3960/A

SIRKO A.

Development of DNA vaccine against H5N1 avian influenza virus.

348th OMICS International Conference on Influenza: Infectious Diseases and Therapy, London, England, 24-26 August 2015

Journal of Infectious Diseases & Therapy (2015) 3(4): 54

3961/A

SAWICKA R., REDKIEWICZ P., GÓRA-SOCHACKA A., SIRKO A.

Modifications improving effectiveness of DNA vaccine against H5N1.

348th OMICS International Conference on Influenza: Infectious Diseases and Therapy, London, England, 24-26 August 2015

Journal of Infectious Diseases & Therapy (2015) 3(4): 81

3962/A

TATJEWSKI M., GRYNBERG M., PLEWCZYŃSKI D.

From pattern recognition to biological function inference, mining protein low-complexity regions.

1st NGP-NET Symposium on Non-Globular Proteins, Porto, Portugal, 6-9 October 2015

Abstract BS

3963/A

KUJAWA M., KRASZEWSKA E.

Caenorhabditis elegans as a model to search for novel virulence factors among a family of Nudix proteins of *Pseudomonas aeruginosa*.

The European Molecular Biology Organization (EMBO), Birmingham, England, 5-8 September 2015

Abstract BS

3964/A

BUSZEWICZ D., ARCHACKI R., PALUSIŃSKI A., KOTLIŃSKI M., FOGTMAN A., IWANICKA-NOWICKA R., WAWERSKA K., DADLEZ M., JERZMANOWSKI A.J., KOBLOWSKA M.

Histone deacetylase HD2C interacts with BRM-containing SWI/SNF chromatin remodeling complex and coregulates response to heat stress in *Arabidopsis*.

The 26th International Conference on Arabidopsis Research ICAR, Paris, France, 5-9 July 2015

Abstract Book P558

3965/A

JARONCZYK K., WAWERSKA K., JACEK P., ARCHACKI R., JERZMANOWSKI A.J.

Functional analysis of bromodomaincontaining BRD1, BRD2 and BRD13 proteins in *Arabidopsis*.

The 26th International Conference on Arabidopsis Research ICAR, Paris, France, 5-9 July 2015

Abstract Book P085

3966/A

JARONCZYK K., BUSZEWICZ D., PATRYN J., ZABOROWSKI A., WAWERSKA K., WILCZYŃSKI B., IWANICKA-NOWICKA R., KOBLOWSKA M., ARCHACKI R., JERZMANOWSKI A.J.

Genome-wide analysis of regulatory functions of *Arabidopsis* chromatin remodeler BRM.

2nd Plant Genomics Congress, London, England, 12-13 May 2015

Abstract BS

3967/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.

Winter School: From Genome to Proteome, Zakopane, 10-14 February 2015

Abstract BS

3968/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., LESZCZYŃSKI 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.

42nd Congress of International Society of Oncology and Biomarkers ISOBM, Zakopane, Poland, 3-7 October 2015

Abstract BS

3969/A

MACIOŁA A., OLSZEWSKA M., PIETRZAK M., ZDANOWSKI K., PROTAS A.M., GRZELAK K., ŚMIETANKA K., MINTA Z., ZAGÓRSKI-OSTOJA W., KOPERA E.

Production and protective efficacy of a subunit yeast-expressed H5 vaccine against challenge with H5N1 highly pathogenic H5N1 avian influenza virus.

Influenza 2015, Oxford, England, 8-10 September 2015

Abstracts BS

3970/A

LIPKO A., CZURYSZKIEWICZ E., SIERPIEŃ B., SOBCZAK M., ŚWIEŻEWSKA E., KONOPKA-POSTUPOLSKA D.

Long-lasting effect of modification of annexin 1 level on membrane function in *Arabidopsis*.

The 8th Conference on Annexins, Maastricht, The Netherlands, 8-11 September 2015

Programme & Abstracts 28

3971/A

SIERPIEŃ B., VOIGT B., BALUSKA F., KONOPKA-POSTUPOLSKA D.

Plant annexins in membrane trafficking.

The 8th Conference on Annexins, Maastricht, The Netherlands, 8-11 September 2015

Programme & Abstracts 30

3972/A

ARCHACKI R., PATRYN J., JAROŃCZYK K., ZABOROWSKI A., WAWERSKA K., BUSZEWICZ D., PUPEL P., WILCZYŃSKI B., IWANICKA-NOWICKA R., KOBLOWSKA M., JERZMANOWSKI A.J.
SWI/SNF chromatin remodeling complex directly regulates different hormone signaling pathways in *Arabidopsis*.

4th European Workshop on Plant Chromatin, Uppsala, Sweden, 25-26 June 2015

Abstract Book T7

3973/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., GINALSKI K., KOBLOWSKA M., ARCHACKI R., WILCZYŃSKI B., RAPACZ M., JERZMANOWSKI A.J.

A specialized histone H1 variant is required for adaptive responses to complex abiotic stress and related DNA methylation in *Arabidopsis*.

Workshop on Plant Development and Drought Stress, Pacific Grove, USA, 1-4 November 2015

Abstract Book S4.

3974/A

ARCHACKI R., PATRYN J., JAROŃCZYK K., ZABOROWSKI A., WAWERSKA K., BUSZEWICZ D., PUPEL P., WILCZYŃSKI B., IWANICKA-NOWICKA R., KOBLOWSKA M., JERZMANOWSKI A.J.
Genome-wide analysis of regulatory functions of *Arabidopsis* chromatin remodeler BRM.

11th International Plant Molecular Biology Congress, Iguazú Falls, Brazil, 25-30 October 2015

Abstract BS

3975/A

ARCHACKI R., PATRYN J., BUSZEWICZ D., WILCZYŃSKI B., BIECEK P., JAROŃCZYK K., ZABOROWSKI A., WAWERSKA K., IWANICKA-NOWICKA R., KOBLOWSKA M., JERZMANOWSKI A.J.

Conserved and novel regulatory functions of *Arabidopsis* SWI/SNF chromatin remodeling complex.

Polish Evolutionary Conference, Poznań, 24-26 September 2015

Poster Sessions p.32

3976/A

ZUGAJ D., MIELECKI D., MACIEJEWSKA A.M., SARNOWSKI T.J., GRZESIUK E.

Searching for the roles for *A. thaliana* AlkB dioxygenases in alkylating lesions repair and beyond.

Joint 7th Conference of the Polish Society for Experimental Plant Biology and the Intercollegiate Faculty of Biotechnology UG&MUG, Gdańsk, Poland, 8-11 September 2015

Abstract BS

3977/A

ALEKSANDRZAK-PIEKARCZYK T., KORYSZEWSKA-BAGIŃSKA A., TYMOSZEWSKA A., WIRTEK P., SŁODOWNIK M., R., DIEP D.B., BARDOWSKI J.K.

Searching for new receptors for Class II bacteriocins in lactic acid bacteria.

BioMicroWorld 2015 : VI International Conference on Environmental, Industrial and Applied Microbiology, Barcelona, Spain, 28-30 October 2015

Abstracts BS

3978/A

KEMPIŃSKI B., CHEŁSTOWSKA A., SKONECZNY M.

Import of *Saccharomyces cerevisiae* Fox2p into peroxisomes depends on the novel, Non-PTS1 and Non-PTS2 targeting signal.

27th International Conference on Yeast Genetics and Molecular Biology (ICYGMB), Levico Terme, Italy, 6-12 September 2015

Yeast 32(S1) Poster Sessions PS8-4

3979/A

DZIEDZIC A., MUSZEWSKA A.

Serine protease evolution in fungi with variable lifestyles.

19th Annual International Conference on Research in Computational Molecular Biology RECOMB, Warsaw, Poland, 12-15 April 2015

Book of Abstracts P315

3980/A

CIACH M., MUSZEWSKA A.

Searching for horizontal gene transfer events in fungal genomes.

19th Annual International Conference on Research in Computational Molecular Biology RECOMB, Warsaw, Poland, 12-15 April 2015

Abstract Book P312

3981/A

DZIEDZIC A., MUSZEWSKA A.

Serine protease evolution in fungi with variable lifestyles.

XVII Congress of European Mycologists, Madeira, Portugal, 21-25 September 2015

Abstracts p.141

3982/A

MUSZEWSKA A., GŁADKI A.

The natural history of fungal DNA transposons.

XVII Congress of European Mycologists, Madeira, Portugal, 21-25 September 2015

Abstracts p.68

3983/A

MAKIEŁA-DZBEŃSKA K.

Impaired interaction between the CMG complex and DNA polymerase epsilon affect the fidelity of DNA replication in yeast.

6th Central European Genome Stability and Dynamics Meeting, Szeged, Hungary, 9-10 October 2015

Oral Presentation

3984/A

DMOWSKI M., RUDZKA J., JONCZYK P., FIJAŁKOWSKA I.J.

Impaired interaction of a non-catalytic subunit of polymerase ϵ with the GINS complex affects cell cycle control in *Saccharomyces cerevisiae*.

Zing Conference Genomic Integrity 2015, Cairns, Australia, 1-5 August 2015

Abstract BS

3985/A

BARTNIK E.

Les enjeux éthiques en génétique.

International Congrès Les Printemps de la FM - II, Beirut, Lebanon, 21-23 May 2015

Abstract BS

ROZPRAWY HABILITACYJNE 2015

804/N

KAMIŃSKA JOANNA

Transport białek u drożdży: udział cytoszkieletu aktynowego i ligaz ubikwitynowych z rodziny *Nedd4*.

Trafficking of proteins in yeast: the role of actin cytoskeleton and ubiquitin ligases of the *Nedd4* family.

Awarding of the degree of Doctor Habilitatus - April 28, 2015

805/N

SKONECZNA ADRIANNA

Różne drogi prowadzące do destabilizacji genomu - komórki *Saccharomyces cerevisiae* pod wpływem endogennego i egzogennego stresu.

Various routes to genome destabilization - *Saccharomyces cerevisiae* cells under endogenous and exogenous stress.

Awarding of the degree of Doctor Habilitatus - June 23, 2015

806/N

SZOSZKIEWICZ ROBERT

Badania mechanicznie indukowanych zmian konformacyjnych w wybranych białkach na poziomie pojedynczych cząsteczek.

Investigating molecular details of mechanically-induced conformational transitions in selected proteins.

Awarding of the degree of Doctor Habilitatus - November 17, 2015

ROZPRAWY DOKTORSKIE 2015

807/N

JACIUK MARCIN

Badania strukturalne bakteryjnego układu naprawy DNA przez wycinanie nukleotydu.

(Structural studies of bacterial nucleotide excision repair system.)

Presented February 10, 2015

Research done in the Laboratory of Protein Structure, International Institute of Molecular and Cell Biology and IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisor: dr hab. Marcin Nowotny

[pol]

808/N

MORAWIEC EWA

Związek aktywności polimerazy III RNA z metabolizmem komórki drożdżowej *Saccharomyces cerevisiae*.

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

Presented March 31, 2015

Research performed at the Department of Genetics IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisors: prof. dr hab. Magdalena Rakowska-Boguta, dr hab. Olivier Lefebvre

[ang]

809/N

MAŁUSZEK MARTA

MDM2 w niestabilności genomowej komórek nowotworowych.

(MDM2 in genome instability of cancer cells.)

Presented May 5, 2015

Research performed at the International Institute of Molecular Cell Biology and IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Alicja Żylicz

[pol]

810/N

MASŁOWSKA KATARZYNA

Wpływ wewnątrzkomórkowej puli dNTP na odpowiedź SOS w komórkach *E. coli*.

(The influence of intracellular dNTP pools on the *E. coli* SOS response.)

Presented May 21, 2015

Research performed at the Laboratory of DNA Repair and Mutagenesis IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisors: prof. dr hab. Iwona Fijałkowska, dr Karolina Makiela-Dzbeńska

[ang]

811/N

SIWASZEK ALEKSANDRA

Oddziaływania pomiędzy białkiem Mmi1 a jądrowym kompleksem CCR4-NOT u drożdży *Schizosaccharomyces pombe*.

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

Presented May 26, 2015

Research done in the Laboratory of RNA Biology and Functional Genomics IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisors: prof. dr hab. Andrzej Dziembowski, dr Seweryn Mroczek

[ang]

812/N

DEBSKI JANUSZ

Identyfikacja i lokalizacja modyfikacji potranslacyjnych przy pomocy spektrometrii mas.

(Identification and localization of post translational modifications by mass spectrometry.)

Presented June 9, 2015

Research done in the IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Michał Dadlez

[ang]

813/N

SITKIEWICZ EWA

Czynniki modyfikujące rozkład form strukturalnych oligomerów peptydu A β 1-40.

(Factors modifying the distribution of structural forms of A β 1-40 oligomers.)

Presented June 9, 2015

Research done in the Department of Biophysics IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Michał Dadlez

[pol-ang]

814/N

BRÓZDA IZABELA

Identyfikacja genów odpowiedzialnych za ochronę komórek drożdży *Saccharomyces cerevisiae* przed stresem podwójnych pęknięć DNA wywołanym nadekspresją endonukleaz.

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

Presented June 16, 2015

Research done in the Laboratory of Mutagenesis and DNA Repair IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisor: dr hab. Marek Skoneczny

[pol]

815/N

CHOJNACKA ALEKSANDRA

Charakterystyka zespołów mikroorganizmów fermentacji wodorowych i metanowych w dwustopniowym układzie hodowli ciągłych.

(Characterization of hydrogen-and methane-producing microbial communities in a two-stage continuous culture system.)

Presented June 16, 2015

Research done in the Department of Molecular Biology IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisor: dr hab. Anna Sikora

[pol-ang]

816/N

SZURGOT INGA

Rekombinowana szczepionka przeciw grypie na platformie dodekahedronu adenowirusa.

(Influenza recombinant vaccine on the platform of adenovirus dodecahedron.)

Presented June 16, 2015

Research done in the Department of Protein Biosynthesis IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisors: dr hab. Jadwiga Chroboczek, dr hab. Ewa Szolajska

[ang]

817/N

MIĘTUS MICHAŁ

Strukturalna i biochemiczna charakterystyka mechanizmu rozpoznawania substratowego DNA przez rdzeń katalityczny nukleazy Rad2.

(Structural and biochemical characterization of the DNA substrate recognition mechanism by Rad2 nucleases catalytic core.)

Presented June 18, 2015

Research done in the Laboratory of Protein Structure, International Institute of Molecular and Cell Biology in Warsaw.

Ph.D. Thesis Supervisor: dr hab. Marcin Nowotny

[pol]

818/N

COLLADOS-RODRIGUEZ MILAGROS

Receptor selektywnej autofagii z *Arabidopsis thaliana*: białkowi partnerzy oraz profil ekspresyjny roślin z nadprodukcją AtNBR1.

(Selective autophagy cargo receptor from *Arabidopsis thaliana*: protein partners and transcriptional profile of plants overproducing AtNBR1.)

Presented June 18, 2015

Research done in the Department of Plant Biochemistry IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisors: prof. dr hab. Agnieszka Sirko, dr Anna Wawrzyńska

[ang]

819/N

KŁONIECKI MARCIN

Analiza struktury oligomerów peptydu A β 1–40 związanego z chorobą Alzheimera z zastosowaniem spektrometrii mas oraz wpływ wiązania jonów Cu(II) i Zn(II) na równowagę alternatywnych form strukturalnych.

(Structure analysis of Alzheimer's disease related A β peptide oligomers by means of mass spectrometry and the influence of binding of Cu(II) and Zn(II) ions.)

Presented 30 June, 2015

Research done in the Department of Biophysics, Environmental Mass Spectrometry Laboratory IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Michał Dadlez

[pol]

820/N

JĘCZ PAULINA

Oddziaływania ParB-parS i ich różnorodne funkcje w biologii *Pseudomonas aeruginosa*.
(ParB-parS interactions and their various functions in biology of *Pseudomonas aeruginosa*.)

Presented June 30, 2015

Research done in the Department of Microbial Biochemistry IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Grażyna Jagura-Burdzy

[ang]

821/N

KOWALEC PIOTR

Charakterystyka białka Imi1 *Saccharomyces cerevisiae*, partnera stromaliny Irr1 na terenie cytoplazmy.
(Characterization of *Saccharomyces cerevisiae* Imi1 protein, a cytoplasmic partner of stromalin Irr1.)

Presented September 22, 2015

Research done in the Department of Genetics IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisor: dr hab. Anna Kurlandzka

[pol]

822/N

GAWARECKA KATARZYNA

Badania biosyntezy i zastosowanie roślinnych poliizoprenoidów.
(Studies on the biosynthesis and application of plant polyisoprenoids.)

Presented October 13, 2015

Research done in the Department of Lipid Biochemistry IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisors: prof. dr hab. Ewa Świeżewska, dr Anna Ihnatowicz

[ang]

823/N

FORETEK DOMINIKA

Regulacja początkowych etapów biogenezy tRNA w warunkach stresowych.
(Regulation of initial steps of tRNA biogenesis under stress conditions.)

Presented November 3, 2015

Research done in the Department of Genetics IBB PAS and Department of Molecular Genetics Ohio State University.

Ph.D. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Magdalena Rakowska-Boguta

[ang]

824/N

LUDWICZAK MARTA

Białko KorC jako globalny regulator ekspresji genów w plazmidzie RA3 z grupy niezgodności IncU.
(KorC protein as a global regulator of gene expression in the RA3 plasmid from the IncU incompatibility group.)

Presented November 10, 2015

Research done in the Department of Microbial Biochemistry IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Grażyna Jagura-Burdzy

[ang]

825/N

DOMAŃSKA ANNA

Rola ligazy ubikwitynowej Rsp5 w biogenezie tRNA u drożdży *Saccharomyces cerevisiae*.
(Role of Rsp5 ubiquitin ligase in tRNA biogenesis in yeast *Saccharomyces cerevisiae*.)

Presented December 15, 2015

Research done in the Department of Genetics IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Teresa Żołądek

[ang]

826/N

JASTRZĘBSKI KAMIL

Rola GTPaz z rodziny Rho w transporcie endocytarnym oraz szlaku sygnałowym płytkowego czynnika wzrostu.

(Role of the Rho GTPases in trafficking and signaling of platelet-derived growth factor.)

Presented 17 December, 2015

Research done in the Laboratory of Cell Biology International Institute of Molecular and Cell Biology and IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Marta Miączyńska

[ang]

PRACE MAGISTERSKIE 2015

827/N

SUSKA ALEKSANDRA

Badanie wpływu mutacji w wybranych miejscach fosforylacji ligazy ubikwitynowej Rsp5 na jej funkcjonowanie w komórkach drożdży *Saccharomyces cerevisiae*.

(Study of the effect of mutations in the selected phosphorylation sites of ubiquitin ligase Rsp5 on its functions in the yeast *Saccharomyces cerevisiae*.)

Presented March 30, 2015

Research done in the Faculty of Agriculture and Biology SGGW and IBB PAS.

M.Sc. Thesis Supervisor: dr Joanna Kamińska

828/N

KOMISARCZYK EMILIA

Klonowanie i ekspresja genów heterologicznych w komórkach bakterii z gatunku *Lactococcus lactis*.

(Cloning and expression of heterologous genes in *Lactococcus lactis* cells.)

Presented July 2, 2015

Research done in the Department of Microbial Biochemistry IBB PAS and Faculty of Agriculture and Biology SGGW.

M.Sc. Thesis Supervisor: dr Agnieszka Szczepankowska

829/N

RUMIŃSKA AGNIESZKA

Analiza filogenetyczna populacji grzybów glebowych pozyskanych z analogu ziemi marsjańskiej (MDRS, Utah).

(Phylogenetic analysis of soil fungal communities derived from Martian Soil Analogue (MDRS, Utah).)

Presented September 18, 2015

Research done in the Department of Genomics, Faculty of Biotechnology University of Wrocław and Department of Fungal Biology IBB PAS.

M.Sc. Thesis Supervisors: dr hab. Paweł Mackiewicz, prof. dr hab. Joanna Kruszewska

830/N

BODO EWA

Badanie roli genu *orf36*, kodowanego w operonie *tra* plazmidu pCTX-M3, w mobilizacji plazmidów do *Escherichia coli* i *Agrobacterium tumefaciens*.

(The study of the role of the *orf36* gene, encoded in the *tra* region of pCTX-M3 plasmid, in plasmid mobilization to *Escherichia coli* and *Agrobacterium tumefaciens*.)

Presented September 29, 2015

Research done in the Faculty of Agriculture and Biology SGGW and IBB PAS.

M.Sc. Thesis Supervisor: dr Izabela Kern-Zdanowicz

831/N

BŁĘDOWSKA IZABELA

Wpływ ubikwitynacji lizyny 715 na funkcjonowanie ludzkiej polimerazy α .

(The influence of lysine 715 ubiquitination on functionality of human DNA polymerase α .)

Presented September 24, 2015

Research done in the Faculty of Agriculture and Biology SGGW and Laboratory of Mutagenesis and DNA Repair IBB PAS.

M.Sc. Thesis Supervisor: dr Justyna McIntyre

832/N

MIKULSKA SYLWIA

Analiza interakcji białka ParB z DNA w *Pseudomonas aeruginosa*.

(Analysis of ParB-DNA interaction in *Pseudomonas aeruginosa*.)

Presented July 9, 2015

Research done in the Warsaw University of Technology and Department of Microbial Biochemistry IBB PAS.

M.Sc. Thesis Supervisor: dr Anna Kulińska, dr Aneta Bartosik

833/N

TYMOSZEWSKA ALEKSANDRA

Molekularne podstawy rozwoju oporności na wybrane bakteriocyny u *Lactococcus lactis*.

(Molecular basis of the development of resistance to the selected bacteriocins in *Lactococcus lactis*.)

Presented September 7, 2015

Research done in the Warsaw University of Technology and Department of Microbial Biochemistry IBB PAS.

M.Sc. Thesis Supervisors: dr Jolanta Mierzejewska, dr Tamara Aleksandrak-Piekarczyk

834/N

WOJTCZAK PATRYCJA

Wpływ ubikwitynacji lizyny 549 i 550 na funkcjonowanie ludzkiej polimerazy α .

(The influence of lysine 549 and 550 ubiquitination on functionality of human DNA polymerase α .)

Presented September 29, 2015

Research done in the Faculty of Biology, University of Warsaw and Laboratory of Mutagenesis and DNA Repair IBB PAS.

M.Sc. Thesis Supervisors: prof. dr hab. Joanna Kufel, dr Justyna McIntyre

835/N

SŁODOWNIK MAŁGORZATA

Molekularne podstawy rozwoju oporności na bakteriocyny u bakterii kwasu mlekowego.

(Molecular basis of the development of resistance to bacteriocins in lactic acid bacteria.)

Presented November 23, 2015

Research done in the Faculty of Agriculture and Biology SGGW and Department of Microbial Biochemistry IBB PAS.

M.Sc. Thesis Supervisor: dr Tamara Aleksandrak-Piekarczyk

836/N

GRYZ ELŻBIETA

Identyfikacja i charakterystyka szczepów *Fusarium* obecnych w konsorcjach mikroorganizmów biolugujących rudy uranowe.

(Identification and characterization of *Fusarium* strains from microbial consortia bioleaching uranium ore.)

Presented November 23, 2015

Research done in the Faculty of Agriculture and Biology SGGW and Department of Microbial Biochemistry IBB PAS.

M.Sc. Thesis Supervisor: dr Urszula Zielenkiewicz

837/N

WIRTEK PAULINA

Molekularne podstawy rozwoju oporności na bakteriocyny u bakterii kwasu mlekowego.
(Molecular basis of the development of resistance to bacteriocins in lactic acid bacteria.)

Presented November 23, 2015

Research done in the Faculty of Agriculture and Biology SGGW and Department of Microbial Biochemistry IBB PAS.

M.Sc. Thesis Supervisor: dr Tamara Aleksandrak- Piekarczyk

838/N

MROCZKOWSKA MAGDALENA

Synteza trójcyklicznych analogów antybiotyku przeciwnowotworowego - Antramycyny.
(The synthesis of tricyclic analogues of anti-tumor antibiotic - Anthramycin.)

Presented December 15, 2015

Research done in the Faculty of Chemistry University of Warsaw and Department of Biophysics IBB PAS.

M.Sc. Thesis Supervisors: prof. dr hab. Józef Mieczkowski, dr Adam Mieczkowski

839/N

TOMCZYK EWELINA

Synteza bicyklicznych analogów nukleozydów pirymidynowych - związków o potencjalnej aktywności przeciwnowotworowej.

(Synthesis of novel bicyclic nucleoside analogues, compounds with potential anticancer activity.)

Presented 17 December, 2015

Research done in the Faculty of Chemistry University of Warsaw and IBB PAS.

M.Sc. Thesis Supervisors: prof. dr hab. Józef Mieczkowski, dr Adam Mieczkowski

840/N

WŁOSEK MAGDALENA

Czy ogólnie stosowane wektory drożdżowe mogą destabilizować genom jądrowy komórek *Saccharomyces cerevisiae*?

(Do the commonly used yeast vectors destabilize the *Saccharomyces cerevisiae* genome?)

Presented December 17, 2015

Research done in the Faculty of Chemistry Warsaw University of Technology and IBB PAS.

M.Sc. Thesis Supervisors: prof. dr hab. Magdalena Rakowska-Boguta, dr hab. Adrianna Skoneczna

841/N

RUDZIŃSKA IZABELA

Kontrolowana degradacja białka drożdży, podjednostki C160 kompleksu polimerazy III RNA, w nieobecności glukozy.

(Controlled degradation of the RNA polymerase III C160 subunit in the absence of glucose.)

Presented September 14, 2015

Research done in the Faculty of Chemistry Warsaw University of Technology and IBB PAS.

M.Sc. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Magdalena Rakowska-Boguta

842/N

MARKOVSKA ANASTASIYA

Zależność transportu białek odpowiedzi na stres środowiskowy od aktywności szlaku remodelowania kotwic lipidowych.

(The link between the transport of stress response proteins and the activity of the lipid anchors remodeling pathway.)

Presented December 17, 2015

Research done in the Faculty of Chemistry Warsaw University of Technology and IBB PAS.

M.Sc. Thesis Supervisors: prof. dr hab. Maria Bretner, dr hab. Adrianna Skoneczna

843/N

DRABOT KAROLINA

Analiza pochodnych szczepu *Lactococcus lactis* IBB477 o różnej zawartości plazmidów.
(*Lactococcus lactis* IBB477 derivatives with different plasmid content.)

Presented September 29, 2015

Research done in the Faculty of Agriculture and Biology SGGW and IBB PAS.

M.Sc. Thesis Supervisor: dr Magdalena Kowalczyk

844/N

MIERZEJEWSKA ANETA

Metody ekstrakcji lipidów z próbek biologicznych do zastosowania w metabolomice opartej na spektroskopii NMR.

(Methods of lipid extraction from biological samples and their application for metabolomics studies using NMR spectroscopy.)

Presented December 22, 2015

Research done in the Faculty of Physics University of Warsaw and IBB PAS.

M.Sc. Thesis Supervisors: dr Beata Toczyłowska, dr Maciej Łukaszewicz

845/N

KIELAN AGNIESZKA

Funkcje lityczne bakteriofaga P1 - analiza wzajemnych zależności z wykorzystaniem metod modyfikacji genomów fagowych.

(Lytic functions of bacteriophage P1-analysis of interdependencies using phage genome modification methods.)

Presented 15 September 2015

Research done in the Faculty of Agriculture and Biology SGGW and IBB PAS.

M.Sc. Thesis Supervisor: dr hab. Małgorzata Łobocka

846/N

DZIEDZIC AGATA

Ewolucja rodzin proteaz serynowych u grzybów o zróżnicowanym trybie życia.

(Serine protease evolution in fungi with variable lifestyles.)

Presented October 19, 2015

Research done in Faculty of Biology, University of Warsaw and IBB PAS.

M.Sc. Thesis Supervisors: dr Anna Muszewska, dr Marta Wrzosek

847/N

BAGIŃSKI MACIEJ

Wykorzystanie cyklonukleozydów pirymidynowych w syntezie nowych pochodnych 6*H*-oksazolo[3,2-*f*]pirymidyno-5,7-dionu.

(The use of pyrimidine cyclonucleosides to synthesis of new derivatives of 6*H*-oksazolo[3,2-*f*]pyrimidine-5,7-diones.)

Presented September 4, 2015

Research done in the Faculty of Chemistry University of Warsaw and IBB PAS.

M.Sc. Thesis Supervisors: prof. dr hab. Józef Mieczkowski, dr Adam Mieczkowski.

MISCELLANEA 2015

240/M

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

Morze widziane z nieba.

Academia (2015) 41(1): 30-31

241/M

PASZEWSKI A.

Włodzimierz Zagórski-Ostoja (1939-2015)

Nauka (2015) 3: 175-180

242/M

KUŚMIEREK J.T.,

Zakład Biologii Molekularnej Instytutu Biochemii i Biofizyki PAN w 100-lecie urodzin Profesora

Davida Shugara.

Postępy Biochemii (2015) 61(3): 236-238

243/M

WIERZCHOWSKI K.L.

Fotochemia i spektroskopia UV białek enzymatycznych i kwasów nukleinowych.

Postępy Biochemii (2015) 61(3): 242-252

244/M

SIERAKOWSKA H.

Cytochemiczna lokalizacja i właściwości wybranych enzymów nukleolitycznych.

Postępy Biochemii (2015) 61(3): 253-255

245/M

KUŚMIEREK J.T., STOLARSKI R.

Synteza, konformacja i spektroskopia analogów nukleozydów oraz ich aktywność antywirusowa.

Postępy Biochemii (2015) 61(3): 284-291

246/M

POZNAŃSKI J.

Rola wiązania halogenowego w oddziaływaniu halogenowanych ligandów z kinazami białkowymi.

Postępy Biochemii (2015) 61(3): 311-316

247/M

SHUGAR D., FABBRO D., POZNAŃSKI J.

Preface: 8th International Conference on Inhibitors of Protein Kinases (IPK '2014).

Biochimica et Biophysica Acta (2015) 1854 (10): 1553-1554

Informacje o działalności IBB PAN za 2015 rok

opracowane zgodnie z zasadami określonymi decyzją Prezesa PAN

Informacje o działalności jednostki naukowej PAN w 2015r.
(sporządzane i przekazywane adresatom wyłącznie w wersji elektronicznej)

Adresaci:

- 1) Wydział II Nauk Biologicznych PAN
- 2) Biuro Upowszechniania i Promocji Nauki PAN

Termin: 31.01.2016

I. INFORMACJE ORGANIZACYJNE

I.1.

- Instytut Biochemii i Biofizyki Polskiej Akademii Nauk
- Kategoria A+, Decyzja nr 203/KAT/2013 z dnia 25.10.2013 r., komunikat z dnia 30 września 2013 r. ogłoszony na stronie Ministerstwa Nauki i Szkolnictwa Wyższego.
- ul. Pawińskiego 5A, 02-106 Warszawa, tel. 22 5922145, 22 5922142, secretariate@ibb.waw.pl, <http://www.ibb.waw.pl>

I.2. Dyrektor, przewodniczący Rady Naukowej (innego organu doradczego)

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. Misja, uprawiane dyscypliny naukowe i realizowane główne kierunki badawcze.

Biochemia, biofizyka, bioinformatyka, biologia molekularna, genetyka molekularna, genomika, biotechnologia.

Stosując szeroki wachlarz nowoczesnych metod biochemicznych, biofizycznych i genetycznych (w tym inżynierii genetycznej) Zespoły Instytutu od wielu lat prowadzą badania nad wirusami, bakteriami, grzybami niższymi, roślinami oraz owadami. Organizacja Pracowni Kultur Komórkowych spowodowała, że szereg pracowni wykorzystuje do badań kultury komórek ludzkich. Poznawane są struktury i mechanizmy ekspresji genów oraz ich produktów – białek i kwasów rybonukleinowych.

Rozwijane są prace objęte **genomiką**, w tym rozwijane bardzo intensywnie badania z dziedziny **proteomiki** z wykorzystaniem spektrometrii masowej. Stosowane na szeroką skalę podejście genomiczne pozwala na ustalanie sekwencji nukleotydowych wybranych plazmidów, bakteriofagów oraz bibliotek mutantów w badanych genach. Analizowane są sekwencje genomów wiroidów i wirusów roślinnych. Kontynuowana jest analiza funkcjonalna genomu drożdży oraz *Paramecium tetraurelia*. Badania te są prowadzone wielokierunkowo i obejmują geny, których funkcje są poznane jak i te o funkcjach dotychczas nieustalonych.

Planowanym uzupełnieniem tego kierunku badań będzie podejście eksperymentalne związane z analizą zmian ewolucyjnych w aspekcie genomiki strukturalnej, funkcjonalnej i porównawczej, wykorzystujące nowoczesne techniki badawcze oparte o analizy „optical mapping” (mapowanie genomów). Ostatnio w Instytucie rozwijane są badania **metagenomiczne** polegające na

sekwencjonowaniu DNA izolowanego bezpośrednio z naturalnych środowisk. Metagenomika populacji mikroorganizmów środowiskowych może mieć istotne znaczenie w identyfikacji nowych substancji biologicznie czynnych o znaczeniu biotechnologicznym i medycznym.

Genetyka wybranych procesów metabolicznych poznawana jest m.in. na przykładach przemian związków siarkowych u wybranych bakterii, grzybów niższych i bakterii oraz wykorzystywania związków cukrowych przez bakterie mlekowe. Badania te prowadzone są na poziomie molekularnym i koncentrują się na analizie interakcji białek regulatorowych z odpowiednimi sekwencjami DNA. Wykorzystując model prostych komórek eukariotycznych, jakimi są drożdże analizowane są m.in.: biosynteza hemu i hemoproteidów, regulacyjne aspekty potranslacyjnych modyfikacji białek oraz wewnątrz- i zewnątrzkomórkowy transport białek.

Badania nad **mutagenezą i naprawą DNA** prowadzone są zarówno w systemach prokariotycznych i eukariotycznych. Obecnie uwaga wielu grup badawczych skupia się nad zrozumieniem funkcjonalnym i strukturalnym złożonych kompleksów 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 mutageny i naprawy DNA z procesami nowotworowymi. Analizowane są funkcje zarówno znanych jak i nowoodkrytych genów zaangażowanych w procesy mutageny 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, zwijania łańcuchów białkowych, powstawania kryształów białkowych, tworzenia struktur białko-kwas nukleinowy, analiz filogenetycznych, modelowania molekularnego. Prowadzone są prace nad różnicową analizą oddziaływań białko-białko na poziomie komórki (interaktomów) co powinno umożliwić znalezienie kluczowych interakcji dla np. procesów chorobowych. Rozwijane są metody znajdowania inhibitorów oddziaływań białek jako potencjalnych leków w chorobach molekularnych i dla zastosowań w biotechnologii. Badania nad tym zagadnieniem prowadzone są w kierunku opracowania metodologii projektowania takich inhibitorów dającej się zastosować do dowolnych par białek o znanej strukturze. Przeprowadzane są także symulacje kinetyki ekspresji wybranych genów.

W Instytucie działa **Pracownia Analiz Mikromacierzy** (PAM). W pracowni tej, we współpracy z innymi laboratoriami, prowadzone są wielkoskalowe badania ekspresji genów oraz rozpoczęto prace nad genotypowaniem.

Stosowanie w Instytucie wielkoskalowych metod genomiki, proteomiki i transkryptomiki, wykorzystywanych w badaniach zespołów Instytutu, w połączeniu z metodami bioinformatycznymi powoduje uzyskiwanie wyników istotnych dla **biologii systemów**.

W 2015 roku na Polskiej Mapie Drogowej został umieszczony projekt ELIXIR - System Informacyjny o Złożonych Systemach Biologicznych. W projekcie uczestniczą 4 jednostki naukowe z naszego kraju - Instytut Biochemii i Biofizyki PAN oraz uniwersytety: Adama Mickiewicza, Warszawski oraz Jagielloński. Polscy badacze będą mieli szansę umieszczenia w systemie ELIXIR danych z polskich badań i polskich narzędzi do analizy danych.

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	
167	4	-	152	1	6	5

publikacje 1 – ukazujące się w czasopismach recenzowanych, wyróżnionych przez Journal Citation Reports (JCR, lista A)

publikacje 2 – ukazujące się w czasopismach recenzowanych, wyróżnionych przez European Reference Index for the Humanities (ERIH, lista C)

publikacje 3 – ukazujące się w innych czasopismach recenzowanych, wymienionych w aktualnym wykazie czasopism punktowanych Ministra Nauki i Szkolnictwa Wyższego (lista B)

II.2. Aktywność wydawnicza jednostki

II.2.1. Wydawnictwa własne jednostki w roku sprawozdawczym (liczbowo, dotyczy wydawnictw, które ukazały się w roku sprawozdawczym)

z tego										
ogółem wydane		wydawnictwa zwarte		wydawnictwa ciągłe					Pozostałe	
				w tym <i>czasopisma:</i> <i>drukowane</i>		<i>wyłącznie</i> 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	nakład w egz.	liczba tytułów	nakład w egz.
0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0

II.2.2. Czasopisma udostępniane na platformach cyfrowych (De Gruyter Open/Springer; PAN – Czytelnia Czasopism, Elektroniczna Biblioteka; inne platformy)

Liczba tytułów ogółem, w tym:

Tytuł czasopisma, nazwa platformy elektronicznej, na której zostało udostępnione czasopismo.
nie dotyczy

¹ Definicja - stosownie do kryteriów przyjętych w aktualnym rozporządzeniu MNiSW

II.3. Projekty, zadania badawcze realizowane w roku sprawozdawczym

Łączna liczba wszystkich projektów (II.3.1-II.3.3): 141

w tym:

II.3.1. Projekty finansowane lub dofinansowane ze środków Narodowego Centrum Nauki;

Projekt w ramach	Tytuł projektu	Kierownik projektu	Okres realizacji (rok) od-do	Przyznane środki	Instytucja finansująca
II.3.1	1) System transferu koniugacyjnego z plazmidu pCTX-M3 o szerokim zakresie gospodarzy i próba wykorzystania tego systemu do terapii antybakteryjnej.	Dr Izabela Kern-Zdanowicz	2011-2015	380 250 zł	Narodowe Centrum Nauki
	2) Analiza filogeograficzna populacji jesiotra zachodniego i ostronosego w Europie oraz Ameryce Północnej.	Mgr Hanna Panagiotopoulou	2011-2015	226 850 zł	Narodowe Centrum Nauki
	3) Komórkowe systemy tolerancji uszkodzeń DNA: Nowe mechanizmy stymulujące syntezę poprzez uszkodzenia DNA.	Prof. dr hab. Ewa Śledziewska-Gójska	2011-2015	323 830 zł	Narodowe Centrum Nauki
	4) Aneksyny jako uniwersalny modulator funkcji błony komórkowej.	Dr Dorota Konopka-Podstupska	2011-2015	360 000 zł	Narodowe Centrum Nauki
	5) Rola niekodujących RNA w adaptacji do warunków lokalnych.	Dr Szymon Świeżewski	2011-2016	1 000 000 zł	Narodowe Centrum Nauki
	6) 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	2011-2016	510 000 zł	Narodowe Centrum Nauki
	7) 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	2011-2015	365 365 zł	Narodowe Centrum Nauki

8) Funkcjonalna i biochemiczna charakterystyka sensora wapnia SCS u rzodkiewnika.	Dr Maria Bucholc	2011-2015	364 000 zł	Narodowe Centrum Nauki
9) Analiza proteomu rejonów regulatorowych stresindukowalnego genu h1.3, u <i>A. thaliana</i> , z zastosowaniem zmodyfikowanej metody PICh o zwiększonej czułości.	Mgr Maciej Lirski	2011-2015	99 999 zł	Narodowe Centrum Nauki
10) Charakterystyka biochemiczna, strukturalna i funkcjonalna roślinnego kompleksu egzosomu, z wykorzystaniem <i>Arabidopsis thaliana</i> jako organizmu modelowego.	Dr Rafał Tomecki	2011-2016	1 000 000 zł	Narodowe Centrum Nauki
11) Nowe środki alkilujące mniejszą bruzdę helisy DNA – projektowanie, synteza i badanie właściwości przeciwnowotworowych.	Dr Adam Mieczkowski	2011-2015	299 000 zł	Narodowe Centrum Nauki
12) 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 Bał	2011-2015	479 700 zł	Narodowe Centrum Nauki
13) 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
14) Metagenomiczna, strukturalna i funkcjonalna charakterystyka mikrobiocenozy środowisk lodowcowych.	Dr Marek Zdanowski	2011-2015	527 000 zł	Narodowe Centrum Nauki

15) „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
16) 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	2012-2016	821 660 zł	Narodowe Centrum Nauki
17) Identyfikacja genów drożdży <i>Saccharomyces cerevisiae</i> kontrolujących diploidalność komórek i stabilność genomu.	Dr Adrianna Skoneczna	2012-2016	416 190 zł	Narodowe Centrum Nauki
18) Rola niekatalitycznej podjednostki polimerazy delta DNA, białka Pol32 w kontroli koordynacji replikacji DNA.	Dr Katarzyna Grabowski	2012-2016	291 460 zł	Narodowe Centrum Nauki
19) Wpływ występowania wielu genów kodujących cis-prenylotransferazy na biosyntezę alkoholi poliizoprenoidowych u <i>Arabidopsis</i> i tolerancję roślin na stres.	Dr Liliana Surmacz	2012-2016	400 000 zł	Narodowe Centrum Nauki
20) 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	2012-2016	589 300 zł	Narodowe Centrum Nauki
21) Regulacja ekspresji białek ALKBH w nowotworach, znaczenie w terapii.	Prof. dr hab. Elżbieta Grzesiuk	2012-2016	537 390 zł	Narodowe Centrum Nauki

22) Autofagia i cytoszkielet aktynowy: czy białko Atg2 je łączy?	Prof. dr hab. Teresa Żołądek	2012-2015	390 600 zł	Narodowe Centrum Nauki
23) Znaczenie ścieżki sygnałnej etylenu w regulacji przyswajania siarki w roślinach <i>Arabidopsis thaliana</i> .	Dr Anna Wawrzyńska	2012-2016	372 260 zł	Narodowe Centrum Nauki
24) Nowe substraty dioxygenaz z rodziny AlkB. Właściwości kodujące, mutagenesa i naprawa adduktów skroleiny do adeniny i cytozyny.	Dr Agnieszka Maciejewska	2012-2016	461 760 zł	Narodowe Centrum Nauki
25) 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
26) Nowatorskie koncepcje regulacji transkrypcji tRNA.	Prof. dr hab. Magdalena Rakowska-Boguta	2012-2016	2 931 000 zł	Narodowe Centrum Nauki
27) Potranskrypcyjna regulacja ekspresji RNA u Eukariotów przy udziale cytoplazmatycznych UTP-transferaz.	Dr Zbigniew Warkocki	2012-2015	612 000 zł	Narodowe Centrum Nauki
28) Nowe czynniki wirulencji <i>Pseudomonas aeruginosa</i> – białka Nudix NudC i YgdP.	Dr hab. Elżbieta Kraszewska	2012-2016	400 400 zł	Narodowe Centrum Nauki
29) 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
30) Charakterystyka metagenomiczna plazmidów bakterii glebowych.	Mgr Paweł Krawczyk	2013-2016	150 000 zł	Narodowe Centrum Nauki

31) 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
32) Endogenne czynniki warunkujące fenotyp komórek z uszkodzonym szlakiem niedokrwistości Fanconiego i helikazami rodziny RecQ.	Dr hab. Elżbieta Speina	2013-2017	457 500 zł	Narodowe Centrum Nauki
33) 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
34) 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
35) 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
36) Rola aneksyn w wewnątrzkomórkowym krążeniu błon.	Dr Dorota Konopka-Podstupska	2013-2016	900 000 zł	Narodowe Centrum Nauki
37) 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

38) 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
39) 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
40) Charakterystyka składu białkowego granul transportujących RNA w neuronach mózgu myszy.	Mgr Jacek Milek	2013-2015	100 000 zł	Narodowe Centrum Nauki
41) 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
42) Badania tworzenia kompleksów ternarnych przez sensory fluoroscencyjne dla jonów cynkowych.	Prof. dr hab. Wojciech Bał	2013-2016	614 900 zł	Narodowe Centrum Nauki
43) Analiza funkcjonalna genów regulatorowych <i>Streptococcus anginosus</i> .	Mgr Katarzyna Obszańska	2013-2016	149 500 zł	Narodowe Centrum Nauki
44) Nowe elementy węzłowe w metabolizmie izoprenoidów: oddziaływania pomiędzy cis-prenylotransferazami i ich komórkowymi regulatorami u <i>Arabidopsis</i> .	Prof. dr hab. Ewa Kula-Świeżewska	2013-2016	977 096 zł	Narodowe Centrum Nauki

45) Molekularne podstawy rozwoju oporności na bakteriocyny u <i>Lactococcus lactis</i> .	Prof. dr hab. Jacek Bardowski	2013-2016	626 600 zł	Narodowe Centrum Nauki
46) Badania nad topogenezą białek PTS3: nowa droga importu białek do peroksysomów.	Dr hab. Marek Skoneczny	2013-2016	632 320 zł	Narodowe Centrum Nauki
47) Transpozony w genomach pierwszych grzybów lądowych (Zygomycota).	Dr Anna Muszewska	2013-2016	499 800 zł	Narodowe Centrum Nauki
48) 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
49) Wiroid - niekodujący replikon RNA regulujący ekspresję genomu gospodarza.	Dr Anna Góra-Sochacka	2014-2017	639 960 zł	Narodowe Centrum Nauki
50) 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
51) 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
52) Dodekahedron adenowirusa - poliwalencyjny, białkowy biodegradowalny wektor dostarczenia wewnątrzkomórkowego.	Dr hab. Ewa Szołajska	2014-2017	813 112 zł	Narodowe Centrum Nauki

53) <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
54) 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
55) Badanie funkcji ZmCPK11 i jej najbliższych homologów u <i>Arabidopsis thaliana</i> w stresach abiotycznych.	Dr Jadwiga Szczegielniak	2014-2017	490 030 zł	Narodowe Centrum Nauki
56) Identyfikacja molekularnej funkcji deacetylazy HD2C w odpowiedzi na stres cieplny.	Dr Daniel Buszewicz	2014-2016	100 000 zł	Narodowe Centrum Nauki
57) 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
58) 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
59) Regulacja mitozy u <i>Drosophila melanogaster</i> - analiza protemiczna.	Prof. dr hab. Michał Dadlez	2014-2017	945 880 zł	Narodowe Centrum Nauki
60) Metagenomy glebowe wskaźnikiem degradacji bioróżnorodności mikroorganizmów w glebach użytkowych rolniczo na Lubelszczyźnie.	Dr hab. Urszula Zielenkiewicz	2014-2016	97 999,88 zł	Narodowe Centrum Nauki

61) 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
62) 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
63) Analiza funkcji kompleksów remodelujących chromatynę typu SWI/SNF w kontroli procesów metabolicznych.	Dr hab. Tomasz Sarnowski	2014-2017	990 040 zł	Narodowe Centrum Nauki
64) 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
65) Udział kinaz SnRK2 w regulacji statusu redoks u roślin podczas stresu środowiskowego.	Mgr Katarzyna Szymańska	2014-2015	49 900 zł	Narodowe Centrum Nauki
66) Naturalna zmienność efektora 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
67) Integracja sygnałów stresowych w roślinach: światło a percepcja stresu osmotycznego.	Dr Olga Sztatelman	2014-2017	612 000 zł	Narodowe Centrum Nauki
68) Analiza genomyczna interakcji ParB-DNA u <i>Pseudomonas aeruginosa</i> .	Prof. dr hab. Grażyna Jagura-Burdzy	2014-2017	1 349 800 zł	Narodowe Centrum Nauki
69) Oddziaływanie jonów niklu (II) na filagrynę, kluczowe białko w supresji alergii niklowej.	Mgr Ewa Podobas	2014-2016	112 576 zł	Narodowe Centrum Nauki

70) Nowy poziom regulacji transportu jądrowo-cytoplazmatycznego białek biorących udział w odporności roślin.	Mgr Marek Żurczak	2014-2016	89 192 zł	Narodowe Centrum Nauki
71) Rozwój i zastosowanie narzędzia bioinformatycznego do oceny jakości modeli struktur RNA	Mgr Marcin Magnus	2014-2016	98 540 zł	Narodowe Centrum Nauki
72) Multidyscyplinarne kompleksowe badania degradacji i kontroli jakości mitochondrialnego RNA.	Dr Roman Szczęsny	2014-2019	3 000 880 zł	Narodowe Centrum Nauki
73) Ewolucyjne podejście do badania genomów.	Dr Szymon Kaczanowski	2015-2018	677 760 zł	Narodowe Centrum Nauki
74) Ocena ekspresji krążących mikroRNA w patogenezie pozawałowej niewydolności mięśnia sercowego.	Mgr Agata Maciejak	2015-2017	100 000 zł	Narodowe Centrum Nauki
75) Regulacja fotosyntezy i wzrostu u <i>Arabidopsis thaliana</i> podczas stresu solnego.	Mgr Anna Kulik	2015-2018	722 415 zł	Narodowe Centrum Nauki
76) Ustalenie roli kompleksu remodelującego chromatynę SWI/SNF w "crosstalk'u" hormonalnym podczas wczesnego rozwoju <i>Arabidopsis</i> .	Prof. dr hab. Andrzej Jerzmanowski	2015-2018	1 119 983 zł	Narodowe Centrum Nauki
77) Identyfikacja nowych elementów i ścieżek degradacji ludzkiego RNA mitochondrialnego za pomocą wysokoprzepustowych przeszukiwań biblioteką siRNA pokrywającą cały genom.	Dr Roman Szczęsny	2015-2018	898 638 zł	Narodowe Centrum Nauki
78) Globalne analizy genów plazmidowych z <i>Lactococcus lactis</i> w odniesieniu do ich funkcji oraz wpływu na ekspresję genów chromosomalnych.	Prof. dr hab. Jacek Bardowski	2015-2018	678 550 zł	Narodowe Centrum Nauki

79) Porównanie zależności funkcjonalnej pomiędzy szlakiem AMPK kontrolującym homeostazę energetyczną a kompleksem remodelującym chromatynę typu SWI/SNF, u <i>Arabidopsis</i> i człowieka.	Dr hab. Tomasz Sarnowski	2015-2018	1 159 300 zł	Narodowe Centrum Nauki
80) Wyznaczanie dokładnej struktury kompleksu (kompleksów) peptydu AB1-16 z jonami Pd(II) przy pomocy magnetycznego rezonansu jądrowego (NMR) oraz innych technik spektroskopowych.	Mgr Mariusz Mital	2015-2018	99 960 zł	Narodowe Centrum Nauki
81) Badanie struktur trudnych układów białkowych z użyciem nowych metod spektrometrii mas.	Prof. dr hab. Michał Dadlez	2015-2019	3 189 880 zł	Narodowe Centrum Nauki
82) Rola cyklu komórkowego w regulacji polimerazy eta w odpowiedzi na promieniowanie UV w modelowych komórkach <i>S. cerevisiae</i> .	Mgr Michał Płachta	2015-2017	99 680 zł	Narodowe Centrum Nauki
83) Strukturalne konsekwencje oligomeryzacji lizeiny-toksyny wiążącej sfingomielinę tratw lipidowych.	Dr Magdalena Kulma	2015-2018	711 620 zł	Narodowe Centrum Nauki
84) Peptydy Abeta 4-x jako odporne na leki chelatujące cząsteczki wiążące miedź, promujące tworzenie oligomerów amoloidowych	Prof. dr hab. Wojciech Bal	2015-2018	621 400 zł	Narodowe Centrum Nauki
85) Dynamika subkomórkowa efektora HopQ1 - efektora trzeciego systemu sekrecji z <i>Pseudomonas syringae</i> .	Dr hab. Magdalena Krzymowska	2015-2018	1 105 024 zł	Narodowe Centrum Nauki

86) Wykorzystanie techniki zagęszczania celów sprzężonej z sekwencjonowaniem nowej generacji w celu izolacji oraz charakterystyki genu Rysto, warunkującego skrajną odporność roślin ziemniaka (<i>Solanum tuberosum</i> L.) na infekcję PVY.	Prof. dr hab. Jacek Hennig	2015-2018	1 378 670 zł	Narodowe Centrum Nauki
87) Rola proteasomalnej degradacji białek w regulacji odpowiedzi roślin na stres niedoboru siarki.	Dr Anna Wawrzyńska	2015-2018	594 340 zł	Narodowe Centrum Nauki
88) Regulatory oraz białka docelowe receptora selektywnej autofagii AtNBR1 w różnych fazach niedoboru siarki w roślinach.	Prof. dr hab. Angnieszka Sirko	2015-2018	1 226 140 zł	Narodowe Centrum Nauki
89) Poszukiwana, poszukiwany - jak powstają glicynoprenole u <i>Arabidopsis</i> i dlaczego?	Mgr inż. Katarzyna Gawarecka	2015-2017	100 000 zł	Narodowe Centrum Nauki
90) Szlaki naprawy DNA uczestniczące w oporności na terapię fotodynamiczną oraz jako potencjalny cel terapeutyczny.	Prof. dr hab. Barbara Tudek	2015-2018	1 016 830 zł	Narodowe Centrum Nauki
91) Funkcjonalna analiza białek Nudix, nieznanych czynników wirulencji, adaptacji i oporności na antybiotyki <i>Pseudomonas aeruginosa</i> .	Prof. dr hab. Grażyna Jagura-Burdzy	2015-2018	679 640 zł	Narodowe Centrum Nauki
92) LEW1 jako białkowy partner cis-prenylotransferaz w procesie biosyntezy polizoprenoidów u <i>Arabidopsis</i> .	Mgr Przemysław Surowiecki	2015-2018	150 000 zł	Narodowe Centrum Nauki

93) Analiza zależności funkcjonalnej pomiędzy kompleksami remodelującymi chromatynę typu SWI/SNF i splicingiem pre-mRNA u <i>Arabidopsis</i>	Mgr Szymon Kubala	2015-2018	612 000 zł	Narodowe Centrum Nauki
94) Udział kinaz SNF1-related typu 2 (SnRK2) w odpowiedzi roślin na stres środowiskowy.	Mgr Katarzyna Szymańska	2015-2016	81 796 zł	Narodowe Centrum Nauki
95) Badania białek związanych z układem odpornościowym człowieka jako celów molekularnych metalozależnej hydrolizy wiązania peptydowego.	Mgr inż. Nina Wezynfeld	2015-2016	90 192 zł	Narodowe Centrum Nauki
96) Molekularne podstawy amyloidogenezy - struktura i dynamika konformacyjna wybranych kompleksów ludzkiego białka prionowego PrPc z kationami metali.	Dr Igor Zhukov	2015-2018	156 000 zł	Narodowe Centrum Nauki

II.3.2. Projekty finansowane lub dofinansowane ze środków Narodowego Centrum Badań i Rozwoju;

II.3.2	1) Nowe leki służące do celowanej terapii szpiczaków mnogich.	Prof. dr hab. Andrzej Dziembowski	2012- 2016	3 415 180 zł	Narodowe Centrum Badań i Rozwoju
	2) Optymalizacja pracy dwustopniowego reaktora do wytwarzania wysokometanowego biogazu – opracowanie biostarterów i markerów fermentacji metanowej.	Dr Leszek Lipiński	2012-2016	2 014 610 zł	Narodowe Centrum Badań i Rozwoju
	3) Alternatywna mikrobiologiczna metoda produkcji wodoru i metanu na drodze fermentacji (skala ułamkowa).	Dr hab. Anna Sikora	2012-2016	3 337 595 zł	Narodowe Centrum Badań i Rozwoju
	4) 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

	5) Nowe enzymy do analiz RNA w skali całego transkryptomu i ich wykorzystanie do badania molekularnego mechanizmu antynowotworowego działania 5-fluorouracylu.	Dr Rafał Tomecki	2013-2016	1 199 988 zł	Narodowe Centrum Badań i Rozwoju
	6) 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
	7) 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
	8) Structural and functional characterization of proteins and protein domains involved in DNA repair and maintenance of genome integrity.	Dr Joanna Krwawicz	2013-2016	405 660 zł	Narodowe Centrum Badań i Rozwoju
	9) 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
	10) 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
	11) 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
	12) 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

	13) Transkryptomiczne biomarkery do stratyfikacji indywidualnego ryzyka rozwoju pozawałowej niewydolności serca	Dr hab. Beata Burzyńska	2015-2018	1 244 000 zł	Narodowe Centrum Badań i Rozwoju
	14) Wykrywanie zagrożenia nagłą śmiercią łóżeczkową.	Dr Paweł Szczęsny	2015-2018	1 199 750 zł	Narodowe 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.3.3	1) Rola bakteryjnych prymaz typu AEP 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
	2) Molekularne podstawy porastania na przykładzie <i>Arabidopsis thaliana</i> .	Dr Szymon Świeżewski	2011-2015	4 485 000 zł	Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego/ Narodowe Centrum Badań i Rozwoju
	3) 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
	4) 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
	5) 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

6) 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-Ostoja	2008-2015	7 953 620 zł	Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego/ Narodowe Centrum Badań i Rozwoju
7) Biocentrum Ochota - infrastruktura informatyczna dla rozwoju strategicznych kierunków biologii i medycyny.	Prof. dr hab. Piotr Zielenkiewicz	2009-2015	6 266 449 zł	Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego/ Narodowe Centrum Badań i Rozwoju
8) 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
9) Naukowcy, nauczyciele i inicjatorzy społeczeństwa obywatelskiego na rzecz innowacyjnych metod nauczania młodzieży w zakresie badań mikrobiologicznych żywności.	Dr hab. Marcin Grynberg	2013-2015	200 000 zł	Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego
10) Analiza funkcji kompleksów remodelujących chromatynę typu SWI/SNF w kontroli struktur chromatynowych wyższego rzędu.	Mgr Paulina Kondrak	2015-2019	199 980 zł	Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego
11) 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
12) 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

13) Dofinansowanie procedury patentowej dla zgłoszenia dotyczącego opracowania czynników terapeutycznych w leczeniu mukowiscydozy.	Mgr Norbert Odolczyk	2010-2015	505 000 zł	Ośrodek Przetwarzania Informacji
14) 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
15) 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
16) Dodekahedron adenowirusa-wektor do wprowadzania czynników terapeutycznych do tkanek nowotworowych.	Dr hab. Ewa Szolajska	2009-2015	568 647 zł	Ośrodek Przetwarzania Informacji
17)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
18) Funkcjonalne zróżnicowanie niekodujących RNA u Eukariota.	Prof. dr hab. Andrzej Dziembowski	2012-2016	938 910 zł	Ośrodek Przetwarzania Informacji
19) 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
20) Proteomics in characterization of selected protein assemblies.	Prof. dr hab. Michał Dadlez	2011-2015	1 425 000 zł	Fundacja na rzecz Nauki Polskiej

21) 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
22) Regulation of human DNA polymerase iota by ubiquitination.	Dr Justyna McIntyre	2013-2015	145 000 zł	Fundacja na rzecz Nauki Polskiej
23) Plant-specific methyltransferase DNA structures.	Dr Humberto Fernadez	2013-2015	146 667 zł	Fundacja na rzecz Nauki Polskiej
24) Jak rozbroić toksynę?	Dr Magdalena Kulma	2014-2016	96 000 zł	Fundacja na rzecz Nauki Polskiej
25) Czy tęgoryjce wykorzystują konia trojańskiego?	Dr n. wet. inż. Anna Zdziarska	2014-2016	80 000	Fundacja na rzecz Nauki Polskiej
26) New players involved in the maintenance of genomic stability.	Prof. dr hab. Iwona Fijałkowska	2012-2015	981 666 zł	Fundacja na rzecz Nauki Polskiej
27) Posttranscriptional regulation of gene expression in metazoans.	Prof. dr hab. Andrzej Dziembowski	2015-2017	29 400 zł	Fundacja na rzecz Nauki Polskiej
28) Control of tRNA biogenesis	Prof. dr hab. Magdalena Rakowska-Boguta	2015-2017	47 250 zł	Fundacja na rzecz Nauki Polskiej
29) 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
30) 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
31) 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.3.4. Zadania badawcze realizowane w ramach działalności statutowej
- **liczba ogółem: 56**

II.3.5. Wyniki prac badawczych:

- Wybrane 3 ważniejsze wyniki uzyskane w ramach projektów/ zadań badawczych (wymienić nazwę projektu/ zadania) realizowanych lub zrealizowanych w roku sprawozdawczym (krótki opis, ok. 500 znaków).

1. Kontrola transkrypcji DNA zależnej Polimerazy RNA II przez splicing u *Arabidopsis thaliana*.

Zespół dr Szymona Świeżewski

Splicing to jeden z etapów procesu dojrzewania nowo powstałego transkryptu mRNA, polegający na wycinaniu nie kodujących białka sekwencji intronów. Wpływ tempa transkrypcji przez DNA zależną polimerazę RNA II na splicing został dosyć dobrze opisany i połączony w tak zwany model kinetycznego powiązania. W naszych badaniach odkryliśmy odwrotne zjawisko: wydajność splicingu kontroluje tempo elongacji polimerazy II na miejscach splicingowych. W naszych badaniach opublikowanych w 2015 roku w czasopiśmie EMBO J. pokazaliśmy iż tempo elongacji polimerazy II kontroluje wybór miejsc splicingowych u roślin. W tym celu wykorzystaliśmy stworzonego przez nas mutantą punktowego w czynniku elongacyjny TFIIS jak też chemiczne hamowanie tempa elongacji. Uzyskane wyniki pokazały że 75% wszystkich obserwowanych zmian było zgodne z modelem kinetycznym opisującym mechanizm kontroli splicingu przez tempo transkrypcji. Następnie wykorzystując szereg metod pokazaliśmy że miejsca splicingowe działają jako miejsca pauzowania PolII a czynniki splicingowy NTR1 kontroluje tempo elongacji transkrypcji na miejscach splicingowych. Uzyskane przez nas wyniki stanowią pierwszy opis działania modelu kinetycznego w roślinach, jeden z pierwszych przykładów w jaki splicing może kontrolować tempo elongacji PolII a także pierwsze doniesienie o roli białka NTR1 w tym procesie.

NTR1 is required for transcription elongation checkpoints at alternative exons in *Arabidopsis*. Dolata J, Guo Y, Kołowerzo A, Smoliński D, Brzyżek G, Jarmołowski A, Świeżewski S. EMBO J. 2015 Feb 12;34(4):544-58.

2. Wpływ flawonoidów jako potencjalnych terapeutów na przemiany metaboliczne zachodzące w ludzkich fibroblastach.

Zespół prof. dr hab. Magdaleny Gabig-Cimińskiej

Rozwój nauki od zarania dziejów skupiony był na poznaniu otaczającego nas świata, badaniu mechanizmów działania i wpływu materii ożywionej i nieożywionej na człowieka. W centrum zainteresowania powinno zatem znaleźć się m.in. odszyfrowanie dokładnego mechanizmu działania poszczególnych składników diety na ludzki organizm, zwłaszcza w kontekście potencjalnie pozytywnego lub wręcz przeciwnie – negatywnego ich wpływu na zdrowie. Flawonoidy, polifenolowe związki będące wtórnymi produktami metabolizmu roślin, występujące m.in. w warzywach, owocach, herbacie, kakao i winie są od wieków istotnym elementem diety mieszkańców Azji, jak i odpowiedzialne są za tzw. „francuski paradoks”. W literaturze bardzo liczne są doniesienia na temat ich pozytywnego wpływu na procesy zapalne oraz układ krążenia, co wiąże się z właściwościami przeciwzapalnymi oraz antyoksydacyjnymi. Prowadzone są również badania nad zastosowaniem tych związków w terapii nowotworów. Należące do flawonoidów genisteina, kemferol oraz daidzeina znalazły szczególne zastosowanie w przypadku terapii genetycznie uwarunkowanych chorób metabolicznych, m.in. mukopolisacharydoz (MPS). Choroby te należą do grupy lizosomalnych chorób spichrzeniowych (LChS), charakteryzujących się nadmierną

akumulacją niezdegradowanych makrocząsteczek w świetle lizosomów (w przypadku MPS są to glikozoaminoglikany – GAG), czego efektem są poważne wielonarządowe dysfunkcje. W ramach naszej pracy skoncentrowano się na opisanu wzoru ekspresji informacji genetycznej, tj. transkryptomu ludzkich komórek skórnych poddanych działaniu flawonoidów, co odegrało znaczącą rolę w wyjaśnieniu molekularnego mechanizmu działania tych związków na procesy komórkowe zachodzące w fibroblastach. Flawonoidy istotnie modulują aktywność genów, których produkty białkowe regulują ważne procesy biologiczne, tj. przemiany metaboliczne i podziały komórkowe. Zarówno analiza mikromacierzowa, jak i weryfikacja jej wyników z zastosowaniem ilościowego PCR z obrazowaniem w czasie rzeczywistym komórek pochodzących od osób zdrowych, jak i dotkniętych MPS, wykazały największą liczbę genów o modulowanej aktywności w przypadku traktowania genisteiną, kemferolem oraz ich mieszaniną, dla szlaków biosyntezy GAG i metabolizmu lizosomu, którego jednym z istotnych aspektów jest z kolei degradacja GAG. Ilustruje to holistyczne działanie tych flawonoidów na metabolizm GAG, a nie jak wcześniej sądzono jedynie na syntezę tych makrocząsteczek. Co więcej, wykazanie roli flawonoidów w pozytywnej modulacji ekspresji czynnika biogenezy i funkcji lizosomu (TFEB) oraz negatywnej regulacji aktywności genu kinazy serynowo-treoninowej (mTOR) było pierwszym doniesieniem o wpływie naturalnych substancji niskocząsteczkowych na aktywność tego niezwykle istotnego dla utrzymania homeostazy komórki czynnika. Prezentowana statystycznie istotna zmiana aktywności genów komórek eksponowanych na użyte w badaniach flawonoidy, w wielu przypadkach daje nadzieję na możliwość zastosowania tych związków w szeregu schorzeń, jako pojedynczej bądź też wspomagającej terapii. Poznanie mechanizmu działania flawonoidów na poziomie ekspresji genów stanowi nowy rozdział w badaniach nad tymi związkami, jako potencjalnymi terapeutykami. Dokładny opis przeprowadzonego badania oraz jego wyniki zawarte zostały w pracy opublikowanej w czasopiśmie Scientific Reports, 5:9378. DOI: 10.1038/srep09378 oraz zdeponowane w bazie danych GEO NCBI: Series accession no. GSE34074 i GSE43692. Stanowi to dopełnienie istniejącej na ten temat wiedzy, jak i podwaliny do dalszych badań. Warto też zwrócić uwagę na fakt, iż niniejsza tematyka badań bezpośrednio wpisuje się w zatwierdzony w ostatnim czasie w naszym kraju Narodowy Plan dla Chorób Rzadkich (NPChR).

3. Syzyfowe pracy polimerazy RNA – kluczowa rola degradacji wszechobecnych transkryptów dla zachowania homeostazy ludzkiego transkryptomu.
Zespół prof. Andrzeja Dziembowskiego

Dzięki rozwojowi technologii wiemy dzisiaj, że u organizmów wyższych transkrypcja RNA nie jest ograniczona do sekwencji kodujących białka i zachodzi na obszarze większości genomu. Pozwoliło to na odkrycie wielu nowych rodzajów RNA, przy czym dla większości z nich funkcje nie zostały dotąd poznane. RNA powstający w wyniku transkrypcji zachodzącej w obszarach międzygenowych jest często niestabilny. Wcześniejsze badania silnie sugerowały, że w ich usuwanie zaangażowana jest główna rybonukleaza organizmów eukariotycznych – kompleks egzosomu RNA. W grupie Prof. Andrzeja Dziembowskiego od wielu lat prowadzone są badania dotyczące podjednostek katalitycznych kompleksu egzosomu. Wykorzystując technologie wysokoprzepustowe zidentyfikowano substraty jądrowej podjednostki ludzkiego egzosomu – białka DIS3 – w skali całego genomu, co pozwoliło poznać rolę tego białka w metabolizmie RNA w komórkach ludzkich. Badacze wykazali, że w komórkach, w których białko DIS3 jest pozbawione aktywności nukleolitycznej, ilość RNA pochodzącego z regionów genomu, o których nie było wcześniej wiadomo, że ulegają transkrypcji, zwiększa się około 2.5-krotnie w porównaniu z

komórkami produkującymi funkcjonalną podjednostkę DIS3, obejmując około 70% genomu. Dzięki temu odkryto setki tysięcy nowych RNA o nieznannej funkcji. Zaobserwowano również bardzo silną akumulację wcześniej opisanych produktów wszechobecnej transkrypcji. Stwierdzono, że DIS3 jest enzymem, który w głównej mierze odpowiada za obróbkę prekursorów małych jąderkowych RNA (snoRNA). Odkryto także nowe, stosunkowo długie produkty przedwczesnej terminacji polimerazy II RNA dla genów kodujących białka, których poziom w komórkach pozbawionych aktywności DIS3 może przekraczać ilość dojrzałego mRNA, co sugeruje, że produkcja takich RNA jest zjawiskiem powszechnym. Ponadto, okazało się że DIS3 uczestniczy w kontroli powstawania ciałek jądrowych, które są zorganizowane wokół RNA NEAT1, zwanych „paraspeckles”. Akumulacja tych ciałek prowadzi do nadekspresji interleukiny 8. Co istotne, akumulacja różnych klas niekodujących RNA w komórkach z nieaktywnym katalitycznym białkiem DIS3 skutkuje wtórną deregulacją około 50% transkryptów kodujących białka.

Podsumowując, uzyskane wyniki świadczą o niezwykle istotnej roli białka DIS3 i jądrowego kompleksu egzozomu w kształtowaniu ludzkiego transkryptomu. (Szczepińska i inni Genome Research 2015 Nov;25(11):1622-33)

- 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

- 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).

Substancja aktywną, chroniącą skórę alergików przed kontaktem z nikiem

Zespół prof. dr hab. Wojciecha Bala

Mechanizmy molekularne w reakcji alergicznej na nikiel są jednym z zagadnień szczegółowych, rozwijanych w ramach realizacji tematu statutowego T-54 (Mechanizmy molekularne działania jonów metali czynnych biologicznie). W ramach tych badań pracownicy IBB PAN (dr Izabela A. Zawisza, dr Tomasz Frączyk i prof. Wojciech Bal) opracowali substancję aktywną, chroniącą skórę przed kontaktem z nikiem oraz założenia dla kompozycji kremu barierowego, zawierającego tę substancję. Na to rozwiązanie, będące przedmiotem zgłoszeń patentowych, została udzielona licencja dla firmy zewnętrznej o charakterze startupu, której celem jest wprowadzenie w roku 2016 produktu rynkowego – kremu chroniącego alergików przed uczulaniem się w związku z kontaktem z przedmiotami zawierającymi nikiel (biżuteria srebrna i metaliczna, narzędzia, monety, wyroby AGD i inne przedmioty życia codziennego).

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
Sposób określania wpływu substancji chemicznych na działanie szlaku kinazy AMPK i/lub bezpośrednio na kompleks SWI/SNF	23.12.2014/ 30-10-2015 data publikacji WUP	220415	Polska
Sposób badania skuteczności terapeutycznej bakteriofagów	24-09-2014/ 30-06-2015 data publikacji WUP	219654	Polska
Proliferacja komórek hamująca białka VPg lub ich fragmenty	21.01.2015 Europejski Biuletyn Patentowy 2015/04	PL/EP 2170934	UE
Compounds as modulators of a mutant CFTR protein and their use for treating diseases associated with CFTR protein malfunction	26.08.2015	EP2616444 B1	UE
Method of hydrolysis of peptide bond	03.03.2015	US Patent No: 8,969,516	USA
A virus-like particle vector for delivery of pharmaceutical agents, a process for the manufacture thereof, its uses and a pharmaceutical composition	20.11.2015	JP5841045 (B2)	Japonia

- wykaz uzyskanych praw ochronnych na wzory użytkowe (tytuł/data decyzji/nr świadectwa/kraj).

nie było

II. 5. Działalność jednostki na rzecz terytorialnych struktur samorządowych (krótki opis)

- prowadzenie, wspieranie badań naukowych i prac rozwojowych z obszaru tematyki regionalnej;
- inicjowanie i prowadzenie prac oraz studiów koncepcyjnych związanych z regionem;
- inne formy działalności jednostki w zakresie współpracy z samorządem terytorialnym.

nie było

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)
nie było
- 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
Joanna Kamińska	Transport białek u drożdży: udział cytoszkieletu aktynowego i ligaz ubikwitynowych z rodziny Nedd4.	Nauki biologiczne - dyscyplina biologia
Adrianna Skoneczna	Różne drogi wiodące do destabilizacji genomu - komórki <i>Saccharomyces cerevisiae</i> pod wpływem endogennego i egzogenego stresu.	Nauki biologiczne - dyscyplina 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
nie było		

II.6.2. Wykaz tytułów i stopni naukowych nadanych przez jednostkę w roku sprawozdawczym innym osobom (niezatrudnionym w jednostce):

- doktora habilitowanego

Imię i nazwisko	Tytuł pracy habilitacyjnej	Dziedzina i zakres nadanego stopnia naukowego
Robert Szoszkiewicz	Badania mechanicznie indukowanych zmian konformacyjnych w wybranych białkach na poziomie pojedynczych cząsteczek.	Nauki biologiczne - dyscyplina biofizyka

- doktora

Imię i nazwisko	Tytuł pracy doktorskiej	Dziedzina i zakres nadanego stopnia naukowego
Agnieszka Górnicka	Transport i dojrzewanie białek przestrzeni międzybłonowej mitochondriów.	Nauki biologiczne - dyscyplina biochemia
Joanna Komasyło	Utlenianie alkoholi poliizoprenoidowych – badania <i>in vitro</i> oraz <i>in vivo</i> .	Nauki biologiczne - dyscyplina biochemia
Marcin Jaciuk	Badania strukturalne bakteryjnego układu naprawy DNA przez wycinanie nukleotydu.	Nauki biologiczne - dyscyplina biochemia
Marta Małuszek	MDM2 w niestabilności genomowej komórek nowotworowych.	Nauki biologiczne - dyscyplina biochemia

Michał Miętus	Strukturalna i biochemiczna charakterystyka mechanizmu rozpoznawania substratowego DNA przez rdzeń katalityczny nukleazy Rad2	Nauki biologiczne - dyscyplina biochemia
Milagros Collados Rodriguez	Selective autophagy cargo receptor from <i>Arabidopsis thaliana</i> : protein partners and transcriptional profile of plants overproducing AtNBR1.	Nauki biologiczne - dyscyplina biochemia

II.6.3. Studia doktoranckie - stan na dzień 31 grudnia

Liczba uczestników studiów doktoranckich				Liczba uczestników pobierających stypendia	
stacjonarne studia doktoranckie	w tym: przyjęci w roku sprawozdawczym	niestacjonarne studia doktoranckie	w tym: przyjęci w roku sprawozdawczym	ogółem	w tym: przyznane przez instytut PAN prowadzący studia
150	32	0	0		
ogółem			w tym: przyjęci w roku sprawozdawczym		
150			32	87	63

II.6.3.1. Wykaz uzyskanych doktoratów w ramach studiów doktoranckich pod kierunkiem promotora z jednostki PAN:

Imię i nazwisko	Tytuł pracy doktorskiej	Dziedzina i zakres nadanego stopnia naukowego
Anna Magdalena Kabala	Biogeneza mitochondrialnej syntazy ATP i jej dysfunkcje prowadzące do rozwoju chorób.	Nauki biologiczne - dyscyplina biochemia
Ilona Warchoł	Fizjologiczna i molekularna charakterystyka szczepu <i>Saccharomyces cerevisiae</i> wyrażającego hybrydową syntazę skwalenu jako narzędzie do badania substancji o działaniu antycholesterolowym.	Nauki biologiczne - dyscyplina biochemia
Ewa Morawiec	Związek aktywności polimerazy III RNA z metabolizmem komórki drożdżowej <i>Saccharomyces cerevisiae</i> .	Nauki biologiczne - dyscyplina biochemia
Katarzyna Masłowska	Wpływ wewnątrzkomórkowej puli dNTP na odpowiedź SOS w komórkach <i>E. coli</i> .	Nauki biologiczne - dyscyplina biochemia
Aleksandra Siwaszek	Oddziaływania pomiędzy białkiem Mmi1 a jądrowym kompleksem CCR4-NOT u drożdży <i>Schizosaccharomyces pombe</i> .	Nauki biologiczne - dyscyplina biochemia
Ewa Sitkiewicz	Czynniki modyfikujące rozkład form strukturalnych oligomerów peptydu Aβ1-40.	Nauki biologiczne - dyscyplina biofizyka
Janusz Dębski	Identyfikacja i lokalizacja modyfikacji po-translacyjnych przy pomocy spektrometrii mas.	Nauki biologiczne - dyscyplina biofizyka
Izabela Brózda	Identyfikacja genów odpowiedzialnych za ochronę komórek drożdży <i>Saccharomyces cerevisiae</i> przed stresem podwójnych pęknięć DNA wywołanym nadekspresją endonukleaz.	Nauki biologiczne - dyscyplina biochemia

Aleksandra Chojnacka	Charakterystyka zespołów mikroorganizmów fermentacji wodorowych i metanowych w dwustopniowym układzie hodowli ciągłych.	Nauki biologiczne - dyscyplina biochemia
Inga Szurgot	Rekombinowana szczepionka przeciw grypowi na platformie dodekahedronu adenowirusa.	Nauki biologiczne - dyscyplina biochemia
Marcin Kłoniecki	Charakterystyka funkcjonalna rodziny kinaz receptoropodobnych bogatych w cysteinę (CRK) u <i>Arabidopsis thaliana</i> .	Nauki biologiczne - dyscyplina biofizyka
Paulina Jęcz	Oddziaływania ParB-parS i ich różnorodne funkcje w biologii <i>Pseudomonas aeruginosa</i> .	Nauki biologiczne - dyscyplina biochemia
Piotr Kowalec	Charakterystyka białka Imi1 <i>Saccharomyces cerevisiae</i> , partnera stromaliny Irr1 na terenie cytoplazmy.	Nauki biologiczne - dyscyplina biochemia
Katarzyna Gawarecka	Badania biosyntezy i zastosowanie roślinnych poliizoprenoidów.	Nauki biologiczne - dyscyplina biochemia
Dominika Foretek	Regulacja początkowych etapów biogenezy tRNA w warunkach stresowych.	Nauki biologiczne - dyscyplina biochemia
Marta Ludwiczak	Białko KorC jako globalny regulator ekspresji genów w plazmidzie RA3 z grupy niezgodności IncU.	Nauki biologiczne - dyscyplina 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.

Krótki opis: imię i nazwisko pracownika; zagraniczny ośrodek naukowy; forma kształcenia; okres kształcenia, rok od-do; wybrane uzyskane najważniejsze rezultaty badawcze (ew. publikacje).

Imię i nazwisko pracownika	Zagraniczny ośrodek naukowy	Forma kształcenia	Okres kształcenia, rok od-do	Wybrane uzyskane najważniejsze rezultaty badawcze (ew. publikacje)
Iwona Brzozowska	Institute of Pharmacy, Freie Universität Berlin, Germany	Staż dla młodej kadry w ramach projektu nr POKL.04.03.00-00-060/12	7-19.07 2015	Opracowanie testu polaryzacji fluorescencji oddziaływań białko-peptyd. Publikacja z tego zakresu w recenzji
Anna Buczkowska	Department of Neurology, Radboud University Medical Center, the Netherlands;	Staż – realizacja części projektu	2015	Riemersma M, Froese DS, van Tol W, Engelke UF, Kopec J, van Scherpenzeel M, Ashikov A, Krojer T, von Delft F, Tessari M, Buczkowska A, Swiezewska E, Jae LT, Brummelkamp TR, Many H, Endo T, van Bokhoven H, Yue WW, Lefeber DJ. (2015) Chem Biol. 22(12):1643-52

Piotr Golec	Vienna University of Technology, Austria	Hands-On Proteomics Workshop	22-24.04.2015	Nawiązanie kontaktów naukowych
	Ernst-Moritz-Arndt-University of Greifswald, Germany	Staż naukowy	05-06.2015	Publikacje w przygotowaniu
	University of Cambridge, UK	Staż naukowy w ramach programu MNiSW "Top 500 Innovators"	07-09.2015	Nawiązanie kontaktów naukowych, planowane wspólne projekty z innymi uczestnikami stażu
	University of Oxford, UK	Staż naukowy w ramach programu MNiSW "Top 500 Innovators"	08.2015	Nawiązanie kontaktów naukowych, planowane wspólne projekty z innymi uczestnikami stażu
Damian Graczyk	Cancer Research UK Beatson Institute, Glasgow, UK	Staż podoktorski	2011-2015	1. Graczyk D, White RJ, Ryan KM (2015). (#corresponding authors) (2015) Involvement of RNA Polymerase III in immune responses. Mol Cell Biol.35, 1848-1859
				2. Long JS, Schoonen PM, Graczyk D, O'Prey J, Ryan KM. (2015) p73 engages A2B receptor signaling to prime cancer cells to chemotherapy-induced death. Oncogene 34:5152-5162
Jadwiga Nieminuszczy	Department of Oncology, Weatherall Institute of Molecular Medicine, UK	staż podoktorski	2011-2015	Broderick R., Nieminuszczy J., Blackford A.N., Winczura A., Niedźwiedź W. - "TOPBP1 recruits TOP2A to ultra-fine anaphase bridges to aid in their resolution." Nature Communications (2015): e6:6572 (12p.) DOI:10.1038/ncomms7572
	University of Oxford, UK			Blackford A.N., Nieminuszczy J., Schwab R.A., Galanty Y., Jackson S.P., Niedźwiedź W. "TopBP1 interacts with BLM to maintain genome stability but is dispensable for preventing BLM degradation." Molecular Cell (2015) 57(6): 1133-1141, DOI:http://dx.doi.org/10.1016/j.molcel.2015.02.012
Paweł Szczęsny	School of Medicine, Washington University, St. Louis, USA	Staż dla młodej kadry w ramach projektu nr POKL.04.03.00-00-060/12	04-12.08.2015	Publikacja w przygotowaniu

Inga Szurgot	Université Joseph Fourier, France	Staż dla młodej kadry w ramach projektu nr POKL.04.03.00-00-060/12	4.11.2015 - 10.11.2015	Przygotowanie znakowanego fluorescencyjnie dodekahedronu, który został wykorzystany do badania dystrybucji w modelu myszy z guzem nowotworowym
--------------	-----------------------------------	--	------------------------	--

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
104	37	18	21

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	26	15
a) w uczelniach wyższych	25	9
b) w innych instytucjach	1	7
2. za granicą		4

Wykaz krajowych i/lub zagranicznych ośrodków naukowych, w których pracownicy jednostki prowadzili działalność dydaktyczną w roku sprawozdawczym.

lp	Nazwa placówki	Kraj
1.	Cardiff University	Wielka Brytania
2.	Die Heinrich-Heine-Universität Düsseldorf	Niemcy
3.	Uniwersytet Warszawski	Polska
4.	Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego	Polska
5.	Politechnika Warszawska	Polska
6.	Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin - Państwowy Instytut Badawczy w Młochowie	Polska
7.	Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin - Państwowy Instytut Badawczy w Młochowie	Polska
8.	Pruszkowski Uniwersytet Dziecięcy	Polska

II.8. Współpraca z zagranicą

II.8.1. Umowy i porozumienia o współpracy naukowej zawarte przez jednostkę z partnerem zagranicznym

Liczba ogółem: 24

z tego:

Kraj	Partner	Nazwa dokumentu	Okres obowiązywania
Australia	Assoc. Prof. Andreas Hofmann, Griffith University, South Brisbane	Umowa w ramach projektu Harmonia 2012/06/M/NZ3/00156	2013-2016
EU	COST Action, BM1307	MOU COST 047/13	2013-2017
EU	COST Action CA15138, Transautophagy	MOU COST 138/15	2015-2019

EU	Cost FA1208 Pathogen-Informed Strategies For Sustainable Broad-Spectrum Crop Resistance 161 członków z 66 instytucji	MOU COST FA1208	19/04/2013-18/04/2017
Francja	Prof. Olivier Lefebvre, Institute of Biology Technologies - Saclay (iBiTec-S), CEA, Gif Sur Yvette	Umowa w ramach projektu MPD/2009-3/2	2010 - 2015
Francja	Dr Elena Bidnenko, Institut Micalis, INRA, Jouy-en-Josas	Projekt Polonium Umowa Cotutelle	od 2015 r. 2011-2016
Francja	Dr Muriel Mercier-Bonin, INRA, Grenoble	Umowa w ramach projektu MPD/2009-3/2	2010-2016
Francja	Centre de Génétique Moléculaire – CNRS UPR3404	GDRE “Paramecium Genome Dynamics and Evolution”	2014-2017
Francja	Dr. Bertrand Séraphin, Institut de Génétique et de Biologie Moléculaire et Cellulaire (IGBMC), Illkirch Centre Européen de Recherche en Biologie et en Médecine (CERBMGIE), Strasbourg	Umowa partnerska	2013-2016
Hiszpania	Prof. Miquel Coll, Institute of Research in Biomedicine, Barcelona	Umowa w ramach projektu Harmonia 2012/04/M/NZ1/00068	2012 - 2015
Hiszpania	IPLA-CSIC, Instituto de Productos Lacteos, Asturias	porozumienie PAN/CSIC, wspólna publikacja	od 2007 r.
Holandia	Dr Dirk Lefeber, Nijmegen Center for Disorders of Glycosylation, Nijmegen	Umowa w ramach projektu Harmonia 2012/06/M/NZ3/00155	2013-2016
Niemcy	Dr. Frantisek Balkuska, Universitat Bonn, Bonn	Umowa w ramach projektu Harmonia 2012/06/M/NZ3/00156	2013-2016
Niemcy	Prof. Jane Parker, Max Planck Institut für Pflanzenzüchtungsforschung, Köln	Umowa w ramach projektu MPD/2009-3/2	2010-2015
Niemcy	Prof. dr Ralf Erdmann, Ruhr-Universität Bochum, Bochum	list intencyjny	od 2013, bezterminowo
Norwegia	Prof. Anie Klungland, Oslo University Hospital, Department of Molecular Biology, Institute of Microbiology, Oslo	Umowa na projekt realizowany w ramach programu polsko-norweska współpraca badawcza nr 196258	2013 - 2016
Norwegia	Prof. Dzung B. Diep, Norwegian University of Life Science, Ås	Umowa w ramach projektu Harmonia 2013/08/M/NZ9/01025	2013-2016
Norwegia	Dr Storvold Rune, Dr Stain-Rune Carlsen Northern Research Institute, Tromsø	Umowa na projekt realizowany w ramach programu polsko-norweska współpraca badawcza nr 197810	2013-2016
Norwegia	Dr Richard Engh, University of Tromsø, Tromsø	Umowa na projekt realizowany w ramach programu polsko-norweska współpraca badawcza nr 203156	2013-2016
Węgry	Prof. Bela Gyurcsik, Uniwersytet Szeged	Polsko-Węgierski wspólny projekt badawczy w ramach porozumienia o współpracy naukowej między PAN i Węgierską Akademią Nauk	2014-2016

Węgry	Dr. T. Kiss, University of Szeged, Szeged	Polsko-Węgierski wspólny projekt badawczy w ramach porozumienia o współpracy naukowej między PAN i Węgierską Akademią Nauk	2014-2016
Włochy	COST Action BM1405	MOU COST 083/14	2015-2019
Konsorcjum, 14 partnerów zagranicznych z 7 krajów	Koordinator - The Queens University of Belfast, Wielka Brytania	FP7, umowa nr 311794	02.2013-02.2017
Konsorcjum 13 krajów	COST action BM1102 Koordinator: University of Camerino, Włochy	MOU COST 4115/11	2011-2015

II.8.2. Zagraniczne instytucje naukowe, z którymi jednostka współpracuje w sposób ciągły bez zawartego porozumienia – **92**.

II.8.3. Tematy realizowane we współpracy z zagranicą – **80**.

II.8.4. Uzyskane rezultaty współpracy:

We współpracy opublikowano 38 publikacje (2 kolejne w przygotowaniu), uzyskano 3 patenty w kraju i za granicą oraz zgłoszono 12 wniosków patentowych. Na konferencjach zaprezentowano 4 wspólne komunikaty konferencyjne.

- wybrane rezultaty współpracy, np. wspólne publikacje, patenty, nowe metody badawcze i technologie (krótki opis 3 wybranych wyników).

1.

Masłowska, K, Makiela-Dzubska K., Fijałkowska I, J., Schaaper R, M. (2015) Suppression of the E. coli SOS response by dNTP pool changes. Nucleic Acids Res. 43: 4109-4120.

W obecności uszkodzeń DNA lub w wyniku zaburzenia procesu replikacji w komórkach bakteryjnych dochodzi do aktywacji systemu SOS. Aktywacja systemu SOS prowadzi do indukcji ok. 30 genów, których produkty są zaangażowane w naprawę DNA, tolerancję uszkodzeń i regulację cyklu komórkowego. W opublikowanej pracy wykazano, że zmiany w puli nukleotydów w komórkach *Escherichia coli* wpływają na indukcję systemu SOS poprzez modulację aktywności białka RecA względem represora regulonu SOS, białka LexA. Wyniki te mogą mieć fundamentalne znaczenie dla zrozumienia mechanizmu odpowiedzi komórki na stres replikacyjny oraz powiązań pomiędzy systemem SOS a innymi szlakami regulacyjnymi w komórkach bakteryjnych.

2.

Foretek D., Wu J., Hopper A.K., Boguta M., „Control of Saccharomyces cerevisiae pre-tRNA processing by environmental conditions” RNA Journal - in press

„Wpływ warunków wzrostu na proces dojrzewania prekursorów tRNA u drożdży”

Transportujące (transferowe) RNA (tRNA) dostarczają aminokwasy do rybosomów w trakcie translacji. Funkcja ta powoduje, że są one jednymi z najważniejszych grup RNA. tRNA u eukariotów jest syntetyzowane przez RNA Polimerazę III (Pol III). Po transkrypcji prekursor tRNA (pre-tRNA) posiadają dodatkową sekwencję na 3' i 5' końcu, a część z nich posiada także intron. W ogólnie przyjętym modelu dojrzewanie 5' końca poprzedza usuwanie dodatkowej sekwencji z 3' końca, do którego następnie dodawany jest triplet CCA. W ostatnim etapie dojrzewania wycinany jest intron. W trakcie wszystkich tych etapów mogą być dodawane

modyfikacje nukleotydów, które pełnią istotną funkcję w utrzymaniu odpowiedniej struktury i stabilności cząsteczek RNA.

Liczne badania wykazały zmiany transkrypcji Pol III, w zależności od warunków wzrostu. Również poziom niektórych modyfikacji tRNA zmienia się w sposób specyficzny do zastosowanego stresu komórkowego. Jednak żadne badania do tej pory nie skupiały się na efekcie warunków stresowych na etapy dojrzewania tRNA.

W pracy zbadano wpływ różnych źródeł węgla i temperatur na biogenezę tRNA w drożdżach *Saccharomyces cerevisiae*. Wykazano specyficzne zmiany w dojrzewaniu pre-tRNA w zależności od zastosowanych warunków stresowych, a także typu tRNA. Dodatkowo przedstawiono złożoność procesu dojrzewania końców tRNA, gdzie częściowe przycinanie dodatkowej sekwencji 3' końca może poprzedzać usunięcie dodatkowej sekwencji z 5' końca pre-tRNA. Otrzymane wyniki wskazują również, że zastosowane warunki stresowe powodują zaburzenia dojrzewania 3' końca tRNA w ścieżce zależnej od aktywności/dostępności 3'-5' egzonukleazy- Rex1 oraz białka Lhp1 wiążącego niedojrzały koniec 3' pre-tRNA.

3. Maliszewska-Olejniczak K., Gruchota J., Gromadka R., TFIIS-dependent non-coding transcription regulates developmental genome rearrangements. Cyril Denby Wilkes, Olivier Arnaiz, Nathalie Mathy, Sandra Duhaucourt, Mireille Bétermier & Jacek K. Nowak; PLOS Genet, 2015, 11(7), e1005383.

Paramecium tetraurelia jest doskonałym organizmem modelowym do badania produkcji i roli niekodujących transkryptów. Szereg klas niekodujących RNA (ncRNA) jest zaangażowanych w zachodzącą w tym organizmie w trakcie każdego procesu płciowego zaprogramowaną eliminację DNA. Podczas powstawania jądra somatycznego z jądra generatywnego, genom ulega złożonym rearanżacjom polegającym na eliminacji szeregu sekwencji DNA, w tym także tysięcy sekwencji IES (Internal Eliminated Sequences). W niniejszej pracy wykazano, że gen TFIIS4, kodujący specyficzny dla procesów płciowych homolog czynnika elongacyjnego TFIIS związanego z RNA polimerazą II, jest niezbędny dla syntezy ncRNA w rozwijającym się jądrze somatycznym. Inaktywacja TFIIS4 zaburza formowanie się funkcjonalnego genomu somatycznego i blokuje eliminację większości sekwencji IES, co prowadzi do śmierci komórki. Homolog czynnika TFIIS pełni zatem istotną rolę w syntezie regulatorowych niekodujących RNA. Ta nieznana dotychczas funkcja białka TFIIS może sugerować jego udział w powstawaniu niekodujących transkryptów także u innych eukariontów np. podczas rozwoju zarodkowego i wpływ tego czynnika na epigenetyczną regulację kształtu czy ekspresji genomu.

II.9. Międzynarodowe centra naukowe (działające w strukturze jednostki)

II.9.1. Dane organizacyjne:

- nazwa centrum/rok założenia/ dyrektor/przewodniczący Rady Naukowej.

nie dotyczy

II.9.2. Działalność naukowa:

- łączna liczba opublikowanych prac;
- wybrane wyniki działalności naukowej (krótki opis 3 wybranych wyników).

nie dotyczy

II.9.3. Działalność dydaktyczna:

- krótki opis działalności dydaktycznej.

nie dotyczy

II.9.4. Pozostałe informacje, wynikające ze specyfiki działania centrum (krótki opis).

nie dotyczy

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:

Nazwa konferencji miejsce, data	Organizator, współorganizatorzy	Rodzaj konferencji		Liczba wystąpień
		krajowa	międzynarod.	
Challenges in Molecular Biology, Biophysics, and Biomedicine, Warszawa 17-19.09.2015	- Instytut Biochemii i Biofizyki PAN - Uniwersytet Warszawski		x	26
Winter School: From Genome to Proteome, Zakopane, 10-14.02., 2015	- Instytut Biochemii i Biofizyki Polskiej Akademii Nauk - Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu; - Uniwersytet Jagielloński w Krakowie - Uniwersytet Jagielloński w Krakowie; Collegium Medicum - Uniwersytet Łódzki - Uniwersytet Rzeszowski - Warszawski Uniwersytet Medyczny - University of Siena, Italy - University of Chicago, USA - Medical College of Wisconsin - Erasmus University Rotterdam - University of Amsterdam - CNRS - Institute of Immunology and Experimental Therapy PAS Wrocław - International Institute of Molecular and Cell Biology - Centrum Onkologii - National Research Council: Institute of Biomedical Technologies		x	47
Minisymposium "Virulence mechanisms of bacteria - diverse hosts, common strategies", Warszawa 21.12.2015	- WO Polskie Towarzystwo Biochemiczne, - WO Polskie Towarzystwo Biologii Komórki - Instytut Biochemii i Biofizyki PAN		x	7

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).

nie było

II.11. Działalność zaplecza naukowego jednostki, o charakterze ogólnorodowiskowym, 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).

nie dotyczy

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).

nie było

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
Srebrny Krzyż Zasługi	za zasługi w działalności na rzecz rozwoju nauki	Prezydent RP	dr Beata Toczyłowska
Honorowe odznaczenie "Bene Merito"	w uznaniu zasług na rzecz działalności wzmacniającej pozycję Polski na arenie międzynarodowej	Minister Spraw Zagranicznych	prof. dr hab. Piotr Zielenkiewicz, dr Anna Kidawa
Nagroda naukowa	za całokształt dokonań naukowych	Tygodnik "Polityka"	dr Paweł Szczęsny
Nagroda II stopnia za najlepszą pracę oryginalną opublikowaną w Polskim Archiwum Medycyny Wewnętrznej	za pracę: Krzysztof Mucha, Magdalena Bakun, Radosław Jaźwiec, Michał Dadlez, Michał Florczak, Małgorzata Bajor, Kamila Gala, Leszek Pączek: „Składowe dopełniacza, białka proteolityczne oraz uczestniczące w komunikacji między komórkami, stwierdzone w badaniu proteomicznym	Towarzystwo Internistów Polskich	prof. dr hab. Michał Dadlez, dr Magdalena Bakun, Radosław Jaźwiec,

	moczu są związane z nefropatią IgA." Pol Arch Med Wewn. 2014; 124 [7-8]: 380-386)		
II nagroda w sesji plakatowej I Konferencji Doktorantów Pomorza BioMed Session 2015	za plakat pt.: "Analiza wpływu niesteroidowych leków przeciwzapalnych na poziom glikozoaminoglikanów w ludzkich fibroblastach skórnych."	Komisja konkursowa I Konferencji Doktorantów Pomorza BioMed Session 2015	prof. dr hab. Magdalena Gabig-Cimińska, Katarzyna Bocheńska
I Nagroda za najlepszą publikację w 2014 r.	za publikację: Rafał Tomecki, Karolina Drązkowska, Iwo Kuciński, Krystian Stodur, Roman J. Szczesny, Jakub Gruchota, Ewelina P. Owczarek, Katarzyna Kalisiak, Andrzej Dziembowski: "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	Komisja ds. Nagród Rady Naukowej IBB PAN	prof. dr hab. Andrzej Dziembowski dr Rafał Tomecki, dr Roman J. Szczesny, mgr Katarzyna Kalisiak, mgr Krystian Stodur
II Nagroda za najlepszą publikację w 2014 r.	za publikację: Jolanta Czerwińska, Jarosław Poznański, Janusz Dębski, Zuzanna Bukowy, Vilhelm A. Bohr, Barbara Tudek, Elżbieta Speina: "Catalytic activities of Werner protein are affected by adduction with 4-hydroxy-2-nonenal." Nucleic Acids Research (2014) 43(17): 11119-11135	Komisja ds. Nagród Rady Naukowej IBB PAN	prof. dr hab. Barbara Tudek prof. dr hab. Jarosław Poznański dr hab. Elżbieta Speina dr Janusz Dębski mgr Jolanta Czerwińska
III Nagroda za najlepszą publikację w 2014 r.	za publikację: Monika Zaręba-Kozioł, Agnieszka Sz wajda, Michał Dadlez, Aleksandra Wysłouch-Cieszyńska, Maciej Lalowski: "Global analysis of S-nitrosylation sites in the wild type (APP) transgenic mouse brain-clues for synaptic pathology." Molecular & Cellular Proteomics (2014) 13(9): 2288-2305	Komisja ds. Nagród Rady Naukowej IBB PAN	prof. dr hab. Michał Dadlez, dr Aleksandra Wysłouch-Cieszyńska dr Monika Zaręba-Kozioł

Wyróżnienie pracy przeglądowej	za pracę przeglądową: Damian Mielecki, Elżbieta Grzesiuk: "Ada response - a strategy for repair of alkylated DNA in bacteria." FEMS Microbiology Letters (2014) 355(1): 1-11	Komisja ds. Nagród Rady Naukowej IBB PAN	Prof. dr hab. Elżbieta Grzesiuk dr Damian Mielecki
Wyróżnienie pracy przeglądowej	za pracę przeglądową: Anna Wawrzyńska, Agnieszka Sirko: "To control and to be controlled: understanding the <i>Arabidopsis</i> 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	Komisja ds. Nagród Rady Naukowej IBB PAN	prof. dr hab. Agnieszka Sirko dr Anna Wawrzyńska
Wyróżnienie osiągnięcia naukowego będącego podstawą habilitacji	za pracę: "Różne drogi wiodące do destabilizacji genomu - komórki <i>Saccharomyces cerevisiae</i> pod wpływem endogennego i egzogenne stresu"	Rada Naukowa IBB PAN	dr hab. Adrianna Skoneczna
Wyróżnienie pracy doktorskiej	za pracę doktorską: "Wpływ wewnątrzkomórkowej puli dNTP na odpowiedź SOS w komórkach <i>E. coli</i> ."	Rada Naukowa IBB PAN	dr Katarzyna Masłowska
Wyróżnienie pracy doktorskiej	za pracę doktorską: "Czynniki modyfikujące rozkład form strukturalnych oligomerów peptydu Aβ1-40."	Rada Naukowa IBB PAN	dr Ewa Sitkiewicz
Wyróżnienie pracy doktorskiej	za pracę doktorską: "Rekombinowana szczepionka przeciw grypie na platformie dodekahedronu adenowirusa."	Rada Naukowa IBB PAN	dr Inga Szurgot
Wyróżnienie pracy doktorskiej	za pracę doktorską : „Oddziaływania ParB-parS i ich różnorodne funkcje w biologii <i>Pseudomonas aeruginosa</i> ."	Rada Naukowa IBB PAN	dr Paulina Jęcz
Wyróżnienie pracy doktorskiej	za pracę doktorską: "Białko KorC jako globalny regulator ekspresji genów w plazmidzie RA3 z grupy niezgodności IncU"	Rada Naukowa IBB PAN	dr Marta Ludwiczak

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).

nie było

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	
284	112	31	2	8	-	34	39	172

III.2. Zatrudnienie średnioroczne w przeliczeniu na pełne etaty*:

Liczba ogółem/w tym naukowych.

262,14/100,29

*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....

Centrum Doskonałości – Genomika /16.09.2004/status nadany przez KBN

IV.2. Przynależność jednostki do centrów PAN (definicja centrum stosownie do przepisów obowiązującej ustawy o Polskiej Akademii Nauk)

Nazwa/data powołania centrum PAN /specjalność naukowa/ jednostki naukowe tworzące centrum

nie dotyczy

IV.3. Przynależność jednostki do sieci naukowych (definicja sieci naukowej stosownie do przepisów obowiązującej ustawy o zasadach finansowania nauki):

Liczba ogółem: 5

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.pl/ 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 dorośli 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	- 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,

			i medycynie oraz diagnostyce medycznej <i>in vitro</i>	- 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 Kopernika, - 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 - 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

Nazwa/ data powołania/ specjalność naukowa/ jednostki tworzące

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 Politechniki Łódzkiej Instytut Fermentacji i Mikrobiologii

miejsce, dnia 26.01.2016 r.

Katarzyna Jagiełło-Wilgat, 22-592-21-41

Imię i nazwisko, telefon do kontaktów osoby sporządzającej informację

² Definicja centrum naukowego uczelni oraz centrum naukowo-przemysłowego instytutu badawczego - stosownie do przepisów obowiązujących ustaw – odpowiednio – o szkolnictwie wyższym, o instytutach badawczych