

**INSTYTUT BIOCHEMII I BIOFIZYKI
Polskiej Akademii Nauk**

**ul. Pawińskiego 5A
02-106 Warszawa**

***SPRAWOZDANIE Z DZIAŁALNOŚCI
za 2016 rok***

SPIS TREŚCI

Informacja o Instytucie.....	A
Sprawozdanie merytoryczne.....	I
Temat nr 5: Regulacja ekspresji genowej, synteza i struktura białek	
Temat nr 5.1: Terminalne białko wirusa ziemniaka Y	
dr hab. E. Szołajska.....	I.1
Temat nr 5.3: Dodekahedron adenowirusowy – wektor transferu wewnątrzkomórkowego	
dr hab. E. Szołajska.....	I.2
Temat nr 6: Sekwencjonowanie genomów wybranych szczepów wiroidów i wirusów roślinnych oraz ich detekcja	
Temat nr 6.1: Molekularne podstawy infekcji wiroidowej	
dr A.Góra-Sochacka.....	I.3
Temat nr 12: Występowanie i rola lipidów prenylowych i prenylowanych białek w tkankach roślinnych. Badania struktury i biosyntezy	
prof. dr hab. E. Kula-Świeżewska.....	I.4
Temat nr 18: Molekularne regulacje syntezy glikokoniugatów w komórkach drożdży	
prof. dr hab. G. Palamarczyk.....	I.5
Temat nr 18.1: Genetyczna modyfikacja grzybów i ich znaczenie w procesach biotechnologii i biokontroli	
prof. 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>	
dr hab. R. Kucharczyk.....	I.8
Temat nr 20.3: Genetyczna kontrola szlaków metabolizmu siarkowego u grzybów	
prof. dr hab. A. Paszewski	I.9
Temat nr 20.5: Mechanizmy transportu białek u drożdży <i>Saccharomyces cerevisiae</i>	
prof. dr hab. T. Żołądek.....	I.10
Temat nr 25: Odpowiedzi komórek bakteryjnych i komórek drożdży na uszkodzenia DNA	
Temat nr 25.1: Regulacja wierności replikacji DNA w komórkach bakteryjnych i drożdżowych	
prof. dr hab. I. Fijałkowska.....	I.11
Temat nr 25.2: Mechanizmy odpowiedzi komórek <i>Saccharomyces cerevisiae</i> na uszkodzenia DNA	
prof. dr hab. Z. Cieśla.....	I.12
Temat nr 25.3: Koordynacja procesów naprawy DNA w komórkach eukariotycznych	
prof. dr hab. E. Śledziwska-Gójska.....	I.13
Temat nr 27: Analiza funkcjonalna genów wybranych plazmidów pochodzących z bakterii o znaczeniu klinicznym	
dr I. Kern-Zdanowicz.....	I.14
Temat nr 28: Chemiczne podstawy mutagenyzy i reperacja adduktów cyklicznych	
prof. dr hab. J. Kuśmierek.....	I.15
Temat nr 29: Analiza molekularna genów kodujących enzymy katabolizmu argininy u <i>Aspergillus</i>	
prof. dr hab. P. Węgleński.....	I.16
Temat nr 30: Analiza mutantów typu SUV3 u <i>Saccharomyces cerevisiae</i>	
prof. dr hab. P. Stępień.....	I.17
Temat nr 31: Szkoła Biologii Molekularnej, Studium Doktoranckie przy IBB PAN	
prof. dr hab. G. Palamarczyk.....	I.18
Temat nr 32.1: Działalność Pracowni Biologii Molekularnej (afiliowanej przy UG). Regulacja ekspresji genów i innych procesów związanych z funkcjami DNA w komórkach bakteryjnych	
prof. dr hab. M. Gabig-Cimińska.....	I.19
Temat nr 32.2: Działalność Zespołu Biomedycyny Molekularnej (IBD PAN, IBB PAN, MIBMiK) Białka opiekuńcze w transformacji nowotworowej	
prof. dr hab. M. Żylicz.....	I.20
Temat nr 33: Mechanizmy aktywnej segregacji niskopiętowego plazmidu P1 do komórek potomnych w czasie podziału komórkowego	
Prof. nadzw. dr hab. M. Łobocka.....	I.21

Temat nr 34: Udział struktur chromatynowych w regulacji transkrypcji genów	
prof. dr hab. A. Jerzmanowski.....	I.22
Temat nr 35: Ekspresja genów kodujących białka o znaczeniu terapeutycznym w roślinach	
prof. dr hab. A. Sirko.....	I.23
Temat nr 36: Metody informatyczne w biologii molekularnej	
prof. dr hab. P. Zielenkiewicz.....	I.24
Temat nr 37: Mechanizmy kontrolujące proces patogenezy komórek roślinnych	
prof. dr hab. J. Hennig.....	I.25
Temat nr 39: Badanie polimorfizmu mitochondrialnego DNA w populacji polskiej	
prof. dr hab. E. Bartnik.....	I.26
Temat nr 41: Oksydacyjne uszkodzenia DNA	
prof. dr hab. B. Tudek.....	I.27
Temat nr 42: Mutacje indukowane i adaptacyjne	
prof. dr hab. E. Grzesiuk.....	I.28
Temat nr 43: Biologia plazmidu RK2 z grupy IncP <i>Escherichia coli</i>	
prof. dr hab. G. Jagura-Burdzy.....	I.29
Temat nr 47: Modelowanie struktury i funkcji białek	
prof. dr hab. P. Zielenkiewicz.....	I.30
Temat nr 48: Badania wczesnych etapów zwijania i agregacji białek	
prof. dr hab. M. Dadlez.....	I.31
Temat nr 49: Metabolizm cukrów u bakterii mlekowych	
prof. dr hab. J. Bardowski.....	I.32
Temat nr 50: Przewodzenie sygnału stresu osmotycznego w roślinach	
prof. dr hab. G. Dobrowolska.....	I.33
Temat nr 51: Strukturalne i funkcjonalne konsekwencje modyfikacji potranslacyjnych białek	
dr A. Wysłouch-Cieszyńska.....	I.34
Temat nr 52: Analiza wybranych genów metabolizmu komórkowego <i>Arabidopsis thaliana</i>	
dr hab. E. Kraszevska.....	I.35
Temat nr 54: Mechanizmy molekularne działania jonów metali czynnych biologicznie	
prof. dr hab. W. Bal.....	I.36
Temat nr 55: Analiza genetyczna podstaw wybranych chorób dziedzicznych	
dr hab. B. Burzyńska.....	I.37
Temat nr 56: Genomika <i>Paramecium tetraurelia</i>	
dr R. Gromadka.....	I.38
Temat nr 57: Mechanizmy wierności replikacji DNA	
dr hab. A. Bębenek.....	I.39
Temat nr 58: Identyfikacja i charakterystyka mikroorganizmów potencjalnie użytecznych w bioremediacji	
dr hab. U. Zielenkiewicz.....	I.40
Temat nr 60: Mechanizmy podziałów komórkowych	
dr hab. A. Kurlandzka.....	I.41
Temat nr 61: Dynamika transkryptomu w normie i stresie	
dr hab. M. Koblowska.....	I.42
Temat nr 63: Dodekahedron adenowirusa jako platforma szczepionkowa	
dr hab. E. Szolajska.....	I.43
Temat nr 64: Posttranslacyjne modyfikacje białek jako mechanizm regulacji szlaków przekazywania sygnału	
dr hab. M. Krzymowska.....	I.44
Temat nr 65: Modelowanie mechanizmów aktywności biologicznej na podstawie danych strukturalnych	
prof. dr hab. J. Poznański.....	I.45
Temat nr 66: Metodyka sekwencjonowań genomowych	
dr R. Gromadka.....	I.46
Temat nr 67: Metabolizm siarki w roślinach	
prof. dr hab. A. Sirko.....	I.47
Temat nr 68: Metabolizm mitochondrialnych RNA u <i>S. cerevisiae</i>	
prof. dr hab. P. Golik.....	I.48

Temat nr 69: Metabolizm RNA u Eucaryota	
prof. dr hab. A. Dziembowski.....	I.49
Temat nr 70: Biologia strukturalna białek służących jako narzędzie modyfikacji genetycznych	
prof. dr hab. M. Bochtler.....	I.50
Temat nr 71: Stres środowiskowy jako źródło niestabilności genetycznej	
dr hab. A. Skoneczna.....	I.51
Temat nr 72: Genomika funkcjonalna odpowiedzi komórek eukariotycznych na stresy środowiskowe	
dr hab. M. Skoneczny.....	I.52
Temat nr 73: Uwarunkowania biologiczne, geochemiczne i genetyczne struktur i funkcjonowania ekosystemów polarnych na tle gwałtownych zmian klimatycznych	
Temat nr 73.1: Badania dynamiki zmian w ekosystemach polarnych wywołanych gwałtownym ociepleniem się klimatu w rejonie Półwyspu Antarktycznego.	
dr hab. K. Chwedorzewska.....	I.53
Temat nr 73.2: Ekofizjologiczna i molekularna charakterystyka mikroorganizmów polarnych z kolekcji szczepów IBB ZBA PAN	
prof. nadzw. dr hab. Marek Zdanowski.....	I.54
Temat nr 74: Udział chromatyny w kontroli podstawowych procesów regulatorowych u Eukariota	
dr hab. Tomasz Sarnowski.....	I.55
Sprawozdanie z monitoringu ekologicznego - wieloletnie obserwacje ptaków i ssaków pletwonogich na wyspie króla jergzego w sezonie 2015/2016	
dr inż. Małgorzata Korczak-Abshire.....	I.56-I.58
Pracownia Analiz Mikromacierzy	
dr hab. M. Kobłowska.....	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.65
Laboratorium Analiz Modyfikacji Genetycznych	
prof. dr hab. B. Tudek.....	I.66
Środowiskowe Laboratorium Spektrometrii Mas	
prof. dr hab. M. Dadlez.....	I.67
Pracownia Mikroskopii Konfokalnej i Fluorescencyjnej	
dr M. Lichocka.....	I.68
Kolekcja Szczepów IBB PAN „COLIBB”	
dr Karolina Makiela-Dzbeńska.....	I.69
Lista seminariów IBB PAN.....	I.70-I.74
Lista publikacji.....	II
Artykuły.....	II.79-II.104
Abstrakty.....	II.105-II.128
Rozprawy habilitacyjne.....	II.129
Rozprawy doktorskie.....	II.130-II.132
Prace magisterskie.....	II.133-II.135
Miscellanea.....	II.136-II.137
Informacje o działalności jednostki naukowej PAN w 2015 r.....	III
Informacje o działalności jednostki naukowej PAN w 2017 r.....	III.139-III.142
Publikacje naukowe jednostki, które ukazały się drukiem (liczbowo).....	III.142
Aktywność wydawnicza jednostki.....	III.143
Projekty, zadania badawcze realizowane w roku sprawozdawczym.....	III.143-III.156
Zadania badawcze realizowane w ramach działalności statutowej.....	III.156
Wyniki prac badawczych.....	III.156-III.157
Działalność jednostki o charakterze innowacyjnym, aplikacyjnym.....	III.158-III.167
Kształcenie i rozwój kadry naukowej.....	III.167-III.171
Współpraca z zagranicą.....	III.171-III.173
Międzynarodowe centra naukowe (działające w strukturze jednostki).....	III.174
Upowszechnianie i promocja osiągnięć naukowych.....	III.174-III.175

Działalność zaplecza naukowego o charakterze ogólnoodrodowiskowym.....	III.175
Nagrody, wyróżnienia naukowe uzyskane przez pracowników PAN w roku sprawozdawczym..	III.176-III.178
Zatrudnienie.....	III.179
Inne formy zrzeszenia jednostek naukowych PAN.....	III.179-III.182

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 2016 r.:

Przyznane dotacje:	
Działalność statutowa	35 551 230,00
w tym:	
<i>Dotacja statutowa</i>	<i>26 757 700,00</i>
<i>Dotacja celowa dla młodych naukowców</i>	<i>1 038 530,00</i>
<i>SPUB Zintegrowane laboratorium wielkoskalowych analiz genów i</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>56 200,00</i>
Projekty badawcze: NCN, NCBiR, MNiSW, FNP, OPI i inne	18 761 296,78
w tym:	
<i>Projekty badawcze NCN</i>	<i>15 688 519,36</i>
<i>Fundusze strukturalne</i>	<i>1 586 641,45</i>
<i>Projekty badawcze MNiSW</i>	<i>359 100,00</i>
<i>Projekty badawcze NCBiR</i>	<i>2 175 264,15</i>
<i>Projekty UE</i>	<i>908 024,19</i>
<i>Projekty międzynarodowe</i>	<i>- 1 956 252,37</i>
FNP – Mistrz	20 500,00
Stypendia - MNISW	199 410,00
Inne	7 390 212,18
w tym:	
<i>Prawa do wynalazku</i>	<i>277 955,89</i>
<i>Działalność gospodarcza</i>	<i>1 532 612,85</i>
<i>Sprzedaż usług naukowych</i>	<i>2 489 402,26</i>
<i>Konferencje i HORIZON</i>	<i>231 469,51</i>
<i>Działalność finansowa</i>	<i>398 401,17</i>
<i>Termomodernizacja</i>	<i>980 923,97</i>
<i>Pozostałe</i>	<i>1 479 446,53</i>
ŁĄCZNIE:	61 922 648,96

Publikacje w roku 2016:

Liczba ogółem	Monografie ¹ (lub rozdziały)	Podr. akadem. ¹ (lub rozdziały)	Publikacje w czasopismach recenzowanych			pozostałe publ. nauk.
			publikacje 1	publikacje 2	publikacje 3	
178	6	0	153	0	8	11

Sprawozdanie merytoryczne
z działalności statutowej
za 2016 rok

I

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

Temat nr 5.1: Terminalne białko wirusa ziemniaka Y.

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

Cel badania:

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

Opis realizowanych prac:

Nasze wcześniejsze badania wykazały, że białko VPg wirusa ziemniaka Y (ang. Potato Virus Y, PVY) jest w stanie unieruchomić czynnik eIF4E w cytoplazmie komórki rakowej, obniżając jego poziom w jądrze, w wyniku czego zostaje zakłócona proonkogenna rola czynnika eIF4E. Powoduje to zatrzymanie wzrostu i śmierć komórek nowotworowych *in vitro*. Równolegle określiliśmy miejsce interakcji eIF4E na VPg i zidentyfikowaliśmy peptyd VPg5 oddziałujący z ludzkim eIF4E silniej niż całkowite białko VPg. Analiza mutacyjna wykazała, że zamiana jednego aminokwasu – tyrozyny 64 (pozycja w białku VPg pełnej długości) na alaninę znosi oddziaływanie peptydu z eIF4E.

Dla wewnątrzkomórkowego dostarczenia peptydu VPg5 w celu zbadania jego aktywności antynowotworowej wykorzystujemy cząstkę o niezwykłych zdolnościach penetracyjnych, dodekahedron adenowirusa (Dd). W 2016 roku przygotowaliśmy odpowiednie konstrukty. Sekwencje kodujące peptyd efektywnie wiążący się z eIF4E oraz peptyd służący jako kontrola negatywna – zmutowany wariant peptydu niezdolny do interakcji z czynnikiem – zostały wprowadzone do DNA kodującego białko podstawy pentonu, z którego zbudowany jest Dd, w dwóch pozycjach, na N-końcu oraz w pętli zmiennej. Rekombinowane dodekahedrony z których każda cząstka niesie 60 kopii peptydu VPg otrzymaliśmy w systemie bakulowirusa. Okazało się, że niezależnie od pozycji w strukturze cząstki wprowadzenie pochodzących z VPg peptydów o długości 26 aminokwasów powoduje znaczące obniżenie poziomu produkcji białka w porównaniu z wtDd. Preparaty oczyszczonych do homogenności DdpVPg będą wykorzystane do badania antyproliferacyjnego działania peptydu VPg5 na komórki ludzkich białaczek.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Otrzymanie preparatów dodekahedronów zawierających włączone do struktury peptydy VPg stwarza możliwość badania efektów antyproliferacyjnych peptydów w hodowlach komórek nowotworowych oraz w zwierzęcych modelach nowotworów.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Otrzymane wyniki są przedmiotem opracowywanej do druku publikacji.

Publikacje:

876/N

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

Temat nr 5.3: Dodekahedron adenowirusowy – wektor transferu wewnątrzkomórkowego.

Zespół: dr hab. E. Szolajska, dr hab. Jadwiga Chroboczek (konsultant), doktoranci: mgr inż. Marta Jedynek, mgr inż. Patryk Dolega, mgr inż. Małgorzata Podsiadła-Białoskórska (technik)

Cel badania:

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

Opis realizowanych prac:

W okresie sprawozdawczym kontynuowaliśmy badania nad możliwością użycia dodekahedronu jako wektora dostarczającego chemioterapeutyki w przypadku lekooporności, która jest jedną z głównych przyczyn niepowodzeń systemowej terapii antynowotworowej. W tym celu przygotowaliśmy koniugat Dd z doksorubicyną (Dd-dox), lekiem powszechnie stosowanym w terapii antynowotworowej i badaliśmy jego działanie na ludzkie komórki mięsaka macicy MES-SA/Dx5 charakteryzujące się opornością wielolekową. Wolna doksorubicyna jest aktywnie usuwana z komórek MES-SA/Dx5 w wyniku działania pomp obecnych w błonie tych komórek, podczas gdy koniugat Dd-dox penetruje komórki przez szybką i wydajną endocytozę, co umożliwia uniknięcie rozpoznania leku przez membranowe pompy molekularne. Co ważne, skuteczne cytotoksyczne stężenie antybiotyku dostarczonego w formie koniugatu z Dd, było około 30-krotnie niższe od stężenia stosowanego w przypadku wolnej doksorubicyny.

Potencjalne zastosowanie Dd do celów biomedycznych wymaga znajomości jego partnerów komórkowych. Wykonane w celu zidentyfikowania nowych partnerów badanie oddziaływania Dd z lipidami komórkowymi wyłoniło fosfolipid anionowy – fosfatydyloserynę (PS), której podwyższony poziom występuje na powierzchni komórek wielu typów nowotworów oraz komórek naczyń dostarczających krew do guzów. Jednocześnie wykazaliśmy, że lipidem zaangażowanym we wnikanie Dd do komórek, jest podstawowy składnik błony komórkowej, cholesterol. Stwierdziliśmy, że obniżenie poziomu cholesterolu nie wpływa na poziom przyłączania Dd do powierzchni komórek HeLa, natomiast powoduje znaczące zahamowanie procesu wnikania VLP na drodze endocytozy.

Równolegle, badania prowadzone we współpracy ze Stacją Krwiodawstwa w Grenoble wykazały naturalne powinowactwo Dd do limfocytów, przy braku penetracji do innych komórek ludzkiej krwi obwodowej, mimo, że w badanych próbkach jest 1000 razy więcej erytrocytów niż leukocytów.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Wykazaliśmy, że ze względu na mechanizm wnikania przez szybką i wydajną endocytozę Dd jest w stanie przezwyciężyć działanie membranowych pomp molekularnych skutecznie wprowadzając przyłączoną kowalencyjnie doksorubicynę do wykazujących oporność wielolekową komórek MES-SA/Dx5.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Przedstawione wyniki są przedmiotem opracowywanej do druku publikacji.

Patent przyznany przez Japoński Urząd Patentowy JP5841045(B2) / 2016-01-06 oraz Urząd Patentowy Rzeczypospolitej Polskiej PL222496 (B1) 2016-08-31.

Publikacja:

5304

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

Temat nr 6.1: Molekularne podstawy infekcji wiroidowej.

Zespół: dr Anna Góra-Sochacka, mgr Aneta Więsyk

Cel badania:

Poznanie mechanizmu patogenezy wiroida wrzecionowatości bulw ziemniaka (PSTVd).

Opis realizowanych prac:

Zainfekowano rośliny pomidora odmiany 'Rutgers' ostrym (PSTVd-S23) i łagodnym (PSTVd-M) wariantem sekwencyjnym wiroida. W celu analizy transkryptomu rośliny na różnym etapie infekcji wiroidowej wyizolowano RNA z liści pobranych w czterech punktach czasowych: (1) bezobjawowy etap infekcji, (2) wczesny etap objawów porażenia, (3) etap pełnej infekcji, (4) etap „zdrowienia”. Technika mikromacierzy cDNA (Affymetrix) wyznaczyła profil ekspresji ponad 9000 transkryptów. Przeprowadzono analizę porównawczą profilu ekspresji genów na różnym etapie rozwoju objawów chorobowych zarówno dla izolatu ostrego jak i łagodnego.

Opis najważniejszych osiągnięć:

W trakcie rozwoju infekcji PSTVd stwierdzono zmiany ekspresji ponad 4000 genów ($p < 0,05$ oraz parametr – $1,5 \leq FC(\text{Fold Change}) \leq 1,5$), spośród nich 1327 było wspólnych dla obu badanych wariantów PSTVd.

W przypadku wariantu ostrego największe zmiany obserwowano na późnym etapie infekcji czyli „zdrowienia” natomiast dla izolatu łagodnego na najwcześniejszym czyli bezobjawowym etapie infekcji.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Wyniki zostaną wykorzystane w publikacjach naukowych.

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 Katarzyna Gawarecka, dr Karolina Skorupińska-Tudek, dr Liliana Surmacz, doktoranci: mgr Agata Lipko, mgr Przemysław Surowiecki, magistranci: Magda Baca (PW), Magdalena Pamuła (PW), inżynieranci: Beata Piechota (PW), Maja Myrcha (PW), Katarzyna Mańko (PW), Marta Zajbt

Cel badań:

Badania prowadzono w następujących kierunkach:

1. Analiza końcowego etapu biosyntezy dolicholi – konwersja poliprenoli do dolicholi poprzez redukcję podwójnego wiązania: charakteryzowano zwierzęcy model niedoboru dolicholu.
2. Identyfikacja genów kandydatów odpowiedzialnych za regulację biosyntezy poliizoprenoidów u *Arabidopsis* (współpraca dr A. Ihnatowicz, UG).
3. Charakterystyka *cis*-prenylotransferaz (CPT) u roślin.
4. Charakterystyka reduktazy geranylogeraniolu (GGR) i jej rola w biosyntezie poliizoprenoidów (glicynoprenoli).
5. Zastosowania kationowych pochodnych poliizoprenoidów.

Opis realizowanych prac:

Badano wpływ mutacji w genie kodującym ludzką reduktazę poliprenolu (*SRD5A3*) na poziom hormonów sterydowych, profil kwasów tłuszczowych i profil glikanów w komórkach HEK wyrażających zmutowane formy reduktazy hSDR5A3; analizowano komórkowe efekty mutacji *sdr5a3* na poziomie transkryptomu (mikromacierze). Charakteryzowano AtCPT7 katalizującą syntezę poliizoprenoidów u *Arabidopsis* – wykazano, że enzym ten oraz jego lipidowe produkty zlokalizowane są w plastydach. Badano mechanizm regulacji aktywności CPT7 u *Arabidopsis* w odpowiedzi na stres cieplny – rolę czynników transkrypcyjnych z grupy Hsf. Wypytywano geny kandydujące – potencjalne regulatory syntezy poliizoprenoidów (dla poliprenoli wykryto 3 obszary QTL (Quantitative Trait Loci) zlokalizowane na chromosomie piątym, a dla dolicholi – jeden QTL na chromosomie trzecim); prowadzono także analizy statystyczne wcześniej uzyskanych wyników analiz biochemicznych zmierzających do identyfikacji mechanizmu regulacji biosyntezy poliizoprenoidów (GWAS). Udział GGR w biosyntezie glicynoprenoli wykazano po ekspresji tego enzymu, oraz odpowiedniej CPT, w układzie drożdżowym. Podsumowano w pracy przeglądowej metody badania wzajemnej regulacji szlaków biosyntezy izoprenoidów u roślin (MEP i MVA). Opublikowano wyniki prac nad termooksydacją izoprenoidów, a także dwie prace, w których wykazano, że sole prenyloamoniowe prenoli są efektywnymi lipofektantami *in vitro* (w liniach komórkowych) i *in vivo*. Kontynuowano działalność Kolekcji Poliprenoli – udostępniono preparaty poliizoprenoidowe kilkunastu grupom badawczym.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Wykazanie, że lipopleksy zbudowane na bazie soli prenyloamoniowych mogą być wykorzystywane do wprowadzania materiału genetycznego do komórek eukariotycznych (publikacje 5239 i 5346).

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Wyniki badań zostaną wykorzystane w publikacjach naukowych.

Publikacje:

5202, 5221, 5224, 5239, 5248, 5274, 5288, 5346, 3998/A, 4026/A, 4027/A, 4030/A, 4031/A, 4032/A, 4075/A, 4076/A, 4077/A, 4078/A

Temat nr 18: Molekularne regulacje syntezy glikokoniugatów w drożdżach.

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

Cel badania:

Kontynuacja dotychczasowych badań dotyczących zależności funkcjonalnych pomiędzy posttranslacyjną glikozylacją białek, zależną od ilości dolicholu, a wrażliwością komórek na czynniki zewnętrzne, zdolnością do tworzenia struktur opornych na leki (biofilmy), a także morfogenezą prowadzącą do powstawania strzępek, 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 podstawową 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.

Publikacja:

5113

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

Zespół: prof. dr hab. Joanna Kruszevska, dr Urszula Perlińska-Lenart, dr Sebastian Piłsyk, doktoranci: mgr Elżbieta Gryz, mgr Sebastian Graczyk

Cel badania:

1. Badanie czy oryginalna struktura dolicholi określona dla *Trichoderma* pojawia się u innych grzybów strzępkowych (współpraca z prof. Ewą Świeżewską, IBB PAN).
2. Dalsze poszukiwanie grzybów o korzystnych właściwościach do zastosowania w utylizacji odpadów;
3. Opracowanie metody oznaczania aktywności glikozylotransferazy Alg13 w komórkach ludzkich (współpraca z prof. Lefeber, University Medical Center, Holandia).
4. Zidentyfikowanie funkcji białka YIL102cA w *Saccharomyces cerevisiae* o strukturze pierwszorzędowej identycznej w 36% z białkiem regulatorowym Dpm2 z *Trichoderma*.
5. Badanie mikrobiomu grzybowego Trufli letniej *Tuber aestivum* Vittad (współpraca z prof. Jadwigą Turło, Warszawski Uniwersytet Medyczny i prof. Dorotą Hilszczańską, Instytut Badawczy Leśnictwa w Raszynie).

Opis realizowanych prac:

- Ad 1. Wyizolowano dolichole z 1kg grzybni *Trichoderma reesei*, *Aspergillus niger*, *Neurospora crassa* i *S. cerevisiae* i zbadano wstępnie metodą HPLC Hypersil ODS reversed phase column. Stwierdzono, że wszystkie grzyby strzępkowe posiadają podobne dolichole, które różnią się od dolicholi drożdżowych. Wstępne badania strukturalne wykazały u grzybów strzępkowych wielonasycone łańcuchy poliprenolowe w stosunku do jednonasyconego łańcucha u drożdży.
- Ad 2. Wyizolowano ze środowiska naturalnego, oczyszczono i zidentyfikowano następne grzyby strzępkowe mogące wykazywać korzystne właściwości do zastosowania w utylizacji odpadów.
- Ad 3. Do oznaczenia aktywności glikozylotransferazy Alg13 zaadaptowano metodę używaną w pracy na *S. cerevisiae* jednak wydaje się, że wymaga ona dostosowania do oznaczeń prowadzonych na komórkach ludzkich. Nawiązaliśmy więc współpracę z dr hab. Ewą Szołajską (IBB PAN) w celu pozyskania komórek HELA do dopracowania metody.
- Ad 4. Przygotowany uprzednio szczep drożdżowy $\Delta YIL102cA$ posłużył do transformacji. Na podstawie całogenomowej analizy transkryptomu *S. cerevisiae* stwierdziliśmy, że transkrypt *YIL102C-A* jest dużo dłuższy od samego ORF (o ok. 1000 nukleotydów). Dokonaliśmy więc transformacji szczepu $\Delta YIL102cA$ własnym genem *YIL102cA* w wersji krótkiej i długiej i genem *dpm2* z *Trichoderma* w wersji krótkiej i hybrydowej z „ogonem” drożdżowym. Trwa analiza transformantów.
- Ad 5. Wyizolowano i zidentyfikowano 18. szczepów grzybów strzępkowych z otoczenia owocników Trufli letniej dostarczonych przez prof. Hilszczańską oraz 4 gatunki grzybów z wnętrza owocników.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Stwierdzono obecność wielonasyconych dolicholi u wszystkich zbadanych grzybów strzępkowych. Wydaje się, że jest to dla nich cecha charakterystyczna.

Stwierdzono, że krótki i długi gen *YIL102cA* odwraca mutację $\Delta YIL102cA$. Rozłożenie tetrad transformanta $\Delta YIL102cA$ genem *dpm2* z *Trichoderma* i genem hybrydowym *dpm2* z „ogonem” drożdżowym dało odpowiednio 4 i 3 tetrad.

Stwierdzono, że w otoczeniu Trufli letniej znajduje się szereg grzybów strzępkowych. Zidentyfikowano kolejne grzyby o ciekawych właściwościach hydrolitycznych.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Możliwość określenia funkcji poszczególnych grzybów w mikrobiomie Trufli.

Możliwość wzbogacania mieszanek grzybów do utylizacji odpadów.

Patenty: P.401450, P.402603

Publikacja:

5202

Temat nr 20: Genetyka i biologia molekularna grzybów

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

Zespół: prof. dr hab. Magdalena Rakowska-Boguta, dr Małgorzata Cieśla, dr Damian Graczyk, dr Ewa Skowronek, dr Dominika Foretek, doktoranci: mgr Ewa Leśniewska (Makała), mgr Olga Wojnowska, mgr Marta Płonka

Cel badania:

Określenie obsadzenia genów przez aktywną polimerazę III RNA poprzez wysokoprzepustową analizę nowopowstających transkryptów.

Opis realizowanych prac:

Przeprowadzono wysokoprzepustowe badania oddziaływania polimerazy III RNA z nowopowstającymi transkryptami. W badaniach wykorzystano szczep kontrolny oraz mutanta *maf1Δ* drożdży *Saccharomyces cerevisiae*. We współpracy z laboratorium Davida Tollerveya (Uniwersytet w Edynburgu) zastosowano technikę CRAC (UV cross-linking and analysis of cDNA). Poprzez analizę cDNA zidentyfikowano wszystkie fragmenty RNA związane z polimerazą osiągając rozdzielczość pojedynczego nukleotydu. Zidentyfikowano sześć nowych transkryptów polimerazy III o nieznanej funkcji. Dwa z nich lokują się w rejonie genów kodujących rybosomalny 18S rRNA, co wskazuje na obecność polimerazy I i polimerazy III RNA w tym obszarze. Zidentyfikowano również kilka transkryptów polimerazy II, które w warunkach stresu są syntetyzowane przez polimerazę III RNA. Analiza danych wskazuje na różnice w ilości polimerazy III RNA związanej z określonymi fragmentami poszczególnych genów kodujących tRNA. Dla większości genów tRNA wyróżniono dwa rejony, odpowiednio w pobliżu końców 5' i 3' sekwencji kodującej, gdzie obsadzenie polimerazy było zwiększone, wskazując na obniżoną szybkość elongacji transkrypcji lub zatrzymanie polimerazy w tych rejonach. Co ciekawe, rejony te odpowiadają wewnętrznym promotorom genów tRNA rozpoznawanych w procesie inicjacji transkrypcji przez czynnik TFIIC. Do tej pory nie rozstrzygnięto eksperymentalnie czy TFIIC jest usuwany z DNA w procesie inicjacji transkrypcji. Zaprzeczają temu nasze wyniki sugerując, że TFIIC stanowi barierę w procesie elongacji polimerazy III.

W wyniku wysokoprzepustowych badań oddziaływania polimerazy III RNA z nowopowstającymi transkryptami tRNA zidentyfikowano również związane z polimerazą fragmenty, których sekwencja wykracza poza sygnał terminacji transkrypcji. Wskazuje to na pomijanie przez polimerazę RNA sygnału terminacji tzw. *readthrough*. Ograniczona wierność terminacji transkrypcji tRNA, prowadzi do wydłużenia transkryptów tRNA od strony 3' nawet o 150-200 nukleotydów. Obecność wydłużonych transkryptów tRNA potwierdzono metodą hybrydyzacji Northern z zastosowaniem specyficznych sond. Porównanie wyników CRAC i hybrydyzacji wskazuje na wysoką niestabilność wydłużonych transkryptów. Formy takie nie były opisane wcześniej w literaturze i wskazują na znaczenie procesu terminacji w regulacji transkrypcji tRNA. Stwierdzono, że wydajność *readthrough* była wyższa w przypadku słabszych sygnałów terminacji (ciągu 5-ciu lub mniej U w nowopowstającym transkrypcie) a długość fragmentów obejmujących sekwencje od strony 3' końca genu była odwrotnie proporcjonalna do zawartości U w tym obszarze. Należy podkreślić, że zarówno tempo elongacji jak i wierność terminacji transkrypcji tRNA nie zależą od obecności białka regulatorowego Maf1. Potwierdzono uzyskany poprzednio wynik, że regulacja transkrypcji przez Maf1 nie jest równomierna w stosunku do różnych tRNA. Co ciekawe, spośród 274 genów kodujących tRNA wyróżniono kilkanaście, których ekspresja nie zależy od Maf1.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Stwierdzono nierówne obsadzenie polimerazy III RNA na genach co świadczy o zróżnicowanym tempie elongacji, zależnym prawdopodobnie od związanego do wewnętrznych promotorów czynnika transkrypcyjnego TFIIC.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Większą część wyników opisano w artykule opublikowanym w Genome Research.

Publikacje:

5121, 5265, 4070/A, 4143/A, 4144/A, 4145/A, 4146/A, 878/N

Temat nr 20: Genetyka i biologia molekularna grzybów

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

Zespół: dr hab. Róża Kucharczyk, prof. dr hab. Joanna Rytka, doktoranci: mgr Krystyna Bińko, mgr Katarzyna Niedźwiecka, mgr Natalia Skoczeń, mgr Sylwia Pilch, Emilia Baranowska (magistrantka)

Cel badania:

1. Wykazanie, że zmiany indukcji kanału PTP przez jony wapnia w mutantach w genie *ATP6*, mają związek ze zmianami struktury oligomerycznej syntazy ATP.
2. Badanie na modelu drożdżowym przyczyny nefropatii spowodowanej mutacją w mitochondrialnym genie *ATP6* w pozycji T8909>C.
3. Identyfikacja aminokwasów w podjednostce Atp6 syntazy ATP zaangażowanych w transport protonów przez domenę hydrofobową enzymu po stronie macierzy.

Opis realizowanych prac:

- Ad 1. W skonstruowanych przez nas mutantach w mtDNA drożdży: *atp6-K90E* (o przyspieszonej indukcji PTP) oraz *atp6-P163S* w tle *OM45-GFP* (o opóźnionej indukcji PTP) oznaczono stosunek dimerów i oligomerów do monomerów syntazy ATP po zaindukowaniu kanału PTP jonami wapnia.
- Ad 2. Skonstruowano szczep *S. cerevisiae* z mutacją *atp6-F154S*. 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.
- Ad 3. Mutant *atp6-S175N* jest defektywny oddechowo z powodu zaburzonego transportu protonów przez domenę błonową enzymu oraz niestabilności jego struktury. W celu identyfikacji aminokwasów zaangażowanych w transport protonów wyizolowano 129 szczepów supresorowych mutacji *atp6-S175N*, zsekwencjonowano gen *ATP6* w 76 klonach i zidentyfikowano 10 różnych mutacji supresorowych, w tym 5 w innych aminokwasach niż pozycja 175 białka Atp6. Wykonano analizę biochemiczną funkcji syntazy ATP w supresorach.

Opis najważniejszych osiągnięć:

- Ad 1. Wykazano, że w mutancie o krótszym czasie indukcji kanału PTP ilość dimerów i oligomerów w stosunku do monomerów zmienia się szybciej niż w kontroli; w mutancie o dłuższym czasie indukcji tego kanału formy oligomeryczne tworzyły się wolniej. Wyniki pozwalają wnioskować, że mutacje w genie *ATP6* w komórkach nowotworowych mogą mieć związek z modulacją/opóźnieniem procesu apoptozy.
- Ad 2. Zaproponowano mechanizm choroby spowodowanej mutacją T8909>C w genie *ATP6* syntazy ATP – zaburza ona stabilność kompleksu syntazy ATP obniżając jego ilość w mitochondriach. Złożony enzym jest w pełni aktywny.
- Ad 3. W oparciu o analizę 9 pozycji aminokwasowych, zidentyfikowanych w supresorach mutacji *atp6-S175N*, funkcje udziału w transporcie protonów przypisano izoleucynie 171 natomiast serynie 175 przypisano udział pośredni.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Wyniki badań zaprezentowane w formie dwóch posterów na konferencji EBEC 2016, będą opublikowane w 2017 roku oraz wejdą w skład dwóch prac doktorskich i jednej pracy magisterskiej.

Publikacje:

5241, 5323, 5330, 4017/A, 4018/A, 4102/A, 4129/A

Temat nr 20: Genetyka i biologia molekularna grzybów

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:

Zbadanie roli czynnika transkrypcyjnego MetR w regulacji syntezy metabolitów wtórnych i odpowiedzi na światło.

Opis realizowanych prac:

Analiza transkryptomu mutantu *metR1* ujawniła podwyższony poziom transkryptów wielu genów kodujących metabolity wtórne. Powyższy wynik sugeruje, że MetR może aktywować transkrypcję genu kodującego negatywny regulator syntezy metabolitów wtórnych. Poszukując takiego regulatora zwróciliśmy uwagę na gen *fphA* kodujący fitochrom, którego ekspresja jest obniżona w mutancie *metR1*. Ponieważ analiza transkryptomiczna mutantu *metR1* została przeprowadzona w tle genetycznym mutacji *veA1*, która powoduje, że posiadające ją szczepy są niewrażliwe na światło, skrzyżowano mutantu *metR1* ze szczepem *veA*⁺ otrzymując szczep mutantu *metR1* w tle genetycznym z dzikim allelem genu *veA* i dalsze eksperymenty prowadzono z użyciem tego szczepu. Stwierdzono, że w tym tle genetycznym mutant *metR1* traci zdolność do reagowania na światło, w czym przypomina mutantu w genie *fphA*. W szczególności podwyższona jest ilość klejstoteciów (struktur wytwarzanych w trakcie rozmnażania płciowego grzyba). Również ekspresja genu *veA* w mutancie *metR1* nie jest hamowana przez obecność światła. Ponieważ białko VeA jest pozytywnym regulatorem syntezy metabolitów wtórnych, wynik ten tłumaczy podwyższoną ekspresję genów związanych z tym metabolizmem, zaobserwowaną przez nas w eksperymencie mikromacierzowym. W szerszym kontekście nasze wyniki wskazują na rolę białka MetR w regulacji odpowiedzi komórki na bodźce ze środowiska, w tym światło.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Siarkowy czynnik transkrypcyjny MetR może być zaangażowany w kontrolę odpowiedzi na światło a pośrednio również w syntezę metabolitów wtórnych.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Wyniki badań będą publikowane w czasopismach naukowych.

Publikacje:

5249, 248/M, 251/M

Temat nr 20: Genetyka i biologia molekularna grzybów

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

Zespół: prof. dr hab. Teresa Żołądek, dr hab. Joanna Kamińska, dr Krzysztof Flis, doktoranci: mgr Weronika Rzepnikowska, mgr Piotr Soczewka

Cel badania:

Zbadanie udziału ligazy ubikwitynowej Rsp5 i białka cytoszkieletu aktynowego Sla1 w autofagii selektywnej preApe1 u drożdży oraz udziału białka Vps13 w różnych etapach transportu białek.

Opis realizowanych prac:

Używając systemu dwuhybrydowego (2HD) przeanalizowano oddziaływanie ligazy ubikwitynowej Rsp5 i białka cytoszkieletu aktynowego, Sla1, które jest substratem Rsp5. Stwierdzono, że domena SHD1 (aa 487-555) białka Sla1 oddziałuje z Rsp5 a wprowadzenie substytucji aminokwasowych w tej domenie (V529A, I531A i V533A) prowadzi do utraty oddziaływania Rsp5 ze Sla1. Żaden zbadany fragment Rsp5 nie oddziałował ze Sla1 w systemie 2HD. Białko Rsp5 posiada motyw NPF (aa 513-515) częściowo odpowiadający motywowi NPFxD, rozpoznawanemu przez domenę SHD1. Pokazaliśmy, że mutacja *rsp5-P514T* deaktywująca ten motyw znosi oddziaływanie Rsp5 ze Sla1 w systemie 2HD. Ponadto w mutantach *rsp5-P514T* i *sla1-V529A*, *I531A* i *V533A* obserwowano spowolnienie dojrzewania preApe1. Natomiast w wybranych mutantach pozbawionych białek wiążących się do Sla1 – *myo3Δ*, *myo5Δ*, *lsb5Δ*, *dnf1Δ*, *drs2Δ*, *kex2Δ*, *yip5Δ* nie wykazano zaburzeń transportu preApe1. Wyniki te sugerują, że oddziaływanie Rsp5-Sla1 jest potrzebne dla dojrzewania preApe1. Pokazaliśmy też, że dla wydajnego transportu preApe1 niezbędne są również aminokwasy 620-627 białka Sla1, z lizyną w pozycji 624, która wg bazy danych SGD jest ubikwitynowana. Skonstruowaliśmy mutant *sla1-K624R* i charakteryzował się on również spowolnieniem transportu preApe1. Sugeruje to, że ubikwitynacja lizyny 624 Sla1 może być istotna dla transportu preApe1.

Rzadka neurodegeneracyjna choroba genetyczna u ludzi, chorea-akantocytoza, jest spowodowana mutacjami w genie *hVPS13A*. Wykazaliśmy, że komórki drożdży *vps13Δ* pozbawione genu *VPS13* wykazują defekt polaryzacji cytoszkieletu aktynowego (w komórkach obecne są nieprawidłowe złogi aktynowe), defekt endocytozy transportera Can1 skutkujący nadwrażliwością na kanawaninę oraz defekt transportu białka adaptorowego Sna3-GFP z aparatu Golgiego do wakuoli. Ludzki gen *hVPS13A* nie komplementował tych defektów szczepu *vps13Δ*, prawdopodobnie z powodu skrajnie niskiego poziomu ekspresji, dlatego modelowanie mutacji występujących w *hVPS13A* u ludzi możliwe jest tylko w genie drożdżowym *VPS13*. Ponadto pokazaliśmy, że białko Vps13 wiąże aktynę (ko-immunoprecypitacja) oraz, że domena SHR-BD wiąże różne fosforany fosfatydyloinozytolu a odkryta przez nas w Vps13 domena APT1 wiąże fosforan fosfatyduinozytolu-3 (PI3P) *in vitro*. Podobnie, domena APT1 białka Atg2 wiąże PI3P. To wiązanie może być ważne dla funkcjonowania białka Vps13 w transporcie endosomalnym Can1 i Sna3 oraz białka Atg2 w autofagii, gdyż endosomy i struktury autofagosomalne są wzbogacone w PI3P. Ze względu na zachowanie ewolucyjne domeny APT1 w białkach Vps13 i Atg2, wiązanie PI3P może być też ważne dla funkcjonowania odpowiednich białek homologicznych u ludzi.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Wykazano, że wiązanie białek Sla1-Rsp5 i ubikwitynacja białka Sla1 są potrzebne do wydajnego transportu preApe1. Zidentyfikowano domeny APT1 w białkach Atg2 i Vps13 oraz wykazano, że domeny te wiążą PI3P.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Wyniki badań będą publikowane w czasopismach naukowych. Niektóre z tych wyników będą wchodzić w skład przygotowywanej pracy doktorskiej Weroniki Rzepnikowskiej.

Publikacje:

5199, 5318, 4095/A, 4097/A, 4113/A, 4122/A, 4128/A, 4129/A

Temat nr 25: Odpowiedzi komórek bakteryjnych i komórek drożdży na uszkodzenia DNA.
Temat nr 25.1: Regulacja wierności replikacji DNA w komórkach bakteryjnych i drożdżowych.

Zespół: prof. dr hab. Iwona Fijałkowska, prof. dr hab. Piotr Jonczyk, dr Karolina Makiela-Dzbeńska, dr Katarzyna Grabowski, dr Michał Dmowski, dr Bartosz Wawrzynow, doktorantki: mgr Milena Denkwicz-Kruk, mgr Anna Zawada, mgr Ewa Szwejcak, mgr Małgorzata Majewska

Cel badania:

Poznanie źródeł powstawania mutacji spontanicznych oraz udziału polimerazy zeta (Pol ζ), jej składu podjednostkowego i funkcjonowania na nici prowadzącej i opóźnionej w trakcie replikacji DNA.

Opis realizowanych prac:

Pol ζ w komórkach drożdży *S. cerevisiae* dotychczas uważana była za enzym złożony z dwóch podjednostek Rev3p i Rev7p (Pol ζ_2). Ostatnie badania sugerują, że Pol31p i Pol32p – niekatalityczne podjednostki Pol δ są również podjednostkami Pol ζ (Pol ζ_4). Zarówno Pol3p (podjednostka katalityczna Pol δ) jak i Rev3p (podjednostka katalityczna Pol ζ) oddziałują z podjednostką Pol31p za pomocą C-końcowej domeny CTD (ang. *C-terminal domain*). Wprowadzenie dwóch mutacji w motywie CysB w domenę CTD białka Rev3p (allel *rev3-CysB*) powoduje brak oddziaływania pomiędzy białkami Rev3p i Pol31p i w rezultacie uniemożliwia powstanie kompleksu Pol ζ_4 . Taka zmutowana forma białka jest dobrym narzędziem do badania udziału Pol ζ_4 lub Pol ζ_2 w replikacji. Przeprowadzono doświadczenia przy użyciu allelu *rev3-CysB* wprowadzonego do szczepów niosących zmutowane formy Pol δ (*pol3-708A*) lub Pol ϵ (*pol2-1*) w których badano częstość powstawania mutacji spontanicznych oraz spektrum powstających mutacji. Otrzymane wyniki wykazują, że Pol ζ może być rekrutowana do widełek replikacyjnych zarówno do nici prowadzącej jak i nici opóźnionej. Za obserwowany efekt mutatorowy odpowiedzialna jest Pol ζ złożona z 4 podjednostek (Pol ζ_4). Sugeruje to, że Pol ζ_4 bierze udział zarówno w replikacji nici opóźnionej jak i wiodącej.

Kontynuowano prace nad udziałem polimerazy epsilon w kontroli prawidłowego przebiegu cyklu komórkowego. Wykazaliśmy, że warunkach stresu genotoksycznego, w szczepach niosących zmutowaną formę białka Dpb2 (allel *dpb2-103*) jest zaburzona droga aktywacji genów zależnych od białka Nrm1. Otrzymane wyniki sugerują, że aktywacja odpowiedzi komórek na stres replikacyjny może być różna dla obu replikowanych nici DNA.

Opis najważniejszych osiągnięć:

1. Wykazano, że funkcjonalną formą polimerazy ζ jest forma Pol ζ_4 .
2. Zaproponowano model proponujący, że aktywacja odpowiedzi komórek na stres replikacyjny może być różna dla nici prowadzącej i dla nici opóźnionej.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Otrzymane wyniki wejdą w skład publikacji oraz będą podstawą prac doktorskich.

Publikacje:

5273, 3995/3/A, 3995/4/A, 4049/A, 4050/A, 4088/A, 4089/A, 4092/A, 4106/A, 4124/A, 4125/A, 4156/A, 4160/A, 4162/A

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

Zespół: prof. dr hab. Zygmunt Cieśla, prof. dr hab. Ewa Śledziewska-Gójska, dr Aneta Kaniak-Golik, mgr Renata Kuberska (doktorantka)

Cel badania:

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

Opis realizowanych prac:

Zanalizowaliśmy fenotypy mitochondrialne szczepów pozbawionych konserwowanej nukleazy Rad27/FEN1, która odgrywa kluczową rolę w utrzymaniu stabilności genomu jądrowego, ale również funkcjonuje w mitochondrium. Inaktywacja genu *RAD27* prowadzi do zwiększonej mutagenyzy punktowej mitochondrialnego DNA (mtDNA), ale również do zmniejszonej niestabilności mitochondrialnych powtórzeń mikrosatelitarnych i obniżonego poziomu mitochondrialnej rekombinacji homologicznej (mtHR), zarówno allelicznej mtHR, jak i rekombinacji nieallelicznej pomiędzy bezpośrednimi powtórzeniami. Nasza dotychczasowa analiza wskazuje, że zwiększenie mutagenyzy punktowej mtDNA w szczepach pozbawionych Rad27 zależy od aktywności kinazy Dun1 na szlaku kontroli cyklu komórkowego regulowanego przez kinazy Mec1/Tel1 i Rad53, a zatem jest pośrednią konsekwencją niestabilności genomu jądrowego w tych szczepach. Stwierdziliśmy również, że przynajmniej część mutacji punktowych w mtDNA szczepów *rad27Δ* powstaje w wyniku zależnego od Dun1 podwyższenia poziomu dNTP. Zgodnie z tym, nadprodukcja nukleazy Exo1, która, jak wiadomo od dawna, suprymuje niestabilność genomu jądrowego w komórkach *rad27Δ*, obniża znacząco również poziom mitochondrialnych mutacji punktowych. Co więcej, nadprodukcja Exo1 suprymuje inne fenotypy mitochondrialne szczepów *rad27Δ*: zmniejszoną niestabilność powtórzeń mikrosatelitarnych i obniżony poziom allelicznej mtHR, ale nie suprymuje obniżonego poziomu rekombinacji pomiędzy bezpośrednimi powtórzeniami w mtDNA. Dwa podejścia eksperymentalne (α -komplementacja i frakcjonowanie), które miały na celu sprawdzenie lokalizacji nukleazy Exo1 w mitochondrium, wykazały brak Exo1 w tym mitochondrium. Otrzymane wyniki sugerują, że supresja defektów mitochondrialnych *rad27Δ* przez nadprodukcję Exo1 zachodzi poprzez efekt pośredni wynikający z supresji niestabilności genomu jądrowego i zmniejszonej aktywacji szlaku zależnego od Mec1/Tel1/Rad53/Dun1. Jedynie szczególna ścieżka nieallelicznej mtHR pomiędzy bezpośrednimi powtórzeniami w mtDNA wydaje się być niezależna od pośredniego wpływu aktywacji tego szlaku regulacyjnego i angażować bezpośrednią aktywność nukleazy Rad27 w mitochondrium. W drugim wątku badawczym, związanym z wyjaśnieniem funkcji mitochondrialnej nukleazy Nuc1, wykryliśmy nowy fenotyp szczepów pozbawionych tego białka. Podwójne mutanty *nuc1Δ atg32Δ* szybciej tracą żywotność (zdolność do podziałów) w warunkach głodzenia azotowego niż obydwa mutanty pojedyncze. W warunkach głodzenia azotowego procesy autofagii są konieczne dla przeżycia komórek drożdży. Białko Atg32, choć jest uważane za specyficzny receptor autofagii defektywnych mitochondriów, nie jest niezbędne do przeżycia w tych warunkach, co wskazuje na aktywność równoległej do Atg32 ścieżki mitofagii. Nasze wyniki sugerują, że w tej równoległej ścieżce mitofagii może działać nukleaza Nuc1 w roli przekaźnika sygnału o konieczności lokalnej autofagii kompartmentu mitochondrialnego.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Pokazaliśmy, że wynikająca z uszkodzeń jądrowego DNA aktywacja ścieżki sygnałowej kinaz Mec1/Rad53/Dun1 jest odpowiedzialna za zmiany w stabilności mitochondrialnego DNA.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Uzyskane wyniki prowadzi do lepszego zrozumienia mechanizmów kontrolujących stabilność mitochondrialnego DNA. Zostały przedstawione w komunikatach zjazdowych i są przygotowywane obecnie do publikacji.

Publikacja:

4147/A

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

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

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

Cel badania:

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

Opis realizowanych prac:

Procesy tolerancji uszkodzeń DNA pełniące zasadniczą rolę w kontroli stabilności genetycznej 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 ubiegłoroczne prace, wykorzystujące system badania rekombinacji intra-chromosomalnej złożony z powtórzonej sekwencji różnych alleli genu *leu2* na chromosomie III, pokazały, że poliubikwitynacja PCNA stymuluje konwersję genów, zależną od Rad59, i że sumolacja PCNA odpowiada za hamowanie tego właśnie typu rekombinacji, która jest stymulowana przez poloubikwitynację. W tym roku wykorzystując alternatywny system, oparty o powtórzenia alleli *ade2* na chromosomie XV, potwierdziliśmy zależności ustalone dla poprzedniego systemu pokazując, że nasze ustalenia dotyczące roli modyfikacji PCNA w kontroli rekombinacji intra-chromosomalnej mają charakter generalny.

Kontynuowaliśmy także badania nowej pro-mutagennej funkcji pseudo-koniugazy ubikwitynowej Mms2, znanej wcześniej z udziału w bezbłędnej drodze tolerancji uszkodzeń DNA. Stwierdziliśmy, że efekt mutatorowy związany z nadprodukcją Mms2 zależy zarówno od polimerazy zeta jak i ubikwitynacji lizyny 164 w PCNA. Nie zależy natomiast od ubikwitynacji lizyny 107 PCNA, chociaż zależy od Ubc4 i Rad5, których rola wiązana jest z ubikwitynacją tej właśnie lizyny. Pokazaliśmy także, że badany efekt mutatorowy nie jest związany z powstaniem w warunkach nadprodukcji Mms2 stresu replikacyjnego, mierzonego ilością skupisk białek RPA wiążących jednościowe DNA. Wyniki sugerują udział Mms2 wraz z Ubc4 i Rad5 w stymulacji mutagennej aktywności polimerazy zeta.

Kolejny wątek naszych badań dotyczy mechanizmów kontrolujących funkcjonowanie polimerazy iota (Pol iota). Nasze uprzednie badania wykazały, że ta najbardziej mutagenna i zarazem najmniej poznana z polimeraz TLS, jest poliubikwitynowana i degradowana w wyniku działania na komórkę inhibitorów acetyltransferazowej aktywności wielofunkcyjnego białka p300. Obecnie pokazaliśmy, że p300 oddziałuje bezpośrednio z Pol iota i potwierdziliśmy, że polimeraza ta jest acetylowana *in vivo*. Określiśmy też przy pomocy spektrometrii mas, że miejsce acetylacji znajduje się w domenie RIR odpowiedzialnej za interakcję Pol iota z Rev1. Rozpoczęliśmy badania wpływu czynników uszkadzających DNA na poziom acetylacji Pol iota w komórce.

Opis najważniejszych osiągnięć:

1. Intrachromosomalna konwersja genów zależna od poliubikwitynacji PCNA i Rad59 jest hamowana przez Siz1.
2. Acetylacja lizyny 550 w domenie RIR polimerazy iota może odpowiadać za regulację stabilności tej polimerazy TLS.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Uzyskane wyniki stanowią kolejny krok w rozumieniu mechanizmów tolerancji uszkodzeń DNA. Zostały przedstawione w komunikatach zjazdowych i publikacji.

Publikacje:

5290, 4147/A, 4150/A, 4155/A

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

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

Cel badania:

1. Analiza systemu koniugacyjnego plazmidu pCTX-M3. Zweryfikowano poprawność konstrukcji zmutowanych wersji plazmidu koniugacyjnego pCTX-M3, w których gen *nikB*, *pri*, *traU* lub *traY* został zastąpiony genem *cat*. W oparciu o wspomniane warianty plazmidu pCTX-M3, przygotowano kolejne, z których usunięto również gen *cat*. W efekcie, po usunięciu genie pozostaje 82-85 nt „blizna”, która teoretycznie nie zaburza struktury operonu.
2. Badanie roli genu *orf35*, zlokalizowanego w rejonie wiodącym plazmidu pCTX-M3: a/oddziaływania *in vitro* składników relaksosomu plazmidu pCTX-M3: nikazy NikB, białka pomocniczego nikazy – NikA i białka Orf35, kodowanego w rejonie wiodącym plazmidu. Uprzednio, stosując drożdżowy system dwuhybrydowy, wykazano silne oddziaływanie białek NikA i NikB, NikA i Orf35, oraz nieco słabsze oddziaływanie NikB z Orf35. b/ w plazmidzie niosącym rejon *oriT*_{pCTX-M3} oraz zmutowany gen *orf35* (powstaje N terminalna część białka Orf35), poziom transkrypcji tego genu jest znacznie wyższy niż w obecności sekwencji *orf35* typu dzikiego. Przy tym Orf35 jest represorem operonu *tra*. Planujemy zbadanie miejsca wiązania białka Orf35.
3. W komórkach *Escherichia coli* niosących plazmid pCTX-M3*orf36::cat* jest podwyższony poziom transkrypcji genu *traH*, pierwszego genu kodującego systemu transportera, ale nie *nikA* i *nikB*, pierwszych genów operonu koniugacyjnego, kodujących składniki relaksosomu. Wytypowano zatem region DNA powyżej genu *traH*, w obrębie 3' końca genu *nikB*, zawierający hipotetyczny promotor genu *traH* i podjęto badanie miejsca wiązania do DNA produktu genu *orf36*.

Opis realizowanych prac:

- Ad 1. Zbadano zdolność do transferu koniugacyjnego plazmidów pCTX-M3Δ*nikB*, pCTX-M3Δ*pri*, pCTX-M3Δ*traU* i pCTX-M3Δ*traY* w obecności dodatkowego plazmidu kodującego odpowiedni gen (*nikB*, *pri*, *traU* lub *traY*) i dla kontroli w obecności „pustego” wektora. Dostarczone na dodatkowym plazmidzie geny *nikB* i *traY* w pełni przywracają zdolność do transferu koniugacyjnego plazmidów pCTX-M3Δ*nikB* i pCTX-M3Δ*traY*, gen *traU* – częściowo przywraca tę zdolność plazmidowi pCTX-M3Δ*traU*, a gen *pri* plazmidowi pCTX-M3Δ*pri* – wcale.
- Ad 2. a/Przygotowano plazmidy do nadprodukcji białek, produktów genów *orf35* i *nikB*, a także białka 6HisOrf35. Uzyskano nadprodukcję białka Orf35 i 6HisOrf35, natomiast w badanych warunkach nie dochodzi do nadprodukcji NikB. b/ Wykazano również, że białko Orf35 wiąże się do fragmentu DNA zawierającego sekwencję promotorową genu *orf35*, wykazano zatem jego funkcję jako autorepresora.
- Ad 3. Przygotowano plazmidy do nadprodukcji dwóch wariantów białka Orf36- dłuższej i krótszej. W badanych warunkach nie uzyskano widocznej nadprodukcji żadnej z wersji Orf36.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Uzyskano nadprodukcję białka Orf35 i 6HisOrf35.

Publikacje:

5235, 5273

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

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

Cel badań:

Ustalenie specyficzności substratowej i kinetyki naprawy przez dioksygenaz z rodziny AlkB.

Opis realizowanych prac:

1. Zaproponowano model kinetyczny naprawy HPA przez AlkB. Na jego podstawie wyznaczono prędkość początkową reakcji naprawy HPA przez AlkB, wynosi ona $8,0 \pm 0,5$ nM/min. Procesywność enzymu określono na 38 ± 4 cykle (obroty). Tak niewielka liczba obrotów wynika prawdopodobnie z dezaktywacji enzymu przez wysoce reaktywny dwualdehyd malonowy (MDA), uwalniany w trakcie procesu naprawy HPA. Dodatkowo wykazano hamowanie reakcji przez powstający produkt, prawdopodobnie w wyniku konkurencji substratu i produktu w centrum aktywnym białka (współpraca z prof. J. Poznańskim, IBB PAN).
2. Opracowano test biofizyczny pozwalający na rozróżnianie aktywnych form dioksygenaz z rodziny AlkB poprzez określania ich zdolności do wiązania kosubstratu i kofaktora oraz substratów za pomocą różnicowej fluorymetrii skaningowej (differential scanning fluorimetry, DSF) (współpraca z prof. J. Poznańskim, IBB PAN).
3. Oczyszczono ludzką dioxigenazę FTO nadeksprymowaną w *Escherichia coli*. Wyniki testu DSF wskazują na zdolność preparatu białka FTO do wiązania kosubstratu i kofaktora, co potwierdza, że preparat zawiera aktywną formę białka, jednak nie potwierdzono interakcji białka z wytypowanymi substratami. Wykazano natomiast silne oddziaływanie FTO z reina, znanym inhibitorem FTO oddziałującym z centrum aktywnym oraz emodyną i aloemodyną – potencjalnymi inhibitorami wyselekcjonowanymi na podstawie podobieństwa strukturalnego do reiny.
4. Jedyna dostępna struktura krystalograficzna ABH3 (PDB 2IUW) zawiera utlenioną Leu 177 w centrum aktywnym białka, przez co jej centrum aktywne ma odmienną geometrię, uniemożliwiającą wiązanie substratów. Uzyskano szereg mutantów miejscowo-specyficznych w celu sprawdzenia roli Leu177 w procesie katalitycznym. Wyniki DSF wskazują, że funkcjonalny mutant Leu177Val jest bardziej labilny temperaturowo, jednakże wiąże kofaktor i kosubstrat, może więc mieć aktywność katalityczną, a Val177 jest mniej podatna na uszkodzenie oksydacyjne niż Leu.
5. Określono lokalizację FTO w tkankach świnięch pobranych od 14-dniowych zdrowych prosiąt oraz prosiąt typu IUGR (ang. Intrauterine Growth Restriction). Pobraone tkanki zostały utrwalone, następnie po wykonaniu barwienia immunofluorescencyjnego dokonano wizualizacji za pomocą mikroskopu konfokalnego. Stwierdzono obecność FTO w poszczególnych odcinkach układu pokarmowego (współpraca prof. E. Grzesiuk, IBB PAN, prof. R. Zabielski, SGGW).
6. Kokryształizacja dioksygenazy AlkB z *E.coli* i jej ludzkiego homologa ABH3 z trimerami DNA zawierającymi HPA, HPC, εA lub 3mC. Przygotowano substraty – trimery T(HPA)T i T(HPC)T T(εA)T i T(3mC)T na dużą skalę, oczyszczono dioksygenazy AlkB i ABH3. Podczas pobytu w IRB Barcelona przeprowadzono ich kokryształizację z badanymi substratami DNA. Uzyskano kryształy, które poddane zostaną dalszej analizie (współpraca Prof. M. Coll, IRB).

Opis najważniejszych osiągnięć:

1. Stworzono model kinetyczny naprawy HPA przez AlkB.
2. Opracowano test biofizyczny pozwalający na rozróżnianie aktywnych form dioksygenaz z rodziny AlkB za pomocą różnicowej fluorymetrii skaningowej (DSF).

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Uzyskane wyniki zostaną wykorzystane w przygotowywanych publikacjach naukowych.

Publikacje:

4035/A, 4174/A

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

Zespół: prof. dr hab. Piotr Węgleński

Cel badania:

Poznanie mechanizmów regulacji genetycznej na prostych modelach eukariotycznych. Ustalenie zmian w strukturze cząsteczek tRNA mających związek z regulacją syntezy enzymów katabolizmu argininy.

Opis realizowanych prac:

Ustalono efekty mutacji w genie KaeA (suDpro) na syntezę enzymów szlaku katabolizmu argininy oraz na syntezę wielu innych enzymów katabolicznych u *Aspergillus nidulans*.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Wykazanie, że badany gen jest niespecyficznym regulatorem katabolizmu.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Uzyskane wyniki zostaną wykorzystane w przygotowywanych publikacjach naukowych.

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

Zespół: prof. dr hab. P. Stępień

Cel badania:

Ustalenie funkcji produktu genu SUV3 w jądrze komórkowym, indukowanie regulacji różnicowania komórek macierzystych.

Opis realizowanych prac:

Kontynuowano prace nad wariantami genu SUV3 pozbawionymi lidera mitochondrialnego oraz posiadające mutację w domenie warunkującej aktywność helikazową. Badano różnicowanie komórek macierzystych w kierunku neurogenezy pod wpływem induktora biogenezy mitochondriów – PQQ.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Badania wykazały indukcję podziałów komórkowych komórek HeLa przez kierowaną do jądra dziki wariant helikazy SUV3, w przeciwieństwie do tego, dominujący-negatywny wariant SUV3 zmutowany w domenie helikazowej hamował podziały komórkowe. Pozbawione domeny kierującej do mitochondriów białko SUV3 zlokalizowano na terenie jąderka. Nie stwierdzono obecności helikazy SUV3 w foci (skupieniach) naprawy DNA. Uzyskane wyniki sugerują udział helikazy SUV3 w regulacji cyklu komórkowego poprzez jąderka.

Stwierdzono, że wpływ PQQ na różnicowanie komórek macierzystych jest ściśle zależny od stadium rozwoju tych komórek: NSC (neural stem cells) – maximum efektu, ENP (early neural progenitors) lub NP (late neural progenitors).

Publikacje:

256/M

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 139 osób, w tym 111 w IBB PAN, 24 w Międzynarodowym Instytucie Biologii Molekularnej i Komórkowej (MIBMiK) oraz 4 w „Centrum Nowych Technologii Ochota Uniwersytetu Warszawskiego”. W 2016 r. na studia doktoranckie przyjęto 26 osób, z czego 14 osób w wyniku trójstopniowego egzaminu wstępnego, do którego przystąpiło 28 osób. Egzamin obejmował znajomość języka angielskiego, pisemny test oraz ustną prezentację wyników prac magisterskich, połączoną z rozmową z kandydatami. Egzamin ustny przeprowadziła 11-to osobowa komisja składająca się z samodzielnych pracowników naukowych, reprezentujących poszczególne kierunki badawcze Instytutu. 12 osób zostało przyjętych w ramach rekrutacji do projektów realizowanych w IBB PAN. W 2016 roku 13 doktorantom został nadany tytuł doktora.

Działalność dydaktyczna:

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

- „Cellular logistics-selected aspects of molecular cell biology”; prowadzący: prof. J.M. Bujnicki, dr hab. M. Nowotny, prof. J. Jaworski, prof. M. Międzyńska, prof. A. Chacińska, prof. J. Kuźnicki.
- „Patologia molekularna wybranych chorób genetycznie uwarunkowanych”; prowadzący: prof. J. Bal, dr E. Obersztyn, dr B. Nowakowska, dr M. Gos, mgr D. Śniegórska, mgr K. Niepokój, dr M. Rzońca, dr K. Wertheim-Tysarowska, dr P. Gawiliński, dr A. Charzewska, Dr D. Hoffman-Zacharska.

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 szczególnie 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 ocenione zostały przez dwóch samodzielnych pracowników naukowych IBB PAN.

Doktoranci są współautorami 46. pełnych prac naukowych oraz 92. komunikatów lub plakatów przedstawionych na zjazdach krajowych i zagranicznych. Czternastu doktorantów otrzymało dodatkowe finansowanie z funduszy SD (6-8 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. Laureaci mini-grantów obowiązują przedstawienie sprawozdania merytorycznego i finansowego.

Finanse:

W roku sprawozdawczym Studium Doktoranckie otrzymało 150 000 zł w ramach finansowania działalności budżetowej IBB PAN przez Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego. Z tych funduszy sfinansowano mini granty oraz pokryto częściowo udział doktorantów w konferencjach naukowych.

W 2016 roku trzech doktorantów otrzymało projekty PRELUDIUM, trzech doktorantów projekty 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 Marta Moskot, dr Piotr Golec, mgr Tomasz Gąsior (doktorant)

Cel badania:

1. Analiza transkryptomu łuszczykowych ludzkich keratynocytów pod wpływem działania genisteiny w warunkach *in vitro*.
2. Ocena zasadności potencjalnego zastosowania NLPZ w leczeniu neurologicznych objawów chorób metabolicznych.
3. Określenie mechanizmów regulacji ekspresji genów oraz replikacji bakteriofagów lambdoidalnych niosących geny toksyn Shiga.
4. Opracowanie skutecznej terapii przeciwko infekcjom bakteryjnym u zwierząt domowych opartej na wykorzystaniu właściwości bakteriofagów.

Opis realizowanych prac:

- Ad 1. Badania nad opracowaniem sposobu identyfikowania odpowiedzi chorego na łuszczycę na leczenie genisteiną z użyciem modelowego materiału keratynocytów skórnych w warunkach *in vitro* pozwoliły zauważyć fakt, iż w zbiorze genów o modulowanej aktywności znajduje się m.in. grupa genów lizosomalnych. Analizy ontologiczne wykazały, iż wśród struktur komórkowych charakteryzujących się największą liczbą genów o zmienionej ekspresji wyróżniały się przedziały endosomalno-wakuolarno-lizosomalne, dla najbardziej pozytywnie modulowanego poziomu ekspresji genów. Metoda rankingowania genów w algorytmie GSEA wskazała na istotne wzbogacenie grupy genów szlaków endosomalno-lizosomalnych.
- Ad 2. Ocena wpływu niesteroidowych leków przeciwzapalnych (NLZP, tj. acetaminofenu, indometacyny i nimesulidu) na metabolizm złogów komórkowych (tj. glikozoaminoglikanów, GAG) występujących u chorych z neurologicznymi formami mukopolisacharydoz (MPS), zaliczanych do lizosomalnych chorób spichrzeniowych (LChS) pozwoliła stwierdzić najlepszy efekt modulacji tego procesu w przypadku zastosowania nimesulidu i indometacyny, a także mieszaniny tych związków z genisteiną. Badania wskazały na istotny wpływ tych substancji na poziom aktywacji ścieżek sygnałowych EGFR oraz PI3K.
- Ad 3. Badania mechanizmów regulacji ekspresji genów bakteriofagów lambdoidalnych niosących geny toksyn Shiga wskazały na istnienie pierwszego odkrytego w komórkach prokariotycznych funkcjonalnego micro-RNA. Częsteczką tą kodowaną jest przez bakteriofaga Phi24B i ma rolę w regulacji ekspresji genów bakteriofaga, wpływając na kontrolę jego rozwoju. Inne badania wskazały na istotny udział stresu oksydacyjnego w regulacji rozwoju bakteriofagów lambdoidalnych niosących geny toksyn Shiga.
- Ad 4. Badania nad opracowaniem fagoterapii u zwierząt pozwoliły na identyfikację fagów o potencjale terapeutycznym oraz wykorzystanie tych fagów w infekcjach psów. Udało się wykazać skuteczność fagoterapii w infekcjach bakteryjnych skóry oraz ran czy ropni skórnych.

Opis najważniejszych osiągnięć:

- Ad 1. Identyfikacja genisteiny jako potencjalnego leku na łuszczycę.
- Ad 2. Wyjaśnienie molekularnego mechanizmu działania wyselekcjonowanych NLPZ jako substancji modulujących metabolizm spichrzanych związków u chorych na LChS.
- Ad 3. Uzyskane wyniki były pierwszym opisaniem przypadkiem istnienia funkcjonalnego micro-RNA w komórkach prokariotycznych.
- Ad 4. Uzyskana wiedza jest podstawą opisu perspektywicznej terapii atopowego zapalenia skóry u psów z wykorzystaniem bakteriofagów.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Wyniki badań będą publikowane w czasopiśmie naukowym

Publikacje:

5186, 5193, 5229, 5230, 5258, 5277, 5310, 5311, 5319, 5326

Temat nr: 32.2: Białka opiekuńcze w transformacji nowotworowej.

Zespół: prof. dr hab. Maciej Żylicz

Cel badania:

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

Opis realizowanych prac:

1. Udział białek opiekuńczych w nabywaniu chemiooporności komórek nowotworowych zawierających jednocześnie mutacje typu zmiany sensu odczytu w *TP53* oraz nadprodukcję onkogenu MDM2.
2. Udział długiego niekodującego RNA, MALAT1, ID4 oraz zmutowanego p53 w alternatywnym składaniu mRNA *VEGFA*.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Ad 1. Upřednio wykazaliśmy, że białka opiekuńcze HSP90, HSP70, HSP40 stabilizując kompleks mutp53-TAp73 częściowo hamują apoptozę zależną od TAp73, indukując jednocześnie chemiooporność komórek raka piersi i płuca na czynniki uszkadzające DNA. W tych warunkach nadprodukcja MDM2 powoduje usunięcie białek opiekuńczych z kompleksu i powstanie trójskładnikowego kompleksu mut p53-TAp73-MDM2 wzmagającego chemiooporność komórek nowotworowych. Analiza profilu molekularnego komórek nowotworowych pobranych od pacjentów z rakiem piersi i płuca (baza danych TCGA, the Cancer Genome Atlas) potwierdza te wyniki. Pacjenci poddani chemioterapii, których komórki nowotworowe zawierają jednocześnie mutacje w genie *TP53* i nadprodukują mRNA MDM2 mają znacząco mniejsze szanse na przeżycie w stosunku do pacjentów zawierających tylko zmutowane *TP53*, lub tylko nadprodukcję mRNA MDM2. Efekt ten jest silnie skorelowany z wysokim poziomem białek opiekuńczych należących do rodziny HSP40 (DnaJB1 oraz DnaJB6) oraz HSP90 β a także niskim poziomem DnaJB4 i HSP90 α . Niska przeżywalność pacjentów raka piersi (mut *TP53*, wysoki poziom MDM2) nie koreluje z poziomem białek należących do rodziny HSP70, z wyjątkiem HSPA6, który nie wymaga do swojej aktywności białek należących do rodziny HSP40. Analiza ekspresji 20. tysięcy genów komórek raka piersi wskazuje, że ekspresja onkogenu *E2F1* jest znacząco podwyższona w komórkach raka piersi, które jednocześnie posiadają zmutowany *TP53* i nadprodukują MDM2.

Ad 2. Wyniki doświadczeń wykonanych na dwóch liniach komórkowych raka piersi SKBR3 (linia z endogennym p53 R175H) oraz MDA-MB-468 (linia z endogennym p53 R273H) jednoznacznie wskazują, że podwyższony poziom białka ID4 oraz obecność zmutowanego *TP53* wpływają na alternatywny splicing/składanie mRNA *VEGFA*, promując powstawanie jego proangiogennej formy. Analiza krzywych przeżywalności Kaplan-Meier dla 201. pacjentów z bazalnym rakiem piersi (Breast Cancer Compendium cohort) pokazują, że grupa pacjentów z podwyższonym poziomem mRNA *ID4*, zmutowanym *TP53* i podwyższonym poziomem mRNA proangiogennej formy *VEGFA* wykazują dużo krótszą przeżywalność w porównaniu do pacjentów z niskim poziomem mRNA wymienionych genów.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Przedstawione powyżej wyniki posłużyły do napisania dwóch manuskryptów.

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 Agnieszka Kielan, mgr Tomasz Walter

Cel badania:

Poznanie mechanizmów efektywnego działania systemu aktywnej segregacji (partycji) plazmidu-profaga P1 oraz weryfikacja możliwości konstrukcji w oparciu o kasetę partycyjną P1 kaset partycyjnych przydatnych do stabilizacji heterologicznych plazmidów.

Opis realizowanych prac:

Próby potwierdzenia funkcji alternatywnego miejsca startu translacji w genie białka partycyjnego ParA P1, poprzez analizę proteomu strukturalnego P1 gdzie mógłby znaleźć się alternatywny, krótszy produkt tego genu, wykazały jedynie obecność formy dłuższej, co wskazuje, wraz z poprzednimi wynikami wskazującymi na brak krótszej formy ParA w lizogenach, na niefunkcjonalność alternatywnego miejsca startu translacji genu parA w komórkach *Escherichia coli*. Może to sugerować, że alternatywny start jest wykorzystywany podczas partycji P1 w innych gospodarzach niż *E. coli*. Jako gospodarza do dalszych badań wybrano środowiskowy szczep bakterii rodzaju *Pantoea*. W ramach współpracy z Samodzielnym Zakładem Biologii Mikroorganizmów WRiB SGGW oraz z Pracownią Sekwencjonowania DNA i Syntezy Oligonukleotydów IBB PAN kontynuowano badanie losów faga P1 po zainfekowaniu komórek tego izolatu. Analiza sekwencji totalnego DNA badanego izolatu ujawniła, że przyczyną nie utrzymywania się profaga P1 w jego komórkach może być rezydujący tam plazmid, którego rejon kasety replikacyjnej i partycyjnej jest homologiczny do rejonu tych kaset u profaga P1. Prace nad konstrukcją na bazie P1 pochodnej zdolnej do eliminacji rezydującego plazmidu i lizogenizacji badanego szczepu są w toku. Lizogeny posłużą jako materiał wyjściowy do określenia, czy dochodzi w nich do ekspresji krótszej formy genu parA. Uzupełniono wyniki obserwacji mikroskopowych wskazujących na relokację w komórkach produkujących białko partycyjne ParB P1, plazmidów o replikonie typu pSC101 niosących rejon centromerowy P1 (parS), oraz tandemowe powtórzenia operatora lacO wiążące białko fuzyjne LacI-Egfp. Testy stabilności tych plazmidów potwierdziły ich utratę podczas podziałów komórkowych na skutek błędnej lokalizacji. Kontynuowano również analizę funkcjonalną poprzednio zidentyfikowanych genów kodujących nowe potencjalne holiny faga P1. Analiza obrazów mikroskopowych lizogenów dzikiego P1 oraz pochodnych P1 z mutacjami w tych genach, w trakcie lizy po indukcji rozwoju litycznego faga, wykazała obraz charakterystyczny dla lizy z udziałem pinholin, co wskazuje, że produkty zidentyfikowanych genów są pinholinami.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Identyfikacja w szczepie środowiskowym *Pantoea* plazmidu o replikonie i rejonie partycyjnym homologicznym do replikonu i rejonu partycyjnego plazmidu-profaga P1.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Wyniki zostaną wykorzystane w planowaniu dalszych heterologicznych konstruktów z kasetą partycyjną P1.

Publikacje:

5297, 4172/A, 4173/A, 258/M, 877N

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

Zespół: prof. dr hab. Andrzej Jerzmanowski, dr hab. Marta Koblowska, dr Roksana Iwanicka-Nowicka, dr Szymon Świeżewski, dr Ruslan Yetushevich, dr Lien Brzeźniak, dr Krzysztof Kokoszka, mgr Magda Kroteń, mgr Katarzyna Wawerska, mgr Małgorzata Marczak, doktoranci: mgr Maciej Lirski, mgr Justyna Kowalczyk, mgr Małgorzata Palusińska, mgr Halina Fedak, mgr Agata Wróblewska, mgr Katarzyna Krzyczmonik, mgr Grzegorz Brzyżek

Cel badania:

Ustalenie molekularnych mechanizmów działających na poziomie chromatyny, odpowiedzialnych za koordynację wzrostu, rozwoju i procesów adaptacji roślin do środowiska. Poznanie mechanizmów regulacji czasu spoczynkowego nasion a także kontroli odpowiedzi na suszę przez białko DOG1.

Opis realizowanych prac:

Badano rolę zależnej od bodźców środowiskowych regulacji proporcji wariantów histonu H1 w dystrybucji nukleosomów i znaczników epigenetycznych w chromatynie *Arabidopsis thaliana*. Analizowano także mechanizmy regulacji transkrypcji w *Arabidopsis*, zależne od remodelera chromatyny, białka BRM. Badano rolę antysensownego niekodującego białka transkryptu w regulacji transkrypcji genu *DOG1* kluczowego regulatora czasu spoczynkowego nasion.

Opis najważniejszych osiągnięć:

1. Ustalono zależność między dystrybucją nukleosomów w genomie *Arabidopsis*, a obecnością kompletu wariantów histonu H1.
2. Scharakteryzowano pod względem funkcjonalnym najważniejsze białka *Arabidopsis* zawierające bromodomenę.
3. Zidentyfikowano nieznane dotąd białko *Arabidopsis* o cechach ważnego regulatora chromatynowego – HMGA.
4. Opisano antysensowny niekodujący transkrypt na genie *DOG1*.
5. Opisano mechanizm regulacji ekspresji genów po przez kompleksy SWI/SNF wiążące się do 3' końców genów, w tym genu *DOG1*.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Wyniki badań będą publikowane w czasopismach naukowych

Publikacje:

5196, 5197, 5294, 5335, 4080/A, 4081/A, 4082/A, 4171/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:

Wyprodukowanie w roślinnym systemie ekspresji rekombinowanego białka HA::M2e. Białko to zawiera ektodomenę białka M wstawioną w miejsce tzw. „główki” białka hemaglutyniny (HA) wirusa grypy. Kontynuowanie prac mających na celu określenie aktywności biologicznej w warunkach *in vivo* rekombinowanego białka chimerycznego CMTI::GM-CSF złożonego 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:

Prowadzone prace są rozszerzeniem i uzupełnieniem prowadzonych przez grupę szeroko zakrojonych badań nad szczepionką DNA przeciwko wirusowi grypy oraz metodach jego wykrywania.

Sekwencję kodującą chimeryczne białko HA::M2e sklonowano w wektorze do ekspresji przejściowej w systemie roślinnym. Przeprowadzono transformację roślin tytoniu *Nicotiana benthamiana*. Metodą Western blot potwierdzono produkcję rekombinowanego białka w pobranych próbkach materiału roślinnego. Następnie oczyszczano rekombinowane białko HA::M2e wykorzystując etykietę 6xHis. Mimo zastosowania różnych warunków oczyszczania nie udało się uzyskać zadowalających rezultatów.

Z uzyskanego wcześniej materiału roślinnego po transformacji tytoniu czyszczono rekombinowane białko chimeryczne CMTI::GM-CSF i użyto go w szczepieniach myszy jako adiuwant szczepionki DNA. Odpowiedź immunologiczną typu humoralnego analizowano metodą ELISA natomiast typu komórkowego cytometrią przepływową. Ponadto, prowadzono badania nad szczepionką DNA przeciwko wirusowi grypy oraz nad bioczuJNIkami wykrywającymi wirusa grypy.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Uzyskano rekombinowany plazmid do transformacji tytoniu zawierający sekwencję kodującą chimeryczne białko HA::M2e. Potwierdzono wysoką aktywność biologiczną rekombinowanego białka CMTI::GM-CSF w warunkach *in vivo*.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Wyniki badań zostaną wykorzystane w publikacjach naukowych.

Uzyskano patent nr PL395796: „Rekombinowana molekula DNA, wektor ekspresyjny, rekombinowane białko oraz zastosowanie molekuly kodującej białko” przyznany przez Urząd Patentowy RP.

W ramach prac dotyczących szczepionki DNA oraz bioczuJNIków uzyskano patent USA (rozszerzenie na USA wcześniej uzyskanego patentu PL220281) oraz, wspólnie z zespołem naukowców z IRZiBŻ PAN, uzyskano dwa inne patenty polskie (PL222314 i PL222250).

Publikacje:

5191, 5195, 5317

Temat nr 36: Metody informatyczne w biologii molekularnej.

Zespół: prof. dr hab. Piotr Zielenkiewicz, prof. dr hab. Leszek Pączek, dr hab. Piotr Pawłowski, dr hab. Szymon Kaczanowski, dr hab. Krzysztof Mucha, dr Paweł Szczęsny, dr Arkadiusz Gładki, dr Radosław Zagożdżon, mgr Anna Łukasik, mgr Małgorzata Habich, mgr Dariusz Izak

Cel badania:

Zastosowanie metod bioinformatycznych do rozwiązywania problemów biologii molekularnej.

Opis realizowanych prac:

Zweryfikowano rolę hipofosfatemii w upośledzeniu pracy przepony w modelu zwierzęcym. Trwają prace nad identyfikacją biomarkera hipofosfatemii w moczu niemowląt. Skonstruowano wstępny model obiegu fosforanów w organizmie obejmujący podstawowe sposoby regulacji. Opracowano model wzrostu dzieci w wieku 0-13 lat na podstawie danych WHO. Wyodrębniono jednostki chorobowe które dotyczą zaburzeń homeostazy fosforanów w organizmie i pogrupowano je zgodnie z etiologią. Opracowano model niewrażliwości rybosomu *Plasmodium falciparum* na sekwencje poliadeninowe w regionach kodujących – jest to wyróżniająca cecha rybosomów *P. falciparum* na tle innych organizmów eukariotycznych.

Kontynuowano badanie ewolucji molekularnej apoptozy, interakcji genetycznych i genetyki populacyjnej.

Rozpoczęto prace dotyczące roli białka PRDX1 w raku piersi (poszukiwanie genów o podwyższonej lub obniżonej ekspresji u pacjentów z podwyższonym poziomem białka PRDX1).

W roku 2016 zakończono pracę nad serwisem tools4miRs, który gromadzi i kategoryzuje bardzo dużą liczbę narzędzi bioinformatycznych przydatnych w szeroko pojętej analizie cząsteczek miRNA. Finalna wersja serwisu znajdująca się na stronie www.tools4mirs.org opisuje ponad 180 metod bioinformatycznych podzielonych na 4 ogólne i 7 szczegółowych kategorii.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Eksperymentalne potwierdzenie obecności miRNA pochodzących z pożywienia w mleku zdrowych karmiących matek.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Wniosek patentowy USA – 14/913,650; europejski wniosek patentowy – EP 14766010.4

Publikacje:

5197, 5203, 5225, 5252, 5286, 5289, 5325, 5335, 856/N, 4165/A, 4167/A, 4168/A, 4170/A

Temat nr 37: Mechanizmy kontrolujące proces patogenezy komórek roślinnych.

Zespół: prof. dr hab. Jacek Hennig, dr Marta Grech-Baran, dr Małgorzata Lichocka, mgr Izabela Barymow-Filoniuk, doktoranci: mgr Dominika Kamrowska, mgr inż. Wojciech Rymaszewski

Cel badania:

Rozpoczęliśmy badania mające na celu izolację i charakterystykę genów warunkujących odporność roślin Ziemniaka uprawnego (*Solanum tuberosum* L.) na infekcję wirusem Y ziemniaka (ang. Potato Virus Y, PVY). Ponadto, kontynuowaliśmy badania udziału białka Aneksyny-5 z *Arabidopsis thaliana* w procesie rozwoju plastydów w organach 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 jest izolacja genu/-ów warunkujących odpowiedzi ER po infekcji PVY.

Dla wyodrębnienia z genomu ziemniaka genów warunkujących fenotyp ER, zastosowaliśmy nową technologię (ang. RenSeq) umożliwiającą „zagęszczanie celów”, w tym przypadku genów kodujących białka NB-LRR, odpowiedzialne za zjawisko odporności na infekcje. Następnie stosując technologię sekwencjonowania nowej generacji (ang. NGS), wykorzystując platformy: Illumina/Solexa® i PacBio® udało się nam zidentyfikować dwanaście nieopisanych dotychczas genów *R*, kodujących białka z nadrodziny NB-LRR. Siedem z nich zakwalifikowaliśmy do podrodziny TIR-NB-LRR a pozostałe do podrodziny CC-NB-LRR. Analiza funkcji poszczególnych z tych białek jest w toku.

Przeprowadziliśmy także analizy, na poziomach molekularnym i struktur komórkowych, różnych stadiów rozwojowych pyłku, w kwiatach roślin *A. thaliana*, o zmienionej ekspresji genu *AnnAt5*, kodującego Aneksynę-5. W liniach roślin o zwiększonej ekspresji genu *AnnAt5* stwierdziliśmy liczne aberracje w morfogenezie plastydów prowadzące do drastycznych zmian w metabolizmie skrobi w ziarnach pyłku.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Wykorzystanie zestawu technik NGS doprowadziło do wyselekcjonowania dwunastu sekwencji kodujących nieopisane dotychczas geny *R*. Niektóre z nich determinują odporność roślin Ziemniaka uprawnego na infekcję wirusem Y ziemniaka (PVY).

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Wyniki badań będą publikowane w czasopismach naukowych.

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 (określających tzw. haplogrupy mitochondrialne) w rozwoju licznych wieloczynnikowych chorób człowieka, jak np. cukrzyca typu 2 czy jaskra. Z wykorzystaniem opracowanej w naszej pracowni metody sekwencjonowania wysokoprzepustowego całych genomów mitochondrialnych na platformie MiSeq, Illumina, zidentyfikowano warianty mtDNA i określono haplogrupę mitochondrialną dla: 73. pacjentów z cukrzycą typu II i 93. osób z dopasowanej grupy kontrolnej bez cukrzycy oraz 99. pacjentów z jaskrą niskiego ciśnienia oraz 100 osób z grupy kontrolnej bez jaskry. Rozkład haplogrup mitochondrialnych przedstawiono w tabelach poniżej.

Haplogrupa mitochondrialna	Cukrzyca typu II (n=73)	Grupa kontrolna (n=93)
C	1 (1%)	0 (0%)
D	0 (0%)	2 (2%)
H	28 (38%)	37 (40%)
HV	0 (0%)	1 (1%)
I	0 (0%)	1 (1%)
J	5 (7%)	9 (10%)
K	5 (7%)	5 (5%)
N	0 (0%)	1 (1%)
R	1 (1%)	2 (2%)
T	7 (10%)	7 (8%)
U	21 (29%)	18 (19%)
V	1 (1%)	6 (6%)
W	2 (3%)	2 (2%)
X	2 (3%)	2 (2%)

Tabela 1. Rozkład haplogrup mitochondrialnych w grupie pacjentów z cukrzycą typu II i grupie kontrolnej bez cukrzycy.

Haplogrupa mitochondrialna	Jaskra niskiego ciśnienia (n=99)	Grupa kontrolna (n=100)
C	0 (0%)	1 (1%)
D	0 (0%)	2 (2%)
G	1 (1%)	0 (0%)
H	46 (46%)	34 (34%)
HV	2 (2%)	3 (3%)
I	1 (1%)	4 (4%)
J	7 (7%)	10 (10%)
K	6 (6%)	3 (3%)
N	1 (1%)	1 (1%)
R	1 (1%)	0 (0%)
T	7 (7%)	9 (9%)
U	19 (19%)	16 (16%)
V	6 (6%)	10 (10%)
W	2 (2%)	2 (2%)
X	0 (0%)	4 (4%)
Z	0 (0%)	1 (1%)

Tabela 2. Rozkład haplogrup mitochondrialnych w grupie pacjentów z jaskrą niskiego ciśnienia i grupie kontrolnej bez jaskry.

Analiza statystyczna rozkładu haplogrup mitochondrialnych nie wykazała znaczących różnic pomiędzy badanymi grupami pacjentów a odpowiednimi grupami kontrolnymi. Otrzymane wyniki sugerują brak asocjacji pomiędzy haplogrupami mitochondrialnymi a rozwojem cukrzycy typu II i jaskry niskiego ciśnienia w populacji polskiej.

Ponadto w badanych grupach pacjentów zidentyfikowano wiele rzadkich i nowych wariantów mtDNA, których charakter i znaczenie w rozwoju tych chorób są nadal badane.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Określenie haplogrupy mitochondrialnej oraz identyfikacja wariantów mtDNA dla 73. pacjentów z cukrzycą typu II i 93. osób z dopasowanej grupy kontrolnej bez cukrzycy oraz 99. pacjentów z jaskrą niskiego ciśnienia oraz 100 osób z grupy kontrolnej bez jaskry.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Wyniki badań zostaną wykorzystane w publikacjach naukowych.

Publikacje:

5198, 5348, 4101/A, 4103/A, 4104/A, 4134/A, 4151/A, 4152/A, 4153/A, 254/M, 866/N

Temat nr 41: Oksydacyjne uszkodzenia DNA.

Zespół: prof. dr hab. Barbara Tudek, dr hab. Elżbieta Speina, doktoranci: mgr Jolanta Czerwińska, mgr Dorota Dziuban, mgr Ewelina Borsuk

Cel badania:

Zainteresowania grupy koncentrują się wokół zagadnień związanych z wpływem metabolizmu komórkowego, szczególnie peroksydacji lipidów na przebieg chorób związanych z dysfunkcją naprawy DNA, a także wpływem naprawy DNA na rezultat terapii przeciwnowotworowych.

Opis realizowanych prac:

Badano wpływ produktów peroksydacji lipidów (LPO), 4-hydroksynonenalu (HNE), aldehydu krotonowego (CRO) i akroleiny (ACR) na przebieg zespołu przedwczesnego starzenia spowodowanego upośledzeniem endonukleazy ERCC1/XPF. Analizowano poziom reaktywnych form tlenu (ROS), stopień utlenienia białek, a także aktywność enzymów antyoksydacyjnych w mysich embrionalnych fibroblastach (MEF) typu dzikiego (WT) oraz *Ercc1*^{-/-}. Badano także wpływ produktów LPO na przebieg zespołu niedokrwistości Fanconiego (FA) z dysfunkcją białek FANCD2, FANCI i FANCA. Badano dynamikę replikacji, sygnalizację uszkodzeń DNA, cykl komórkowy i indukcję apoptozy oraz senescencji.

Badano także naprawę uszkodzeń DNA w terapii fotodynamicznej (PDT) komórek opornych i wrażliwych na PDT. Określono stopień stresu oksydacyjnego, gromadzenie fotouczulacza, przebieg cyklu komórkowego, a także przeprowadzono analizę proteomiczną komórek wrażliwych i opornych na PDT.

Opis najważniejszych osiągnięć:

W komórkach *Ercc1*^{-/-} zaobserwowano wyższy poziom karboksylowanych białek w stosunku do komórek typu dzikiego (WT), a także niższą aktywność peroksydazy i S-transferazy glutationowej (GST), ale nie dysmutazy ponadtlenkowej. Pokazano również, iż w większej liczbie komórek *Ercc1*^{-/-} niż WT następuje akumulacja ROS po traktowaniu związkami toksycznymi. Tak więc, że stres oksydacyjny i przyspieszone starzenie myszy *Ercc1*^{-/-} może być związane z upośledzeniem enzymów antyoksydacyjnych, szczególnie GST biorącej udział w usuwaniu produktów LPO, które z kolei rozprzęgają łańcuch oddechowy i oksydacyjną fosforylację i stymulują powstawanie reaktywnych form tlenu w mitochondriach.

Badając rolę LPO w przebiegu zespołu Fanconiego wykazano, że HNE, CRO i ACR hamują ubikwitynację i agregację FANCD2, a więc mogą zapobiegać aktywacji szlaku FA. Wykazano także hamujący wpływ na replikację i inicjację rekombinacji homologicznej. Następowala natomiast indukcja naprawy DNA poprzez łączenie końców niehomologicznych. Produkty LPO aktywowały apoptozę w liniach komórkowych z mutacjami w genach szlaku FA. Wyniki te rzucają nowe światło na mechanizm starzenia i chorób degeneracyjnych pod wpływem stresu oksydacyjnego. Wydają się potwierdzać hipotezę, że peroksydacja lipidów może przyczyniać się do rozwoju niedokrwistości Fanconiego.

Badając rolę naprawy DNA w oporności na terapię fotodynamiczną (PDT) wykazano, że usuwanie 8-oksyGua jest bardziej wydajne w opornych na PDT komórkach glejaka, U87-R niż wrażliwych na PDT, U87-S. W U87-R powstaje też mniej jedno- i dwuniciowych przerw DNA podczas PDT, a ich naprawa jest bardziej wydajna niż w U87-S. U87-R produkowały mniej fotouczulacza, protoporfiryny IX niż U87-S, a w konsekwencji mniej reaktywnych form tlenu. Faza G1 cyklu komórkowego była wydłużona w komórkach U87-R. Zaobserwowano też różnice w poziomie kilku białek w komórkach opornych i wrażliwych, m.in. białek sygnalizacyjnych.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

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

Publikacje:

5190, 5256, 4012/A, 4013/A, 4036/A, 4037/A, 4038/A, 4052/A, 4110/A, 4111/A, 257/M

Temat nr 42: Mutacje indukowane i adaptacyjne.

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

Cel badania:

Realizowano następujące cele:

1. Ocena przydatności dwóch szczepów *E.coli* zmutowanych w genie *alkB* w badaniach nad rolą białka AlkB i jego homologów w naprawie uszkodzeń alkilacyjnych w DNA.
2. Charakterystyka wiązanego z otyłością białka FTO i jego funkcji.
3. Ekspresja białek ALKBH w nowotworach.
4. Ocena właściwości antynowotworowych nowych pochodnych stilbenów i oksepin.
5. Identyfikacja genów biorących udział w odpowiedzi bakterii *Pseudomonas putida* KT2440 i *Shewanella oneidensis* MR-1 na czynniki alkilujące MMS, MNNG i cis-platynę.

Opis realizowanych prac:

1. Wykorzystując metodę sekwencjonowania całego genomu bakteryjnego udowodniono, że szczep HK82 powszechnie stosowany do badań nad dioksygenazami AlkB zawiera dodatkowe mutacje, które dyskwalifikują go jako mutant *alkB*, natomiast DNA szczepu BS87 poza mutacjami charakterystycznymi dla *E.coli* AB1157 ma wyłącznie mutację w genie *alkB* (publikacja 5205).
2. W systemie bakulowirusa oczyszczono białko FTO, jeden z dziewięciu ludzkich homologów bakteryjnego białka AlkB. Stosując techniki MST i HDX wykazano tworzenie kompleksu FTO-calmodulina, co rzuca nowe światło na dimeryzację/monomeryzację FTO zależną od kalmoduliny i wapnia.
3. Analizując przy użyciu metody western blot próbki 66 nowotworów nosogardzieli wykazano nadekspresję białek ALKBH 1, 3, 4, 5 i FTO w tych nowotworach w stosunku do zdrowego obrzeża. Zaowocowało to poszukiwaniem inhibitorów ALKBH jako ewentualnych związków wspomagających terapię antynowotworową (zgłoszenie patentowe P.419848).
4. Przebadano 11 nowych pochodnych stilbenów i oksepin uzyskanych we współpracy z Wydziałem Chemii PW (publikacja 5257). Dwie pochodne stilbenów JJR5 i JJR6 były szczególnie aktywne w indukcji apoptozy w komórkach nowotworowych i zmieniały ekspresję białek zaangażowanych w naprawę DNA, apoptozę, cykl komórkowy i stres oksydacyjny.
5. Dzięki mutagenезie transpozonowej uzyskano biblioteki mutantów insercyjnych bakterii *P. putida* KT2440 i *S. oneidensis* MR-1. Biblioteki te zostały poddane badaniu przesiewowemu pod kątem wrażliwości na MMS, MNNG i cis-platynę. Zidentyfikowano geny zinaktywowane w mutantach wrażliwych na wymienione mutageny.

Opis najważniejszych osiągnięć:

1. Odkrycie nadekspresji białek ALKBH w nowotworach.
2. Wyselekcjonowanie nowych pochodnych stilbenów o właściwościach antynowotworowych
3. Identyfikacja genów biorących bezpośrednio lub pośrednio udział w odpowiedzi bakterii *P. putida* KT2440 i *S. oneidensis* MR-1 na stres genotoksyczny, w tym genów o nieznannej jeszcze funkcji.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

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

Publikacje:

5205, 5257, 5284, 4039/A, 4041/A, 4042/A, 4064/A, 4067/A, 4094/A, 4148/A

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, doktoranci: mgr Ewa Lewicka, mgr Monika Mitura, mgr Karolina Kotecka, mgr Magdalena Modrzejewska

Cel badania:

Celem badań nad plazmidami koniugacyjnymi o szerokim spektrum gospodarzy BHR (z grup niezgodności IncP-1 i IncU) jest zidentyfikowanie mechanizmów regulacji ekspresji genów (w module replikacji, stabilności i transferu koniugacyjnego) warunkujących adaptację tych plazmidów do odległych filogenetycznie gospodarzy. Celem drugiego kierunku naszych badań jest wyjaśnienie pleiotropowego działania chromosomalnie kodowanych białek Par (homologów plazmidowych białek partycyjnych) w *Pseudomonas aeruginosa*.

Opis realizowanych prac:

Przeprowadzono analizę ilościową transkryptów (RT-qPCR) powstających w obrębie modułu stabilizacyjnego plazmidu o szerokim spektrum gospodarzy RA3 (IncU) w *E. coli*. W tym samym gospodarzu przeanalizowano powstające transkrypty w różnych pochodnych delecyjnych tego modułu (bez poszczególnych promotorów czy genów regulatorowych). Zbadano właściwości stabilizacyjne wariantów modułu w różnych gospodarzach: *E. coli*, *Pseudomonas putida*, *Ralstonia eutropha*, *Agrobacterium tumefaciens* i *Paracoccus aminovorans*, aby ustalić rolę poszczególnych genów w stabilizacji plazmidu w różnych gospodarzach.

Szczególnie interesująca jest funkcja miozyno-podobnych białek alfa-helikalnych KfrA i KfrC kodowanych przez plazmidy BHR. Skonstruowano pochodne delecyjne plazmidów R751 (IncP-1 β) i RA3 (IncU) pozbawione genów *kfrA*, *kfrC* oraz *kfrA-kfrC*. Równolegle badano oddziaływania białek KfrA i KfrC i ich właściwości dimeryzacyjne stosując bakteryjny system dwuhybrydowy BACTH.

W drugim kierunku naszych badań analizowano uzyskane dane transkryptomiczne wybranych mutantów *parS* *P. aeruginosa*, a także dane transkryptomiczne efektów nadprodukcji białka ParB w komórkach szczepu dzikiego. Wykonano doświadczenia typu ChIP przy użyciu przeciwciał anti-ParB dla szczepu dzikiego *P. aeruginosa*, przy nadprodukcji ParB oraz kilku mutantów *parS* oraz przeprowadzono analizy typu ChIP-qPCR i ChIP-seq. Przeprowadzono doświadczenia typu DNA pull-down assay połączone z analizą spektrometrii mas dla wybranych sekwencji promotorowych i *parS* z genomu *P. aeruginosa*.

Opis najważniejszych osiągnięć:

1. Skorelowano poziom poszczególnych transkryptów w obrębie kasety stabilizacyjnej z właściwościami stabilizacyjnymi niestabilnego wektora w *E. coli*. Wykazano, że funkcje poszczególnych elementów kasety stabilizacyjnej (produktów genów, promotorów) są zmienne w testowanych gospodarzach plazmidu RA3.
2. Zmapowano domeny dimeryzacyjne w KfrA_{RA3} i KfrC_{RA3} i domeny interakcji heterologicznych. Dla białka KfrA_{RA3} zlokalizowano domenę wiązania DNA i przeanalizowano 20 mutantów punktowych w tej domenie identyfikując istotne dla tej funkcji reszty aminokwasowe.
3. Analiza porównawcza transkryptomów szczepu dzikiego *P. aeruginosa* w obecności różnych poziomów białka ParB umożliwiła identyfikację genów regulatorowych, których ekspresja jest zależna od ParB, a które mogą być odpowiedzialne za pleiotropowe skutki zmian stężenia ParB w komórkach.
4. Zidentyfikowano miejsca wiązania ParB w chromosomie *P. aeruginosa*.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Uzyskane wyniki badań są podstawą trzech publikacji naukowych, dwóch prac magisterskich. Zostały przedstawione w formie posteru na międzynarodowej konferencji naukowej.

Publikacje:

5226, 5233, 5280, , 4133/A 868/N, 869/N

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:

Na podstawie analizy bioinformatycznej wytypowano syntazę skwalenową (pierwszy enzym biosyntezy steroli) jako białko mające wysoką homologię u *Homo sapiens* oraz *Saccharomyces cerevisiae*. Zaproponowano konstrukcję hybrydy białka ludzkiego i drożdżowego w celu przetestowania tego enzymu (w komórce drożdżowej) jako potencjalnego targetu dla obniżenia hipercholesterolemii.

Pakiet DeCAF został przetestowany na dużym zbiorze danych oraz porównano go do innych metod oceny podobieństwa związków niskocząsteczkowych. Pakiet posłużył do przewidywania oddziaływań białko-lek za pomocą metodologii opartej na Similarity Ensemble Approach (SEA). Jako metod konkurencyjnych użyto czterech typów fingerprintów (FP2, FP3, FP4, MACCS) oraz oprogramowania USRCAT.

Udoskonalono funkcjonalność pakietu DeCAF: najistotniejszą zmianą był nowy algorytm znajdujący największy wspólny podgraf dwóch modeli, wykorzystywany podczas porównywania cząsteczek. Procedura zastosowana pierwotnie pozwalała jedynie na znajdowanie spójnego fragmentu cząsteczki, co znacznie ograniczało zdolność programu do rozpoznawania związków o podobnych właściwościach, ale różnych scaffoldach. Stworzono więc nową heurystykę, która pozwalała znaleźć również niepołączone części wspólne dwóch modeli, gdy zachowane są odległości między nimi.

Na podstawie wyników z wielkoskalowego przeszukiwania biblioteki związków niskocząsteczkowych wytypowano ponad 200 struktur mogących mieć zastosowanie w opracowaniu terapii na kliniczne szczepy bakteryjne wykazujące wysoką antybiotykooporność. Na podstawie analizy struktur wybranych związków wyodrębniono 8-10 klas strukturalnych do których należą związki. Dalsze analizy wewnątrz klas pozwolą na opracowanie modelu wiązania się ligandów do białka oraz zaplanowanie ewentualnych modyfikacji zwiększających zarówno siłę oddziaływania białko-ligand jak również parametry fizykochemiczne wpływające na wchłanianie, dystrybucję, metabolizm i wydalanie cząsteczek w organizmie (z ang. ADME).

Wykorzystując techniki modelowania oddziaływań białko-białko zaproponowano model struktury kompleksu białkowego pomiędzy domeną NBD1 kanału jonowego CFTR z mutacją $\Delta F508$ oraz fosfolipazą A2/PLA2 (toksyna z jadu węża: *Crotalus durissus*). Zaproponowany struktura kompleksu $\Delta F508$ -CFTR-PLA2 została potwierdzona eksperymentalnie za pomocą spektrometrii masowej (wymiana deuter-proton).

Opis najważniejszych osiągnięć:

Stworzenie modelu $\Delta F508$ CFTR- fosfolipazaA2/PLA2 i jego eksperymentalne potwierdzenie

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

23 patenty zagraniczne: PL: ODOLCZYK N; ZIELENKIEWICZ P; WIECZOREK G.; FR: EDELMAN A.; TONDELIER D.; FRITSCH J. (FR)

Publikacje:

5224, 5270, 5276, 5286, 4157/A, 4166/A

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

Zespół: prof. dr hab. Michał Dadlez, dr Magdalena Kaus-Drobek, dr Ewa Sitkiewicz, mgr Kaja Przygońska (doktorantka)

Cel badania:

Temat poświęcony jest badaniom własności strukturalnych białkowych układów o tendencjach agregacyjnych. Układy takie często związane są z powstawaniem amyloidoz, tzw. chorób konformacyjnych białek. 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 . Ze względu na silne własności agregacyjne badania strukturalne form niemonomerycznych napotykają na duże trudności, dlatego stosowanie nieklasycznych metod badań strukturalnych jest nieodzowne. Zespół stosuje wachlarz technik spektrometrii mas do badania cech strukturalnych różnych form oligomerycznych peptydu A β . Udaje się w ten sposób uzyskać informację o takich własnościach struktur oligomerów jak przekrój czynny na zderzenia czy dostępność protonów grup bocznych dla wymiany proton-deuter w fazie gazowej. Metody te stosujemy także do badań innych układów agregujących takich jak białka filamentu pośredniego, błonowe toksyny bakteryjne i białka natywnie nieustrukturuwane.

Opis realizowanych prac:

Przeprowadzono komplet eksperymentów wymiany proton-deuter w oligomerach peptydu A β w jego formie dzikiej i w dwu wariantach ze zrandomizowaną sekwencją, albo na całej długości SCR, albo w jego części N-końcowej (NSCR). Wykazano istotne zaangażowanie wiązań angażujących reszty boczne części N-końcowej w stabilizację struktur oligomerycznych. Ponieważ wariant peptydu pozbawiony części N-końcowej jest uważany za nietoksyczny, determinanty jego toksyczności muszą kryć się w jego N-końcowym regionie. Jest to zatem bardzo ważny wniosek, jak dotąd rola oddziaływań reszt bocznych, zgromadzonych w części N-końcowej, w stabilizacji struktur oligomerów A β nie była wyeksponowana. W świetle uzyskanych wyników może być ona kluczem do zrozumienia fenomenu oligomeryzacji tego peptydu. Uzyskane wyniki wskazują, że rola regionu końca N może polegać na stabilizacji form przejściowych, w których oligomery tracą strukturę antyrównoległą łańcuchów a zyskują równoległą, co może się wiązać z ich neurotoksycznością.

Spośród innych układów zakończono prace nad mapowaniem miejsc w tetramerach białek IF odpowiedzialnych za tworzenie wyższego rzędu struktur oligomerycznych. Wykazaliśmy, mierząc wzory wymiany proton-deuter (HDex), że w vimentynie region coil 1A odpowiada zarówno ze tworzenie struktur ULF (razem z regionem 2A) jak i filamentów (razem z regionem 2B) (5338). Badania te pozwoliły stworzyć nowy model miejsc kontaktu, przybliżając tym samym rozstrzygnięcie zagadki formowania włókien IF, wciąż nierozwiązanej od momentu postawienia problemu przez F. Astbury'ego w latach 30-tych zeszłego stulecia. Uzyskane rezultaty pozwoliły na opracowanie nowej metodyki pomiarów kinetyk polimeryzacji/depolimeryzacji białek IF i pokazanie na przykład, że przy pomocy zmian statusu redox jedynej cysteiny w sekwencji vimentyny można sterować szybkością tych procesów. Procesy polimeryzacji/depolimeryzacji vimentyny są kluczowe w tak ważnych procesach jak przejście epithelialno-mezenchymalne (EMT) w rozwoju raka.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Określenie roli oddziaływań reszt bocznych N-końcowej części sekwencji peptydu A β w stabilizacji struktur oligomerycznych. Opracowanie modelu regionu kontaktu między tetramerami w strukturach ULF vimentyny.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Uzyskane rezultaty wejdą w skład publikacji.

Publikacje:

5276, 5338, 4066/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 Szatraj, dr Agnieszka Szczepankowska, dr Aleksandra Grylak-Mielnicka, dr Joanna Żylińska, doktoranci: mgr Magdalena Chmielewska-Jeznach, mgr Joanna Radziwiłł-Bieńkowska, mgr Jakub Boreczek, mgr Agnieszka Różga, mgr Katarzyna Izdebska, mgr Aleksandra Tymoszevska, mgr Przemysław Sałański

Cel badania:

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

Opis realizowanych prac:

Tematyka badawcza związana z bakteriami mlekowymi (LAB) była prowadzona wielotorowo i doprowadziła do wykazania, że: (i) potencjał metaboliczny LAB jest bardzo zróżnicowany tak na poziomie gatunku, jak i szczepu i jest modulowany w zależności od typu środowiska, w którym one bytują; (ii) w komórkach środowiskowych szczepów *Lactococcus* i *Lactobacillus* występuje bogaty repertuar plazmidów; (iii) geny puli plazmidowej wpływają na ekspresję genów chromosomalnych u *Lactococcus*; (iv) wrażliwość na bakteriocynę wytwarzaną przez szczep *L. garvieae* BCC 43578, garwicynę Q, jest determinowana przez system transportu cukrów PTS; (v) genom szczepu *Lactococcus lactis* IBB477 składa się z chromosomu (2,6 Mbp) i pięciu plazmidów (66 kb, 65 kb, 48 kb, 17 kb, 12 kb); (vi) w zdolności adhezyjne i mukoadhezyjne komórek szczepu *L. lactis* IBB477 zaangażowanych jest potencjalnie kilka czynników kodowanych plazmidowo; (vii) podawanie szczurom z EAE (experimental allergic encephalomyelitis) drogą doustną komórek *L. lactis* (tzw. oral vaccines), wytwarzających fragmenty trzech białek mielinowych, zmniejsza u nich zmiany histopatologiczne i obniża poziom IL-1b IL-10 i TNF- α w surowicy.

Opis najważniejszych osiągnięć:

1. Wykazanie udziału systemu transportu cukrów PTS we wrażliwości na garwicynę Q wytwarzaną przez szczep *L. garvieae* BCC 43578.
2. Poznanie sekwencji nukleotydowej genomu *L. lactis* IBB477 i wykazanie zaangażowania genów plazmidowych w zdolności adhezyjne i mukoadhezyjne komórek tego szczepu.
3. *L. lactis* wytwarzający fragmenty białek mielinowych redukuje niektóre objawy chorobowe u szczurów z EAE.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Badania poszerzają dotychczasową wiedzę na temat biologii komórki u bakterii fermentacji mlekowej (LAB). Wiedza ta przyczynia się do racjonalizacji w doborze szczepów przemysłowych, pozyskiwaniu nowych szczepów z środowisk naturalnych oraz modulowaniu dotychczasowych i opracowywaniu nowych procesów biotechnologicznych z udziałem LAB. 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:

5213, 5217, 5218, 5237, 5260, 5309, 5325, 4001/A, 4019/A, 4079/A, 4121/A, 4141/A, 4142/A

Temat nr 50: Przewodzenie sygnału stresu osmotycznego w roślinach.

Zespół: prof. dr hab. Grażyna Dobrowolska, prof. dr hab. Grażyna Muszyńska (1/3 etatu), dr Maria Bucholc, dr Marcin Gładysz, dr Maria Klimecka, dr Dorota Konopka-Postupolska, dr Anna Kulik, dr Lidia Polkowska-Kowalczyk, dr Jadwiga Szczegielniak, dr Olga Sztatelman, mgr Justyna Maszkowska, mgr inż. Wojciech Pac, mgr Barbara Sierpień, doktorantki: mgr Julia Rachowka, mgr Katarzyna Szymańska

Cel badania:

Celem badań było poznanie roli kinaz białkowych SnRK2 (SNF1-related protein kinases 2) i CDPK (Calcium-dependent protein kinases), białka wiążącego wapń oddziałującego z kinazami SnRK2 (SCS, SnRK2-interacting Calcium Sensor) oraz aneksyn w odpowiedzi roślin na stresy abiotyczne i biotyczne.

Opis realizowanych prac:

1. Analizowano rolę fosforylacji kilku potencjalnych substratów SnRK2.4 i SnRK2.10 rzodkiewnika, m.in. dehydryn ERD10, ERD14, COR 47, białka wiążącego RNA (GRP8) oraz aneksyny 1 (AnnAt1). Wykazano, że fosforylacja ERD14 i ANNAt1 przez SnRK2 reguluje ich translokację do jądra komórkowego, natomiast fosforylacja GRP8 jest zaangażowana w transport tego białka do granul stresowych. W przypadku ERD10 i COR47 nie zaobserwowaliśmy ewidentnych zmian lokalizacji pod wpływem fosforylacji. Wykazaliśmy ponadto, że fosforylacja przez SnRK2 ma negatywny wpływ na oddziaływanie dehydryn z kwasem fosfatydowym.
2. Przeprowadzono analizę fosforylacji przez kinazy SnRK2 białek zaangażowanych w ruchy chloroplastów, będących potencjalnymi substratami tych kinaz *in vivo*: THRUMIN1, JAC1, PMI1. Wszystkie badane białka są fosforylowane przez kinazy SnRK2 *in vitro* i oddziałują z kinazami SnRK2 *in planta*. Zidentyfikowano główne miejsca fosforylacji dla białek TRM1 i JAC1.
3. Poprzez pomiary modulowanej fluorescencji chlorofilu z wykorzystaniem Dual-PAM wykazano, że kinazy SnRK2.4 i SnRK2.10 są pozytywnymi regulatorami wydajności procesów fotosyntetycznych w roślinach w warunkach zasolenia; badane kinazy zaangażowane są przede wszystkim w regulację pracy fotoukładu II (PSII).
4. Zbadano dynamikę konformacyjną, oddziaływanie z kinazami SnRK2 i inhibicję aktywności kinazowej, dwóch form białka SCS, SCS-A i SCS-B. Wykazano, że tylko forma A jest sensorem jonów wapnia. Badania aktywności kinazowej oraz dynamiki konformacyjnej SnRK2 w nieobecności i obecności SCS-A lub SCS-B wykazały, że obie formy SCS hamują aktywność SnRK2 poprzez oddziaływanie z nieaktywną formą kinazy; tym samym blokują jej nadmierną aktywację.
5. Wykazano, że kinazy AtCPK4 i AtCPK11 pełnią rolę pozytywnego regulatora ekspresji genów markerowych zranienia: poziom transkryptów genów w pojedynczych mutantach (*cpk4* i *cpk11*) oraz w mutancie podwójnym (*cpk4/cpk11*) był znacznie obniżony w porównaniu do poziomu obserwowanego dla roślin dzikich.
6. Badano zmiany ekspresji 23 genów kodujących CDPK ziemniaka pod wpływem zranienia oraz stresu zasolenia. Zaobserwowano istotne różnice pomiędzy poszczególnymi genami.
7. Wykorzystując ekspresję przejściową w liściach *Nicotiana benthamiana* wykazano, że AnnAt1 ko-lokalizuje się z mikrodomenami błonowymi bogatymi w sterole, domenami kluczowymi w transdukcji sygnałów.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Poznano mechanizm regulacji aktywności SnRK2 przez białka SCS. Obie formy SCS oddziałują preferencyjnie z nieaktywną formą SnRK2 blokując aktywację kinazy.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Uzyskane wyniki mają znaczenie poznawcze, poszerzają wiedzę na temat odpowiedzi roślin na niekorzystne warunki środowiska. W przyszłości wyniki mogą być użyteczne do uzyskania roślin użytkowych o zwiększonej tolerancji na stresy abiotyczne takie jak susza, zasolenie, zranienie.

Publikacje:

5269, 5289, 5300, 5350, 4028/A, 4029/A, 4061/A, 4120/A, 4161/A, 4163/A, 4164/A

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

Zespół: dr Aleksandra Wyślouch-Cieszyńska

Cel badania:

Badanie zmian strukturalnych i funkcjonalnych wywoływanych potranslacyjnymi modyfikacjami grup tiolowych cystein w białkach zidentyfikowanych uprzednio jako modyfikowane w kilku modelach biologicznych, przy użyciu metod proteomicznych wykorzystujących spektrometrię mas. Ustalenie wpływu modyfikacji cystein na oddziaływania między białkami.

Opis realizowanych prac:

Kontynuowano prace nad konsekwencjami redoksowych modyfikacji potranslacyjnych w białkach z rodziny S100. Dodatkowo, we współpracy z profesorem Michałem Dadlezem, dr Magdalena Kaus-Drobek z IBB PAN oraz profesorem Arturem Krężelem z Uniwersytetu Wrocławskiego zaprojektowano i przeprowadzono analizę wpływu dwóch występujących *in vivo* modyfikacji (S-nitrozylacji i S-glutathionylacji) na właściwości białka filamentu pośredniego – wimentyny. Zbadano m.in. wpływ tych modyfikacji na kinetykę tworzenia przez wimentynę różnych form oligomerycznych oraz na wiązanie przez białko jonów cynku.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Uzyskane wyniki wskazują na nieopisaną dotychczas w literaturze naukowej rolę endogennej S-nitrozylacji i glutathionylacji w białkach S100 i wimentynie. Modyfikacje te prowadzą do znaczących zmian strukturalnych, dynamiki tworzenia różnych form oligomerycznych białka oraz wiązania regulatorowych, dwuwartościowych jonów metali.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Białka będące przedmiotem badań pełnią istotne funkcje w fizjologii człowieka, a jednocześnie są znanymi biomarkerami przemian zachodzących na różnych etapach rozwoju chorób nowotworowych. Zrozumienie molekularnych mechanizmów ich regulacji może być kluczowe przy opracowywaniu metod profilaktyki i leczenia nowotworów.

Publikacje:

5215, 5251, 5352

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

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

Cel badania:

Ustalenie biologicznej funkcji białek Nudix z *Pseudomonas aeruginosa*.

Opis realizowanych prac:

Genom *P. aeruginosa* koduje 12 białek Nudix. Zadaniem Zespołu jest określenie roli jaką białka te pełnią w komórkach oraz czy mają one wpływ na poziom zjadliwości bakterii *P. aeruginosa*.

Z wykorzystaniem metody wymiany alleli drogą homologicznej rekombinacji skonstruowano szczepy *P.aeruginosa* nie wyrażające białek PA2625, PA2769, PA3754, PA4400, PA4841, PA4916, PA5176. Obecnie kolekcja mutantów obejmuje 11 szczepów (wliczając w to te skonstruowane wcześniej tj. PA0990, PA1823, PA0336 oraz PA3180). Pomimo wielu prób nie powiodło się uzyskanie mutantu nie wyrażającego białka PA3470, co sugeruje, że białko to jest niezbędne dla komórek bakteryjnych. Szczegółowa analiza fenotypowa mutantów PA2625, PA2769, PA4841 oraz PA4916 (analiza wzrostu hodowli, ruchów komórek, zdolności do tworzenia biofilmu oraz wrażliwości na antybiotyki) nie wykazała znaczących różnic pomiędzy szczepem rodzicielskim a szczepami zmutowanymi. Nie zaobserwowano także żeby brak w/w białek powodował zaburzenia wirulencji *Pseudomonas* w testach z wykorzystaniem nicienia jako organizmu modelowego. Na tym tle zdecydowanie wyróżniają się trzy białka Nudix tj PA0336, PA5176 oraz PA0990. Ustalono, że białko PA0336 (RNA pyrofosfohydrolaza) reguluje poziom transkryptów kodujących wiele czynników związanych z wirulencją *P.aeruginosa* takich jak plicyjanina czy związane z biofilmem alginaty. Wpływ tego białka na wirulencję bakterii potwierdzono z wykorzystaniem *Caenorhabditis elegans*. Uzyskane wyniki dotyczące PA0336 zostały wysłane do druku. Wstępne dane dotyczące białka PA5176 sugerują, że bierze ono udział w regulacji poziomu ramnolipidów, surfaktantów bardzo istotnych dla ruchliwości komórek bakteryjnych oraz wykorzystywanych do tworzenia biofilmu. Badania wskazują także istotną rolę białka PA0990 w procesach związanych ze stresem oksydacyjnym.

Opis najważniejszych osiągnięć:

1. Stworzenie kolekcji mutantów nudix *P.aeruginosa*.
2. Identyfikacja nieznanymi czynników wirulencji w grupie Nudix.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Wyniki dotyczące białka Nudix PA5176 były prezentowane na międzynarodowej konferencji. Wyniki dotyczące PA0336 będą zawarte w wysłanej do druku publikacji oraz w pracy doktorskiej mgr Martyny Kujawy.

Publikacje:

4119/A, 852/N, 879/N

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

Zespół: Prof. hab. dr hab. Wojciech Bał, dr hab. Marcin Grynberg, dr Igor Żukow, dr Adam Mieczkowski, dr Tomasz Frączyk, dr Agnieszka Belczyk-Ciesielska, dr Izabela Zawisza, dr Krzysztof Drabikowski, dr Irena Paczkowska, mgr Ewa Podobas, mgr Aleksandra Witkiewicz-Kucharczyk, doktoranci: mgr Wojciech Goch, mgr Dawid Płonka, mgr Nina Wezynfeld, mgr Karolina Bossak, mgr Mariusz Mital, mgr Tomasz Żurawik, mgr Ewelina Stefaniak, mgr Radosław Kotuniak, mgr Magdalena Pacewicz, 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 reakcją hydrolizy wiązania peptydowego pod wpływem jonów metali, jej rolą w toksykologii i zastosowaniami. W prestiżowym *Coordination Chemistry Reviews* opublikowano artykuł przeglądowy, podsumowujący stan wiedzy na ten temat (5328). W obszarze badań oddziaływań jonów Cu(II) z peptydem Aβ i układami modelowymi, we współpracy z partnerami zagranicznymi i krajowymi w prestiżowym *Angew. Chem. Int. Ed.* opisano oddziaływanie kompleksów Cu(II) peptydów Aβ1-x i Aβ4-x z metalotioneiną-3, potwierdzające sformułowaną przez nas koncepcję na temat roli fizjologicznej peptydów Aβ (5275). W tej współpracy opublikowano również artykuły, opisujące właściwości redoks i tworzenie kompleksów ternarnych przez te peptydy (5253, 5281, 5315). Wykazano silne wiązanie Cu(II) i tworzenie kompleksów ternarnych przez czynnik α drożdży (5282). We współpracy z dr hab. R. Kucharczyk oraz prof. A. Krężelem (UWr) wykazano istnienie dodatkowych oddziaływań, kontrolujących dostępność jonów wodorowych w mitochondriach (5323). Opisano wiązanie Zn(II) do sensora fluorescencyjnego FluoZin-3, co stanowi punkt wyjścia dla dalszych badań metabolizmu cynku w komórkach (5271). We współpracy z prof. E. Tshuva (Uniwersytet Jerozolimski) opublikowano dwa artykuły, opisujące modele peptydowe chaperonów komórkowych dla Cu(I) (5214, 5279). Wzięliśmy również udział w pracach badaczy z Uniwersytetu Oksfordzkiego dotyczących roli filagryny w alergii (5207) oraz w badaniach kolegów z Uniwersytetu Medycznego w Białymstoku, dotyczących akcji hormonalnej oksytocyny na macicę (5209). Dr T. Frączyk opublikował także dwa artykuły na temat właściwości kolagenu typu I (5194, 5295). Dr hab. M. Grynberg we współpracy krajowej i międzynarodowej opublikował cztery artykuły z dziedziny badań genomicznych i proteomicznych, w tym dotyczących fizjologii bakterii mlekowych i patogennych, plemników oraz wpływu PI3P na stres u drożdży (5210, 5213, 5227, 5318), a także artykuł w prestiżowym *PNAS*, z dziedziny biochemii kinaz (5266). Dr A. Mieczkowski opublikował trzy artykuły opisujące syntezę i właściwości cytostatyczne nowych pochodnych nukleozydów (5190, 5206, 5321) i artykuł przeglądowy o oksazolopirymidynach (5332). Jest też współautorem zgłoszenia patentowego, dotyczącego pochodnych nukleozydów jako leków przeciwbiałaczkowych. Dr K. Drabikowski opublikował wraz z prof. M. Dadlezem pracę metodyczną, dotyczącą oczyszczania i identyfikacji koniugatów SUMO za pomocą spektrometrii mas (5342).

Opis najważniejszych osiągnięć:

Potwierdzenie koncepcji o fizjologicznej roli peptydu Aβ4-42 jako synaptycznego zmiataacza miedzi, zakwestionowanie paradygmatu gradientu protonów w mitochondriach.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Planowana jest kontynuacja badań peptydów Aβ, kompleksów peptydów XHZ, rozwój zastosowań praktycznych metalozależnej hydrolizy wiązania peptydowego i poszukiwania nowych leków.

Publikacje:

5190, 5194, 5206, 5207, 5209, 5210, 5213, 5214, 5227, 5253, 5266, 5271, 5275, 5279, 5281, 5282, 5295, 5315, 5318, 5321, 5323, 5328, 5332, 5342

Temat nr 55: Analiza genetyczna podstaw wybranych chorób dziedzicznych.

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

Cel badania:

Celem badań jest poznanie uwarunkowań genetycznych prowadzących do rozwoju niewydolności pozawałowej (1) oraz powodujących występowanie wrodzonych niedokrwistości hemolitycznych (2).

Opis realizowanych prac:

Ad 1. W oparciu o parametry służące obecnie do diagnostyki pacjentów z niewydolnością serca, dokonano podziału badanej grupy pacjentów z zawałem serca na grupę pacjentów, którzy rozwinęli w tym czasie niewydolność oraz grupę bez rozwiniętej niewydolności serca. W celu zidentyfikowania potencjalnych biomarkerów związanych z pozawałową niewydolnością serca przeprowadzono analizy transkryptomyczne. Ponadto, wykonano badania zmian profilu krążących mikroRNA (miRNA) w osoczu u pacjentów w pierwszej dobie oraz sześć miesięcy od wystąpienia ostrego incydentu wieńcowego. Wśród najbardziej zmienionych miRNA należy wymienić: hsa-miR-208a, hsa-miR-133b, hsa-miR-133a, hsa-miR-1. Na niezależnej grupie pacjentów potwierdzono zmiany ekspresji hsa-miR-133b oraz hsa-miR-22-5p.

Ad 2. Przeprowadzono sekwencjonowanie oraz badania ekspresji genów globinowych oraz wybranych genów kodujących białka błonowe krwinki czerwonej u pacjentów ze zróżnicowanymi wrodzonymi anemiami hemolitycznymi.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Ad 1. Pogorszenie funkcji lewej komory w przebiegu zawału serca posiada swoje odzwierciedlenie w postaci specyficznej sygnatury ekspresji genów i zmian w profilu krążących miRNA w 1. dobie od zawału serca. Krążący miR-22-5p może być nowym kandydatem jako biomarker wczesnego uszkodzenia mięśnia sercowego.

Ad 2. W grupie pacjentów z wrodzoną niedokrwistością hemolityczną zidentyfikowano mutacje powodujące występowanie talasemii oraz mutacje w genie *PIEZO1* potwierdzające rozpoznanie kliniczne stomatocytozy wrodzonej.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Uzyskane wyniki badań znalazły się w publikacjach naukowych, pracy doktorskiej.

Publikacje:

5220, 5224, 5272, 5303, 3997/A, 252/M, 253/M, 862/N

Temar nr 56: Genomika *Paramecium tetraurelia*.

Zespół: dr Robert Gromadka, dr Jacek Nowak, dr Kamila Maliszewska-Olejniczak, mgr Julita Gruchota, mgr Dawid Owsian (doktorant)

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 ten proces zaangażowane jest bardzo wiele białek pojawiających się w komórce w określonych fazach cyklu płciowego. Wykazano także, iż proces ten jest regulowany przez szereg niekodujących RNA (ncRNA) powstających w różnych przedziałach komórkowych. W matczynym makronukleusie są syntetyzowane długie, natywne transkrypty, podczas gdy w mejotycznym mikronukleusie powstają krótkie skaningowe RNA (scnRNA). Z kolei w nowym makronukleusie zachodzi transkrypcja prowadząca do długich natywnych transkryptów oraz krótkich iesRNA.

Celem badań jest poszukiwanie białek zaangażowanych w syntezę niekodujących RNA i regulację rearanzacji genomowych. Nasza strategia zakłada analizę funkcjonalną genów, które są wyrażane specyficznym podczas procesów płciowych i wykazują podobieństwo do znanych czynników biorących udział w metabolizmie RNA.

Opis realizowanych prac:

Kontynuowano badania funkcji białek wykazujących podobieństwo do czynników elongacji transkrypcji Spt4 i Spt5. Zbadano lokalizację białek Spt4m i Spt4v podczas wczesnych etapów procesu płciowego wykazując obecność obu białek w mikronukleusach podczas mejozy. Wykonano analizę fenotypową wyciszania genów *SPT4ma*, *SPT4mb* i *SPT4v* w trakcie cyklu płciowego. Jednoczesne wyciszenie tych trzech genów prowadzi do najsilniejszego fenotypu – śmierci ok. 60% komórek, które przeszły proces płciowy.

Zapoczątkowano analizę funkcji poszczególnych domen białek Spt5m i Spt5v poprzez komplementację. W tym celu wykonano konstrukty zawierające gen *SPT5m* ze zmienioną sekwencją nukleotydową niewrażliwą na wyciszenie RNAi skierowane przeciw sekwencji genu endogennego. Dotychczas potwierdzono, że otrzymany konstrukt znakowany FLAG jest funkcjonalny i lokalizuje się w komórce w tym samym miejscu co białko dzikie.

Ponadto opracowano procedurę utrwalania i oczyszczania jąder komórkowych z różnych faz procesu płciowego. W procedurze tej wykorzystywano obecność znakowanego GFP białka TFIIS4 w nowych makronukleusach oraz sortowanie podczyszczonych przez wirowanie lizatów komórkowych za pomocą technologii FACS.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Wykonanie analizy fenotypowej podczas wyciszania genów *SPT4ma*, *SPT4mb* i *SPT4v*. Opracowanie metodyki oczyszczania jąder, która będzie wykorzystana np. do analizy niekodujących natywnych transkryptów obecnych w nowopowstających makronukleusach.

Publikacje:

Uzyskane wyniki badań znajdują się w publikacjach naukowych.

Temat nr 57: Mechanizmy wierności replikacji DNA.

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

Cel badania:

Badanie oddziaływań białek replisomu faga T4 ze szczególnym uwzględnieniem oddziaływania polimerazy i prymazy.

Opis realizowanych prac:

W poprzednim roku uzyskane wyniki sieciowania z udziałem czynnika sieciującego BS3 pozwoliły zmapować w cząsteczce prymazy 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. Analiza strukturalna kompleksu polimerazy faga RB69 i prymazy faga T4 była kontynuowana przy zastosowaniu metody wymiany proton-deuter (ang. HDX-hydrogen-deuterium exchange) i spektrometrii mas we współpracy z Laboratorium Spektroskopii Masowej.

Sklonowano geny polimerazy gp43 bakteriofaga RB69, polimerazy gp43 bakteriofaga T4 oraz prymazy gp61 bakteriofaga T4 do wektorów pUT18C i pKNT25 w celu przeprowadzenia badania oddziaływania polimerazy i prymazy *in vivo* w systemie BACTH.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Wyniki wymiany proton-deuter wykazują, że pod wpływem oddziaływania zachodzą zmiany strukturalne w obrębie obu białek. Zarówno polimeraza jak i prymaza podlegają mniejszej wymianie i są bardziej stabilizowane w kompleksie. Zmiany te są na tyle rozległe, że nie pozwoliły na zidentyfikowanie konkretnego miejsca oddziaływania tych białek.

Wyniki uzyskane techniką HDX dla samej prymazy pozwoliły na identyfikację rejonów dynamicznych i stabilizowanych w obrębie białka.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Wyniki badań zostaną wykorzystane w publikacjach naukowych.

Publikacje:

4051/A, 4091/A

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

Zespół: dr hab. Urszula Zielenkiewicz, dr Iwona Brzozowska, dr Anna Muszewska, mgr Joanna Klim (doktorantka)

Cel badania:

Izolowanie i charakterystyka szczepów mikroorganizmów, konsorcjów mikroorganizmów oraz grzybów z różnych środowisk.

Opis realizowanych prac:

Przeprowadzono adnotację sekwencji genomu środowiskowego szczepu *Acinetobacter lwoffii* za pomocą oprogramowania Prokka. Wśród 3845. przewidywanych genów wykazano obecność 3370. sekwencji kodujących oraz 112. genów RNA. W genomie *A. lwoffii*, w chromosomie i w megaplazmidzie, stwierdzano obecność wielu genów związanych z opornością na jony metali ciężkich, np. operon oporności kobalt-cynk-kadm, oraz geny oporności na rtęć, arsen i miedź. Zaobserwowano także wielokrotnie powtórzone sekwencje (również w plazmidach i chromosomie) operonów systemów toksyna-antytoksyna (RelBE i HigAB) lub samych antytoksyn oraz sekwencje 3. funkcjonalnych i 2. niekompletnych profagów. Sekwencja genomu szczepu (nazwanego *A. lwoffii* ZS207) została zdeponowana w bazie danych NCBI pod adresem <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/bioproject/PRJNA359405>.

Kontynuowano również prace nad adnotacją wcześniej zsekwencjonowanych genomów Mucorales oraz nad ulepszoną klasyfikacją proteaz serynowych z wykorzystaniem bazy MEROPS.

Przeprowadzono, z użyciem testu polaryzacji fluorescencji (FP assay), wielkoskalowe przeszukiwania bibliotek związków niskocząsteczkowych (łącznie 44 896 związków) pod kątem ich zdolności do zaburzania oddziaływania białko Epsilon-peptyd 1a. Zidentyfikowane 352 związki poddano walidacji (testowanie różnych stężeń), co pozwoliło wykluczyć wytypować ponad 200. struktur mogących mieć zastosowanie w opracowaniu terapii na kliniczne szczepy bakteryjne wykazujące wysoką antybiotykooporność. Na podstawie analizy struktur wybranych związków wyodrębniono 8-10 klas strukturalnych, do których należą związki.

Opis najważniejszych osiągnięć:

1. Adnotacja genomu *Acinetobacter lwoffii* ZS207 oraz zdeponowanie jego sekwencji w publicznej bazie danych; jest to najpełniejsza sekwencja gatunku *A. lwoffii* w dostępnych bazach.
2. Wytypowanie ok. 200. związków skutecznie znoszących interakcje białko-peptyd.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Uzyskane wyniki są podstawą dla realizacji jednej pracy magisterskiej oraz są materiałem jednej opublikowanej i dwóch przygotowywanych manuskryptów publikacji.

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

Publikacje:

5188, 5189, 5237, 5240, 5266, 5270, 4042/A, 4157/A, 4165/A, 4167/A, 4168/A 4169/A, 4170/A

Temat nr 60: Mechanizmy podziałów komórkowych.

Zespół: dr hab. Anna Kurlandzka, dr Piotr Kowalec

Cel badania:

Celem badań jest poznanie właściwości wielofunkcyjnego białka Irr1 drożdży *Saccharomyces cerevisiae*.

Opis realizowanych prac:

Białko Irr1 jest niezbędne dla życia i zachowane w ewolucji. Przyjmuje się, że jego główną rolą jest regulowanie funkcjonowania kompleksu kohezyjnego chromatyd siostrzanych, ale uczestniczy ono też w transkrypcji i kondensacji chromosomów. Dotychczas opisane funkcje Irr przebiegały w jądrze komórkowym. Nasze badania dotyczyły puli Irr1 obecnego w cytoplazmie. Ustaliliśmy, że poziom cytoplazmatycznego Irr1 zmienia się w cyklu komórkowym i osiąga maksimum w fazie G1. Pomimo obecności w sekwencji aminokwasowej licznych sygnałów eksportu z jądra, pula cytoplazmatyczna Irr1 nie jest eksportowana, ale zatrzymywana w cytoplazmie. Wykazaliśmy, że na terenie cytoplazmy Irr1 oddziałuje z białkiem Imi1, któremu uprzednio przypisaliśmy rolę w utrzymywaniu homeostazy glutationu i integralności mitochondriów.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Irr1, poza regulowaniem funkcjonowania kompleksu kohezyjnego chromatyd siostrzanych na terenie jądra komórkowego, prawdopodobnie pełni dodatkową funkcję na terenie cytoplazmy poprzez interakcję z białkiem Imi1.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Wyniki zostaną wykorzystane w publikacji naukowej.

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:

Poznanie mechanizmów funkcjonujących na poziomie chromatyny zaangażowanych w regulację ekspresji genów aktywnie transkrybowanych w odpowiedzi komórek roślinnych na działanie czynników stresowych.

Opis realizowanych prac:

Celem prowadzonych badań było ustalenie roli roślinnej deacetylazy histonowej HD2C w regulacji genów u *Arabidopsis thaliana*. Przy użyciu immunoprecypitacji, chromatografii powinowactwa oraz spektrometrii mas poszukiwano białek, które wraz z HD2C tworzą wielopodjednostkowy kompleks uczestniczący w regulacji transkrypcji. Analizowano zmiany ekspresji genu kodującego HD2C w odpowiedzi na różnego rodzaju stresy abiotyczne. Na poziomie transkryptomu poszukiwano zmian współregulowanych przez deacetylazę HD2C i remodeler chromatyny SWI/SNF, które tworzą wspólny kompleks białkowy.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Po raz pierwszy u roślin zidentyfikowano kompleks utworzony przez deacetylazę histonową i kompleks remodelujący chromatynę – ustalono, że u *Arabidopsis* tworzą go białko HD2C i kompleks SWI/SNF zawierający ATPazę BRM.

Wykonana analiza transkryptomyczna mutantów insercyjnych: *hd2c*, *brm* oraz podwójnego mutantu *brm hd2c* w warunkach kontrolnych oraz w odpowiedzi na stres cieplny wskazała, że białka HD2C i BRM uczestniczą w tej samej ścieżce genetycznej i razem regulują odpowiedź *Arabidopsis* na stres cieplny.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Wyniki zostały wykorzystane w publikacji naukowej.

Publikacja:

5294

Temat nr 63: Dodekahedron adenowirusa jako platforma szczepionkowa.

Zespół: dr hab. Ewa Szolajska, dr hab. Jadwiga Chroboczek (konsultant), mgr inż. Marta Jedynak (doktorantka), mgr inż. 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 (ang. cell-mediated immunity), dzięki temu, że szczepionka zawiera epitopy białka nadprodukowanego na powierzchni nowotworu.

Opis realizowanych prac:

W opracowywanej szczepionce na platformie dodekahedronu (Dd) dostarczane są peptydy pochodzące z glipikanu-3 (GPC3), białka nadprodukowanego na powierzchni guza w czerniaku złośliwym oraz raku wątrobowo-komórkowym, a które to białko nie jest nadprodukowane w zdrowych tkankach. W naszych wcześniejszych badaniach polegających na szczepieniu myszy niosących guzy czerniaka zastosowaliśmy szczepionkę, w której Dd miał w swej strukturze wbudowanych 60 kopii epitopu GPC3 o długości 10. aminokwasów. Badania te nie dostarczyły satysfakcjonujących wyników, co skłoniło nas do modyfikacji immunogenu. Przygotowaliśmy dodekahedrony z wprowadzonym do struktury peptydem GPC3 o długości 44. aminokwasów. Zwiększenie długości epitopu oraz dołączenie sekwencji flankujących, zwiększa szansę na prezentację peptydów immunodominujących cytotoksycznym limfocytom T (CTL), przy udziale głównego układu zgodności tkankowej, MHC I (ang. major histocompatibility complex I). Dodatkowo, długi peptyd może być rozpoznawany przez MHC II, a następnie prezentowany limfocytom pomocniczym (Th), co wpływa na wzmocnienie odpowiedzi immunologicznej.

Poprawność strukturalną preparatu szczepionkowego potwierdziliśmy poprzez analizę przy użyciu mikroskopii elektronowej wykonaną we współpracy z Instytutem Biologii Strukturalnej w Grenoble (Francja). Badanie funkcjonalności opracowywanej szczepionki przeprowadziliśmy w zwierzęcym modelu czerniaka złośliwego we współpracy z Uniwersytetem Medycznym w Grenoble (Laboratorium Therex). Wykonane zostały szczepienia profilaktyczne. Myszy szczepu C57BL/6 były immunizowane przed wszczepieniem im podskórnie komórek czerniaka linii B16F. Nie zaobserwowaliśmy opóźnień momentu pojawienia się guzów, a jedynie nieznaczne (nieistotne statystycznie) zahamowanie wzrostu guzów u osobników szczepionych preparatem DdGPC3 w stosunku do grupy kontrolnej immunizowanej samym Dd. Do immunizacji użyto stosowanej rutynowo dawki 50 µg białka. Użyta dawka mogła zawierać niewystarczającą ilość peptydu GPC3 do indukcji specyficznej odpowiedzi komórkowej na właściwym poziomie. Brak pozytywnych wyników mógł być również spowodowany niskim poziomem ekspresji GPC3 na powierzchni guzów i/lub prezentacji wybranego przez nas epitopu cząsteczkom MHC I. Odpowiedzi na te wątpliwości dostarczy aktualnie prowadzona analiza immunocytochemiczna skrawków guzów.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Modyfikacja szczepionki, zwiększająca szanse prezentacji antygeny zarówno limfocytom Tc jak i Th, umożliwia nam prowadzenie dalszych badań *in vivo*. Uzyskane wyniki wskazują na konieczność potwierdzenia wyboru właściwego modelu doświadczalnego, jak też być może zwiększenia stosowanej dawki preparatu szczepionkowego.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Wyniki zostaną wykorzystane w publikacji naukowej.

Patent przyznany przez: Europejski Urząd Patentowy EP2461827 (B1) / 2016-08-10 oraz *Urząd Patentowy Rzeczypospolitej Polskiej* PL222497 (B1) / 2016-08-31.

Publikacje:

4123/A

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

Zespół: dr hab. Magdalena Krzymowska, dr Rafał Hoser, dr Karolina Morgiewicz, dr Patrycja Zembek, dr Marek Żurczak, mgr inż. Jakub Kwiatkowski (doktorant), mgr Marcin Piechocki

Cel badania:

Kontynuowaliśmy prace zmierzające do poznania ścieżki sygnałnej wiodącej od percepcji patogena przez roślinne receptory do uruchomienia ekspresji genów zaangażowanych w odpowiedź obronną.

Opis realizowanych prac:

Gen *N* warunkuje odporność roślin z rodziny *Nicotiana* na wirus mozaikowatości tytoniu (TMV). Na drodze alternatywnego splicingu powstają dwa transkrypty, kodujące odpowiednio białko N (pełnej długości) oraz skróconą formę (N^{tr}). Choć pokazano wcześniej, że obecność obu form jest niezbędna do wytworzenia pełnej odporności, molekularny mechanizm tego zjawiska nie był znany. Wykazaliśmy, że N^{tr} hamuje reakcję programowanej śmierci komórkowej, wywoływaną przez rozpoznanie białka wirusowego przez receptor N. Obie formy białka tworzą homo- i hetero-oligomery w obecności wirusowego ligandu. Nasze wyniki sugerują, że powstawanie hetero-kompleksów reguluje transport jądrowo-cytoplazmatyczny receptora oraz oddziaływanie z czynnikiem transkrypcyjnym SPL6.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Skrócona forma receptora N, powstająca na drodze alternatywnego splicingu, reguluje odpowiedź roślin na wirus TMV, poprzez tworzenie kompleksów z formą N pełnej długości.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Zrozumienie mechanizmów kontrolujących odpowiedź roślin na infekcje może w przyszłości być wykorzystane do uzyskiwania nowych odmian roślin o podwyższonej odporności na czynniki chorobotwórcze.

Publikacje:

4054/A, 4083/A, 4135/A, 4136/A, 859/N

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

Zespół: prof. dr hab. Jarosław Poznański, dr Honorata Czapińska, dr Kinga Mieczkowska, mgr Maria Winiewska, mgr Katarzyna Kucińska, mgr Ewa Bugajska, mgr Anna Szymaniec

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. Rola wiązania halogenowego w układach biologicznych. Pomiary termodynamiczne prowadzone dla dużej serii halogenowanych związków heterocyklicznych, równoległe metodami DSF, DSC, ITC oraz DSC poszerzonymi o badania strukturalne (X-ray). Otrzymane wyniki jednoznacznie dowodzą, że efekt wiązania halogenowego w układzie białko ligand jest zwykle zdominowany przez oddziaływania elektrostatyczne i hydrofobowe. Publikacje: 5264, 4033/A, 4034/A.
2. Strukturalne konsekwencje wiązania jonów w układach biologicznych. Współpraca z Prof. Wojciechem Balem, IBB PAN. Publikacja: 5282.
3. Molekularne mechanizmy naprawy DNA/RNA przez białka z rodziny AlkB, we współpracy z Zakładem Biologii Molekularnej IBB PAN. Publikacja: 4040/A.
4. Modelowanie strukturalne na podstawie danych HDX-MS – współpraca z Prof. Michałem Dadlezem, IBB PAN. Publikacje: 5222, 5338
5. Strukturalne konsekwencje mutacji zidentyfikowanych jako potencjalne przyczyny chorób o podłożu genetycznym. Współpraca z Prof. Jerzym Balem z Instytutu Matki i Dziecka. Publikacja: 4098/A.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Dalszy rozwój algorytmów modelowania przez homologię ukierunkowanego na dane HDX-MS.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Uzyskane wyniki znajdują się w publikacjach naukowych.

Publikacje:

5222, 5251, 5264, 5282, 5338, 4033/A, 4034/A, 4040/A, 4051/A, 4098/A, 4127/A

Temat nr 66: Metodyka sekwencjonowań genomowych.

Zespół: dr Robert Gromadka, dr Piotr Dzierzbicki, mgr Beata Babińska, 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. Poznanie sekwencji genomów alg z rodzaju *Prototheca*.

Opis realizowanych prac:

W ramach współpracy z innymi laboratoriami kontynuowano projekt sekwencjonowania genomu *Prototheca wickerhamii* POL1 w ramach projektu „Poszukiwanie genów kodujących czynniki wirulencji *Prototheca wickerhamii*, oportunistycznego patogenu dla ludzi”. Dodatkowo uzyskano 8. szkiców genomów alg z rodzaju *Prototheca* w ramach realizacji projektu „Ocena potencjału epidemicznego chorobotwórczych glonów z rodzaju *Prototheca* w Polsce: badania środowiskowe, kliniczne i molekularne prototekozy u zwierząt.”

Otrzymano kompletną mapę fizyczną genomu bakterii *Lactobacillus salivarius* oraz przygotowano wstępne dane transkryptomiczne podczas realizacji projektu „Adaptacja bakterii *Lactobacillus salivarius* do środowiska – identyfikacja i charakterystyka indukowanych temperaturą promotorów”.

Uzyskano 18 genomów plazmidowych w ramach realizacji projektu „Betalaktamazy – geny oporności i ich lokalizacja w genomach szczepów środowiskowych”.

Otrzymano kompletną mapę fizyczną genomu bakterii *Streptococcus anginosus* oraz przygotowano analizę transkryptomiczną w ramach realizacji projektu „Analiza funkcjonalna genów regulatorowych *Streptococcus anginosus*”.

Z wykorzystaniem aparatu MiSeq firmy Illumina wykonano sekwencjonowanie totalnego DNA z 2. szczepów bakterii psychrofilnych (*Polaromonas* sp.) i 2. próbek metagenomicznych pobranych z kriokonitów lodowcowych, a także 8 genomów eukariotycznych alg *Prototheca* sp. Dla każdej próbki uzyskano około 0,5 miliona odczytów sekwencji nukleotydowych (metoda Paired End-Illumina zestaw 2x300), czyli średnio 300 milionów par zasad na próbkę. Łącznie uzyskano 3 GB par zasad. Pozwoliło to na złożenie pełnych genomów jak również obecnych w komórkach plazmidów.

W ramach projektu FunChleb wykonano sekwencjonowanie amplikonów niosących fragmenty genów 16S rRNA, regiony zmienne III i IV w bakteriach, oraz ITS1 dla drożdży. Dla 41 próbek metagenomicznych uzyskano łącznie 4,92 Gb par zasad, które posłużyły do określenia składu konsorcjów bakteryjnych i drożdżowych w próbkach z żuru chlebowego.

Dodatkowo uzyskano dwie kompletne sekwencje genomów bakterii z rodzaju *Polaromonas* wykorzystując nowo wprowadzoną technologię bezpośredniego sekwencjonowania długich nici DNA firmy Oxford Nanopore z wykorzystaniem sekwenatora MinION MkIb.

Ponadto kontynuowano analizy bioinformatyczne kinaz białkowych zależnych od wapnia w ziemniaku. Jako materiał do analiz posłużyły wyniki uzyskane w ramach uczestnictwa Pracowni w międzynarodowy Konsorcjum Sekwencjonowania Genomu Ziemniaka (Potato Genome Sequencing Consortium).

Opis najważniejszych osiągnięć:

Uzyskano 8 szkiców sekwencji genomów alg *Prototheca wickerhamii*. Złożono sekwencje 2. pełnych genomów bakterii psychrofilnych (*Polaromonas* sp.) wraz z przenoszonymi przez nie plazmidami oraz 4 sekwencje fagów bakterii mlekowych. Uzyskano 1. kompletną sekwencję genomu bakterii *Lactobacillus salivarius* oraz 2 kompletne mapy fizyczne genomów bakterii *Streptococcus anginosus*. Usystematyzowanie wiedzy o kinazach białkowych zależnych od wapnia w ziemniaku.

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. Uzyskane sekwencje genomów alg z rodzaju *Prototheca* pozwolą na wytypowanie genów odpowiedzialnych za ich wirulencję.

Publikacje:

5205, 5260, 4000/A, 4001/A, 4061/A

Temat nr 67: Metabolizm siarki w roślinach.

Zespół: prof. dr hab. Agnieszka Sirko, dr Anna Wawrzyńska, dr Leszek Tarnowski, mgr inż. Anna Niemirowa (doktorantka)

Cel badania:

Kontynuacja badań nad znaczeniem procesów selektywnej degradacji białek na drodze autofagii lub proteasomalnej w odpowiedzi roślin na niedobory związków odżywczych.

Opis realizowanych prac:

Scharakteryzowano transkryptom (oddzielnie dla liści i korzeni) *Arabidopsis thaliana* nadprodukującego białko AtNBR1, receptor selektywnej autofagii, w warunkach optymalnej dostępności oraz przy niedoborze siarki. Trwają prace nad potwierdzeniem oddziaływań AtNBR1 z białkami zidentyfikowanymi dzięki technice TAP-MS oraz przygotowywane są kolejne porcje materiału do dalszych analiz TAP-MS. Analiza fenotypowa roślin ze zwiększonym poziomem AtNBR1 wykazała, że białko to może mieć wpływ na regulację kinazy TOR1. Uzyskano homozygotyczne linie *A. thaliana* o zmniejszonym, jak i konstytutywnie wysokim poziomie 4 izoform białek LSU, potwierdzonych partnerów AtNBR1, silnie i specyficznie ekspresjonowanych podczas deficytu siarki. Kontynuowane są prace nad szczegółową charakterystyką oddziaływań tytoniowego homologa białka AtNBR1, JOKA2 z różnymi izoformami białek Atg8.

Wykazano możliwość interakcji pomiędzy białkami SLIM1 i EIN3, czynników transkrypcyjnych należących do rodziny białek EIL. Białko SLIM1 jest kluczowe dla ścieżki sygnału braku siarki a jego poziom ulega ciągłej kontroli z udziałem proteasomu. Zostało przeprowadzone sekwencjonowanie transkryptomu linii *Arabidopsis* ze zmienionym poziomem białka SLIM1 hodowanych w różnych warunkach; wyniki są obecnie analizowane.

Przygotowano również warsztat do stworzenia katalogu roślinnych białek ubikwitynowanych, które mogą być degradowane na drodze proteasomalnej podczas deficytu siarki.

Opis najważniejszych osiągnięć:

1. Białko SLIM1 ma zdolności homo- i hetero-oligomeryzacji z EIN3, co wpływa na jego oddziaływanie z DNA. Ma to prawdopodobnie rolę w regulacji transkrypcyjnej *Arabidopsis thaliana* podczas niedoboru siarki.
2. Stworzenie fluorescencyjnych białek reporterowych do badania procesów ubikwityno-zależnej proteolizy w roślinach.
3. Wytypowanie genów, których transkrypcja jest kontrolowana przez AtNBR1 podczas niedoboru siarki.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Uzyskano ochronę patentową wynalazku PL392772 (ochrona od 2010-10-27) w Chińskiej Republice Ludowej – CN103403156 (B) data przyznania: 2016-08-24; data zgłoszenia: 2011-10-27.

Publikacje:

5199, 5200, 5228, 5307, 5313, 3996/A, 4114/A, 4115/A, 4116/A, 4117/A

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

Zespół: prof. dr hab. Paweł Golik

Cel badania:

Celem badań jest zbadanie roli kodowanych jądrowo białek zaangażowanych w metabolizm RNA w mitochondriach różnych gatunków drożdży, a także zrozumienie tego, jaką rolę odgrywała jądrowa kontrola metabolizmu RNA w ewolucji oddziaływań jądrowo-mitochondrialnych.

Opis realizowanych prac:

Prowadzono badania nad rolą motywów PPR w sekwencji mitochondrialnej polimerazy RNA (Rpo41) drożdży, a także nad wiązaniem substratu (15S rRNA) przez białko Dmr1.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Wykazano, że motywy PPR w N-końcowej domenie Rpo41p nie są niezbędne dla jego funkcji. Odkryto, że białko Dmr1 wiąże AU-bogaty 14-nukleotydowy motyw sekwencyjny występujący w dwóch domenach 15S rRNA.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Wyniki dotyczące Rpo41p opublikowano [5349], wyniki dotyczące Dmr1p są przygotowywane do publikacji.

Publikacje:

5241, 5349

Temat nr 69: Metabolizm RNA u Eucaryota.

Zespół: prof. dr hab. Andrzej Dziembowski, dr hab. Rafał Tomecki, mgr Krystian Stodur, mgr Anna Maksymiuk, mgr Katarzyna Kowalska, mgr Jacek Miłek, doktoranci: mgr Dominik Cysewski, mgr Ewa Furmańczyk, mgr Katarzyna Kalisiak, mgr Michał Kamiński, mgr Paweł Krawczyk, mgr Anna Łabno, mgr Adam Pyzik, mgr Agata Jędruszkowiak, mgr Anna Kotrys, mgr Michał Brouze, Marta Błaszczewicz (magistrantka)

Cel badania:

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

Opis realizowanych prac:

Prowadzono są szeroko zakrojone analizy z wykorzystaniem kilku modeli badawczych: ludzkich komórek w hodowli, *C. elegans* i myszy.

Analiza kompleksu egzozomu:

Podjednostka katalityczna egzozomu DIS3 jest z dużą częstotliwością zmutowana w komórkach szpiczaków mnogich. Prowadzone są analizy mające na celu zrozumienie roli tych mutacji w biologii i patogenezie nowotworu. Uzyskaliśmy myszy model, w którym DIS3 zawiera mutację analogiczną do znalezionej w komórkach szpiczaków. Wykazaliśmy, że mutacja w DIS3 predysponuje do rozwoju plazmocytozy, mysiego modelu szpiczaka.

Wykorzystując całogenomowe przeszkukania bibliotekami siRNA identyfikowaliśmy geny funkcjonalnie oddziałujące z DIS3. Wykazaliśmy, że DIS3 jest antagonistą terminacji transkrypcji. Ponadto odkryliśmy szereg genów których wyciszenie jest syntetycznie letalne z mutacjami w DIS3. Geny te są potencjalnymi celami terapeutycznymi dla szpiczaka mnogiego.

Analizowaliśmy także oddziaływanie cytoplazmatycznej formy egzozomu z jego kofaktorem kompleksem SKI. Odkryliśmy, że za oddziaływanie odpowiada nie opisana wcześniej izoforma białka HBS1L (Kalisiak i inni *Nucleic Acids Res.* 2016 Sep 26. pii: gkw862. [Epub ahead of print]).

Analiza Rybonukleazy DIS3L2:

Kontynuowano analizy funkcji cytoplazmatycznej rybonukleazy DIS3L2. Odkryliśmy szereg nowych substratów DIS3L2, których degradacja jest zależna od urydylacji (Publikacja 5345).

Degradacja RNA w mitochondriach:

Kontynuowano analizę mechanizmów degradacji mitochondrialnego RNA u ludzi. Wykazano, że mitochondria są głównym źródłem dwuniciowego RNA w komórkach, oraz że degradosom mitochondrialny wraz z mitochondrialną poli(A) polimerazą jest odpowiedzialny za jego degradację.

Analiza niekanonicznych poli(A) polimeraz.

Odkryliśmy specyficzną dla zwierząt rodzinę poli(A) polimeraz FAM46. Badamy ich funkcję wykorzystując, jako modele linie komórkowe szpiczaków mnogich, nicienia *C. elegans* oraz myszy. Wykorzystując technologię CRISPR/Cas9 skonstruowano myszy zawierające mutacje we wszystkich genach z rodziny FAM46. Odkryto szereg bardzo ciekawych fenotypów rozwojowych. Co niezwykle istotne, wykazaliśmy, że jeden z członków rodziny, FAM46C, jest supresorem nowotworów. Ponadto analizowaliśmy mechanizmy działania i rolę innych nie kanonicznych polimeraz.

Analizy Metagenomiczne:

Kontynuowano badania mające na celu poznanie fragmentów genomów (metagenomu) bakterii żyjących w glebach silnie skażonych pestycydami (publikacja 5287). Uzyskane sekwencje posłużą do poszukiwania enzymów o znaczeniu komercyjnym.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Wykazanie, że nie kanoniczna poli(A) polimeraza FAM46C jest supresorem nowotworów specyficznym dla limfocytów B (Mroczek i inni, *Nature Communication*, praca po poprawkach wysłana do ponownej recenzji).

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Wyniki badań zostaną wykorzystane w publikacjach naukowych.

Publikacje:

5201, 5207, 5222, 5287, 5312, 5333, 5345, 3998/A, 4014/A, 4068/A, 4078/A

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:

Celem badań prowadzonych przez zespół jest znalezienie i charakterystyka nowych narzędzi do modyfikacji genetycznych (endonukleaz zależnych od modyfikacji DNA, białek TALE oraz systemów CRISPR), jak również weryfikacja możliwości ich praktycznego zastosowania zarówno do testów *in vitro*, jak i *in vivo*.

Opis realizowanych prac:

We współpracy z firmą New England Biolabs scharakteryzowaliśmy grupę endonukleaz zależnych od modyfikacji DNA. Przeprowadziliśmy systematyczne poszukiwania białek o budowie przypominającej białka TALE, które mogłyby być użyte jako nowe narzędzia do modyfikacji genetycznych. Rozpoczęliśmy weryfikację *in vitro*, czy istotnie są to białka typu TALE o nowym kodzie odczytu sekwencji DNA. W roku 2016 zakończyliśmy badania biochemiczne systemów CRISPR typu III i zweryfikowaliśmy stosowalność tych kompleksów białek Csm do wiązania i degradacji RNA w sposób zależny od dostarczonego wzorca RNA. Badania te przeprowadziliśmy w organizmie kręgowca. Ponadto kontynuowaliśmy badania mające na celu wykorzystanie białek CRISPR do modyfikacji mitochondrialnego DNA oraz zwiększenie skuteczności naprawy przecięć obu nici DNA (DSBs, ang. *double strand breaks*) przez rekombinację homologiczną (odpowiadającej pośrednio za skuteczność modyfikacji genetycznych). Ukończyliśmy również analizę porównawczą narzędzi do charakterystyki produktów naprawy DSBs.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Endonukleaza zależna od modyfikacji DNA została poddana krystalizacji, dla jednej z domen tego białka zarejestrowaliśmy dane dyfrakcyjne o rozdzielczości około 3 Å i pracujemy nad uzyskaniem informacji fazowej, która umożliwi rozwiązanie struktury. Testy bioinformatyczne doprowadziły do znalezienia rodziny białek zawierających w swej sekwencji powtórzenia, które wykazują pewne podobieństwo do powtórzeń TALE, a ich region zmienny przypomina region zmienny białek TALE, przy czym zbudowany jest z innych par aminokwasowych (Perycz i wsp., manuskrypt w przygotowaniu). Scharakteryzowaliśmy kompleksy Csm (Szychowska i wsp., 2016). We współpracy z grupą prof. Siksnysa (Uniwersytet w Wilnie) wykazaliśmy możliwość zastosowania tych kompleksów do wiązania i degradacji RNA w sposób zależny od dostarczonego wzorca crRNA (dane niepublikowane). Ponadto, porównaliśmy techniki do weryfikacji produktów naprawy DSBs *in vivo*. Wyniki tych badań pozwalają na określenie czułości metod detekcji tych produktów oraz przewidzenie typów powstających produktów przed ich określeniem z użyciem sekwencjonowania DNA (Krwawicz i wsp., manuskrypt w przygotowaniu).

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Mamy nadzieję, że nasza analiza porównawcza metod detekcji produktów naprawy DSBs będzie pomocna dla innych naukowców stosujących narzędzia modyfikacji genetycznych. Kompleksy Csm należą do narzędzi, które mogą być wykorzystane do degradacji RNA o określonej sekwencji w organizmach, w których stosowanie technologii RNAi jest utrudnione. Nasze dotychczasowe badania *in vivo* wskazują jednak, że kompleksy te z odpowiednią wydajnością degradują jedynie transkrypty matczyne. Wynika to prawdopodobnie z tego, że kompleksy Csm-crRNA nie są stabilne do czasu rozpoczęcia transkrypcji embrionalnej, bądź też z tego, że ich działanie nie jest wystarczająco skuteczne, aby zdegradować transkrypty pochodzące z zarodka w wystarczającym stopniu.

Publikacje:

5192, 5261, 5263, 5324, 4071/A

Temat nr 71: Stres środowiskowy jako źródło niestabilności genetycznej.

Zespół: dr hab. Adrianna Skoneczna, mgr Kamil Król, mgr Justyna Antoniuk-Majchrzak, dr Wioletta Górka-Nieć

Cel badania:

Jedną z przyczyn niestabilności genetycznej komórek eukariotycznych jest ich zmieniona odpowiedź na stres środowiskowy, wynikająca z niewłaściwego funkcjonowania jąderka. Aby móc analizować tego rodzaju fenotypy konieczne jest stworzenie metod umożliwiających śledzenie zmian aktywności i integralności jąderka w komórkach eukariotycznych.

Opis realizowanych prac:

Opracowane zostały trzy nowe testy służące temu celowi: test chmury chromosomalnej, komatkowy test chmury chromosomalnej oraz ASPIC-MS (ang. mass spectrometry identification of agarose-squeezed proteins interacting with chromatin). Przeprowadzone zostały eksperymenty z użyciem wymienionych metod i szeregu szczepów drożdży *Saccharomyces cerevisiae* pozbawionych białek istotnych dla zachowania funkcjonalności i integralności rejonu rDNA, m.in. szczepy pozbawione genów *FOB1*, *RPA12*, *RAD52*, *SGS1*, *RRM3* i *PIF1*. Wyniki tych eksperymentów potwierdziły użyteczność stworzonych technik. Stosując komatkowy test chmury chromosomalnej można zobrazować nietypowe struktury DNA tworzące się w rejonie rDNA. ASPIC-MS umożliwia poznanie nowych białek oddziałujących z DNA chromosomalnym. Test chmury chromosomalnej umożliwia szybką analizę anomalii występujących w rejonie rDNA.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Wskazanie metodą ASPIC-MS drożdżowego białka Las17, ortologa ludzkiego białka odpowiedzialnego za Wiskott-Aldrich Syndrom, jako białka jąderkowego. Wykazanie, że białko Las17 jest istotne dla poprawnego podziału jąderka i jego właściwej morfologii.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Opracowana metodyka zastosowana zostanie do badania charakteru zmian towarzyszących usunięciu z genomu *Saccharomyces cerevisiae* genów pomocnych w utrzymywaniu stabilnego genomu, w szczególności trudnych sekwencji repetytywnych takich jak rDNA. Uzyskane wyniki przedstawione zostały na konferencji Polskiego Towarzystwa Genetycznego, oraz posłużyły do przygotowania manuskryptu publikacji.

Publikacje:

5255, 5291, 5301, 4063/A, 4095/A, 4158/A

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

Zespół: dr hab. Marek Skoneczny, dr Anna Chelstowska, mgr Urszula Natkańska, mgr Błażej Kempański, mgr Łukasz Rymer

Cel badania:

1. Analiza funkcjonalna Hsp31p, białka odpowiedzi na stres, oraz jego paralogów o nieznannej funkcji: Hsp32p, Hsp33p i Hsp34p, 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 białek Hsp31p, Hsp32p, Hsp33p i Hsp34p prowadzono w kilku wątkach.
1. Regulacja ekspresji genu *HSP32*. Korzystając z fuzji promotora *HSP32* z reporterem *lacZ* rozpoczęto pomiary aktywności tego promotora w warunkach różnych stresów środowiskowych.
 2. Aktywność enzymatyczna białka Hsp32p. Wykazano, że Hsp32p, podobnie jak Hsp31p ma aktywność glioksalazy typu III zależną od obecności w jego łańcuchu polipeptydowym konserwowanej cysteiny.
 3. Lokalizacja wewnątrzkomórkowa Hsp31p. Odkryto, że lokalizacja wewnątrzkomórkowa Hsp31p może być różna w różnych szczepach laboratoryjnych drożdży *S. cerevisiae*. Poprzednio ustalono, że w powszechnie używanym szczepie BY Hsp31p jest zlokalizowany w cytoplazmie. Okazało się, że w tle genetycznym $\Sigma 1278b$ i W303 białko to jest zlokalizowane w części peryferyjnej komórki, prawdopodobnie w perioplazmie.
- Ad 2. Badania nad nową drogą importu białek do peroksysomów, zależną od hipotetycznego sygnału PTS3 prowadzono w dwóch wątkach.
1. Dalsza charakterystyka sygnału PTS3 oraz domeny receptorowej sygnału PTS3 w peroksynie Pex5p. Przygotowano plazmidy służące do ustalenia metodą fotokroslinkowania, które reszty aminokwasowe uczestniczą w oddziaływaniu między Pox1p a Pex5p.
 2. Współdziałanie szlaków importu do peroksysomów zależnych od PTS1 i PTS3. Przy pomocy mikroskopii fluorescencyjnej oraz frakcjonowania organelli komórek drożdży prowadzono jakościową i ilościową analizę zależności wydajności importu do peroksysomów białek Cta1p i Fox2p, od funkcjonalności domeny rozpoznającej sygnały PTS1 i PTS3 w receptorze Pex5p oraz od obecności sygnału PTS1 w tych białkach.

Opis najważniejszych osiągnięć:

1. Hsp31p jest zlokalizowany w perioplazmie niektórych szczepach drożdży *S. cerevisiae*. Prawdopodobnie jest to jego natywna lokalizacja, gdyż jego ortolog z *Candida albicans* prawdopodobnie jest również białkiem perioplazmatycznym.
2. W imporcie białek Cta1p i Fox2p do peroksysomów drożdży współdziałają dwa mechanizmy: dobrze znany mechanizm zależny od sygnału PTS1 i proponowany przez nas mechanizm zależny od PTS3.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Wyniki badań zostaną opisane w publikacjach naukowych.

Publikacje:

5216, 5255, 5299, 5301, 4017/A, 4063/A, 4095/A, 4130/A, 4131/A, 4132/A, 4158/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 (doktorantka)

Cel badania:

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

Opracowanie charakterystyki szczepów mikroorganizmów pochodzących z ryzosfer roślin antarktycznych.

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*. Podczas XXXX Polskiej Wyprawy Antarktycznej na Stację „Arctowskiego”, zebrano próby ryzosfery z trzech gatunków antarktycznych roślin kwiatowych i rozpoczęto wstępne analizy.

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, pozwalają również na badanie mechanizmów adaptacji do nowych warunków środowiskowych, jak również opracowanie skutecznych metod usuwania gatunków obcych z ekosystemów polarnych.

Publikacje:

5336, 5302, 5333, 4003/A, 4004/A, 4005/A, 4006/A, 4010/A, 4011/A, 4015/A, 4020/A, 4021/A, 4022/A, 4023/A, 4024/A, 4043/A, 4044/A, 4045/A, 4046/A, 4047/A, 4048/A, 865/N, 867/N, 871/N

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

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

Cel badania:

1. Analiza fizjologiczna i genetyczna bakterii kwasu mlekowego wyizolowanych ze środowisk polarnych (współpraca z ZDB IBB PAN).
2. Analiza mobilomu plazmidowego szczepów arktycznych i antarktycznych (współpraca z ZGBUW).
3. Wstępna „obróbka” wycieków spod lodowców (Antarktyka).
4. Uzupełnienie banku szczepów o ważne biotechnologicznie izolaty uzyskane z próbek wycieków podlodowcowych.

Opis realizowanych prac:

1. Najszybsze tempo wzrostu oraz największa gęstość biomasy występuje w przypadku hodowli szczepów w 50% BHI w temperaturze 16°C. Wszystkie z analizowanych szczepów wykazały brak wzrostu w temperaturze 30°C oraz 37°C. Badania genetyczne przynależności gatunkowej wykazały, że większość z analizowanych szczepów ze środowisk arktycznych należy do rodzaju *Carnobacterium*, wśród których wyodrębniono trzy gatunki: *C. alterfunditum*, *C. maltaromaticum* oraz *C. jeotgali*, a najprawdopodobniej cztery z analizowanych izolatów reprezentują 2 nowe gatunki. Ponadto, zidentyfikowano jeden szczep *Lactobacillus sakei* oraz dwa szczepy *L. lactis*.
2. Przeprowadzono analizę plazmidów szczepów bakterii z rodzaju *Polaromonas* (*Comamonadace*, *Betaproteobacteria*) wyizolowanych z lodowców Arktyki i Antarktyki. Analizom poddano 13 plazmidów o wielkości 7,2-101,1 kbp. W plazmidach wyróżniono moduły genetyczne tworzące rdzeń replikonu (moduł replikacyjny, stabilizacyjny, koniugacyjny) oraz moduły fenotypowe.
3. Wykonano analizę mikroskopową oraz izolację DNA z wycieków spod lodowców Ekologii (LE) i Baranowskiego (LB).
4. Trwa izolacja szczepów z wycieków podlodowcowych (60 szczepów już zostało wyizolowanych i dołączonych do kolekcji szczepów polarnych IBB PAN).

Opis najważniejszych osiągnięć:

Testy aktywności przeciwmikrobiologicznej, bazujące na obserwacji stref zahamowania wzrostu mikroorganizmów patogennych wykazały, że niektóre z analizowanych szczepów arktycznych powodują słabe zahamowanie wzrostu niektórych gatunków patogenów.

Na plazmidach wiele genów i modułów może mieć potencjalne znaczenie w adaptacji do życia w środowiskach lodowcowych. Np. geny uczestniczące w eliminacji skutków działania promieni UV i wolnych rodników oraz wyróżniono moduły oporności na metale ciężkie (rtęć, kadm, cynk, miedź, ołów).

Średnia liczebność bakterii z powierzchni lodowców wynosiła $3 \times 10^4 \text{ ml}^{-1}$ vs. $1.5 \times 10^6 \text{ ml}^{-1}$ (LB) i 9.2×10^5 (LE). 4-10% bakterii występowało w fazie podziału. Wstępne badania genetyczne nie wykazały występowania Archea.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Uzyskane rezultaty wejdą w skład publikacji.

Publikacje:

5234, 5260, 3999/A, 4000/A, 4001/A, 4002/A

Temat nr 74: Udział chromatyny w kontroli podstawowych procesów regulatorowych u Eukariota.

Zespół: dr hab. Tomasz Sarnowski, dr Szymon Kubala, dr Anna Maassen, doktoranci: mgr Sebastian Sacharowski, mgr Dominika Gratkowska, mgr inż. Paweł Ćwiek, mgr Dorota Zugaj, mgr inż. Paulina Kondrak, mgr inż. Jarosław Steciuk, mgr inż. Monika Cieśla, mgr inż. Klaudia Kogut, mgr Marcin Leszczyński, mgr. inż. Joanna Szarkowska, Piotr Bartosz

Cel badania:

Określenie funkcji kompleksów SWI/SNF a także innych maszynerii związanych z przebudową chromatyny w kontroli podstawowych procesów regulatorowych u Eukariota, w odpowiedzi na zmiany warunków wzrostu i rozwoju spowodowane czynnikami środowiskowymi ze szczególnym uwzględnieniem regulacji procesów metabolicznych.

Opis realizowanych prac:

Badany był efekt zaburzenia funkcjonowania maszynerii regulujących strukturę chromatyny na poziomie komórki, jak również całego organizmu, z wykorzystaniem najnowocześniejszych metod biologii molekularnej. Oceniano wpływ inaktywacji kompleksów SWI/SNF na nukleosomową strukturę chromatyny i ekspresję genów związanych z kontrolą głównych szlaków regulatorowych. Badano również rozmieszczenie kompleksów remodelujących w chromatynie wykorzystując dwa układy modelowe – roślinny i oparty na ludzkich liniach komórkowych.

Opis najważniejszych osiągnięć:

1. Wykazano, że kompleksy remodelujące chromatynę typu SWI/SNF u ludzi i u rośliny modelowej *Arabidopsis thaliana* w dużym stopniu pełnią podobne role w regulacji ekspresji genów i w kontroli różnych ważnych procesów regulatorowych.
2. Zaproponowano wykorzystanie linii *Arabidopsis* niosących mutacje w genach kodujących główne podjednostki kompleksów SWI/SNF jako modelu do badania zachowanych w ewolucji funkcji tych kompleksów.
3. Przeprowadzono walidację platformy opartej o mutanty *Arabidopsis* służącej do poszukiwania nowych substancji chemicznych działających na zachowane w ewolucji szlaki metaboliczne.
4. Wykazano, że funkcja kompleksów remodelujących chromatynę zmienia się w odpowiedzi na działanie czynników środowiskowych.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Wyniki prowadzonych badań wykorzystane zostały w doniesieniach na krajowe i międzynarodowe konferencje naukowe w formie plakatów i prezentacji ustnych, publikacji naukowej, opublikowanej w wysokoindeksowanym międzynarodowym czasopiśmie naukowym oraz w pracach magisterskich i rozprawie doktorskiej. Dodatkowo, wyniki przeprowadzonych badań wykorzystane zostały podczas popularyzujących naukę zajęć z uczniami szkół podstawowych i ponadpodstawowych oraz zajęć ze studentami biologii i dziedzin pokrewnych Uniwersytetu Rzeszowskiego i SGGW.

Publikacje:

5259, 4055/A, 4056/A, 4057/A, 4059/A, 4060/A, 4064/A, 4109/A, 4137/A, 4138/A, 4139/A, 4140/A, 4148/A, 4149/A, 857/N, 872/N, 873/N, 874/N

Sprawozdanie z monitoringu ekologicznego - wieloletnie obserwacje ptaków i ssaków pętlonogich na wyspie Króla Jerzego w sezonie 2015/2016

Marta Damaszkę (ASPA 128), Anna Gasek, Anna Grebieniów (ASPA 151)

Koordynator: dr inż. Małgorzata Korczak-Abshire

Celem projektu jest ekologiczne rozpoznanie i obserwacja zmian kluczowych elementów ekosystemu Antarktyki, oraz wyjaśnienie interakcji pomiędzy cyklami życiowymi zwierząt, dostępnością pokarmu i zagęszczeniem drapieżców. Monitoring prowadzony jest na terenie zachodniego wybrzeża Zatoki Admiralicji (w tym – Antarctic Specially Protected Area – ASPA No 128 Western Shore of Admiralty Bay) oraz na terenie zachodniego wybrzeża Zatoki Króla Jerzego w ASPA No 151 Lions Rump (Wyspa Króla Jerzego, Sztetlandy Południowe, Antarktyka Zachodnia) (Fig.1). Monitoring obejmuje szczegółowe obserwacje trzech gatunków pingwinów *Pygoscelis: papua* (pingwiny białobrewy), *adeliae* (pingwiny białookie), *antarcticus* (pingwiny maskowe); ptaków latających: *Larus dominicanus* (mewa dominikańska), *Sterna vittata* (rybitwa antarktyczna), *Daption capense* (petrelec warcabnik), *Chionis alba* (pochwodziób biały), *Macronectes giganteus* (petrelec olbrzymi), *Oceanites oceanicus* (oceannik żółtopłetwy), *Fregetta tropica* (oceannik czarnobrzuchy), *Stercorarius* sp. (wydrzyki); gatunków ptaków niecharakterystycznych dla rejonu (tzw. vagrant); ssaków pętlonogich: *Mirounga leonina* (słoń morski), *Arctocephalus gazella* (uchatka antarktyczna), *Lobodon carcinophagus* (foka krabojad), *Leptonychotes weddellii* (foka Weddella), *Hydrurga leptonyx* (lampart morski) oraz ssaków morskich (Cetacea) występujących w wodach obu zatok.

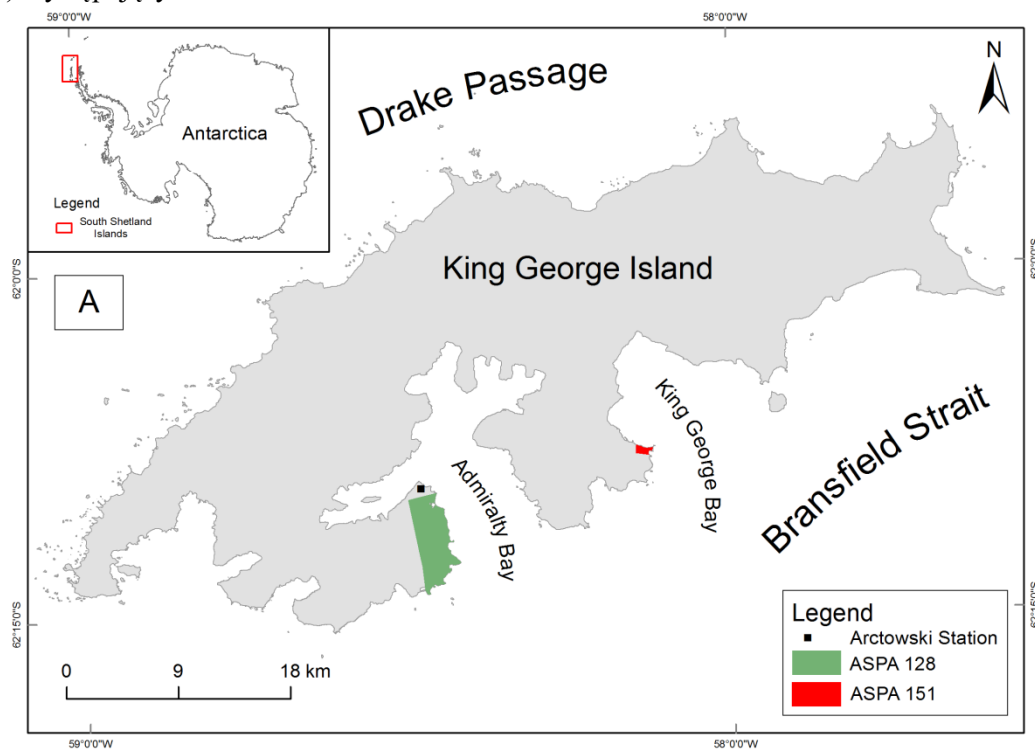


Fig. 1. Obszary objęte monitoringiem ASPA 128 i 151, Wyspa Króla Jerzego, Sztetlandy Południowe, Antarktyka Zachodnia.

W 2016 roku w ASPA 128 program monitoringu prowadzony był w systemie całorocznym. W ASPA 151 program monitoringu prowadzony był w okresie lata antarktycznego (od listopada 2015 do kwietnia 2016). Obserwatorzy prowadzili systematyczny monitoring zależnych od kryła gatunków ptaków na terenach lęgowych i ssaków na terenach rozrodu, linienia oraz wypoczynku zgodnie z ogólnie przyjętymi standardowymi metodami CCAMLR Ecosystem Monitoring Programme. Rejestrowane parametry obejmowały: wielkość populacji (Metoda A3) trzech gatunków pingwinów (6 kolonii lęgowych o łącznej liczbie 26 017 par) sukces lęgowy (A6 Procedura A), rejestr chronologii lęgów (A9), wagę (g) jaj oraz wagę (g) pingwinów juwenilnych (A7). Wykonano szczegółowe mapy rozmieszczenia

populacji lęgowych badanych gatunków. Wykonano obrysy granic kolonii z wyszczególnieniem grup lęgowych przy użyciu narzędzi GIS (ArcPAD 7, ArcMap 10.1, odwzorowanie WGS 84 UTM Zone 21S). Prowadzono rejestr wielkości populacji, sukces lęgowy i rozrodczy oraz rejestr rozmieszczenia przestrzennego terenów lęgowych 9 gatunków ptaków latających oraz rozrodczych ssaków pętlonogich, a także rejestr pojawiających się w wodach obu zatok walenii (Cetacea). Monitoring ssaków pętlonogich wzdłuż 15 odcinków zachodniego wybrzeża Zatoki Admiralicji oraz 7 odcinków zachodniego wybrzeża Zatoki Króla Jerzego prowadzono co 10 dni, zgodnie z wytycznymi. Prowadzono rejestr oznakowań ptaków i ssaków pętlonogich według wytycznych w celu uzyskania informacji o wędrówkach zwierząt. Podczas prowadzenia obserwacji gatunków ptaków niecharakterystycznych dla rejonu (tzw. vagrant) odnotowano próby lęgu gatunku *Aptenodytes patagonicus* pingwina królewskiego w ASPA 151, do tej pory jest to najdalej na południe odnotowana próba lęgu tego gatunku.

Ponadto prowadzono rejestr wejść na teren specjalnej ochrony Antarctic Specially Protected Area No. 128 i 151 oraz rejestr osób wizytujących antarktyczne obszary specjalnej ochrony.

Rozpoczęto realizację międzynarodowego projektu "Establishing a CEMP Camera Network in Subarea 48.1". Jego celem jest wsparcie dotychczas prowadzonych obserwacji monitoringu gatunków wskaźnikowych, tzw. "krill-dependent predators" w obszarze 48.1. Rejon ten jest miejscem intensywnej eksploatacji kryla oraz intensywnie zachodzących zmian klimatycznych. W ramach projektu rejestrowana jest za pomocą systemu zautomatyzowanych kamer (RECONYX HyperFire PC800) chronologia rozrodu i sukces lęgowy trzech gatunków pingwinów w szeregu lokalizacji. W sezonie 2016 zainstalowano 14 kamer RECONYX HyperFire PC800 w wybranych koloniach lęgowych pingwinów *Pygoscelis* w ASPA 128 i ASPA 151 (Fig.2, Fot.1). Pozyskany materiał został poddany analizie.

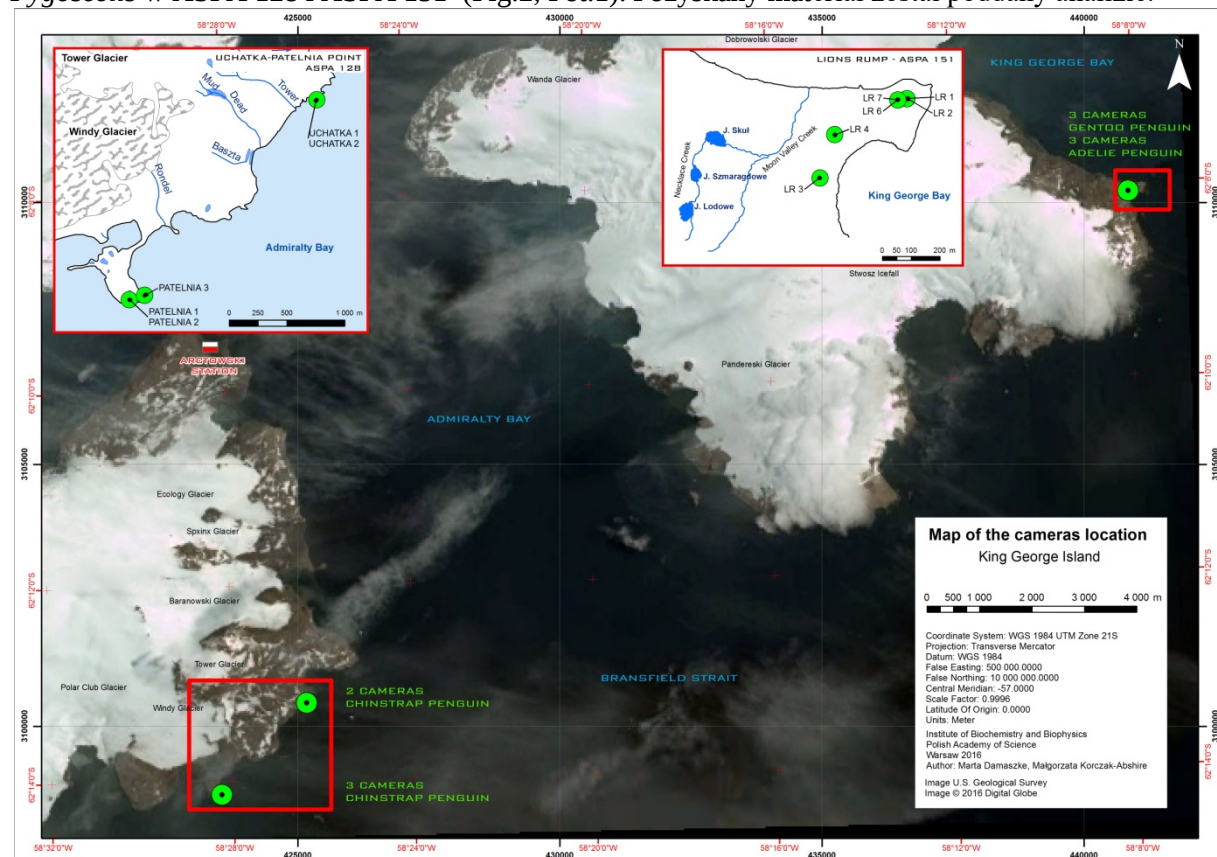


Fig.2. Rozmieszczenie kamer (RECONYX HyperFire PC800) na terenie Wyspy Króla Jerzego, Sztetlandy Południowe, Antarktyka.



Fot. 1. Zainstalowana kamera RECONYX HyperFire PC800 w kolonii Uchatka Point oraz obraz uzyskany z kamery w kolonii Patelnia Point (ASPА 128).

Część spośród uzyskanych danych jest wykorzystywana dla potrzeb międzynarodowego monitoringu gatunków wskaźnikowych zależnych od kryla CCAMLR Ecosystem Monitoring Program, którego celem jest kontrola bezpiecznej eksploatacji komercyjnych gatunków Oceanu Południowego (kryl, ryby), a także zarządzania obszarami chronionymi ASPA No 128 i ASPA No 151, którymi opiekuje się Polska. Zbierane dane niosą informacje o stanie i zmianach w populacji żywych zasobów morskich Antarktyki oraz czynnikach wpływających na rozmieszczenie, liczebność i rozmnażanie gatunków odławianych oraz zależnych od nich i powiązanych z nimi gatunków lub populacji.

Dane dotyczące gatunków wskaźnikowych zależnych od kryla z ASPA 151, Lions Rump CEMP Site, dostarczane są co roku do międzynarodowej bazy CEMP.

Ponadto dane z monitoringu są wykorzystywane do nowelizacji planów zarządzania ASPA 128 i 151 oraz ASMA 1. Plany te są zatwierdzane przez ATCM CEP (Antarctic Treaty Consultative Meeting, The Committee for Environmental Protection).

W trakcie wieloletnich obserwacji stwierdzono znaczący spadek liczebności populacji pingwinów *P. antarcticus* i *P. adeliae* na obu badanych obszarach, i jednocześnie wzrost liczebności *P. papua*. Można przypuszczać, że zmiany te wynikają z odmiennych preferencji pokarmowych obu gatunków oraz różnic w zachowaniu osobników młodocianych. Obserwowane obecnie w rejonie Półwyspu Antarktycznego zmiany w długości okresu występowania i zasięgu zimowej pokrywy lodowej powodują ograniczenie dostępności kryla, a zwłaszcza jego młodocianych stadiów, które są pokarmem preferowanym przez *P. adeliae*. Młodociane *P. adeliae* uczą się pobierania pokarmu w grupach złożonych głównie z samych młodych i niedoświadczonych osobników, natomiast *P. papua* rozpoczynają samodzielne życie w grupach składających się zarówno z młodych, jak i dorosłych pingwinów. Dzięki temu zwiększają się ich szanse na szybkie znalezienie pokarmu i zbudowanie kondycji odpowiedniej do przetrwania trudnego okresu zimowego.

Odnotowano znaczny wzrost liczebności populacji uchatek antarktycznej *Arctocephalus gazella*, w obu monitorowanych obszarach ASPA 128 i ASPA 151. Gatunek ten, w minionym stuleciu, został praktycznie wytępiony. Nasze obserwacje dowodzą, iż populacja uchatek z powodzeniem odradza się po wprowadzeniu całkowitej ochrony tego gatunku.

Pracownia Analiz Mikromacierzy

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

W 2016 roku Pracownia Analiz Mikromacierzy uczestniczyła w wykonaniu eksperymentów z użyciem technologii mikromacierzy i sekwencjonowania nowej generacji dla wymienionych poniżej naukowców z IBB PAN:

1. dr Aneta Bartosik – wykonanie i analiza 70 mikromacierzy dla *Pseudomonas aeruginosa*,
2. dr Anna Góra – przygotowanie bibliotek do RNA-seq z 18 prób RNA izolowanego z pomidora oraz sekwencjonowanie NGS,
3. prof. dr hab. Andrzej Jerzmanowski – przygotowanie bibliotek do RNA-seq z 12 prób małych RNA *Arabidopsis thaliana* oraz sekwencjonowanie NGS,
4. dr hab. Elżbieta Kraszevska – przygotowanie bibliotek do RNA-seq z 6 prób RNA izolowanego z *Pseudomonas aeruginosa* oraz sekwencjonowanie NGS,
5. dr Szymon Świeżewski – przygotowanie bibliotek do RNA-seq z 12 prób RNA izolowanego z *Arabidopsis thaliana* oraz sekwencjonowanie NGS,
6. dr hab. Urszula Zielenkiewicz – przygotowanie 14 bibliotek i sekwencjonowanie NGS metatranskryptomów oraz sekwencjonowanie hiperzmiennych regionów genu kodującego 16SrRNA do analiz metagenomicznych przy użyciu Ion PGM dla 6 prób.

Dla pracowni badawczych IBB PAN wykonano 70 mikromacierzy, przeprowadzono sekwencjonowania typu RNA-seq dla różnych organizmów oraz sekwencjonowanie hiperzmiennych regionów genu kodującego 16SrRNA do analiz metagenomicznych. Dla wykonanych eksperymentów mikromacierzowych oraz części analiz RNA-seq przeprowadzono analizę bioinformatyczną uzyskanych danych.

Pracownia Analiz Mikromacierzy wykonała zlecenia otrzymane z następujących jednostek badawczych:

1. Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu – analiza z zastosowaniem technologii mikromacierzy – 3 mikromacierze,
2. Wydział Biologii, Uniwersytet Warszawski – sekwencjonowanie hiperzmiennych regionów genu kodującego 16SrRNA oraz genomowego DNA do analiz metagenomicznych przy użyciu Ion PG,
3. Katolicki Uniwersytet Lubelski Jana Pawła II – sekwencjonowanie hiperzmiennych regionów genu kodującego 16SrRNA przy użyciu Ion PGM,
4. Uniwersytet Medyczny w Łodzi – analiza z zastosowaniem technologii mikromacierzy – 7 mikromacierzy,
5. Instytut Genetyki i Hodowli Zwierząt PAN – analiza mikromacierzowa SNP dla 48 prób DNA.

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

Naukowcy, z którymi Pracownia współpracuje naukowo:

z Wydziału Biologii, Uniwersytetu Warszawskiego:

- Prof. dr hab. Maria Anna Ciemerych-Litwinienko
- Dr Rafał Archacki

z Instytutu Medycyny Doświadczalnej i Klinicznej PAN:

- Prof. dr hab. Bogdan Lesyng

z Wydziału Matematyki, Informatyki i Mechaniki, Uniwersytetu Warszawskiego:

- Prof. dr hab. Anna Gambin

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Uzyskane wyniki zostaną opublikowane w międzynarodowych czasopismach.

Publikacje

5208, 5320, 5337

Serwis Bakulowirusa

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

W 2016 roku w pracowni nadprodukowano w komórkach owadzych (system Bac-To-Bac oraz FlashBac):

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

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

W ramach działalności usługowej, dla zleceniodawców spoza IBB PAN nadprodukowano: 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 Szolańska, dr hab. Elżbieta Speina (opiekun cytometru przepływowego), mgr Małgorzata Podsiadła-Białoskórska (technik)

W 2016 roku w Pracowni realizowane 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 hab. 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, temat realizowany do sierpnia).
3. Badania na nieśmiertelnej 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. 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).
5. Rola ludzkich homologów białka AlkB w naprawie DNA, modyfikowaniu RNA i stabilności genomu w ludzkich liniach komórkowych (grupa prof. dr hab. Elżbiety Grzesiuk, Zakład Biologii Molekularnej).
6. Badanie efektu antynowotworowego związków z grupy stilbenów i oksepin i antrachinonów na wybranych zdrowych i nowotworowych liniach komórkowych (grupa prof. dr hab. Elżbiety Grzesiuk, Zakład Biologii Molekularnej).
7. Badanie wpływu wariantów białka HA na proliferację splenocytów oraz produkcję specyficznych cytokin. (grupa dr Edyty Kopery, Zakład Biosyntezy Białka).
8. Zastosowanie wirusopodobnej cząstki wektorowej – dodekahedronu adenowirusa jako wektora dla czynników o potencjalnym działaniu terapeutycznym i platformy szczepionkowej (grupa dr hab. Ewy Szolańskiej, Zakład Biosyntezy Białka).
9. Określenie wpływu głodu azotowego i glukozy na ekspresję podjednostek polimerazy III RNA w komórkach raka jelita grubego (dr Damian Graczyk, Zakład Genetyki). Analiza wpływu nadekspresji podjednostek polimerazy III RNA na odpowiedź prozapalną mysich makrofagów (dr Damian Graczyk, Zakład Genetyki).
10. Badanie wpływu nadekspresji białek rekombinacji homologicznej na działanie systemu CRISPR/Cas9 w komórkach HEK293 (grupa prof. dr hab. Matthiasa Bochtlera, Pracownia Inżynierii Genomowej).
11. Analiza zawartości DNA w komórkach drożdżowych niosących mutacje w genach kodujących białka zaangażowane w replikację DNA i kontrolę cyklu komórkowego (grupa prof. dr hab. Iwony Fijałkowskiej, Pracownia Mutagenезy i Reperacji DNA).
12. Rola postranslacyjnych modyfikacji w regulacji ludzkiej polimerazy iota (dr Justyna McIntyre, mgr inż. Mikołaj Fedorowicz, grupa prof. dr hab. Ewy Śledziewskiej-Gójskiej, Pracownia Mutagenезy i Reperacji DNA).
13. Rola cyklu komórkowego w regulacji polimerazy eta w komórkach drożdży *Saccharomyces cerevisiae* (Aleksandra Sobolewska, grupa prof. dr hab. Ewy Śledziewskiej-Gójskiej, Pracownia Mutagenезy i Reperacji DNA).
14. Analiza zawartości DNA genomowego szczepów drożdży *S. cerevisiae* niosących mutacje w genach kodujących białka zaangażowane w ochronę komórek przed skutkami stresu genotoksycznego. Badanie ich ploidalności i zaburzeń cyklu komórkowego (dr hab. Adrianna Skoneczna, mgr Kamil Król, mgr Justyna Antoniuk-Majchrzak, Pracownia Mutagenезy i Reperacji DNA).
15. 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).
16. Oznaczenie zmian poziomu dwuniciowego RNA w komórkach HeLa (grupa prof. dr hab. Andrzeja Dziembowskiego, Pracownia Biologii RNA i Genomiki Funkcjonalnej).

17. Oznaczenie poziomu retrotranspozycji (grupa prof. dr hab. Andrzeja Dziembowskiego, Pracownia Biologii RNA i Genomiki Funkcjonalnej).
18. Badanie wpływu mikrośrodowiska jamy otrzewnej na komórki raka jajnika z wykorzystaniem technik hodowli komórkowych *in vitro*, metod mikromacierzowych oraz analizy szlaków sygnałowych. (mgr Agnieszka Lech doktorantka Międzywydziałowych Interdyscyplinarnych Studiów Doktoranckich w zakresie nauk Matematyczno – Przyrodniczych (MISDoMP) Uniwersytetu Warszawskiego, promotorzy: prof. dr hab. Bogdan Lesyng i dr hab. Ewa Szolajska).

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 2016 roku ramach działalności usługowej dla IBB zsyntetyzowano 3 999 oligonukleotydów oraz zsekwencjonowano na aparatach ABI 3730 i ABI 3730 xl 16 420 matryc DNA, co przy średniej długości odczytu 850bp daje 13 957 000 zasad.

Dla 105 zleceniodawców spoza IBB zostały zrealizowane zamówienia na zsekwencjonowanie 28 725 matryc i zsyntetyzowano 16 000 oligonukleotydów.

Z wykorzystaniem sekwenatora genomowego MiSeq Illumina zsekwencjonowano dla IBB 1 genom bakteryjny, 5 genomów bakteriofagów, 74 plazmidy bakteryjne, 4 genomy drożdżowe i 42 próbki środowiskowe uzyskując łącznie 25 GB par zasad.

W ramach współpracy z jednostkami spoza Instytutu zsekwencjonowano: 9 genomów bakteryjnych, 34 plazmidy bakteryjne, 16 klonów BAC, 2 genomy wirusowe, 8 genomów alg oraz 79 próbek środowiskowych otrzymując około 35 GB par zasad.

Z użyciem sekwenatora III generacji Oxford Nanopore MinION zsekwencjonowano dla IBB w ramach analiz pilotażowych 2 genomy bakteryjne oraz 2 genomy plazmidowe.

Dodatkowo w ramach przyznanych minigrantów wykonano 382 sekwencjonowania matryc DNA i 6 785 reakcji analizy polimorfizmu.

Syntezy oligonukleotydów i sekwencjonowanie matryc wykonano dla następujących zakładów IBB:

		matryce	oligonukleotydy
1.	Zakład Genetyki	265	110
2.	Zakład Biochemii Drobnoustrojów	628	160
3.	Zakład Biosyntezy Białka	397	145
4.	Zakład Biochemii Roślin	427	170
5.	Zakład Biofizyki	481	229
6.	Zakład Biologii Molekularnej	593	197
7.	Instytut Genetyki i Biotechnologii UW	4 400	398
8.	Pracownia Mutagenazy i Reperacji DNA	320	165
9.	Pracownia Glikobiologii Grzybów	220	117
10.	Pracownia Sekwencjonowania DNA i Syntezy Oligonukleotydów	158	127
11.	Zakład Biochemii Lipidów	210	132
12.	Pracownia Biologii RNA i Genomiki Funkcjonalnej	8 321	2 049

Oprócz zleceń 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 Biologii Medycznej PAN, Łódź
3.	Instytut Biologii Ssaków PAN, Białowieża
4.	Instytut BioInfoBank, Poznań
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 Medycyny Wsi, Lublin

15.	Instytut Podstawowych Problemów Techniki PAN, Warszawa
16.	Instytut Rozrodu Zwierząt i Badań Żywności PAN, Olsztyn
17.	Zakład Ichtiobiologii i Gospodarki Rybackiej PAN, Gołysz
18.	Międzynarodowy Instytut Biologii Molekularnej i Komórkowej, Warszawa
19.	Instytut Biotechnologii i Antybiotyków, Warszawa
20.	Instytut Biotechnologii Przemysłu Rolno-Spożywczego, Warszawa
21.	Instytut Fizjologii i Patologii Słuchu, Warszawa
22.	Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin, Radzików
23.	Instytut Matki i Dziecka, Warszawa
24.	Instytut Ochrony Roślin PIB, Poznań
25.	Instytut Psychiatrii i Neurologii, Warszawa
26.	Instytut Zootechniki PIB, Kraków
27.	Instytut Włókien Naturalnych i Roślin Zielarskich, Poznań
28.	Muzeum i Instytut Zoologii PAN, Warszawa
29.	Narodowy Instytut Geriatrii, Reumatologii i Rehabilitacji, Warszawa
30.	Narodowy Instytut Zdrowia Publicznego – PZH, Warszawa
31.	Państwowy Instytut Weterynaryjny, Puławy
32.	Wojskowy Instytut Medyczny, Warszawa
33.	Wojskowy Instytut Higieny i Epidemiologii, Warszawa
34.	Uniwersytet Gdański, Gdańsk
35.	Uniwersytet im. A. Mickiewicza, Poznań
36.	Uniwersytet Jagielloński, Kraków
37.	Uniwersytet Jana Kochanowskiego, Kielce
38.	Uniwersytet im. Kardynała Stefana Wyszyńskiego, Warszawa
39.	Uniwersytet Kazimierza Wielkiego, Bydgoszcz
40.	Uniwersytet Łódzki, Łódź
41.	Uniwersytet Mikołaja Kopernika, Toruń
42.	Uniwersytet Opolski, Opole
43.	Uniwersytet Przyrodniczy, Lublin
44.	Uniwersytet Przyrodniczy, Poznań
45.	Uniwersytet Przyrodniczy, Wrocław
46.	Uniwersytet Rolniczy, Kraków
47.	Uniwersytet Rzeszowski, Rzeszów
48.	Uniwersytet Szczeciński, Szczecin
49.	Uniwersytet Śląski, Katowice
50.	Uniwersytet Technologiczno-Przyrodniczy, Bydgoszcz
51.	Uniwersytet Wrocławski, Wrocław
52.	Uniwersytet Warszawski, Warszawa
53.	Uniwersytet Warmińsko-Mazurski, Olsztyn
54.	Uniwersytet Zielonogórski, Zielona Góra
55.	Uniwersytet Medyczny w Białymstoku, Białystok
56.	Uniwersytet Medyczny, Lublin
57.	Uniwersytet Medyczny, Łódź
58.	Uniwersytet Medyczny, Poznań
59.	Uniwersytet Medyczny, Wrocław

60.	Gdański Uniwersytet Medyczny, Gdańsk
61.	Pomorski Uniwersytet Medyczny, Szczecin
62.	Śląski Uniwersytet Medyczny, Katowice
63.	Warszawski Uniwersytet Medyczny, Warszawa
64.	Zachodniopomorski Uniwersytet Technologiczny, Szczecin
65.	Politechnika Gdańska, Gdańsk
66.	Politechnika Warszawska, Warszawa
67.	Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego, Warszawa
68.	Centrum Badań DNA Sp. z o.o., Poznań
69.	Centrum Medyczne Kształcenia Podyplomowego, Warszawa
70.	Centrum Onkologii, Warszawa
71.	Wojewódzki Inspektorat Weterynarii, Opole
72.	Wojewódzka Stacja Sanitarno-Epidemiologiczna, Bydgoszcz
73.	Wojewódzka Stacja Sanitarno-Epidemiologiczna, Rzeszów
74.	Zakład Diagnostyki Medycznej, Poznań
75.	Adamed Sp. z o.o., Pieńków
76.	Balton Sp. z o.o., Warszawa
77.	Biogena Sp. z o.o., Olsztyn
78.	Centrum Diagnostyki Genetycznej Genescreen, Kobylnica
79.	Centrum Materiałów Polimerowych i Węglowych PAN, Zabrze
80.	Celther Polska Sp. z o.o., Zakroczym
81.	Curiosity Diagnostics, Warszawa
82.	Cigen Sp. z o.o., Ostrów Wielkopolski
83.	Europejskie Regionalne Centrum Eko Hydrologii, Łódź
84.	EURx sp. z o.o., Gdańsk
85.	Fundacja na Rzecz Chorych z Chorobami Krwi, Warszawa
86.	Fundacja Uniwersytetu Warszawskiego, Warszawa
87.	Genesis Polska, Poznań
88.	Genet Reserch Sp. z o.o., Wrocław
89.	Hurt-Chem Hurtownia Odczynników Chemicznych, Duchnice
90.	Główny Inspektorat Jakości Handlowej Artykułów Rolno-Spożywczych, Warszawa
91.	Laboratorium Badań Genetycznych Sp. z o.o., Lublin
92.	Laboratorium Diagnostyki Molekularne Sp. z o.o., Wrocław
93.	MediGen, Warszawa
94.	Metagentor SP. z o.o., Toruń
95.	Oncogene Diagnostics, Kraków
96.	Personather sp. z o.o., Konstantynów Łódzki
97.	Przedsiębiorstwo Handlowe VINC, Gdynia
98.	Rex Company, Wrocław
99.	Samodzielny Publiczny Centralny Szpital Kliniczny, Warszawa
100.	Samodzielny Publiczny Dziecięcy Szpital Kliniczny, Warszawa
101.	Stowarzyszenie Miłośników Żubrów, Warszawa
102.	Synevo Polska, Warszawa
103.	Trisamya Cosmetics Sp. z o.o., Lublin
104.	Vet-Lab, Brudzew
105.	VitaGenum, Lublin

Laboratorium Analiz Modyfikacji Genetycznych

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

Cel badania:

Analiza obecności materiału transgenicznego w produktach rynkowych oraz oznaczanie liczby kopii genów, a także 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:

1. Laboratorium uczestniczyło w dwóch międzylaboratoryjnych badaniach sprawności jakościowej i ilościowej detekcji GMO organizowanych przez Instytut Materiałów Referencyjnych i Pomiarów UE w Centrum Badań Połączonych, Geel, Belgia.
2. Wykonano usługi pomiaru ilościowego mRNA w różnych próbkach dostarczonych przez klientów IBB oraz zewnętrznych. Oznaczano również liczbę kopii genów w materiale dostarczonym przez klientów. Wykonano około 34 700 reakcji, łącznie z opracowaniem metodyki analiz i projektowaniem starterów.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Wyniki oznaczania poziomu mRNA oraz liczby kopii będą zamieszczone w publikacjach naukowych.

Publikacje:

5256, 5334

Środowiskowe Laboratorium Spektrometrii Mas

Zespół: prof. dr hab. Michał Dadlez, dr Magdalena Kaus-Drobek, dr Dominik Domański, dr Aleksander Moysa, dr Krzysztof Tarnowski, mgr Jacek Olędzki, mgr Magdalena Bakun, mgr Agnieszka Fabijańska, mgr Piotr Zarębski, mgr Radosław Jaźwiec, mgr Emilia Pawłowska, mgr Agata Malinowska, mgr Michał Kistowski, mgr Aiswarya Premchandar, mgr Anna Perzanowska, mgr Katarzyna Bucholc, mgr Agnieszka Fatala, mgr Magdalena Richter

Cel badania:

Analizy proteomiczne i metabolomiczne.

Opis realizowanych prac:

Laboratorium, wzorem lat poprzednich, uczestniczyło w wielu projektach wykonując wszystkie niezbędne analizy proteomiczne i analizy leków i ich metabolitów. Spośród projektów zakończonych publikacjami należy wymienić: w dziedzinie badań strukturalnych – zmapowanie regionów kontaktu kompleksu łącznikowego Mis12 białek kinetochoru *Drosophila* i kompleksu COMA *Saccharomyces lactis* (5222), nowego oddziaływania w obrębie kompleksu białkowego procesingu histonowych mRNA (5231), miejsc kontaktu fosfolipazy A2 z domeną NBD1 białka CFTR (5276). Badania proteomiczne pozwoliły wykazać np. wzbogacenie frakcji jąderkowej neuronów w dwa ważne dla rozwoju układu nerwowego białka (5250), wpływ zwiększenia fosforylacji białka eIF2a na zwiększoną sekrecję enzymów modyfikujących macierz w komórkach białaczki (5344), krzyżową regulację kinaz Aurora i Citron w cytochinezie (5232), czy funkcjonalną rolę modyfikacji posttranslacyjnych histonu H1 (5196). Analizy celowane zostały zastosowane do analizy poziomów keratyn w płynie jamy opłucnowej w raku płuc (5239) i w badaniu mechanizmu odpowiedzi komórkowej na escynę (5316).

Część laboratorium odpowiedzialna za analizy substancji niskocząsteczkowych kontynuowała niektóre projekty rozpoczęte w poprzednich latach jak: oznaczanie leków immunosupresyjnych (5305, 5306, 5308) w krwi pełnej (Novartis, Szpital Uniwersytecki Wrocław) oraz mleku pacjentek dla dr hab. Bożeny Kociszewskiej-Najman (WUM), metabolitu leflunomidu (Sandoz), 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, SDMA) w dializatach płynu mózgowo-rdzeniowego dla dr hab. Magdaleny Zielińskiej (IMDiK), witaminy D (prof. Stefan Pierzynowski i Alcresta). Ponadto ustawiono metody oznaczania wolnych i całkowitych kwasów tłuszczowych w osoczu (prof. Stefan Pierzynowski i Alcresta). Kontynuowano badania farmakokinetyczne nowych związków dla OncoArendi w ramach grantu STRATEGMED i prof. Grażyny Niewiadomskiej (Instytut Nenckiego). Opracowano metodę oznaczania aminokwasów w osoczu i homogenatach tkanki mózgowej i guza oraz metodę oznaczania trimetyloaminy i jej tlenku w osoczu oraz wykonano oznaczenia próbek dla dr hab. Marcina Ufnala (WUM). Ustawiono metodę analizy związków BK176.4 i BK124.1 oraz wykonano oznaczenia próbek osocza dla prof. Urszuli Wojdy (IMDiK).

Opis najważniejszych osiągnięć:

Wykazanie silnej nadreprezentacji peptydów elastazowych w proteomie tkanki raka jelita grubego i peptydów keratynowych w płynie z jamy opłucnowej w raku płuc. Zmapowanie regionów interakcji w obrębie kompleksów COMA i Mis12 białek kinetochorowych oraz partnerów molekularnych domeny NBD1 białka CFTR. Opracowanie nowego modelu regulacji procesu powstawania histonowych mRNA.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Uzyskane rezultaty wchodzą w skład publikacji.

Publikacje:

5185, 5196, 5219, 5222, 5231, 5232, 5250, 5269, 5276, 5293, 5294, 5306, 5308, 5305, 5316, 5338, 5342, 5344, 5347, 4028/A, 4062/A, 4072/A, 4095/A, 854/N, 861/N

Pracownia Mikroskopii Konfokalnej i Fluorescencyjnej IBB PAN

Zespół: dr Małgorzata Lichocka

Cel badania:

Analiza mikroskopowa materiału biologicznego w oparciu o techniki mikroskopii świetlnej i fluorescencyjnej.

Opis realizowanych prac:

W oparciu o infrastrukturę Pracowni Mikroskopii Konfokalnej i Fluorescencyjnej wykonywane są analizy mikroskopowe na komórkach roślinnych (m.in. *Arabidopsis thaliana*, *Nicotiana benthamiana*), bakterii (np. z rodzaju *Pseudomonas*), drożdży (*Saccharomyces cerevisiae*), grzybów (np. *Fusarium sambucinum*), pierwotniaków (*Paramecium caudatum*), nicieni (*Caenorhabditis elegans*) oraz ssących liniach komórkowych. Zazwyczaj analizowana jest morfologia utrwalonych komórek oraz ich wewnętrzna organizacja w oparciu o kontrast Nomarskiego oraz znaczniki fluorescencyjne. Znaczna część badań dotyczy lokalizacji subkomórkowej wyznakowanego fluorescencyjnie białka oraz jego kolokalizacja z markerami struktur wewnątrzkomórkowych.

Działalność Pracowni obejmuje:

prowadzenie szkoleń z obsługi mikroskopu fluorescencyjnego Nikon E800 oraz mikroskopu konfokalnego Nikon C1, które umożliwiają samodzielną pracę w oparciu o infrastrukturę Pracowni, wykonywanie analiz mikroskopowych w ramach usług oraz współpracy naukowej.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Mikroskop fluorescencyjny Nikon E800 wykorzystano w wymiarze 251 godz. przez samodzielnych użytkowników.

Przeprowadzono indywidualne szkolenia z obsługi mikroskopu Nikon E800 dla 6 osób z IBB PAN

1.	Dmowski Michał	Zakład Biochemii Drobnoustrojów
2.	Jedynak Marta	Zakład Biosyntezy Białka
3.	Kołąkowski Damian	Zakład Genetyki
4.	Niemirow Anna	Zakład Biochemii Roślin
5.	Owsian Dawid	Pracownia Sekwencjonowania DNA i Syntezy Oligonukleotydów
6.	Szwajczak Ewa	Pracownia Mutagenyzy i Reperacji DNA

Mikroskop konfokalny Nikon C1 wykorzystano ogółem w wymiarze 569 godz. przez samodzielnych użytkowników po przeszkoleniu a także w ramach usług i współpracy naukowej.

Przeprowadzono indywidualne szkolenia z obsługi mikroskopu konfokalnego dla 6 osób z IBB PAN

1.	Niemirow Anna	Zakład Biochemii Roślin
2.	Sztatelman Olga	Zakład Biochemii Roślin
3.	Tarnowski Leszek	Zakład Biochemii Roślin
4.	Ćwiek Paweł	Zakład Biosyntezy Białka
5.	Kerlin Maciej	Zakład Biosyntezy Białka
6.	Owsian Dawid	Pracownia Sekwencjonowania DNA i Syntezy Oligonukleotydów

Jednostki zewnętrzne korzystające z usług Pracowni w 2016r.:

Instytut Ogrodnictwa Zakład Genetyki, Hodowli i Biotechnologii Roślin Warzywnych
w Skierniewicach

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Analizy mikroskopowe wykonane w Pracowni Mikroskopii Konfokalnej i Fluorescencyjnej umożliwiły realizację prac magisterskich, doktorskich, propagowanie nauki w ramach dni otwartych a przede wszystkim realizację projektów badawczych uwzględniających techniki mikroskopii, których wyniki zawarto w publikacjach.

Publikacja:

5269

KOLEKCJA SZCZEPÓW IBB PAN „COLIBB”

Utworzona w 2000 roku w Instytucie Biochemii i Biofizyki kolekcja plazmidów oraz szczepów bakteryjnych i drożdżowych COLIIBB zawiera przede wszystkim szczepy i wektory skonstruowane przez pracowników i studentów IBB PAN 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 3 058 szczepów bakteryjnych, 3 882 drożdżowych i 2 280 plazmidów, 300 izolatów środowiskowych oraz 2 900 szczepów psychrofilnych.

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 2016

19.01.2016

dr Roman Szczęsny (Pracownia Biologii RNA i Genomiki Funkcjonalnej)

„Functional studies and genome-wide siRNA screenings to explore factors and relationships in human RNA metabolism.”

26.01.2016

dr Szymon Świeżewski (Zakład Biosyntezy Białka)

„Transcription elongation checkpoint at splice sites.”

02.02.2016

dr Krzysztof Ginalski (Laboratorium Bioinformatyki i Biologii Systemów CeNT UW)

„Predicting structure and function of proteins.”

09.02.2016

mgr Jolanta Czerwińska (Zakład Biologii Molekularnej)

„Contribution of lipid peroxidation to the premature aging phenotype of ERCC1-deficient mice.”

16.02.2016

mgr Agnieszka Lech (Międzywydziałowe Indywidualne Studia doktoranckie matematyczno-przyrodnicze Uniwersytet Warszawski)

„Mesothelial stimulation of Ovarian Cancer cells.”

23.02.2016

mgr Dominika Gratkowska (Zakład Biosyntezy Białka)

„Identification of the role of SWI/SNF remodeling complexes in cold response in *Arabidopsis thaliana* plants.”

25.02.2016

prof. Harald Herrmann-Lerdon (Department of Neuropathology, University Hospital Erlangen, Germany)

„Desminopathy – a structural disease pathogenesis.”

26.02.2016

prof. dr hab. Tomasz Biliński (Katedra Biochemii i Biologii Komórki, Uniwersytet Rzeszowski)

„Podstawy alternatywnej gerontologii.”

01.03.2016

mgr Katarzyna Kalisiak (Pracownia Biologii RNA i Genomiki Funkcjonalnej)

„A short splicing isoform of HBS1L links the cytoplasmic exosome and SKI complexes in humans.”

08.03.2016

mgr Anna Fogtman (Pracownia Analiz Mikromacierzy)

„Cellular model for analysis of complex gene interactions during transcriptional response of plants to environmental stress.”

15.03.2016

mgr Ewa Makala (Zakład Genetyki)

„Global analysis of transcriptionally engaged yeasts RNA polymerase III at nucleotide resolution.”

22.03.2016

mgr Julita Gruchota (Pracownia Sekwencjonowania DNA i Syntezy Oligonukleotydów)

„Czynniki elongacji transkrypcji w syntezie niekodujących RNA.”

29.03.2016

mgr inż. H. Fedak (Zakład Biosyntezy Białka)

„Antisense transcription regulates DOG1 (Delay of Germination1) gene expression.”

29.03.2016

mgr Małgorzata Palusińska (Zakład Biosyntezy Białka)

„Short, functional form produced by alternative polyadenylation of DOG1 controls seed dormancy.”

04.04.2016

prof. Mien-Chie Hung (Vice-President University of Texas, MD Anderson Cancer Center, Houston USA)

„Crosstalk Signaling in Resistance and Development of Rational Combination Therapy for Cancer.”

Host: dr hab. Tomasz Sarnowski

05.04.2016

mgr Katarzyna Niedźwiecka (Zakład Genetyki)

„Mitochondrial ATP synthase and calcium homeostasis.”

12.04.2016

mgr Katarzyna Szymańska (Pracownia Fosforylacji Białek Roślinnych)

„Role of SnRK2 kinases in plant response to biotic and abiotic stresses.”

14.04.2016

prof. dr hab. Andrzej Rabczenko

„Biogeneza w XXI wieku. Poglądy i twarde fakty. Ewolucjonizm vs Intelligent Design.”

19.04.2016

mgr Weronika Rzepnikowska (Zakład Genetyki)

„Yeast as a model organism to study the effects of VPS13A mutations causing human genetic disorder chorea-acanthocytosis.”

26.04.2016

dr Jadwiga Nieminuszczy (The Weatherall Institute of Molecular Medicine University of Oxford, John Radcliffe Hospital)

„EXD2 – a new player joins the DSB resection team.”

09.05.2016

prof. dr hab. Jerzy Bohdanowicz (Wydział Biologii Uniwersytetu Gdańskiego)

„Rozwój, ultrastruktura i cytochemia komórek i tkanek związanych z rozmnażaniem generatywnym Angiospermae.”

10.05.2016

mgr Asgar Abbas Kazrani (Międzynarodowy Instytut Biologii Molekularnej i Komórkowej w Warszawie)

„Structural and biochemical studies of 5hmC specific endonuclease, PvuRts1I.”

12.05.2016

prof. dr hab. Marek Tchórzewski (Uniwersytet Marii Skłodowskiej-Curie w Lublinie)

„Ribosomalne centrum GTPazowe jako element regulatorowy maszynery translacyjnej.”

17.05.2016

mgr Urszula Natkańska (Zakład Genetyki)

„Finding the function of Hsp31p, *Saccharomyces cerevisiae* protein belonging to DJ-1/ThiJ/PfpI family.”

19.05.2016

dr hab. Małgorzata Gajewska (Zakład Biochemii, Katedra Nauk Fizjologicznych Wydział Medycyny Weterynaryjnej Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego)

„Rola i regulacja autofagii podczas rozwoju nabłonka gruczołu mlekowego u bydła.”

24.05.2016

mgr Magdalena Richter (Środowiskowe Laboratorium Spektrometrii Mas)

„Using mass spectrometry to analyse protein interactions within the inner kinetochore.”

31.05.2016

mgr Karolina Mierzejewska (Międzynarodowy Instytut Biologii Molekularnej i Komórkowej)

„Structural basis of methylation control of restriction endonucleases.”

07.06.2016

mgr Anna Łabno (Pracownia Biologii RNA i Genomiki Funkcjonalnej)

„Perlman syndrome nuclease DIS3L2 controls cytoplasmic non-coding RNAs and provides surveillance pathway for maturing snRNAs.”

14.06.2016

Piotr Mieczkowski, PhD (Research Associate Professor, Department of Genetics, Director of High-Throughput Sequencing Facility, University of North Carolina, USA)

„Next generation sequencing for clinical care of cancer patients.”

21.06.2016

mgr Martyna Kujawa (Zakład Biochemii Roślin)

„RNA pyrophosphohydrolase regulates pathogenesis-associated factors pyocyanin and biofilm in *Pseudomonas aeruginosa*.”

28.06.2016

mgr Agata Maciejak (Zakład Genetyki)

„Transcriptomic changes in the development of post-myocardial infarction heart failure.”

05.07.2016

Agata Smogorzewska M.D., Ph.D. (Laboratory of Genome Maintenance, Rockefeller University, USA)

„When Watson and Crick Get Linked: DNA interstrand crosslink repair and human disease.”

19.07.2016

prof. Joel L. Sussman (Weizmann Institute of Science, Israel Structural Proteomics Center, Israel)

„Recent Breakthroughs in the Structure/Function Studies of Acetylcholinesterase.”

16.08.2016

prof. Hongzhe Sun (Laboratory of Genome Maintenance, Rockefeller University, USA)

„Integrative Metallomic Approach to Match Metals to Proteins in Cells.”

23.08.2016

prof. Françoise Stutz (Department of Cell Biology, University of Geneva, Swiss)

„Yeast non-coding transcription, gene regulation and replication.”

30.08.2016

prof. Peter Philippsen (Biozentrum, Bazylea, Szwajcaria)

„Understanding movements of multiple nuclei in a filamentous yeast cell: From experimental data to simulations.”

05.09.2016

Thomas A. Kunkel, Ph.D. (Genome Integrity and Structural Biology, National Institute of Environmental Health Sciences, Research Triangle, Park, North Carolina, USA)
„Studies of leading- and lagging-strand DNA replication fidelity in budding yeast.”

15.09.2016

prof. Hubert Becker (University of Strasbourg, Institute of Molecular and Cellular Biology, France)
„Yeast cytosolic aminoacyl-tRNA synthetases: unanticipated relocations for unexpected functions.”

20.09.2016

dr Emanuele Montomoli (Dept. of Molecular and Developmental Medicine, University of Siena, Italy)
„Assays for influenza vaccines evaluation and correlates of protection.”

22.09.2016

prof. Lloyd Demetrius (Department of Organismic and Evolutionary Biology, Harvard University, Cambridge, USA)
„Darwin, Boltzmann and Directionality Theory.”

04.10.2016

mgr inż. Monika Niewiadomska (Pracownia Glikobiologii Grzybów)
„The role of Alg13 N-acetylglucosaminyl transferase in *Candida albicans* pathogenicity.”

05.10.2016

prof. Henri Batoko (Université Catholique de Louvain, Belgium)
„The enigmatic TSPO proteins in plant: Unexpected functions and regulation.”

11.10.2016

mgr Paweł Krawczyk (Pracownia Biologii RNA i Genomiki Funkcjonalnej)
„Metagenomic insight into bacterial adaptation to environmental conditions in anthropogenic habitats.”

13.10.2016

dr Izabela Sumara (IGBMC, Strasbourg, France)
„Reading out the ubiquitin code for cell cycle and cancer.”

18.10.2016

dr Wojciech Galej (European Molecular Biology Laboratory, Grenoble, France)
„Structure of the catalytic spliceosome.”

25.10.2016

mgr Anna Perzanowska-Domańska (Środowiskowe Laboratorium Spektrometrii Mas)
„Mass spectrometry analysis of cytokeratin biomarkers and other proteins for lung cancer pleural effusion diagnosis.”

08.11.2016

dr Igor Żukow (Zakład Biofizyki)
„Structural analysis of interactions between C-terminal domains of proteins involved in histone mRNA generation by NMR spectroscopy.”

15.11.2016

prof. dr hab. Magdalena Fikus (Zakład Biofizyki)
„IBB – historia subiektywna.”

22.11.2016

dr Krzysztof Drabikowski (Zakład Biofizyki)
„SUMO is a stress response protein in *Caenorhabditis elegans* (including introduction to „the worm” as a model organism).”

29.11.2016

dr hab. Joanna Kamińska (Zakład Genetyki)

„Phosphatidylinositol-3-phosphate, a regulator of cell response to proteotoxic stress.”

06.12.2016

prof. dr hab. Zofia Szweykowska-Kulińska (Zakład Ekspresji Genów, Instytut Biologii Molekularnej i Biotechnologii, Uniwersytet im. Adama Mickiewicza)

„The involvement of splicing in plant microRNA biogenesis.”

13.12.2016

mgr inż. Wojciech Rymaszewski (Pracownia Patogenezy Roślin)

„High-throughput phenotyping as a tool to study acclimation of *Arabidopsis thaliana* to water deficit.”

20.12.2016

mgr inż. Magdalena Machnicka (Laboratorium Bioinformatyki i Inżynierii Białka, Międzynarodowy Instytut Biologii Molekularnej i Komórkowej)

„Characterization of post-transcriptional RNA modification pathways.”

Lista publikacji za 2015 rok

ARTYKUŁY 2016

5185

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

IF 3.031

5186

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

The role of the exo-xis region in oxidative stress-mediated induction of shiga toxin-converting prophages.

Oxidative Medicine and Cellular Longevity (2016) Article ID 8453135 (14 p.)

DOI: 10.1155/2016/8453135

IF 4.492

5187

TRZECIECKA A., KŁOSSOWSKI SZ., BAJOR M., ZAGOŹDŹON R., GAJ P., MUCHOWICZ A.,
MALINOWSKA A., CZERWONIEC A., BARANKIEWICZ J., DOMAGAŁA A., CHLEBOWSKA J.,
PROCHOREC-SOBIESZEK M., WINIARSKA M., OSTASZEWSKI R., GWIZDALSKA I.,
GOŁĄB J., NOWIS D., FIRCUK M.

Dimeric peroxiredoxins are druggable targets in human Burkitt lymphoma.

Oncotarget (2016) 7(2): 1717-1731

DOI: 10.18632/oncotarget.6435

IF 5.008

5188

TOMCZYK-ŻAK K., ZIELENKIEWICZ U.

Microbial diversity in caves.

Geomicrobiology Journal (2016) 33(1): 20-38

DOI: 10.1080/01490451.2014.1003341

IF 1.402

5189

WOLIŃSKA A., SZAFRANEK-NAKONIECZNA A., ZIELENKIEWICZ U., TOMCZYK-ŻAK K.,
BANACH A., BŁASZCZYK M., STĘPNIEWSKA Z.

Quantified characterization of soil biological activity under crop cultivation.

Journal of Advances in Biology (2016) 8(3): 1655-1665

IF-

5190

MIECZKOWSKI A., BAŻLEKOWA M., BAGIŃSKI M., WÓJCIK J., WINCZURA A., MIAZGA A.,
GHAHE S.S., GAJDA R., WOŹNIAK K., TUDEK B.

A mild and efficient approach to the 6H-oxazolo[3,2-f]pyrimidine-5,7-dione scaffold *via* unexpected rearrangement of 2,3-dihydropyrimido[6,1-b][1,5,3]dioxazepine-7,9(5H,8H)-diones: synthesis, crystallographic studies, and cytotoxic activity screening.

Tetrahedron Letters (2016) 57(7): 743-746

DOI:10.1016/j.tetlet.2016.01.006

IF 2.347

5191

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

Electrochemical genosensor based on disc and screen printed gold electrodes for detection of specific DNA and RNA sequences derived from Avian Influenza Virus H5N1.

Sensors and Actuators B - Chemical (2016) 224: 290-297

DOI: 10.1016/j.snb.2015.10.044

IF 4.758

5192

MIERZEJEWSKA K., BOCHTLER M., CZAPIŃSKA H.

On the role of steric clashes in methylation control of restriction endonuclease activity.

Nucleic Acids Research (2016) 44(1): 485-495

DOI: 10.1093/nar/gkv1341

IF 9.202

5193

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

Oxidative stress in shiga toxin production by enterohemorrhagic *Escherichia coli*.

Oxidative Medicine and Cellular Longevity (2016) Article ID 3578368 (8 p.)

DOI: 10.1155/2016/3578368

IF 4.492

5194

KEZWOŃ A., CHROMIŃSKA I., FRĄCZYK T., WOJCIECHOWSKI K.

Effect of enzymatic hydrolysis on surface activity and surface rheology of type I collagen.

Colloids and Surfaces B: Biointerfaces (2016) 137: 60-69

DOI: 10.1016/j.colsurfb.2015.05.017

IF 3.902

5195

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

An electrochemical immunosensor based on a 4,4'-thiobisbenzenethiol self-assembled monolayer for the detection of hemagglutinin from avian influenza virus H5N1.

Sensors and Actuators B: Chemical (2016) 228: 25-30

DOI: 10.1016/j.snb.2016.01.001

IF 4.758

5196

KOTLIŃSKI M., RUTOWICZ K., KNIŻEWSKI Ł., PALUSIŃSKI A., OŁĘDZKI J., FOGTMAN A.,
RUBEL T., KOBLOWSKA M., DADLEZ M., GINALSKI K., JERZMANOWSKI A.

Histone H1 variants in Arabidopsis are subject to numerous post-translational modifications, both conserved and previously unknown in histones, suggesting complex functions of H1 in plants.

PLOS ONE (2016) 11(1): e0147908 (19p.)

DOI: 10.1371/journal.pone.0147908

IF 3.057

5197

CYREK M., FEDAK H., CIESIELSKI A., GUO Y., ŚLIWA A., BRZEŹNIAK L.K.,
KRZYCZMONIK K., PIETRAS J., KACZANOWSKI S., LIU F., ŚWIEŻEWSKI S.

Seed dormancy in Arabidopsis is controlled by alternative polyadenylation of DOG11.

Plant Physiology (2016) 170(2): 947-955

DOI: 10.1104/pp.15.01483

IF 6.280

5198

BARTNIK E., VUORIO E.

Biobanks: balancing benefits and risks.

Chapter 8 in: **Global Bioethics: The Impact of the UNESCO International Bioethics Committee /**

Volume 5 of the series Advancing Global Bioethics, Springer International Publishing 2016, ISBN

978-3-319-22649-1 [196p.]; p. 81-89

DOI 10.1007/978-3-319-22650-7_8

5199

KLIONSKY D.J., SIRKO A., ŻOŁĄDEK T., ET AL.

Guidelines for the use and interpretation of assays for monitoring autophagy (3rd edition). Editorial

Autophagy (2016) 12(1): 1-222

PMID: 26799652

IF 9.108

5200

KOPRIVA S., TULUKDAR D., TAKAHASHI H., HELL R., SIRKO A., D'SOUZA S.F.,
TALUKDAR T.

Editorial: Frontiers of sulfur metabolism in plant growth, development, and stress response. Edited by:
Kopriva S., Dibyendu T., Takahashi H., Hell R., Sirko A., D'Souza S.F., Talukdar T.

Frontiers in Plant Science (2016) 6: 1220 (3p.)

DOI: 10.3389/fpls.2015.01220

IF 4.495

5201

UKLEJA M., CUÉLLAR J., SIWASZEK A., KASPRZAK J.M., CZARNOCKI-CIECIURA M.,
BUJNICKI J.M., DZIEMBOWSKI A., VALPUESTA J.M.

The architecture of the *Schizosaccharomyces pombe* CCR4-NOT complex.

Nature Communications (2016) 7:10433 (11p.)

DOI: 10.1038/ncomms10433

IF 11.329

5202

SCHMOLL M., DATTENBÖCK CH., CARRERAS-VILLASEÑOR N., MENDOZA-MENDOZA A.,
TISCH D., ALEMÁN M.I., BAKER S.E., BROWN CH., CERVANTES-BADILLO M.G., CETZ-
CHEL J., CRISTOBAL-MONDRAGON G.R., DELAYE L., ESQUIVEL-NARANJO E.U.,
FRISCHMANN A., GALLARDO-NEGRETE J. J., GARCÍA-ESQUIVEL M., GOMEZ-
RODRIGUEZ E.Y., GREENWOOD D.R., HERNÁNDEZ-OÑATE M., KRUSZEWSKA J.S.,
LAWRY R., MORA-MONTES H.M., MUÑOZ-CENTENO T., NIETO-JACOBO M.F., LOPEZ G.N.,
OLMEDO-MONFIL V., OSORIO-CONCEPCION M., PIŁSYK S., POMRANING K.R.,
RODRIGUEZ-IGLESIAS A., ROSALES-SAAVEDRA M.T., SÁNCHEZ-ARREGUÍN J.A., SEIDL-
SEIBOTH V., STEWART A., URESTI-RIVERA E.E., WANG CHIH-L. WANG T.-F., ZEILINGER S.,
CASAS-FLORES S., HERRERA-ESTRELLA A.

The genomes of three uneven siblings: footprints of the lifestyles of three *Trichoderma* species.

Microbiology and Molecular Biology Reviews (2016) 80(1): 205-327

DOI: 10.1128/MMBR.00040-15.

IF 14.167

5203

GŁADKI A., ZIELENKIEWICZ P., KACZANOWSKI S.

Dominance from the perspective of gene–gene and gene–chemical interactions.

Genetica (2016) 144 (1): 23-36

DOI: 10.1007/s10709-015-9875-9

IF 1.343

5204

KOMASZYŁO NÉE SIEDLECKA J., KANIA M., MASNYK M., CMOCH P., ŁOZIŃSKA I., CZARNOCKI Z., SKORUPIŃSKA-TUDEK K., DANIKIEWICZ W., ŚWIEŻEWSKA E.

Isoprenoid alcohols are susceptible to oxidation with singlet oxygen and hydroxyl radicals.

Lipids (2016) 51(2): 229-244

DOI: 10.1007/s11745-015-4104-y

IF 1.892

5205

MIELECKI D., SIKORA A., WRZESIŃSKI M., NIEMINUSZCZY J., DETMAN A., ŻUCHNIEWICZ K., GROMADKA R., GRZESIUK E.

Evaluation of the *Escherichia coli* HK82 and BS87 strains as tools for AlkB studies.

DNA Repair (2016) 39: 34-40

DOI: 10.1016/j.dnarep.2015.12.010

IF 3.929

5206

MIECZKOWSKI A., TOMCZYK E., MAKOWSKA M.A., NASULEWICZ-GOLDEMAN A., GAJDA R., WOŹNIAK K., WIETRZYK J.

Synthesis and investigation of the antitumor properties of novel, bicyclic furopyrimidine, pyrrolopyrimidine and pyrimidopyridazine nucleoside analogues.

Synthesis (2016) 48(4): 566-572

DOI: 10.1055/s-0035-1561277

IF 2.652

5207

JARRETT R., SALIO M., LLOYD-LAVERY A., SUBRAMANIAN S., BOURGEOIS E., ARCHER CH., CHEUNG K.L., HARDMAN C., CHANDLER D., SALIMI M., GUTOWSKA-OWSIK D., DE LA SERNA J.B., FALLON P.G., JOLIN H., MCKENZIE A., DZIEMBOWSKI A., PODOBAS E.I., BAL W., JOHNSON D., MOODY D.B., CERUNDOLO V., OGG G.

Filaggrin inhibits generation of CD1a neolipid antigens by house dust mite-derived phospholipase.

Science Translational Medicine (2016) 8(325): 325ra18 (12 p.)

DOI: 10.1126/scitranslmed.aad6833

IF 16.264

5208

CZERWIŃSKA A.M., GRABOWSKA I., ARCHACKA K., BEM J., ŚWIERCZEK B., HELIŃSKA A., STREMIŃSKA W., FOGTMAN A., IWANICKA-NOWICKA R., KOBLOWSKA M., CIEMERYCH M.A.

Myogenic differentiation of mouse embryonic stem cells that lack a functional *pax7* gene.

Stem Cells and Development (2016) 25(4): 285-300

DOI: 10.1089/scd.2015.0162

IF 3.777

5209

KLESZCZEWSKI T., MODZELEWSKA B., BAL W., SIPOWICZ M., KLESZCZEWSKA E., KOSTRZEWSKA A.

Cu(II) complexation does not affect oxytocin action on pregnant human myometrium *in vitro*.

Reproductive Toxicology (2016) 59: 60-65

DOI: 10.1016/j.reprotox.2015.11.004

IF 2.850

5210

TATJEWSKI M., GRUCA A., PLEWCZYŃSKI D., GRYNBERG M.

The proline-rich region of glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase from human sperm may bind SH3 domains, as revealed by a bioinformatic study of low-complexity protein segments.

Molecular Reproduction and Development (2016) 83(2): 144-148

DOI: 10.1002/mrd.22606

IF 2.141

5211

DZIADEK B., BRZOSTEK A., GRZYBOWSKI M., FOL M., KRUPA A., KRYCZKA J., PŁOCIŃSKI P., KURDOWSKA A., DZIADEK J.

Mycobacterium tuberculosis AtsG (Rv0296c), GlmU (Rv1018c) and SahH (Rv3248c) proteins function as the human IL-8-binding effectors and contribute to pathogen entry into human neutrophils.

PLOS ONE (2016) 11(2): e0148030 (21 p.)

DOI: 10.1371/journal.pone.0148030

IF 3.057

5212

FORETEK D., WU J., HOPPER A.K., BOGUTA M.

Control of *Saccharomyces cerevisiae* pre-tRNA processing by environmental conditions.

RNA (2016) 22(3): 339-349

DOI: 10.1261/rna.054973

IF 4.344

5213

ALEKSANDRZAK-PIEKARCZYK T., KORYSZEWSKA-BAGIŃSKA A., GRYNBERG M., NOWAK A., CUKROWSKA B., KOZÁKOVÁ H., BARDOWSKI J.K.

Genomic and functional characterization of the unusual pLOCK 0919 plasmid harboring the *spaCBA* pili cluster in *Lactobacillus casei* LOCK 0919.

Genome Biology and Evolution (2016) 8(1): 202-217.

DOI: 10.1093/gbe/evv247

IF 4.098

5214

SHOSHAN M.S., DEKEL N., GOCH W., SHALEV D.E., DANIELI T., LEBENDIKER M., BAL W., TSHUVA E.Y.

Unbound position II in MXCXXC metallochaperone model peptides impacts metal binding mode and reactivity: distinct similarities to whole proteins.

Journal of Inorganic Biochemistry (2016) 159: 29-36

DOI: 10.1016/j.jinorgbio.2016.02.016

IF 3.205

5215

KURZAŃKOWSKA K., JANKOWSKA A., WYSŁOUCH-CIESZYŃSKA A., ZHUKOVA L., PUCHAŁSKA M., DEHAEN W., RADECKA H., RADECKI J.

Voltammetric detection of the S100B protein using His-tagged RAGE domain immobilized onto a gold electrode modified with a dipyrromethene–Cu(II) complex and different diluents.

Journal of Electroanalytical Chemistry (2016) 767: 76-83

DOI: 10.1016/j.jelechem.2016.02.012

IF 2.822

5216

SOBKOWIAK A., JOŃCZYK M., ADAMCZYK J., SZCZEPANIK J., SOLECKA D., KUCIARA I., HETMAŃCZYK K., TRZCIŃSKA-DANIELEWICZ J., GRZYBOWSKI M., SKONECZNY M., FRONK J., SOWIŃSKI P.

Molecular foundations of chilling-tolerance of modern maize.

BMC Genomics (2016) 17(1): 125 (22 p.)

DOI: 10.1186/s12864-016-2453-4

IF 3.867

5217

GRYŁAK-MIELNICKA A., BIDNENKO V., BARDOWSKI J.K., BIDNENKO E.

Transcription termination factor Rho: a hub linking diverse physiological processes in bacteria.

Microbiology (2016) 162(3): 433-447

DOI: 10.1099/mic.0.000244

IF 2.268

5218

KOZÁKOVÁ H., SCHWARZER M., TUCKOVA L., SRUTKOVA D., CZARNOWSKA E., ROSIAK I., HUDCOVIC T., SCHABUSSOVA I., HERMANOVA P., ZAKOSTELSKA Z., ALEKSANDRZAK-PIEKARCZYK T., KORYSZEWSKA-BAGIŃSKA A., TLASKALOVA-HOGENOVA H., CUKROWSKA B.

Colonization of germ-free mice with a mixture of three *Lactobacillus* strains enhances the integrity of gut mucosa and ameliorates allergic sensitization.

Cellular and Molecular Immunology (2016) 13(2): 251-262

DOI: 10.1038/cmi.2015.09

IF 5.193

5219

NIECKARZ M., RACZKOWSKA A., DĘBSKI J., KISTOWSKI M., DADLEZ M., HEESEMANN J., ROSSIER O., BRZOSTEK K.

Impact of OmpR on the membrane proteome of *Yersinia enterocolitica* in different environments: repression of major adhesin YadA and hemereceptor HemR.

Environmental Microbiology (2016) 18(3): 997-1021

DOI: 10.1111/1462-2920.13165

IF 5.932

5220

SYGITOWICZ G., MACIEJAK A., PINIEWSKA-JURASZEK J., PAWLAK M., GÓRA M., BURZYŃSKA B., DŁUŻNIEWSKI M., OPOLSKI G., SITKIEWICZ D.

Interindividual variability of atorvastatin treatment influence on the *MPO* gene expression in patients after acute myocardial infarction.

Acta Biochimica Polonica (2016) 63(1): 89-95

DOI: 10.18388/abp.2015_1014

IF 1.187

5221

MIKA A., ŚWIEŻEWSKA E., STEPNOWSKI P.

Polar and neutral lipid composition and fatty acids profile in selected fish meals depending on raw material and grade of products.

LWT - Food Science and Technology (2016) 70: 199-207

DOI: 10.1016/j.lwt.2016.02.051

IF 2.711

5222

RICHTER M. M., POZNAŃSKI J., ZDZIARSKA A., CZARNOCKI-CIECIURA M., LIPINSZKI Z., DADLEZ M., GLOVER D.M., PRZEWŁOKA M.R.

Network of protein interactions within the *Drosophila* inner kinetochore.

Open Biology (2016) 6(2): 150238 (18 p.)

DOI: 10.1098/rsob.150238

IF 4.822

5223

MULKA-GIEREK M., FORONCEWICZ B., FLORCZAK M., PĄCZEK L., KRAWCZYK M., MUCHA K.

The use of nonsteroidal anti-inflammatory drugs and analgesics by liver transplant recipients.

Journal of Clinical Nursing (2016) 25(7-8): 1001-1005

DOI: 10.1111/jocn.13112

IF 1.384

5224

WARCHOŁ I., GÓRA M., WYSOCKA-KAPCIŃSKA M., KOMASZYŁO J., ŚWIEŻEWSKA E., SOJKA M., DANIKEWICZ W., PŁOCHOCKA D., MACIEJAK A., TUŁACZ D., LESZCZYŃSKA A., KAPUR S., BURZYŃSKA B.

Genetic engineering and molecular characterization of yeast strain expressing hybrid human-yeast squalene synthase as a tool for anti-cholesterol drug assessment.

Journal of Applied Microbiology (2016) 120(4): 877-888

DOI: 10.1111/jam.13053

IF 2.156

5225

HABICH M., DJURANOVIC S., SZCZĘSNY P.

PATACSDb—the database of polyA translational attenuators in coding sequences.

PeerJ Computer Science (2016) 4: e45 (7 p.)

DOI: 10.7717/peerj-cs.45

IF -

5226

BARTOSIK A.A., GŁĄBSKI K., KULIŃSKA A., LEWICKA E., GODZISZEWSKA J., MARKOWSKA A., JAGURA-BURDZY G.

Convenient broad-host-range unstable vectors for studying stabilization cassettes in diverse bacteria.

BMC Microbiology (2016) 16(1): 59 (15 p.)

DOI 10.1186/s12866-016-0674-y

IF 2.581

5227

KANTO S., GRYNBERG M., KANEKO Y., FUJITA J., SATAKE M.

A variant of Runx2 that differs from the bone isoform in its splicing is expressed in spermatogenic cells.

PeerJ (2016) 4: e1862 (15 p.)

DOI: 10.7717/peerj.1862

IF 2.183

5228

CASAS C., CODOGNO P., PINTI M., BATOKO H., MORÁN M., PROIKAS-CEZANNE T., REGGIORI F., SIRKO A., SOENGAS M., S. VELASCO G., LAFONT F., LANE J., FAURE M., COSSARIZZA A.

TRANSAUTOPHAGY: European network for multidisciplinary research and translation of autophagy knowledge.

Autophagy (2016) 12(3): 614-617

DOI: 10.1080/15548627.2016.1140294

IF 9.108

5229

KARCZEWSKA-GOLEC J., KOCHANOWSKA-ŁYŻEŃ M., OLSZEWSKI P., BAŁUT M., MOSKOT M., PIOTROWSKI A., GOLEC P., SZALEWSKA-PAŁASZ A.

Draft genome sequence of *Flavobacterium* sp. 316, a Baltic Sea isolate exhibiting a high level of resistance to marine stress conditions.

Genome Announcements (2016) 4(2): e00180-16 (2 p.)

DOI: 10.1128/genomeA.00180-16

IF -

5230

MOSKOT M., GABIG-CIMIŃSKA M., JAKÓBKIEWICZ-BANECKA J., WĘSIERSKA M., BOCHENSKA K., WĘGRZYN G.

Cell cycle is disturbed in mucopolysaccharidosis type II fibroblasts, and can be improved by genistein.

Gene (2016) 585(1): 100-103

DOI: 10.1016/j.gene.2016.03.029

IF 2.319

5231

SKRAJNA A., YANG X-C., TARNOWSKI K., FITUCH K., MARZLUFF W.F., DOMIŃSKI Z., DADLEZ M.

Mapping the interaction network of key proteins involved in histone mRNA generation: a hydrogen/deuterium exchange study.

Journal of Molecular Biology (2016) 428(6): 1180-1196

DOI: 10.1016/j.jmb.2016.01.031

IF 4.517

5232

MCKENZIE C., BASSI Z.I., DĘBSKI J., GOTTARDO M., CALLAINI G., DADLEZ M., D'AVINO P.P. Cross-regulation between Aurora B and Citron kinase controls midbody architecture in cytokinesis.

Open Biology (2016) 6(3): 160019 (15 p.)

DOI: 10.1098/rsob.160019

IF 4.822

5233

KULIŃSKA A., GODZISZEWSKA J., WOJCIECHOWSKA A., LUDWICZAK M., JAGURA-BURDZY G.

Global transcriptional regulation of backbone genes in broad-host range plasmid RA3 from the IncU group involves segregation protein KorB (ParB family).

Applied and Environmental Microbiology (2016) 82(8): 2320-2335

DOI: 10.1128/AEM.03541-15

IF 3.823

5234

CIOK A., DZIEWIT Ł., GRZESIAK J., BUDZIK K., GÓRNIK D., ZDANOWSKI M., BARTOSIK D. Identification of miniature plasmids in psychrophilic Arctic bacteria of the genus *Variovorax*.

FEMS Microbiology Ecology (2016) 92(4): fiw04 (9 p.)

DOI: <http://dx.doi.org/10.1093/femsec/fiw043>

IF 3.530

5235

OBSZAŃSKA K., KERN-ZDANOWICZ I., KOZIŃSKA A., MACHURA K., STEFANIUK E., HRYNIEWICZ W., SITKIEWICZ I.

Streptococcus anginosus (milleri) group strains isolated in Poland (1996-2012) and their antibiotic resistance patterns.

Polish Journal of Microbiology (2016) 65(1): 33-41

DOI: 10.5604/17331331.1197323

IF 0.750

5236

PALKOPOULOU E., BACA M., ABRAMSON N.I., SABLIN M., SOCHA P., NADACHOWSKI A., PROST S., GERMONPRÈ M., KOSINTSEV P., SMIRNOV N.G., VARTANYAN S., PONOMAREV D., NYSTRÖM J., NIKOLSKIY P., JASS CH.S., LITVINOV Y.N., KALTHOFF D.C., GRIGORIEV S., FADEEVA T., DOUKA A., HIGHAM T.F.G., ERSMARK E., PITULKO V., PAVLOVA E., STEWART J.R., WĘGLEŃSKI P., STANKOVIC A., DALÈN L.

Synchronous genetic turnovers across Western Eurasia in Late Pleistocene collared lemmings.

Global Change Biology (2016) 22(5): 1710–1721

DOI: 10.1111/gcb.13214

IF 8.444

5237

PAWŁOWSKA J., ALEKSANDRZAK-PIEKARCZYK T., BANACH A., KIERSZTYN B., MUSZEWSKA A., SEREWA L., SZATRAJ K., WRZOSEK M.

Preliminary studies on the evolution of carbon assimilation abilities within Mucorales.

Fungal Biology (2016) 120(5): 752-763

DOI: 10.1016/j.funbio.2016.02.004

IF 2.244

5238

SZYMAŃSKA A., PĄCZEK L., MUCHA K., KRAJEWSKA M., FLORCZAK M., CISZEK M., SAŃKO-RESMER J., CHMURA A., NAZAREWSKI S., GÓRSKI A., DURLIK M., KRAWCZYK M., FORONCEWICZ B.

Structure of post-transplant care in a single transplant center.

Annals of Transplantation (2016) 21: 194-199

DOI: 10.12659/AOT.895981

IF 1.032

5239

GRECKA E., STATKIEWICZ M., GÓRSKA A., BIERNACKA M., GRYGOROWICZ M.A., MASNYK M., CHMIELEWSKI M., GAWARECKA K., CHOJNACKI T., ŚWIEŻEWSKA E., MAŁECKI M.

Prenyl ammonium salts – new carriers for gene delivery: A B16-F10 mouse melanoma model.

PLOS ONE (2016) 11(4): e0153633 (25 p.)

DOI: 10.1371/journal.pone.0153633.

IF 3.057

5240

KUCHTA K., MUSZEWSKA A., KNIŻEWSKI Ł., STECZKIEWICZ K., WYRWICZ L.S., PAWŁOWSKI K., RYCHLEWSKI L., GINALSKI K.

FAM46 proteins are novel eukaryotic non-canonical poly(A) polymerases.

Nucleic Acids Research (2016) 44(8): 3534-3548

DOI: 10.1093/nar/gkw222

IF 9.202

5241

NIEDŹWIECKA K., KABALA A., LASSERRE J.-P., TRIBOUILLARD-TANVIER D., GOLIK P., DAUTANT A., DI RAGO J.-P., KUCHARCZYK R.

Yeast models of mutations in the mitochondrial *ATP6* gene found in human cancer cells.

Mitochondrion (2016) 29: 7-17

DOI: 10.1016/j.mito.2016.04.003

IF 3.647

5242

KOSTKA G., URBANEK-OLEJNIK K., LISZEWSKA M., WINCZURA A.

The effect of acute dichlorodiphenyltrichloroethane exposure on hypermethylation status and down-regulation of *p53* and *p16^{INK4a}* genes in rat liver.

Environmental Toxicology (2016) 31(5): 584-592

DOI: 10.1002/tox.22071

IF 2.868

5243

LASOTA A., FRĄCZAK O., MUCHOWSKA A., NOWAKOWSKI M., MACIEJCZYK M., EJCHART A., OLMA A.

Synthesis, biological activity, and NMR-based structural studies of deltorphin I analogs modified in message domain with a new α,α -disubstituted glycines.

Chemical Biology & Drug Design (2016) 87(6): 824-832

DOI: 10.1111/cbdd.12730

IF 2.802

5244

KUZNETSOVA K.G., TRUFANOV P.V., MOYSA A.A., PYATNITSKIY M.A., ZGODA V.G., GORSHKOV M.V., MOSHKOVSKI S.A.

Threonine versus isothreonine in synthetic peptides analyzed by high-resolution liquid chromatography/tandem mass spectrometry.

Rapid Communications in Mass Spectrometry (2016) 30(11): 1323-1331

DOI: 10.1002/rcm.7566

IF 2.226

5245

ANTOSIEWICZ J.M., SHUGAR D.

UV–Vis spectroscopy of tyrosine side-groups in studies of protein structure. Part 1: basic principles and properties of tyrosine chromophore.

Biophysical Reviews (2016) 8(2): 151-161

DOI: 10.1007/s12551-016-0198-6

IF -

5246

ANTOSIEWICZ J.M., SHUGAR D.

UV–Vis spectroscopy of tyrosine side-groups in studies of protein structure. Part 2: selected applications.

Biophysical Reviews (2016) 8(2): 163-177

DOI: 10.1007/s12551-016-0197-7

IF -

5247

URBANEK-OLEJNIK K., LISZEWSKA M., WINCZURA A., KOSTKA G.

Changes of *c-Myc* and *DNMT1* mRNA and protein levels in the rat livers induced by dibutyl phthalate treatment.

Toxicology and Industrial Health (2016) 32(5): 801-808

DOI: 10.1177/0748233713512363

IF 1.688

5248

LIPKO A., ŚWIEŻEWSKA E.

Isoprenoid generating systems in plants — a handy toolbox how to assess contribution of the mevalonate and methylerythritol phosphate pathways to the biosynthetic process.

Progress in Lipid Research (2016) 63: 70-92

DOI: 10.1016/j.plipres.2016.04.002

IF 11.238

5249

PASZEWSKI A., BRZYWCZY J., SIENKO M., PIŁSYK S.

Genetics and physiology of sulfur metabolism in *Aspergillus*.

Chapter 7 in: ***Aspergillus and Penicillium in the Post-genomic Era***. Ed. de Vries R.P., Gelber I.B., Andersen M.R., Caister Academic Press, ISBN 978-1-910190-39-5 [197p.] 2016, p.113-127

IF -

5250

SŁOMNICKI Ł.P., MALINOWSKA A., KISTOWSKI M., PALUSIŃSKI A., ZHENG J.J., SEPP M., TIMMUSK T., DADLEZ M., HETMAN M.

Nucleolar enrichment of brain proteins with critical roles in human neurodevelopment.

Molecular & Cellular Proteomics (2016) 15(6): 2055-2075

DOI: 10.1074/mcp.M115.051920

IF 5.912

5251

BAJOR M., ZARĘBA-KOZIOŁ M., ZHUKOVA L., GORYCA K., POZNAŃSKI J., WYSŁOUCH-CIESZYŃSKA A.

An interplay of s-nitrosylation and metal ion binding for astrocytic S100B protein.

PLOS ONE (2016) 11(5): e0154822 (21 p.)

DOI: 10.1371/journal.pone.0154822

IF 3.057

5252

KACZANOWSKI S.

Apoptosis: its origin, history, maintenance and the medical implications for cancer and aging.

Physical Biology (2016) 13(3): 03100 (14 p.)

DOI: 10.1088/1478-3975/13/3/031001

IF 1.837

5253

FRĄCZYK T., ZAWISZA I., GOCH W., STEFANIAK E., DREW S.C., BAL W.

On the ability of CuA β_{1-x} peptides to form ternary complexes: neurotransmitter glutamate is a competitor while not a ternary partner.

Journal of Inorganic Biochemistry (2016) 158: 5-10

DOI: 10.1016/j.jinorgbio.2016.02.035

IF 3.205

5254

POPOVIC D., BACA M., PANAGIOTOPOULOU H.

Complete mitochondrial genome sequences of Atlantic sturgeon, *Acipenser oxyrinchus oxyrinchus*, Gulf sturgeon, *A. o. desotoi* and European sturgeon *A. sturio* (*Acipenseriformes: Acipenseridae*) obtained through next generation sequencing.

Mitochondrial DNA Part A. DNA Mapping, Sequencing and Analysis (2016) 27(4): 2549-2551

DOI: 10.3109/19401736.2015.1038799

IF 1.760

5255

ADAMCZYK J., DEREKOWSKA A., SKONECZNY M., SKONECZNA A., KWIATKOWSKA A., POTOCKI L., RAWSKA E., PABIAN S., KAPŁAN J., LEWIŃSKA A., WNUK M.

Adaptive response to chronic mild ethanol stress involves ROS, sirtuins and changes in chromosome dosage in wine yeasts.

Oncotarget (2016) 7(21): 29958-29976

DOI: 10.18632/oncotarget.8673

IF 5.008

5256

KOWALCZYK P., JAWOREK J., KOT M., SOKOŁOWSKA B., BIELEŃ A., JANOWSKA B., CIEŚLA J. M., SZPARECKI G., SADOŚ B., TUDEK B.

Inflammation increases oxidative DNA damage repair and stimulates preneoplastic changes in colons of newborn rats.

Journal of Physiology and Pharmacology (2016) 67(2): 277-286

PMID: 27226187

IF 2.804

5257

KRAWCZYK H., WRZESIŃSKI M., MIELECKI D., SZCZECIŃSKI P., GRZESIUK E.

Synthesis of derivatives of methoxydibenzo[b, f]oxepine in the presence of sodium azide.

Tetrahedron (2016) 72(27-28): 3877-3884

DOI: <http://dx.doi.org/10.1016/j.tet.2016.05.005>

IF 2.645

5258

JAKÓBKIEWICZ-BANECKA J., GABIG-CIMIŃSKA M., KLOSKA A., MALINOWSKA M., PIOTROWSKA E., BANECKA-MAJKUTEWICZ Z., BANECKI B., WĘGRZYN A., WĘGRZYN G. Glycosaminoglycans and mucopolysaccharidosis type III.

Frontiers in Bioscience-Landmark (2016) 21: 1393-1409

DOI: <http://dx.doi.org/10.2741/4463>

IF 2.484

5259

SARNOWSKA E., GRATKOWSKA D.M., SACHAROWSKI S.P., CŹWIEK P., TOHGE T., FERNIE A.R., SIEDLECKI J.A., KONCZ C., SARNOWSKI T.J.

The role of SWI/SNF chromatin remodeling complexes in hormone crosstalk.

Trends in Plant Science (2016) 21(7): 594-608

DOI: <http://dx.doi.org/10.1016/j.tplants.2016.01.017>

IF 10.899

5260

GAWOR J., GRZESIAK J., SASIN-KUROWSKA J., BORSUK P., GROMADKA R., GÓRNIĄK D., ŚWIĄTECKI A., ALEKSANDRZAK-PIEKARCZYK T., ZDANOWSKI M.

Evidence of adaptation, niche separation and microevolution within the genus *Polaromonas* on Arctic and Antarctic glacial surfaces.

Extremophiles (2016) 20(4): 403-413

DOI: [10.1007/s00792-016-0831-0](https://doi.org/10.1007/s00792-016-0831-0).

IF 2.346

5261

SZYCHOWSKA M., SIWEK W., PAWOLSKI D., KAZRANI A.A., PYRC K., BOCHTLER M.

Type III CRISPR complexes from *Thermus thermophilus*.

Acta Biochimica Polonica (2016) 63(2): 377-386

DOI: [10.18388/abp.2016_1261](https://doi.org/10.18388/abp.2016_1261)

IF 1.187

5262

RAJWA-KULIGIEWICZ A., BIALIK R., ROWIŃSKI P.M.

Wavelet characteristics of hydrological and dissolved oxygen time series in a lowland river.

Acta Geophysica (2016) 64(3): 649-669

DOI: [10.1515/acgeo-2016-0023](https://doi.org/10.1515/acgeo-2016-0023)

IF 0.945

5263

BOCHTLER M.

Indirect DNA sequence readout by LAGLIDADG homing endonucleases.

Structure (2016) 24(6): 839-840

DOI: [10.1016/j.str.2016.05.008](https://doi.org/10.1016/j.str.2016.05.008)

IF 5.237

5264

POZNAŃSKI J., WINIEWSKA M., CZAPIŃSKA H., POZNAŃSKA A., SHUGAR D.

Halogen bonds involved in binding of halogenated ligands by protein kinases.

Acta Biochimica Polonica (2016) 63(2): 203-214

DOI: [10.18388/abp.2015_1106](https://doi.org/10.18388/abp.2015_1106)

IF 1.187

5265

TUROWSKI T., LEŚNIEWSKA E., DELAN-FORINO C., SAYOU C., BOGUTA M., TOLLERVEY D.
Global analysis of transcriptionally engaged yeast RNA polymerase III reveals extended tRNA transcripts.

Genome Research (2016) 26(7): 933-944

DOI: 10.1101/gr.205492.116

IF 11.351

5266

NGUYEN KIM B., SREELATHA A., DURRANT E.S., LOPEZ-GARRIDO J., MUSZEWSKA A., DUDKIEWICZ M., GRYNBERG M., YEE S., POGLIANO K., TOMCHICK D.R., PAWŁOWSKI K., DIXON J.E., TAGLIABRACCI V.S.

Phosphorylation of spore coat proteins by a family of atypical protein kinases.

Proceedings of the National Academy of Sciences USA (2016) 113(25): E3482-E3491

DOI: 10.1073/pnas.1605917113

IF 9.423

5267

MICHALAK K., WICHA J., WÓJCIK J.

Studies towards dynamic kinetic resolution of 4-hydroxy-2- methylcyclopent-2-en-1-one and its *E-O*-trityloxime.

Tetrahedron (2016) 72(32): 4813-4820

DOI: 10.1016/j.tet.2016.06.047

IF 2.645

5268

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

Influence of Duroc breed inclusion into polish landrace maternal line on pork meat quality traits.

Anais da Academia Brasileira de Ciências (2016) 88(2): 1079-1088

DOI: 10.1590/0001-3765201620140679

IF: 0.717

5269

KRZYWIŃSKA E., BUCHOLC M., KULIK A., CIESIELSKI A., LICHOCKA M., DĘBSKI J., LUDWIKOW A., DADLEZ M., RODRIGUEZ P.L., DOBROWOLSKA G.

Phosphatase ABI1 and okadaic acid-sensitive phosphoprotein phosphatases inhibit salt stress-activated SnRK2.4 kinase.

BMC Plant Biology (2016) 16(1): 136 (12 p.)

DOI: 10.1186/s12870-016-0817-1

IF 3.631

5270

FERNÁNDEZ-BACHILLER M.,I., BRZOZOWSKA I., ODOLCZYK N., ZIELENKIEWICZ U., ZIELENKIEWICZ P., RADEMANN J.

Mapping protein–protein interactions of the resistance-related bacterial zeta toxin–epsilon antitoxin complex ($\epsilon_2\zeta_2$) with high affinity peptide ligands using fluorescence polarization.

Toxins (2016) 8(7): 222 (16 p.)

DOI: 10.3390/toxins8070222

IF 3.571

5271

MARSZAŁEK I., KRĘŻEL A., GOCH W., ZHUKOV I., PACZKOWSKA I., BAL W.

Revised stability constant, spectroscopic properties and binding mode of Zn(II) to FluoZin-3, the most common zinc probe in life sciences.

Journal of Inorganic Biochemistry (2016) 161: 107-114

DOI: 10.1016/j.jinorgbio.2016.05.009

IF 3.205

5272

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

miR-22-5p revealed as a potential biomarker involved in the acute phase of myocardial infarction via profiling of circulating microRNAs.

Molecular Medicine Reports (2016) 14(3): 2867-2875

DOI: 10.3892/mmr.2016.5566

IF 1.559

5273

DMOWSKI M., KERN-ZDANOWICZ I.

Omega (ParB) binding sites together with the RNA polymerase-recognized sequence are essential for centromeric functions of the P_o region in the partition system of pSM19035.

Microbiology (2016) 62(7): 1114-1124

DOI: 10.1099/mic.0.000308

IF 2.268

5274

LIU Y., RODRIGUES J.P.G.L.M., BONVIN A.M.J.J., ZAAL E.A., BERKERS C.R., HEGER M., GAWARECKA K., ŚWIEŻEWSKA E., BREUKINK E., EGMOND M.R.

New insight into the catalytic mechanism of bacterial mraY from enzyme kinetics and docking studies.

Journal of Biological Chemistry (2016) 291(29): 15057-15068

DOI: 10.1074/jbc.M116.717884

IF 4.258

5275

WEZYNFELD N.E., STEFANIAK E., STACHUCY K., DROZD A., PŁONKA D., DREW S.C., KRĘŻEL A., BAL W.

Resistance of Cu(Aβ4-16) to copper capture by metallothionein-3 supports a function for the Aβ4-42 peptide as a synaptic Cu^{II} scavenger.

Angewandte Chemie International Edition (2016) 55(29): 8235-8238

DOI: 10.1002/anie.201511968

IF 11.709

5276

FAURE G., BAKOUH N., LOURDEL S., ODOLCZYK N., PREMCHANDAR A., SERVEL N., HATTON A., OSTROWSKI M.K., XU H., SAUL F., MOQUEREAU CH., BITAM S., PRANKE I., PLANELLES G., TEULON J., HERRMANN H., ROLDAN A., ZIELENKIEWICZ P., DADLEZ M., LUKACS G., SERMET-GAUDELUS I., OLLERO M., CORRINGER P.J., EDELMAN A.

Rattlesnake phospholipase A2 increases CFTR-chloride channel current and corrects F508CFTR dysfunction: impact in cystic fibrosis.

Journal of Molecular Biology (2016) 428(14): 2898-2915

DOI: 10.1016/j.jmb.2016.05.016

IF 4.517

5277

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

Phage display-selected peptides for binding and synthesis of nanoparticles: ZnO as an example.

Biotechnology (2016) 97(2): 145-151

DOI: 10.5114/bta.2016.60784

IF -

5278

MACIEJCZYK M., LASOTA A., FRĄCZAK O., KOSSON P., MISICKA A., NOWAKOWSKI M., EJCHART A., OLMA A.

The impact of β -azido(or 1-piperidiny)lmethylamino acids in position 2 or 3 on biological activity and conformation of dermorphin analogues.

Journal of Peptide Science (2016) 22(8): 545-551

DOI: 10.1002/psc.2903

IF 1.951

5279

SHOSHAN M. S., LEHMAN Y., GOCH W., BAL W., TSHUVA E.Y., METANIS N.

Selenocysteine containing analogues of Atx1-based peptides protect cells from copper ion toxicity.

Organic & Biomolecular Chemistry (2016) 14(29): 6979-6984

DOI: 10.1039/c6ob00849f

IF 3.559

5280

GODZISZEWSKA J., MONCALIÁN G., CABEZAS M., BARTOSIK A.A., DE LA CRUZ F., JAGURA-BURDZY G.

Concerted action of NIC relaxase and auxiliary protein MobC in RA3 plasmid conjugation.

Molecular Microbiology (2016) 101(3): 439-456

DOI: 10.1111/mmi.13401

IF 3.761

5281

MITAL M., ZAWISZA I., WILOCH M.Z., WAWRZYNIAK U.E., KENCHE V.B., WRÓBLEWSKI W., BAL W., DREW S.C.

Copper exchange and redox activity of a prototypical 8-hydroxyquinoline: implications for therapeutic chelation.

Inorganic Chemistry (2016) 55(15): 7317-7319

DOI: 10.1021/acs.inorgchem.6b00832

IF 4.820

5282

BOSSAK K., MITAL M., POZNAŃSKI J., BONNA A., DREW S., BAL W.

Interactions of α -factor-1, a yeast pheromone, and its analogue with copper(II) ions and low-molecular-weight ligands yield very stable complexes.

Inorganic Chemistry (2016) 55(16): 7829-7831

DOI: 10.1021/acs.inorgchem.6b01441

IF 4.820

5283

WILOCH M.Z., WAWRZYNIAK U.E., UFNALSKA I., PIOTROWSKI G., BONNA A., WRÓBLEWSKI W.

Redox activity of copper(II) complexes with NSFry pentapeptide and its analogues.

PLOS ONE (2016) 11(8): e0160256 (13 p.)

DOI: 10.1371/journal.pone.0160256

IF 3.057

5284

PIELA P., TOKARZ W., KAŻMIERCZAK W., DETMAN A., SIKORA A., PIOTROWSKI J.

The use of hydrogen-rich gas obtained from dark fermentation of molasses from sugar industry for fueling a fuel cell.

Przemysł Chemiczny (2016) 95(5): 993-999

DOI: 10.15199/62.2016.5.20

IF 0.367

5285

DYBOWSKI B., BURDZIŃSKA A., SIEWRUK K., DĄBROWSKI M., PĄCZEK L.,
RADZISZEWSKI P.

Optimum anesthesia for reliable urethral pressure profilometry in female dogs and goats.

International Journal of Urology (2016) 23(8): 701-705

DOI: 10.1111/iju.13114

IF 1.878

5286

ŁUKASIK A., WÓJCIKOWSKI M., ZIELENKIEWICZ P.

Tools4miRs - one place to gather all the tools for miRNA analysis.

Bioinformatics (2016) 32(17): 2722-2724

DOI: 10.1093/bioinformatics/btw189

IF 5.766

5287

DREWNIAK Ł., KRAWCZYK P.S., MIELNICKI S., ADAMSKA D., SOBCZAK A., LIPÍŃSKI L.,
BUREC-DREWNIAK W., SKŁODOWSKA A.

Physiological and metagenomic analyses of microbial mats involved in self-purification of mine waters contaminated with heavy metals.

Frontiers in Microbiology (2016) 7: 1252 (18 p.)

DOI: 10.3389/fmicb.2016.0125

IF 4.165

5288

MITACHI K., SIRICILLA S., YANG D., KONG Y., SKORUPIŃSKA-TUDEK K., ŚWIEŻEWSKA E.,
FRANZBLAU S.G., KUROSU M.

Fluorescence-based assay for polyprenyl phosphate-GlcNAc-1-phosphate transferase (WecA) and identification of novel antimycobacterial WecA inhibitors.

Analytical Biochemistry (2016) 512: 78-90

DOI: <http://dx.doi.org/10.1016/j.ab.2016.08.008>

IF 2.243

5289

KENDZIOREK M., KLIMECKA M., BARABASZ A., BORG S., RUDZKA J., SZCZĘSNY P.,
ANTOSIEWICZ D.M.

Engineering high Zn in tomato shoots through expression of *AtHMA4* involves tissue-specific modification of endogenous genes.

BMC Genomics (2016) 17(1): 625 (20 p.)

DOI: 10.1186/s12864-016-2990-x

IF 3.867

5290

HAŁAS A., KRAWCZYK M. ŚLEDZIEWSKA-GÓJSKA E.

PCNA SUMOylation protects against PCNA polyubiquitination-mediated, Rad59-dependent, spontaneous, intrachromosomal gene conversion.

Mutation Research-Fundamental and Molecular Mechanisms of Mutagenesis (2016) 791-792: 10-18

DOI: <http://dx.doi.org/10.1016/j.mrfmmm.2016.08.001>

IF 2.581

5291

ZADRAĞ-TĘCZA R., SKONECZNA A.

Reproductive potential and instability of the rDNA region of the *Saccharomyces cerevisiae* yeast: common or separate mechanisms of regulation?

Experimental Gerontology (2016) 84: 29-39

DOI: <http://dx.doi.org/10.1016/j.exger.2016.08.009>

IF 3.350

5292

PIETRZAK M., MACIOŁA A., ZDANOWSKI K., PROTAS -KLUKOWSKA A., M., OLSZEWSKA M., ŚMIETANKA K., MINTA Z., SZEWCZYK B., KOPERA E.

An avian influenza H5N1 virus vaccine candidate based on the extracellular omain produced in yeast system as subviral particles protects chickens from lethal challenge.

Antiviral Research (2016) 133: 242-249

DOI: <http://dx.doi.org/10.1016/j.antiviral.2016.08.001>

IF 4.909

5293

DOMAŃSKI D., PERZANOWSKA A., KISTOWSKI M., WOJTAS G., MICHALAK A., KRASOWSKI G., DADLEZ M.

A multiplexed cytokeratin analysis using targeted mass spectrometry reveals specific profiles in cancer-related pleural effusions.

Neoplasia (2016) 18(7): 399-412

DOI: <http://dx.doi.org/10.1016/j.neo.2016.06.002>

IF 4.509

5294

BUSZEWICZ D., ARCHACKI R., PALUSIŃSKI A., KOTLIŃSKI M., FOGTMAN A., IWANICKA-NOWICKA R., SOSNOWSKA K., KUCIŃSKI J., PUPEL P., OLĘDZKI J., DADLEZ M., MISICKA A., JERZMANOWSKI A., KOBLOWSKA M. K.

HD2C histone deacetylase and a SWI/SNF chromatin remodelling complex interact and both are involved in mediating the heat stress response in *Arabidopsis*.

Plant, Cell and Environment (2016) 39(10): 2108-2122

DOI: [10.1111/pce.12756](http://dx.doi.org/10.1111/pce.12756)

IF 6.169

5295

KEZWON A., GÓRAL I., FRĄCZYK T., WOJCIECHOWSKI K.

Effect of surfactants on surface activity and rheological properties of type I collagen at air/water interface.

Colloids and Surfaces B: Biointerfaces (2016) 148: 238-248

DOI: <http://dx.doi.org/10.1016/j.colsurfb.2016.08.058>

IF 3.902

5296

KULESZA A., BURDZIŃSKA A., SZCZEPAŃSKA I., ZARYCHTA- WIŚNIEWSKA W., PAJĄK B., BOJARCZUK K., DYBOWSKI B., PĄCZEK L.

The mutual interactions between mesenchymal stem cells and myoblasts in an autologous co-culture model.

PLOS ONE (2016) 11(8): e0161693 (19 p.)

DOI: [10.1371/journal.pone.0161693](http://dx.doi.org/10.1371/journal.pone.0161693)

IF 3.057

5297

WEBER-DĄBROWSKA B., JOŃCZYK-MATYSIAK E., ŻACZEK M., ŁOBOCKA M., ŁUSIAK-SZELACHOWSKA M., GÓRSKI A.

Bacteriophage procurement for therapeutic purposes.

Frontiers in Microbiology (2016) 7: 1177 (14 p.)

DOI: [10.3389/fmicb.2016.01177](http://dx.doi.org/10.3389/fmicb.2016.01177)

IF 4.165

5298

JASIŃSKA M., MIŁEK J., CYMERMAN I.A., ŁĘSKI S., KACZMAREK L., DZIEMBOWSKA M.
miR-132 regulates dendritic spine structure by direct targeting of matrix metalloproteinase 9 mRNA.
Molecular Neurobiology (2016) 53(7): 4701-4712
DOI: 10.1007/s12035-015-9383-z
IF 5.397

5299

DĄBROWSKA M., SKONECZNY M., ZIELIŃSKI Z., RODE W.
Wnt signaling in regulation of biological functions of the nurse cell harboring *Trichinella* spp.
Parasites & Vectors (2016) 9(1): 483 (8 p.)
DOI: 10.1186/s13071-016-1770-4
IF 3.234

5300

SZTATELMAN O., ŁABUZ J., HERMANOWICZ P., BANAŚ A. K., BAŻANT A., ZGŁOBICKI P.,
AGGARWAL CH., NADZIEJA M., KRZESZOWIEC W., STRZAŁKA W., GABRYŚ H.
Fine tuning chloroplast movements through physical interactions between phototropins.
Journal of Experimental Botany (2016) 67(17): 4963-4978
DOI: 10.1093/jxb/erw265
IF 5.677

5301

ADAMCZYK J., DEREGOWSKA A., SKONECZNY M., SKONECZNA A., NATKAŃSKA U.,
KWIATKOWSKA A., RAWSKA E., POTOCKI L., KUNA E., PANEK A., LEWIŃSKA A., WNUK M.
Copy number variations of genes involved in stress responses reflect the redox state and DNA damage
in brewing yeasts.
Cell Stress and Chaperones (2016) 21(5): 849-864
DOI: 10.1007/s12192-016-0710-8
IF 2.583

5302

OLECH M., SŁABY A.
Changes in the lichen biota of the Lions Rump area, King George Island, Antarctica, over the last 20
years.
Polar Biology (2016) 39(8): 1499-1503
DOI: 10.1007/s00300-015-1863-0
IF 1.711

5303

MIZZI C., DALABIRA E., KUMUTHINI J., DZIMIRI N., BALOGH I., BASAK N., BÖHM R., BORG J.,
BORGIANI P., BOZINA N., BRUCKMUELLER H., BURZYŃSKA B., ET AL.
A european spectrum of pharmacogenomic biomarkers: implications for clinical pharmacogenomics.
PLOS ONE (2016) 11(9): e0162866 (19 p.)
DOI: 10.1371/journal.pone.0162866
IF 3.057

5304

ZDANOWICZ M., CHROBOCZEK J.
Virus-like particles as drug delivery vectors.
Acta Biochimica Polonica (2016) 63(3): 469-473
DOI: 10.18388/abp.2016_1275
IF 1.187

5305

ZEGARSKA J., HRYNIEWIECKA E., ŻOCHOWSKA D., SAMBOROWSKA E., JAŻWIEC R., BOROWIEC A., TSZYRSZNIC W., CHMURA A., NAZAREWSKI S., DADLEZ M., PĄCZEK L.
Tacrolimus metabolite M-III may have nephrotoxic and myelotoxic effects and increase the incidence of infections in kidney transplant recipients.

Transplantation Proceedings (2016) 48(5): 1539-1542

DOI: 10.1016/j.transproceed.2015.12.13

IF 0.867

5306

HRYNIEWIECKA E., ZEGARSKA J., ŻOCHOWSKA D., JAŻWIEC R., BOROWIEC A., SAMBOROWSKA E., TSZYRSZNIC W., DADLEZ M., PĄCZEK L.

Hydroxylated, hydroxymethylated, dihydroxylated, and trihydroxylated cyclosporine metabolites can be nephrotoxic in kidney transplant recipients.

Transplantation Proceedings (2016) 48(5): 1551-1555

DOI: <http://dx.doi.org/10.1016/j.transproceed.2016.01.090>

IF 0.867

5307

WAWRZYŃSKA A., SIRKO A.

EIN3 interferes with the sulfur deficiency signaling in *Arabidopsis thaliana* through direct interaction with the SLIM1 transcription factor.

Plant Science (2016) 253: 50-57

DOI: 10.1016/j.plantsci.2016.09.002

IF 3.362

5308

ŻOCHOWSKA D., ZEGARSKA J., HRYNIEWIECKA E., SAMBOROWSKA E., JAŻWIEC R., TSZYRSZNIC W., BOROWIEC A., DADLEZ M., PĄCZEK L.

Determination of concentrations of azathioprine metabolites 6-thioguanine and 6-methylmercaptopurine in whole blood with the use of liquid chromatography combined with mass spectrometry.

Transplantation Proceedings (2016) 48: 1836-1839

DOI: <http://dx.doi.org/10.1016/j.transproceed.2016.01.084>

IF 0.867

5309

KASARELLO K., SZCZEPANKOWSKA A.K., KWIATKOWSKA-PATZER B., LIPKOWSKI A.W., GADAMSKI R., SULEJCZAK D., ŁACHWA M., BIAŁY M., BARDOWSKI J.K.

Effect of recombinant *Lactococcus lactis* producing myelin peptides on neuroimmunological changes in rats with experimental allergic encephalomyelitis.

Folia Neuropathologica (2016) 54(3): 249-258

DOI: 10.5114/fn.2016.62534

IF 1.233

5310

ŻELECHOWSKA K., KARCZEWSKA-GOLEC J., KARCZEWSKI J., ŁOŚ M., KŁONKOWSKI A.M., WĘGRZYN G., GOLEC P.

Phage-directed synthesis of photoluminescent zinc oxide nanoparticles under benign conditions.

Bioconjugate Chemistry (2016) 27(9): 1999-2006

DOI: 10.1021/acs.bioconjchem.6b00196

IF 4.500

5311

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

The model homologue of the partially defective human 5,10-methylenetetrahydrofolate reductase, considered as a risk factor for stroke due to increased homocysteine level, can be protected and reactivated by heat shock proteins.

Metabolic Brain Disease (2016) 31(5): 1041-1045

DOI: 10.1007/s11011-016-9844-8

IF 2.603

5312

UKLEJA M., VALPUESTA J.M., DZIEMBOWSKI A., CUÉLLAR J.

Beyond the known functions of the CCR4-NOT complex in gene expression regulatory mechanisms: new structural insights to unravel CCR4-NOT mRNA processing machinery.

Bioessays (2016) 38(10): 1048-1058

DOI: 10.1002/bies.201600092

IF 4.725

5313

ZIENTARA-RYTTER K., SIRKO A.

To deliver or to degrade - an interplay of the ubiquitin-proteasome system, autophagy and vesicular transport in plants.

FEBS Journal (2016) 283(19): 3534-3555

DOI: 10.1111/febs.13712

IF 4.237

5314

KRAJCARZ M., MAKOWIECKI D., KRAJCARZ M.T., MASŁOWSKA A., BACA M., PANAGIOTOPOULOU H., ROMAŃSKA A., BEDNARCZYK J., GREŻAK A., SUDOŁ M.

On the trail of the oldest domestic cat in Poland. An insight from morphometry, ancient DNA and radiocarbon dating.

International Journal of Osteoarchaeology (2016) 26(5): 912-919

DOI: 10.1002/oa.2471

IF 1.212

5315

WIŁOCH M.Z., WAWRZYNIAK U.E., UFNALSKA I., BONNA A., BAL W., DREW S.C., WRÓBLEWSKI W.

Tuning the redox properties of copper(II) complexes with amyloid- β peptides.

Journal of the Electrochemical Society (2016) 163(13): G196-G199

DOI: 10.1149/2.0641613jes

IF 3.014

5316

DOMAŃSKI D., ZEGROCKA-STENDEL O., PERZANOWSKA A., DUTKIEWICZ M., KOWALEWSKA M., GRABOWSKA I., MACIEJKO D., FOGTMAN A., DADLEZ M., KOZIAK K.

Molecular mechanism for cellular response to β -escin and its therapeutic implications.

PLOS ONE (2016) 11(10): e0164365 (18 p.)

DOI: 10.1371/journal.pone.0164365

IF 3.057

5317

STACHYRA A., REDKIEWICZ P., KOSSON P., PROTASIUK A., GÓRA-SOCHACKA A., KUDŁA G., SIRKO A.

Codon optimization of antigen coding sequences improves the immune potential of DNA vaccines against avian influenza virus H5N1 in mice and chickens.

Virology Journal (2016) 13: 143

DOI: 10.1186/s12985-016-0599-y

IF 2.362

5318

KAMIŃSKA J., RZEPNIKOWSKA W., POLAK A., FLIS K., SOCZEWSKA P., BAŁA K., SIENKO M., GRYNBERG M., KALISZEWSKI P., URBANEK A., AYSCOUGH K., ŻOŁĄDEK T.

Phosphatidylinositol-3-phosphate regulates response of cells to proteotoxic stress.

International Journal of Biochemistry and Cell Biology (2016) 79: 494-504

DOI: <http://dx.doi.org/10.1016/j.biocel.2016.08.007>

IF 3.905

5319

KARCZEWSKA-GOLEC J., STRAPAGIEL D., SADOWSKA M., SZALEWSKA-PAŁASZ A., GOLEC P.

Draft genome sequence of *Shewanella baltica* M1 isolated from brackish surface water of the Gulf of Gdańsk.

Genome Announcements (2016) 4(3): e00611-16

DOI: 10.1128/genomeA.00611-16

IF -

5320

KĘDZIERSKA H., POPLAWSKI P., HOSER G., RYBICKA B., RODZIK K., SOKÓŁ E., BOGUSŁAWSKA J., TAŃSKI Z., FOGTMAN A., KOBLOWSKA M., PIEKIELKO-WITKOWSKA A.

Decreased expression of SRSF2 splicing factor inhibits apoptotic pathways in renal cancer.

International Journal of Molecular Sciences (2016) 17(10): 1598 (16 p.)

DOI: 10.3390/ijms17101598

IF 3.257

5321

ŻOŁNIERCZYK J.D., OLEJNICZAK A.B., MIECZKOWSKI A., BŁOŃSKI J.Z., KILIAŃSKA Z.M., ROBAK T., LEŚNIKOWSKI Z.J.

In vitro antileukemic activity of novel adenosine derivatives bearing boron cluster modification.

Bioorganic & Medicinal Chemistry (2016) 24(21): 5076-5087

DOI: <http://dx.doi.org/10.1016/j.bmc.2016.08.028>

IF 2.923

5322

MUCHA K., FORONCEWICZ B., PĄCZEK L.,

How to diagnose and follow patients with glomerulonephritis without kidney biopsy?

Polskie Archiwum Medycyny Wewnętrznej (2016) 126(7-8): 471-473

DOI: 10.20452/pamw.3510

IF 2.054

5323

ŻURAWIK T.M., POMORSKI A., BELCZYK-CIESIELSKA A., GOCH G., NIEDŹWIEDZKA K., KUCHARCZYK R., KRĘŻEL A., BAL W.,

Revisiting mitochondrial pH with an improved algorithm for calibration of the ratiometric 5(6)-carboxy-SNARF-1 probe reveals anticooperative reaction with H⁺ ions and warrants further studies of organellar pH.

PLOS ONE (2016) 11(8): e0161353 (17 p.)

DOI: 10.1371/journal.pone.0161353

IF 3.057

5324

BOCHTLER M., PIASECKA A.

Haloflex volcanii UbaA, catalytic engine for smpylation and sulfur transfer.

FEBS Journal (2016) 283(19): 3563-3566

DOI: 10.1111/febs.13826

IF 4.237

5325

RADZIWIŁŁ-BIEŃKOWSKA J.M., LAM LE D.T., SZCZĘSNY P., DUVIAU M-P.,
ALEKSANDRZAK-PIEKARCZYK T., LOUBIÉRE P., MERCIER-BONIN M., BARDOWSKI J.K.,
KOWALCZYK M.

Adhesion of the genome-sequenced *Lactococcus lactis* subsp. cremoris IBB477 strain is mediated by specific molecular determinants.

Applied Microbiology and Biotechnology (2016) 100(22): 9605-9617

DOI: 10.1007/s00253-016-7813-0

IF 3.376

5326

JURCZAK-KUREK A., GAŚSIOR T. NEJMAN-FALEŃCZYK B., BŁOCH S., DYDECKA A.,
TOPKA G., NECEL A., JAKUBOWSKA-DEREDAS M., NARAJCZYK M., RICHERT M.,
MIESZKOWSKA A., WRÓBEL B., WĘGRZYN G., WĘGRZYN A.

Biodiversity of bacteriophages: morphological and biological properties of a large group of phages isolated from urban sewage.

Scientific Reports (2016) 6: 34338 (17 p.)

DOI: 10.1038/srep34338

IF 5.228

5327

MALINOWSKA M., NIEWIADOMSKA M., WĘSIERSKA M.

Spatial memory formation differentially affects c-Fos expression in retrosplenial areas during place avoidance training in rats.

Acta Neurobiologiae Experimentalis (2016) 76(3): 244-265

PMID: 27685777

IF 1.708

5328

WEZYNFELD N.E., FRĄCZYK T., BAL W.

Metal assisted peptide bond hydrolysis: chemistry, biotechnology and toxicological implications.

Coordination Chemistry Reviews (2016) 327 –328: 166–187

DOI: <http://dx.doi.org/10.1016/j.ccr.2016.02.009>

IF 12.994

5329

KOCHAŃCZYK T., NOWAKOWSKI M., WOJEWSKA D., KOCYŁA A., EJCHART A.,
KOŹMIŃSKI W., KRĘŻEL A.

Metal-coupled folding as the driving force for the extreme stability of Rad50 zinc hook dimer assembly.

Scientific Reports (2016) 6: 36346 (12 p.)

DOI: 10.1038/srep36346

IF 5.228

5330

WEN S., NIEDŹWIECKA K., ZHAO W., XU S., LIANG S., ZHU X., XIE H., TRIBOUILLARD-TANVIER D., GIRAUD M.-F., ZENG C., DAUTANT A., KUCHARCZYK R., LIU Z., DI RAGO J.-P., CHEN H.

Identification of G8969>A in mitochondrial *ATP6* gene that severely compromises ATP synthase function in a patient with IgA nephropathy.

Scientific Reports (2016) 6: 36313 (12 p.)

DOI: 10.1038/srep36313

IF 5.228

5331

PERŁA-KAJAN J., UTYRO O., RUSEK M., MALINOWSKA A., SITKIEWICZ E., JAKUBOWSKI H. *N*-Homocysteinylolation impairs collagen cross-linking in cystathionine β -synthase-deficient mice: a novel mechanism of connective tissue abnormalities.

The FASEB Journal (2016) 30(11): 3810-3821

DOI: 10.1096/fj.201600539

IF 5.299

5332

MIECZKOWSKI A., BIESZCZAD B.

Recent advances in the synthesis and applications of oxazolo[5,4-*d*]pyrimidines (microreview).

Chemistry of Heterocyclic Compounds (2016) 52(10): 782–784

DOI: 10.1007/s10593-016-1965-9

IF 0.815

5333

ŁABNO A., TOMECKI R., DZIEMBOWSKI A.

Cytoplasmic RNA decay pathways - enzymes and mechanisms.

Biochimica et Biophysica Acta - Molecular Cell Research (2016) 1863(12): 3125–3147

DOI: <http://dx.doi.org/10.1016/j.bbamcr.2016.09.023>

IF 5.128

5334

LABUDDA M., RÓŻAŃSKA E., CIEŚLA J., SOBCZAK M., DZIK J.M.

Arginase activity in *Arabidopsis thaliana* infected with *Heterodera schachtii*.

Plant Pathology (2016) 65(9): 1529-1538

DOI: 10.1111/ppa.12537

IF 2.383

5335

FEDAK H., PALUSIŃSKA M., KRZYCZMONIK K., BRZEŹNIAK L., YATUSEVICH R., PIETRAS Z., KACZANOWSKI S., ŚWIEŻEWSKI S.

Control of seed dormancy in *Arabidopsis* by a *cis*-acting noncoding antisense transcript.

Proceedings of the National Academy of Sciences USA (2016) 113(48): E7846-E7855

DOI: 10.1073/pnas.1608827113

IF 9.423

5336

KORCZAK-ABSHIRE M., KIDAWA A., ZMARZ A., STORVOLD R., KARLSEN S.R., RODZEWICZ M., CHWEDORZEWSKA K.J., ZNÓJ A.

Preliminary study on nesting Adélie penguins disturbance by unmanned aerial vehicles.

CCAMLR Science (2016) 23: 1-16

IF 1.000

5337

CZERWIŃSKA A.M., NOWACKA J., ASZER M., GAWRZAK S., ARCHACKA K., FOGTMAN A., IWANICKA-NOWICKA R., JAŃCZYK-ILACH K., KOBŁOWSKA M., CIEMERYCH M.A., GRABOWSKA I.

Cell cycle regulation of embryonic stem cells and mouse embryonic fibroblasts lacking functional Pax7.

Cell Cycle (2016) 15(21): 2931-2942

DOI: <http://dx.doi.org/10.1080/15384101.2016.1231260>

IF 3.952

5338

PREMCHANDAR A., MÜCKE N., POZNAŃSKI J., WEDIG T., KAUS-DROBEK M., HERRMANN H., DADLEZ M.

Structural dynamics of the vimentin coiled-coil contact regions involved in filament assembly as revealed by hydrogen-deuterium exchange.

Journal of Biological Chemistry (2016) 291(48): 24931-24950

DOI: [10.1074/jbc.M116.748145](https://doi.org/10.1074/jbc.M116.748145)

IF 4.258

5339

KACZMAREK R., MIKOŁAJEWICZ K., SZYMCZAK K., DUK M., MAJORCZYK E., KROP-WATOREK A., BUCZKOWSKA A., CZERWIŃSKI M.

Evaluation of an amino acid residue critical for the specificity and activity of human Gb3/CD77 synthase.

Glycoconjugate Journal (2016) 33(6): 963–973

DOI: [10.1007/s10719-016-9716-9](https://doi.org/10.1007/s10719-016-9716-9)

IF 1.828

5340

GODZISZEWSKA J., GUZEK D., GŁĄBSKI K., WIERZBICKA A.

Mobile antibiotic resistance – the spread of genes determining the resistance of bacteria through food products.

Postępy Higieny i Medycyny Doświadczalnej (2016) 70: 803-810

DOI: [10.5604/17322693.1209214](https://doi.org/10.5604/17322693.1209214)

IF 0.769

5341

SŁOWIKOWSKA A., TOCZYŁOWSKA B., CICHON R., HENDZEL P.

Metabolomics – the chemical „fingerprint” and important element of personalized medicine.

Folia Cardiologica (2016) 11(4): 353-358

DOI: [10.5603/FC.2016.0060](https://doi.org/10.5603/FC.2016.0060)

IF -

5342

DRABIKOWSKI K., DADLEZ M.

Dissecting SUMO dynamics by mass spectrometry.

Chapter 18 in: **Proteostasis: Methods and Protocols**, Methods in Molecular Biology, Ed. R. Matthiesen, vol. 1449, Springer; ISBN 978-1-4939-3754-7 [488 p.] 2016, p.291-298

DOI: [10.1007/978-1-4939-3756-1_18](https://doi.org/10.1007/978-1-4939-3756-1_18)

5343

SZOT - KARPIŃSKA K., GOLEC P., LEŚNIEWSKI A., PAŁYS B., MARKEN F., NIEDZIÓŁKA-JÖNSSON J., WĘGRZYN G., ŁOŚ M.

Modified filamentous bacteriophage as a scaffold for carbon nanofiber.

Bioconjugate Chemistry (2016) 27(12): 2900-2910

DOI: [10.1021/acs.bioconjchem.6b00555](https://doi.org/10.1021/acs.bioconjchem.6b00555)

IF 4.500

5344

PODSZYWALOW-BARTNICKA P., ĆMOCH A., WOLCZYK M., BUGAJSKI Ł., TKACZYK M., DADLEZ M., NIEBOROWSKA-SKORSKA M., KOROMILAS A.E., SKORSKI T., PIWOCKA K.
Increased phosphorylation of eIF2 α in chronic myeloid leukemia cells stimulates secretion of matrix modifying enzymes.

Oncotarget (2016) 7(48): 79706-79721

DOI: 10.18632/oncotarget.12941

IF 5.008

5345

ŁABNO A., WARKOCKI Z., KULIŃSKI T., KRAWCZYK P.S., BIJATA K., TOMECKI R., DZIEMBOWSKI A.

Perlman syndrome nuclease DIS3L2 controls cytoplasmic non-coding RNAs and provides surveillance pathway for maturing snRNAs.

Nucleic Acids Research (2016) 44(21): 10437–10453

DOI: 10.1093/nar/gkw649

IF 9.202

5346

RAK M., OCHAŁEK A., BIELECKA E., LATASIEWICZ J., GAWARECKA K., SROKA J., CZYŻ J., PIWOWARCZYK K., MASNYK M., CHMIELEWSKI M., CHOJNACKI T., ŚWIEŻEWSKA E., MADEJA Z.

Efficient and non-toxic gene delivery by anionic lipoplexes based on polyprenyl ammonium salts and their effects on cell physiology.

Journal of Gene Medicine (2016) 18(11-12): 331-342

DOI: 10.1002/jgm.2930

IF - 3,246

5347

KAPUSTIAN L.M., DADLEZ M., NEGRUTSKII B.S.

Non-canonical interactions of the β subunit of the translation elongation complex eEF1B and analysis of their possible functional role.

Biopolymers and Cell (2016) 32(5): 347-358

DOI: <http://dx.doi.org/10.7124/bc.00092F>

IF -

5348

SZYMAŃSKI Ł., MATAK D., BARTNIK E., SZCZYLIK C., CZARNECKA A.M.

Thyroid hormones as renal cell cancer regulators.

Journal of Signal Transduction (2016) 2016: 1362407 (8 p.)

DOI: <http://dx.doi.org/10.1155/2016/1362407>

IF -

5349

KRUSZEWSKI J., GOLIK P.

Pentatricopeptide motifs in the N-terminal extension domain of yeast mitochondrial RNA polymerase Rpo41p are not essential for its function.

Biochemistry-Moscow (2016) 81(10): 1101-1110

DOI: 10.1134/S0006297916100084

IF 1.421

5350

KRZYWIŃSKA E., KULIK A., BUCHOLC M., FERNANDEZ M., RODRIGUEZ P.L., DOBROWOLSKA G.

Protein phosphatase type 2C PP2CA together with ABI1 inhibits SnRK2.4 activity and regulates plant responses to salinity.

Plant Signaling & Behavior (2016) 11(12): e1253647

DOI: 10.1080/15592324.2016.1253647

IF -

5351

PANAGIOTOPOULOU H., BACA M., BACA K., SIENKIEWICZ P., ŚLIPIŃSKI P., ŻMIHORSKI M.
Genetic identification of a non-native species introgression into wild population of the field cricket
Gryllus campestris (Orthoptera: Gryllidae) in Central Europe.

European Journal of Entomology (2016) 113: 446-455

DOI: 10.14411/eje.2016.058

IF 0.954

5352

ZARĘBA-KOZIOŁ M., LALOWSKI M., WYSŁOUCH-CIESZYŃSKA A.

Label-free LC-MS/MS comparative analysis of protein S-nitrosome in synaptosomes from wild-type
and APP transgenic mice.

Chapter in: **Analysis of Post-Translational Modifications and Proteolysis in Neuroscience,
Neuromethods**. Ed. J.E. Grant, H. Li, vol.114, Springer; ISBN 978-1-4939-3472-0 (e-book) 2016,
p.73-96

DOI: 10.1007/7657_2016_102

ABSTRAKTY 2016

3996/A

WAWRZYŃSKA A., SIRKO A.

Proteasomal degradation of SLIM1 transcription factor is crucial for sulfur status signaling in *Arabidopsis thaliana*.

7th Proteasome & Autophagy Workshop, Clermont-Ferrand, France, 6-8 April 2016

Abstracts p.204

3997/A

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

MicroRNA profiling reveals novel circulating biomarkers in acute phase of myocardial infarction.

18th International Conference on Extracellular Biomarkers ICEB, London, England, 22-23 April 2016

Abstract Book, p.1755

3998/A

BUCZKOWSKA A., LINK-LENCZOWSKI P., BOROWSKI Ł.S., FOGTMAN A., KOBLOWSKA M., LEFEBER D.J., DZIEMBOWSKI A., ŚWIEŻEWSKA E.

Characterization of HEK293 cell lines stably expressing mutated hSRD5A3 variants to mimic SRD5A3-CDG.

The European Human Genetics Conference ESHG, Barcelona, Spain, 21-24 May 2016

Abstracts p.205

3999/A

ŁOKAS E., ZAGÓRSKI P., SOBOTA I., ZAWIERUCHNA K., CWANEK A., ZDANOWSKI M., GRZESIAK J.

Variation of airborne radionuclides concentrations in Arctic and Antarctic cryoconites.

XXXVI Polar Symposium Progress in Polar Research – New Experiences and Challenges, The 30th Anniversary of UMCS Polar Expeditions to Spitsbergen, Lublin, Poland, 8-11 June 2016

Abstract Book p.221-222

4000/A

ZDANOWSKI M., BOGDANOWICZ A., GAWOR J., GROMADKA R., WOLICKA D., GRZESIAK J.

Enriching cryoconite hole sulfate reducers: preliminary studies.

XXXVI Polar Symposium Progress in Polar Research – New Experiences and Challenges, The 30th Anniversary of UMCS Polar Expeditions to Spitsbergen, Lublin, Poland, 8-11 June 2016

Abstract Book p.184-185

4001/A

GAWOR J., GRZESIAK J., SASIN-KUROWSKA J., BORSUK P., GROMADKA R., GÓRNIAK D., ŚWIĄTECKI A., ALEKSANDRZAK-PIEKARCZYK T., ZDANOWSKI M.

Taxonomic and metabolic diversity of supraglacial *Polaromonas* isolates - a study for two Arctic and one Antarctic glacier.

XXXVI Polar Symposium Progress in Polar Research – New Experiences and Challenges, The 30th Anniversary of UMCS Polar Expeditions to Spitsbergen, Lublin, Poland, 8-11 June 2016

Abstract Book p.169-170

4002/A

GÓRNIAK D., ŚWIĄTECKI A., MIECZAN T., GRZESIAK J., JABŁOŃSKA Z., ZDANOWSKI M.
Bacterial community composition of Ecology Glacier surface habitats (King George Island, Antarctica).

XXXVI Polar Symposium Progress in Polar Research – New Experiences and Challenges, The 30th Anniversary of UMCS Polar Expeditions to Spitsbergen, Lublin, Poland, 8-11 June 2016

Abstract Boook p.180-181

4003/A

KORCZAK-ABSHIRE M., ZMARZ A., CHWEDORZEWSKA K.J., RODZEWICZ M., STORVOLD R., KARLSEN S.R., KIDAWA A.

The application of UAVs for conducting interdisciplinary monitoring of the Antarctic ecosystems. XXXVI Polar Symposium Progress in Polar Research – New Experiences and Challenges, The 30th Anniversary of UMCS Polar Expeditions to Spitsbergen, Lublin, Poland, 8-11 June 2016

Abstract Book p.51

4004/A

ANDROSIUK P., KOC J., CHWEDORZEWSKA K.J., CUBA-DIAZ M., GIEŁWANOWSKA I.

Genetic variability of *Colobanthus quitensis*.

XXXVI Polar Symposium Progress in Polar Research – New Experiences and Challenges, The 30th Anniversary of UMCS Polar Expeditions to Spitsbergen, Lublin, Poland, 8-11 June 2016

Abstract Book p.149-150

4005/A

KOC J., GIEŁWANOWSKA I., KELLMANN-SOPYŁA W., ANDROSIUK P., CHWEDORZEWSKA K.J.

The effect of salinity stress of the germination seeds and seedlings growth of *Colobanthus apetalus* (Labill.) Druce and *Colobanthus quitensis* (Kunth) Bartl.

XXXVI Polar Symposium Progress in Polar Research – New Experiences and Challenges, The 30th Anniversary of UMCS Polar Expeditions to Spitsbergen, Lublin, Poland, 8-11 June 2016

Abstract Book p.201-202

4006/A

KOC J., GIEŁWANOWSKA I., KELLMANN-SOPYŁA W., ANDROSIUK P., CHWEDORZEWSKA K.J., FRACZEK R., WASILEWSKI J., FIEDOROWICZ G.

The influence of sodium fluoride and methanesulfonic acid of the ability of seed germination and seedling growth of *Poa annua* L. among ecotypes from the Polish and the Antarctic.

XXXVI Polar Symposium Progress in Polar Research – New Experiences and Challenges, The 30th Anniversary of UMCS Polar Expeditions to Spitsbergen, Lublin, Poland, 8-11 June 2016

Abstract Book p.203-204

4007/A

SZIŁO J., BIALIK R.

Hydrological conditions of the west shore of Admiralty Bay on the example of the forefield of Baranowski Glacier (King George Island, W Antarctica).

XXXVI Polar Symposium Progress in Polar Research – New Experiences and Challenges, The 30th Anniversary of UMCS Polar Expeditions to Spitsbergen, Lublin, Poland, 8-11 June 2016

Abstract Book p.126-127

4008/A

SZUFA K.M., MIETELSKI J.W., OLECH M.

Mosses and lichens as biomonitors of radioactive caesium 137 in the Antarctic environment.

XXXVI Polar Symposium Progress in Polar Research – New Experiences and Challenges, The 30th Anniversary of UMCS Polar Expeditions to Spitsbergen, Lublin, Poland, 8-11 June 2016

Abstract Book p.252-253

4009/A

ZIELONKA A., SZYMAŃSKI W., MACIEJOWSKI W., ŁABNO R.

Physical and chemical properties of surface soil horizons in the proximity of research stations in King George Island (Antarctica).

XXXVI Polar Symposium Progress in Polar Research - New Experiences and Challenges, The 30th Anniversary of UMCS Polar Expeditions to Spitsbergen, Lublin, Poland, 8-11 June 2016

Abstract Book p.269-270

4010/A

WÓDKIEWICZ M., CHWEDORZEWSKA K.J., BEDNAREK P.T., ZNÓJ A., GALERA H.
Secondary dispersal - how much of the invaders genetic variability can slip between our fingers. A case study of *Poa annua* on King George Island.
29th Conference on the Plant Population Biology Section of the Ecological Society of Germany, Austria and Switzerland (GfÖ) POPBIO, Třeboň, Czech Republic, 5-7 May 2016

Abstract Book p.100

4011/A

ZMARZ A., KORCZAK-ABSHIRE M., STORVOLD R., RODZEWICZ M., KARLSEN S.R., CHWEDORZEWSKA K.J., KIDAWA A.,
UAV monitoring missions in Antarctica – MONICA project 2014-2015.
The Remote Controlled and Autonomous Measurement Platforms Flagship Workshop (ReCAMP), Tromsø, Norway, 5-6 April 2016

Abstracts Book Poster p.40

4012/A

BORSUK E., M., WILIŃSKA A., TUDEK B., SPEINA E.
Lipid peroxidation products affect Fanconi anemia cells.
Mutagenesis Gordon Research Conference: Mechanisms of Mutagenesis and Genome Alterations, Girona, Spain, 5-10 June 2016

Abstracts Poster 4

4013/A

CZERWIŃSKA J., NOWAK M., KOSICKI K., WOJTCZAK P., CIEŚLA J. M., NIEDERNHOFER L., SPEINA E., TUDEK B.
Contribution of lipid peroxidation to the premature aging phenotype of ERCC1-deficient mice.
Mutagenesis Gordon Research Conference: Mechanisms of Mutagenesis and Genome Alterations, Girona, Spain, 5-10 June 2016

Abstracts Poster 9

4014/A

JARRETT R., SALIO M., LLOYD-LAVERY A., SUBRAMANIAN S., BOURGEOIS E., ARCHER CH., CHEUNG A., HARDMAN C., CHANDLER D., SALIMI M., GUTOWSKA-OWSIK D., DE LA SERNA J.B., FALLON P.G., JOLIN H., MCKENZIE A., DZIEMBOWSKI A., PODOBAS E.I., BAL W., JOHNSON D., MOODY D.B., CERUNDOLO V., OGG G.
Filaggrin inhibits generation of CD1a neolipid antigens by house dust mite-derived phospholipase.
British Society for Investigative Dermatology Annual Meeting, Dundee, England, 4-6 April 2016
British Journal of Dermatology (2016) 174 p.49-50

4015/A

ZMARZ A., KORCZAK-ABSHIRE M., STORVOLD R., RODZEWICZ M., CHWEDORZEWSKA K.J., KARLSEN S.R.
UAV for monitoring Antarctic ecosystems.
36th EARSeL Symposium Frontiers in Earth Observation, Bonn, Germany, 20-24 June 2016
Programme & Abstract Book p.29

4016/A

MUCHA K., FLORCZAK M., FORONCEWICZ B., CIECIURA T., KLIMCZAK D., RACZYŃSKA J., MULKA-GIEREK M., PĄCZEK L.
Clinical markers of IgA nephropathy.
53rd Congress ERA-EDTA, Vienna, Austria, 21-24 May 2016
Nephrology Dialysis Transplantation (2016) 31 (supplement 1) MP141

4017/A

NIEDŹWIECKA K., SKONECZNY M., TISI R., KUCHARCZYK R.

Mutations in mitochondrial *ATP6* gene encoding subunit of ATP synthase and their impact on cell physiology in yeast *S. cerevisiae*.

19th European Bioenergetics Conference, Riva del Garda, Italy, 2-7 July 2016

Lecture and Poster Abstracts p.77

4018/A

SKOCZEŃ N., BINKO K., DAUTANT A., DI RAGO J.-P., KUCHARCZYK R.

Exploring the human ATP synthase proton channel.

19th European Bioenergetics Conference, Riva del Garda, Italy, 2-7 July 2016

Lecture and Poster Abstracts p.78-79

4019/A

TYMOSZEWSKA A., ALEKSANDRZAK-PIEKARCZYK T., BARDOWSKI J.K.

Garvieacin Q - the wide spectrum class IIb bacteriocin that targets man-PTS.

International Scientific Conference on Probiotics and Prebiotics IPC, Budapest, Hungary, 21-23 June 2016

Abstract BS

4020/A

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

The functioning of Antarctic terrestrial ecosystems and their aptitude to biological invasions.

57 Zjazd Polskiego Towarzystwa Botanicznego: Botanika – Tradycja i Nowoczesność, Lublin,

27 czerwca – 3 lipca 2016

Abstracts BS

4021/A

KOC J., KELLMANN-SOPYŁA W., CHWEDORZEWSKA K.J., GIEŁWANOWSKA I.

Ecophysiology of seed dormancy of *Colobanthus quitensis* (Kunth) Bartl.

57 Zjazd Polskiego Towarzystwa Botanicznego: Botanika – Tradycja i Nowoczesność, Lublin,

27 czerwca – 3 lipca 2016

Abstracts BS

4022/A

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

Whom you have to be conquer Antarctica? Functional traits of *Poa annua* on King George Island.

57 Zjazd Polskiego Towarzystwa Botanicznego: Botanika – Tradycja i Nowoczesność, Lublin,

27 czerwca – 3 lipca 2016

Abstracts BS

4023/A

GIEŁWANOWSKA I., CHWEDORZEWSKA K.J., KOC J., KELLMANN-SOPYŁA W.,

ZIELIŃSKA K., PAWELEC A.

Differentiation of seeds germination of *Colobanthus apetalus* (LABILL.) Druce and *Colobanthus quitensis* (Kunth) Bartl. in response to osmotic stress and salt.

57 Zjazd Polskiego Towarzystwa Botanicznego: Botanika – Tradycja i Nowoczesność, Lublin,

27 czerwca – 3 lipca 2016

Abstracts BS

4024/A

RUDAK A., ZNÓJ A., CHWEDORZEWSKA K.J., GALERA H., WÓDKIEWICZ M.

Biomass allocation in *Poa annua* under Antarctic conditions.

57 Zjazd Polskiego Towarzystwa Botanicznego: Botanika – Tradycja i Nowoczesność, Lublin,

27 czerwca – 3 lipca 2016

Abstracts BS

4025/A

GUTKOWSKA M.

Polyprenol reductase 2 deficiency is lethal in *Arabidopsis* due to male sterility.

SEB Annual Meeting: Sun, Sea & Science, Brighton, England, 4-7 July 2016

Oral Presentation P4.7

4026/A

SURMACZ L., SUROWIECKI P., BUSZEWICZ D., AKHTAR T.A., ŚWIEŻEWSKA E.

Cis-prenyltransferase AtCPT7 is required for medium-chain polyprenol biosynthesis in chloroplasts of *Arabidopsis*.

International Conference on Arabidopsis Research ICAR, Gyeongju, Korea, 29 June – 3 July 2016

Abstract Book P335

4027/A

SUROWIECKI P., MANKO K., ŚWIEŻEWSKA E., SURMACZ L.

Studies on the roles of AtCPT1 and Lew1 in polyisoprenoid biosynthesis in *Arabidopsis*.

International Conference on Arabidopsis Research ICAR, Gyeongju, Korea, 29 June – 3 July 2016

Abstract Book P.336

4028/A

BUCHOLC M., GOCH G., KLIMECKA M.M., FEDAK H., CIESIELSKI A., TARNOWSKI K., LICHOCKA M., DOBROWOLSKA G.

Two isoforms of *Arabidopsis thaliana* SnRK2-Interacting calcium sensor negatively regulate SnRK2 protein kinases activity.

International Conference on Arabidopsis Research ICAR, Gyeongju, Korea, 29 June – 3 July 2016

Abstract Book P229

4029/A

BORKIEWICZ L., CIEŚLA J. M., MUSZYŃSKA G., SZCZEGIELNIAK J.

ZmCPK11 and its homologs in *Arabidopsis* are regulators of stress-inducible genes in wound response.

International Conference on Arabidopsis Research ICAR, Gyeongju, Korea, 29 June – 3 July 2016

Abstract Book P289

4030/A

BUSZEWICZ D., SURMACZ L., KOBLOWSKA M., ŚWIEŻEWSKA E.

The *Arabidopsis thaliana* *cis*-prenyltransferase CPT7 is involved in a heat-induced accumulation of polyprenols.

International Conference on Arabidopsis Research ICAR, Gyeongju, Korea, 29 June – 3 July 2016

Abstract Book P329

4031/A

SKORUPIŃSKA-TUDEK K., KLOBUS G., ŚWIEŻEWSKA E.

Dolichol accumulation in plant roots upon adverse abiotic environmental factors treatment.

International Conference on Arabidopsis Research ICAR, Gyeongju, Korea, 29 June-3 July 2016

Abstract Book P334

4032/A

GAWARECKA K., JÓŹWIAK A., MYRCHA M., KANIA M., DANIKIEWICZ W., ŚWIEŻEWSKA E.

Phytol – a potential substrate for biosynthesis of polyisoprenoid compounds.

International Conference on Arabidopsis Research ICAR, Gyeongju, Korea, 29 June – 3 July 2016

Abstract Book P330 Oral Speech

4033/A

WINIEWSKA M., CZAPIŃSKA H., PIASECKA A., POZNAŃSKI J.

Competition between bonding and electrostatic interactions identified in complexes of protein kinase CK2 α with halogenated ligands.

2nd International Symposium on Halogen Bonding ISXB2, Gothenburg, Sweden, 6-10 June 2016

Abstract Book p.49

4034/A

WINIEWSKA M., CZAPIŃSKA H., PIASECKA A., POZNAŃSKI J.

Thermodynamic study on binding of halogenated ligands by PKCK2 reveals dominance of electrostatic interactions over halogen bonding.

2nd International Symposium on Halogen Bonding ISXB2, Gothenburg, Sweden, 6-10 June 2016

Abstract Book p.83

4035/A

DYLEWSKA M., SOKOŁOWSKA B., KORZENIOWSKA K., KUŚMIEREK J.T., MACIEJEWSKA A.M.

E.coli AlkA and AlkB proteins repair 1,N6- α -hydroxypropanoadenine and 3,N4- α -hydroxypropanocytosine.

X Parnas Conference – Young Scientist Forum: Molecules in Living Cells and in Innovative Medicine, Wrocław, Poland 10-12 July 2016

Acta Biochimica Polonica 2016 63(suppl1) P2.16

4036/A

BORSUK E., M., WILIŃSKA A., TUDEK B., SPEINA E.

Lipid peroxidation affects cells from Fanconi anemia group, FANCD2 and FANCD1.

X Parnas Conference – Young Scientist Forum: Molecules in Living Cells and in Innovative Medicine, Wrocław, Poland 10-12 July 2016

Acta Biochimica Polonica 2016 63(suppl1) P2.17

4037/A

CZERWIŃSKA J., TUPALSKA AGNIESZKA NIEDERNHOFER L., FOKSINSKI M.,

GACKOWSKI D., ZARAKOWSKA E., STARCZAK M., TUDEK B., OLIŃSKI R.

DNA epigenetics marks in wild-type and *Ercc1* primary mouse embryonic fibroblasts.

X Parnas Conference – Young Scientist Forum: Molecules in Living Cells and in Innovative Medicine, Wrocław, Poland 10-12 July 2016

Acta Biochimica Polonica 2016 63(suppl1) P2.18

4038/A

TUDEK B., SIEDLECKI J.A., FABISIEWICZ A., GHAHE S.S., MAJCHRZAK B.,

MOSSAKOWSKA B., CIUBATA A., KOPANIA K.

DNA repair pathways contributing to resistance to photodynamic therapy and as possible therapeutic targets.

X Parnas Conference – Young Scientist Forum: Molecules in Living Cells and in Innovative Medicine, Wrocław, Poland 10-12 July 2016

Acta Biochimica Polonica 2016 63(suppl1) P4.14

4039/A

PILŹYS T., GARBICZ D., WRZESIŃSKI M., MIELECKI D., KRAWCZYK H., GRZESIUK E.

Anticancer features of new stilbenoid derivatives.

X Parnas Conference – Young Scientist Forum: Molecules in Living Cells and in Innovative Medicine, Wrocław, Poland 10-12 July 2016

Acta Biochimica Polonica 2016 63(suppl1) P6.9

4040/A

MARCINKOWSKI M., PILŹYS T., PIWOWARSKI J., WINIEWSKA M., ZHUKOV I., GARBICZ D., TKACHUK Z.

The studies on interaction of dephosphorylated 2'-5'- triadenylates and its analogues with human calmodulin as measured microscale thermophoresis and circular dichroism spectroscopy.

X Parnas Conference – Young Scientist Forum: Molecules in Living Cells and in Innovative Medicine, Wrocław, Poland 10-12 July 2016

Acta Biochimica Polonica 2016 63(suppl1) P1.5

4041/A

GARBICZ D., MARCINKOWSKI M., PILŹYS T., PIWOWARSKI J., GRZESIUK E.

The most common mistakes in Western blot analysis based on the example of FTO protein.

X Parnas Conference – Young Scientist Forum: Molecules in Living Cells and in Innovative Medicine, Wrocław, Poland 10-12 July 2016

Acta Biochimica Polonica 2016 63(suppl1) P1.4

4042/A

SIKORA A., DETMAN A., CHOJNACKA A., BŁASZCZYK M., ZIELENKIEWICZ U., KAŹMIERCZAK W., PIELA P., PIOTROWSKI J.

Biowódór i biogaz (biometan) w dwuetapowym procesie beztlenowego rozkładu melasu.

Bałtyckie Forum Biogazu, Gdańsk, 16-17 June 2016

Materiały konferencyjne

4043/A

ZNÓJ A., BORSUK P., CHWEDORZEWSKA K.J.

Genetic diversity of psychrophilic microorganisms and their possibility for making microbial consortia.

XXXIV SCAR Open Science Conference, Kuala Lumpur, Malaysia, 20-30 August 2016

Abstracts BS

4044/A

CHWEDORZEWSKA K.J., GALERA H., ŁAPIŃSKI S., KOWALSKA M.E., PASIK M., RAJNER M., CZYZ E., BYLINA P., WÓDKIEWICZ M., ZNÓJ A.

First step to eradication of *Poa annua* L. from Arctowski Oasis (King George Island, South Shetlands, Antarctica).

XXXIV SCAR Open Science Conference, Kuala Lumpur, Malaysia, 20-30 August 2016

Abstracts BS

4045/A

CHWEDORZEWSKA K.J., KARLSEN S.R., SIVERTSEN A., ZMARZ A., KORCZAK-ABSHIRE M., ZNÓJ A.

Ultra-high resolution baseline vegetation map of the forefield of the Sphinx glacier, Admiralty Bay area, King George Island.

XXXIV SCAR Open Science Conference, Kuala Lumpur, Malaysia, 20-30 August 2016

Abstracts BS

4046/A

KARLSEN S.R., SIVERTSEN A., CHWEDORZEWSKA K.J., ZMARZ A., KORCZAK-ABSHIRE M.

Vegetation mapping on King George Island using Unmanned Aerial Systems (UAS).

XXXIV SCAR Open Science Conference, Kuala Lumpur, Malaysia, 20-30 August 2016

Abstracts BS

4047/A

KORCZAK-ABSHIRE M., ZMARZ A., KARLSEN S.R., RODZEWICZ M., STORVOLD R., CHWEDORZEWSKA K.J.

A novel approach to monitoring the impact of climate change on Antarctic ecosystems.

XXXIV SCAR Open Science Conference, Kuala Lumpur, Malaysia, 20-30 August 2016

Abstracts BS

4048/A

KORCZAK-ABSHIRE M., ZMARZ A., STORVOLD R., RODZEWICZ M., KYCKO M., KIDAWA A., CHWEDORZEWSKA K.J.

Using Unmanned Aerial Vehicles to monitor avian indicator species in Antarctica.

The North American Ornithological Conference (NAOC), Washington, USA, 16-20 August 2016

Abstracts BS

4049/A

MAJEWSKA M., ALABRUDZIŃSKA M., JONCZYK P., FIJAŁKOWSKA I.J.

Proper functioning of the GINS complex is crucial for the stability of repetitive sequences in *Saccharomyces cerevisiae*.

International Centre for Genetic Engineering and Biotechnology Conference: At the Intersection of DNA Replication and Genome Maintenance: from Mechanisms to Therapy, Trieste, Italy, 27 June – 1 July 2016

Book of Abstracts p.127

4050/A

SZWAJCAZAK E., FIJAŁKOWSKA I.J., SUSKI C.

The 4-subunit Polymerase zeta participates in the DNA replication.

International Centre for Genetic Engineering and Biotechnology Conference: At the Intersection of DNA Replication and Genome Maintenance: from Mechanisms to Therapy, Trieste, Italy, 27 June – 1 July 2016

Book of Abstracts p.165

4051/A

ZIUZIA-GRACZYK I., POZNAŃSKI J., BĘBENEK A.

Polymerase-primase interactions in the bacteriophage T4 replisome.

International Centre for Genetic Engineering and Biotechnology Conference: At the Intersection of DNA Replication and Genome Maintenance: from Mechanisms to Therapy, Trieste, Italy, 27 June – 1 July 2016

Book of Abstracts p.186

4052/A

BAŻLEKOWA M., GHAHE S.S., PROROK P., AKISHEV Z., BISSINBAEV A., MATKARIMOV B.T., KLADOVA O., KUZNETSOV N. A., ISHCENKO A.A., BUCKLE M., ZEMBRZUSKA D., TUDEK B., SAPARBAEV M.K.

The role of human DNA repair protein APE1/Ref-1 in transcriptional regulation of genes involved in cancer development.

43th ISOBM Annual Congress of International Society of Oncology and BioMarkers, Chicago, USA, 6-11 September 2016

Tumor Biology (2016) 37 (suppl 1) 121

4053/A

TARCZEWSKA A., KOZŁOWSKA M., JAKÓB M., BYSTRANOWSKA D., TAUBE M., KOZAK M., CZARNOCKI-CIECIURA M., OŻYHAR A.

Nucleoplasmin-like FKBP39 from *Drosophila melanogaster* is a partly disordered tetramer.

2nd Congress BIO: Expanding Beyond the Limits, Wrocław, Poland, 13-16 September 2016

Acta Biochimica Polonica 2016 63(supplement 2) P2.6

4054/A

GISKA F., PIECHOCKI M., TAUBE M., RYMASZEWSKI W., LICHOCKA M., HOSER R., KWIATKOWSKI JAKUB KOZAK M., HENNIG J., KRZYMOWSKA M.

Intracellular trafficking of bacterial virulence factors – a hunt for host targets?

2nd Congress BIO: Expanding Beyond the Limits, Wrocław, Poland, 13-16 September 2016

Acta Biochimica Polonica 2016 63(supplement 2) L3.2

4055/A

SACHAROWSKI S.P., GRATKOWSKA D.M., SARNOWSKA E., KONDRAK 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., KONCZ C., SARNOWSKI T.J.

SWP73A and SWP73B subunits of *Arabidopsis* SWI/SNF chromatin remodeling complexes modulate leaf and flower development.

2nd Congress BIO: Expanding Beyond the Limits, Wrocław, Poland, 13-16 September 2016

Acta Biochimica Polonica 2016 63(supplement 2) P3.11

4056/A

JANCEWICZ I., SARNOWSKA E., RUSETSKA N., GOS A., SARNOWSKI T.J., SIEDLECKI J.A.
SWI/SNF remodelling complex promotes triple negative breast cancer progression.

2nd Congress BIO: Expanding Beyond the Limits, Wrocław, Poland, 13-16 September 2016

Acta Biochimica Polonica 2016 63(supplement 2) P4.10

4057/A

SARNOWSKA E., JANCEWICZ I., RUSETSKA N., LESZCZYŃSKI M., POGODA K., OLSZEWSKI W., NIWIŃSKA A., NOWECKI Z., SARNOWSKI T.J., SIEDLECKI J.A.
The role of SWI/SNF ATP-dependent chromatin remodeling complex in triple negative breast cancer (TNBC) development.

2nd Congress BIO: Expanding Beyond the Limits, Wrocław, Poland, 13-16 September 2016

Acta Biochimica Polonica 2016 63(supplement 2) L6.2

4058/A

ŚWIEŻEWSKI S.

Pausing transcription to pause development. Molecular biology of seed dormancy establishment.

2nd Congress BIO: Expanding Beyond the Limits, Wrocław, Poland, 13-16 September 2016

Acta Biochimica Polonica 2016 63(supplement 2) L7.2

4059/A

ĆWIEK P., SARNOWSKA E., SIEDLECKI P., ARAÚJO W.L., TOHGE T., BALCERAK A., MACECH-KLICKA E., KONCZ C., FERNIE A.R., SIEDLECKI J.A., SARNOWSKI T.J.
Construction of innovative platform based on *Arabidopsis*, human cell lines, mice and chemoinformatics modelling for identification of drugs targeting metabolome-related human diseases.

2nd Congress BIO: Expanding Beyond the Limits, Wrocław, Poland, 13-16 September 2016

Acta Biochimica Polonica 2016 63(supplement 2) P7.1

4060/A

KUBALA S., SARNOWSKA E., KONCZ C., SARNOWSKI T.J.

Identification of functional interdependence between SWI/SNF dependent chromatin remodeling and pre-mRNA splicing in *Arabidopsis*.

2nd Congress BIO: Expanding Beyond the Limits, Wrocław, Poland, 13-16 September 2016

Acta Biochimica Polonica 2016 63(supplement 2) P7.9

4061/A

GROMADKA R., CIEŚLA J. M., SZCZEGIELNIAK J., MUSZYŃSKA G., POLKOWSKA-KOWALCZYK L.

Calcium-dependent protein kinase family members in potato (*Solanum tuberosum*).

2nd Congress BIO: Expanding Beyond the Limits, Wrocław, Poland, 13-16 September 2016

Acta Biochimica Polonica 2016 63(supplement 2) P7.14

4062/A

PERZANOWSKA A., FATALSKA A., KISTOWSKI M., DOMAŃSKI D., DADLEZ M.
MRM analysis of peptide panels for search of cancer-related cytokeratinrelated biomarkers in body fluids.

2nd Congress BIO: Expanding Beyond the Limits, Wrocław, Poland, 13-16 September 2016

Acta Biochimica Polonica 2016 63(supplement 2) L8.5

4063/A

POTOCKI L., ADAMCZYK J., DEREKOWSKA A., SKONECZNY M., SKONECZNA A., NATKAŃSKA U., KWIATKOWSKA A., RAWSKA E., KUNA E., PANEK A., LEWIŃSKA A., WNUK M.

The loss of stress response genes results in redox disequilibrium and susceptibility to DNA damage in biotechnologically relevant brewing yeasts.

2nd Congress BIO: Expanding Beyond the Limits, Wrocław, Poland, 13-16 September 2016

Acta Biochimica Polonica 2016 63(supplement 2) P9.14

4064/A

BARTOSZ P., ZUGAJ D., MIELECKI D., SARNOWSKI T.J., GRZESIUK E.

A. thaliana ALKBH6 dioxygenase may play an important role in ABA mediated stress response.

2nd Congress BIO: Expanding Beyond the Limits, Wrocław, Poland, 13-16 September 2016

Acta Biochimica Polonica 2016 63(supplement 2) P9.21

4065/A

SZCZĘŚNY P.

Synonymous mutations in the light of translational regulation.

2nd Congress BIO: Expanding Beyond the Limits, Wrocław, Poland, 13-16 September 2016

Acta Biochimica Polonica 2016 63(supplement 2) L11.1

4066/A

DADLEZ M.

MS in structural studies of difficult protein targets.

2nd Congress BIO: Expanding Beyond the Limits, Wrocław, Poland, 13-16 September 2016

Acta Biochimica Polonica 2016 63(supplement 2) L13.7

4067/A

DETMAN A., PIOTROWSKI J., CHOJNACKA A., BŁASZCZYK M., KĄŻMIERCZAK W., PIEŁA P., SIKORA A.

Two-stage anaerobic digestion of molasses: II. A tool for the production of gaseous biofuels.

2nd Congress BIO: Expanding Beyond the Limits, Wrocław, Poland, 13-16 September 2016

Acta Biochimica Polonica 2016 63(supplement 2) P15.6

4068/A

DZIEMBOWSKI A.

Human exoribonucleases in health and disease.

2nd Congress BIO: Expanding Beyond the Limits, Wrocław, Poland, 13-16 September 2016

Acta Biochimica Polonica 2016 63(supplement 2) L16.1

4069/A

HETMAŃCZYK K., IWANICKA-NOWICKA R., FOGTMAN A., KOBLOWSKA M., FILOCAMO M., LUALDI S., WŁODARSKI P., PŁOSKI R., ŁUGOWSKA A.

Transcriptome analysis of NiemannPick type C fibroblasts: preliminary results of a pilot study.

2nd Congress BIO: Expanding Beyond the Limits, Wrocław, Poland, 13-16 September 2016

Acta Biochimica Polonica 2016 63(supplement 2) P16.3

4070/A

MAKAŁA E., TUROWSKI T., TOLLERVEY D., BOGUTA M.

tRNA transcription: novel layers of regulation.

2nd Congress BIO: Expanding Beyond the Limits, Wrocław, Poland, 13-16 September 2016

Acta Biochimica Polonica 2016 63(supplement 2) L17.1

4071/A

BOCHTLER M.

DNA methylation and hydroxymethylation.

2nd Congress BIO: Expanding Beyond the Limits, Wrocław, Poland, 13-16 September 2016

Acta Biochimica Polonica 2016 63(supplement 2) L17.7

4072/A

PERŁA-KAJAN J., RUSEK M., MALINOWSKA A., SITKIEWICZ E., UTYRO O., JAKUBOWSKI H.
N-homocysteinylation impairs collagen cross-linking in cystathionine β -synthase deficient mice:
a novel mechanism of connective tissue abnormalities.

2nd Congress BIO: Expanding Beyond the Limits, Wrocław, Poland, 13-16 September 2016

Acta Biochimica Polonica 2016 63(supplement 2) P21.15

4073/A

JUCHIMIUK M., JANIK A., NIEWIADOMSKA M., PERLIŃSKA-LENART U., PIŁSYK S.,
KRUSZEWSKA J.S., PALAMARCZYK G.

Genetic alterations of the glycosylation pathway leading to diminished infectivity of '*Candida albicans*'.

2nd Congress BIO: Expanding Beyond the Limits, Wrocław, Poland, 13-16 September 2016

Acta Biochimica Polonica 2016 63(supplement 2) L22.2

4074/A

KOZAK M., TAUBE M., PIETRALIK Z., GIELNIK M., LUDWICZAK J., SZYMAŃSKA A.,
ZHUKOV I.

BioSAXS – a tool for structural studies of complex or disordered biomacromolecules.

2nd Congress BIO: Expanding Beyond the Limits, Wrocław, Poland, 13-16 September 2016

Acta Biochimica Polonica 2016 63(supplement 2) L13.6

4075/A

GAWARECKA K., SIWIŃSKA J., JÓŹWIAK A., MYRCHA M., IHNATOWICZ A.,
ŚWIEŻEWSKA E.

Arabidopsis thaliana and lipids - a tale on polyisoprenopids.

FEBS Advanced Course: Lipid-Protein Interactions and Organelle Function, Island of Spetses, Greece,
1-8 September 2016

Program & Abstract Book Poster Session A p.31

4076/A

LIPKO A., ROHMER M., KANIA M., DANIKIEWICZ W., ŚWIEŻEWSKA E.

Together they can do so much: cross-talk between the MVA and MEP pathways in plant
polyisoprenoid biosynthesis.

FEBS Advanced Course: Lipid-Protein Interactions and Organelle Function, Island of Spetses, Greece,
1-8 September 2016

Program & Abstract Book Poster Session A p.43

4077/A

SUROWIECKI P., MANKO K., ŚWIEŻEWSKA E., SURMACZ L.

LEW is a potential regulator of *Arabidopsis* CPTs in polyisoprenoid biosynthesis.

FEBS Advanced Course: Lipid-Protein Interactions and Organelle Function, Island of Spetses, Greece,
1-8 September 2016

Program & Abstract Book Poster Session B p.57

4078/A

BUCZKOWSKA A., LINK-LENCZOWSKI P., BOROWSKI Ł.S., FOGTMAN A., KOBLOWSKA M.,
LEFEBER D.J., DZIEMBOWSKI A., ŚWIEŻEWSKA E.

Dolichol - a marker of aging. A cellular model to follow perturbations in Dol metabolism.

10th European Congress of Biogerontology and 6th Biogerontological Meeting at the Nencki Institute:
The Future of Ageing, Warsaw, Poland, 23-24 September 2016

Book of Abstracts P31

4079/A

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

Phenotype microarrays as a high-throughput technique in functional analysis of plasmidic genes from *Lactococcus lactis* IL594.

International Conference on Plasmid Biology, Cambridge, England, 18-23 September 2016

Abstracts Poster 1.24 p.102

4080/A

BUSZEWICZ D., ARCHACKI R., PALUSIŃSKI A., KOTLIŃSKI M., FOGTMAN A., IWANICKA-NOWICKA R., SOSNOWSKA K., KUCIŃSKI J., PUPEL P., OLĘDZKI J., DADLEZ M., MISICKA A., JERZMANOWSKI A., KOBLOWSKA M. K.

HD2C histone deacetylase and a SWI/SNF complex are both involved in mediating the heat stress response in *Arabidopsis*.

V Polski Kongres Genetyki, Łódź, 19-22 września 2016

Program i Materiały Kongresowe p.131

4081/A

RUTOWICZ K., 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.

Chromatin and plant adaptation to stress.

V Polski Kongres Genetyki, Łódź, 19-22 września 2016

Program i Materiały Kongresowe p.44

4082/A

ARCHACKI R., BUSZEWICZ D., WILCZYŃSKI B., YATUSEVICH R., JACEK P., LIRSKI M., BIECEK P., IWANICKA-NOWICKA R., ŚWIEŻEWSKI S., KOBLOWSKA M., JERZMANOWSKI A.

Genome-wide analyses of *Arabidopsis* chromatin remodeler BRM reveal its function in transcription regulation and plant growth control.

V Polski Kongres Genetyki, Łódź, 19-22 września 2016

Program i Materiały Kongresowe p.131

4083/A

KRZYMOWSKA M., HOSER R., DANILECKA A., RYMASZEWSKI W., PIECHOCKI M., KAŁUŻNA M., SOBICZEWSKI P., HENNIG J.

Secret(ed) life of type three effectors-agents, double agents and re-doubled agents.

V Polski Kongres Genetyki, Łódź, 19-22 września 2016

Program i Materiały Kongresowe p.139

4084/A

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

Functional small RNA molecule identified in *Escherichia coli* after induction of Shiga-toxin-converting bacteriophage Φ24B.

V Polski Kongres Genetyki, Łódź, 19-22 września 2016

Program i Materiały Kongresowe p.146

4085/A

LICZNEKSKA K., DYDECKA A., NEJMAN-FALEŃCZYK B., BLOCH S., TOPKA G., NECEL A., GAŚSIOR T., WĘGRZYN G., WĘGRZYN A.

The exo-xis region — important part of genome of Shiga toxin-converting phages in oxidative stress-mediated induction.

V Polski Kongres Genetyki, Łódź, 19-22 września 2016

Program i Materiały Kongresowe p.147

4086/A

DYDECKA A., TOPKA G., BLOCH S., NECEL A., LICZNERSKA K., GAŚSIOR T. NEJMAN-FALEŃCZYK B., WĘGRZYN G., WĘGRZYN A.

The role of genes and open reading frames from the exo-xis region of lambdoid phages in the development of these phages.

V Polski Kongres Genetyki, Łódź, 19-22 września 2016

Program i Materiały Kongresowe p.148

4087/A

KARCZEWSKA-GOLEC J., MARKERT S., BERNHARDT J., STRAPAGIEL D., SCHWEDER T., GOLEC P., SZALEWSKA-PAŁASZ A.

Genomics and proteomics reveal bacterial stress responses in the sea of gradients – the Baltic Sea.

V Polski Kongres Genetyki, Łódź, 19-22 września 2016

Program i Materiały Kongresowe p.152

4088/A

FIJAŁKOWSKA I.J.

Mechanisms controlling fidelity of DNA replication in *Escherichia coli* cells.

V Polski Kongres Genetyki, Łódź, 19-22 września 2016

Program i Materiały Kongresowe p.153

4089/A

MAKIEŁA-DZBEŃSKA K., ŁAZOWSKI K., WOODGATE R., FIJAŁKOWSKA I.J.

Mechanisms of ribonucleotides incorporation and repair in *E. coli* cells.

V Polski Kongres Genetyki, Łódź, 19-22 września 2016

Program i Materiały Kongresowe p.154

4090/A

BRZOSTEK A., PŁOCIŃSKI P., PAWEŁCZYK J., DZIADEK J.

RecA-independent DNA repair in mitomycin C induced *M. tuberculosis*.

V Polski Kongres Genetyki, Łódź, 19-22 września 2016

Program i Materiały Kongresowe p.155

4091/A

BĘBENEK A.

Bacteriophage polymerase as a tool for replication fidelity studies.

V Polski Kongres Genetyki, Łódź, 19-22 września 2016

Program i Materiały Kongresowe p.155

4092/A

SZWAJCZAK E., FIJAŁKOWSKA I.J., SUSKI C.

The 4-subunit Polymerase zeta participates in the DNA replication.

V Polski Kongres Genetyki, Łódź, 19-22 września 2016

Program i Materiały Kongresowe p.156

4093/A

PŁOCIŃSKI P.

DNA repair systems of tubercle bacilli – new perspective.

V Polski Kongres Genetyki, Łódź, 19-22 września 2016

Program i Materiały Kongresowe p.157

4094/A

PIWOWARSKI J., PILŻYS T., MIELECKI D., MARCINKOWSKI M., GRZESIUK E.

AlkB dioxygenases and their new functions.

V Polski Kongres Genetyki, Łódź, 19-22 września 2016

Program i Materiały Kongresowe p.157

4095/A

KAMIL K., JENDRYSEK J., DĘBSKI J., SKONECZNY M., KURLANDZKA A., KAMIŃSKA J., SUSKI C., DADLEZ M., SKONECZNA A.

rDNA status inferred from DNA cloud assays and mass spectrometry identification of agarose squeezed DNA-bound proteins.

V Polski Kongres Genetyki, Łódź, 19-22 września 2016

Program i Materiały Kongresowe p.159

4096/A

JURCZAK-KUREK A., GAŚSIOR T., NEJMAN-FALEŃCZYK B., JAKUBOWSKA-DEREDAS M., NARAJCZYK M., RICHTER M. M., MIESZKOWSKA A., WRÓBEL B., WĘGRZYN G., WĘGRZYN A.

Morphological and biological diversity of a large group of bacteriophages isolated from urban sewage.

V Polski Kongres Genetyki, Łódź, 19-22 września 2016

Program i Materiały Kongresowe p.161

4097/A

RZEPNIKOWSKA W., FLIS K., KAMIŃSKA J., GRYNBERG M., URBANEK A., AYSCOUGH K., ŻOŁĄDEK T.

Using yeast model to study the pathogenesis of chorea-acanthocytosis, the rare human neurodegenerative genetic disorder.

V Polski Kongres Genetyki, Łódź, 19-22 września 2016

Program i Materiały Kongresowe p.169

4098/A

RZONCA S.O., GOS M., LANDOWSKA A., CHARZEWSKA A., KUTKOWSKA A., CASTAÑEDA J., JANECHKO M., POSMYK R., WIERZBA J., STAWŃSKI P., RYDZANICZ M., KOSIŃSKA J., POZNAŃSKI J., DAWIDZIUŁ M., ANTONIUK J., OBERSZTYN E., PŁOSKI R., BAL J.

Novel and known X chromosome variants responsible for intellectual disability – analysis of a cohort of polish families with XLID.

V Polski Kongres Genetyki, Łódź, 19-22 września 2016

Program i Materiały Kongresowe p.197

4099/A

WĘSIERSKA M., KŁOSKA A., GABIG-CIMIŃSKA M., JAKÓBKIEWICZ-BANECKA J., MALINOWSKA M.

Isobolographic analysis for *in vitro* combinations of genistein, kaempferol and biochanin A as therapeutic agents for mucopolysaccharidosis.

V Polski Kongres Genetyki, Łódź, 19-22 września 2016

Program i Materiały Kongresowe p. 202

4100/A

HETMAŃCZYK K., IWANICKA-NOWICKA R., FOGTMAN A., KOBLOWSKA M., FILOCAMO M., LUALDI S., ŻYŻYŃSKA-GRANICA B., WŁODARSKI P., PŁOSKI R., ŁUGOWSKA A.,

Gene expression profiling of Niemann-Pick type C fibroblasts: preliminary results of a pilot study.

V Polski Kongres Genetyki, Łódź, 19-22 września 2016

Program i Materiały Kongresowe p. 202

4101/A

PIOTROWSKA A., KOSIOR-JARECKA E., ŻARNOWSKI T., KIERDASZUK B., SOBCZYK-KOPCIOŁ A., KOSTERA-PRUSZCZYK A., KAMIŃSKA A., PŁOSKI R., BARTNIK E., TOŃSKA K.

Next generation sequencing for the analysis of mtDNA variation.

V Polski Kongres Genetyki, Łódź, 19-22 września 2016

Program i Materiały Kongresowe p. 203

4102/A

KUCHARCZYK R., KABALA A., NIEDŹWIECKA K., DAUTANT A., RAGO DI J.P.

Yeast as a system for modeling mitochondrial ATP synthase based diseases-mechanism and therapies.

V Polski Kongres Genetyki, Łódź, 19-22 września 2016

Program i Materiały Kongresowe p. 203

4103/A

KALISZEWSKA M., KIERDASZUK B. PIOTROWSKA A., RUSECKA J., DROZD M.,
PAULOUSKAYA V., PIEKUTOWSKA-ABRAMCZUK D., PRONICKA E., KAMIŃSKA A.,
BARTNIK E., TOŃSKA K.

Mitochondrial diseases caused by mitochondrial genome instability.

V Polski Kongres Genetyki, Łódź, 19-22 września 2016

Program i Materiały Kongresowe p. 204

4104/A

PIOTROWSKA A., SOBCZYK-KOPCIOŁ A., KURKIEREWICZ B., SCHAB A., DRYGAS W.,
PŁOSKI R., BARTNIK E., TOŃSKA K.

Mitochondrial DNA in common diseases associated with lifestyle: diabetes, obesity and
atherosclerosis.

V Polski Kongres Genetyki, Łódź, 19-22 września 2016

Program i Materiały Kongresowe p. 206

4105/A

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

The role of the exo-xis region in the development of Shiga toxin-converting bacteriophage Φ24B.

V Polski Kongres Genetyki, Łódź, 19-22 września 2016

Program i Materiały Kongresowe p. 314

4106/A

DMOWSKI M., JONCZYK P., FIJAŁKOWSKA I.J.

Mutations in the Dpb2 subunit of DNA polymerase epsilon affect the Nrm1 branch of the DNA
replication checkpoint.

V Polski Kongres Genetyki, Łódź, 19-22 września 2016

Program i Materiały Kongresowe p. 316

4107/A

TOPKA G., NEJMAN-FALEŃCZYK B., JURCZAK-KUREK A., DYDECKA A., NECEL A.,
LICZNERSKA K., GAŚSIOR T. WĘGRZYN G., WĘGRZYN A.

Biodiversity among bacteriophages isolated from a single environmental source.

V Polski Kongres Genetyki, Łódź, 19-22 września 2016

Program i Materiały Kongresowe p. 319

4108/A

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

Changes in the level of expression of the *Borrelia burgdorferi* plasmid-derived genes under stress
conditions.

V Polski Kongres Genetyki, Łódź, 19-22 września 2016

Program i Materiały Kongresowe p. 324

4109/A

SARNOWSKA E., ĆWIEK P., ROLICKA A.T., BUCIOR E., ARAÚJO W.L., TOHGE T., KLEPACZ A., BALCERAK A., MACECH-KLICKA E., SACHAROWSKI S.P., GRATKOWSKA D.M., KONDRAK P., LESZCZYŃSKI M., SZYMAŃSKI M., MAASSEN A., JANCEWICZ I., GOS A., MYŚLEWICZ J., FERNIE A.R., KONCZ C., SIEDLECKI J.A., SARNOWSKI T.J.

The role of ATP-dependent chromatin remodeling complexes in control of metabolic processes.

2nd Congress BIO: Expanding Beyond the Limits, Wrocław, Poland, 13-16 September 2016

Acta Biochimica Polonica 2016 63(supplement 2) P6.4

4110/A

CZERWIŃSKA J., NOWAK M., KOSICKI K., WOJTCZAK P., CIEŚLA J. M., NIEDERNHOFER L., SPEINA E., TUDEK B.

Lipid peroxidation contributes to the premature aging phenotype of ERCC1-deficient mice.

10th European Congress of Biogerontology and 6th Biogerontological Meeting at the Nencki Institute: The Future of Ageing, Warsaw, Poland, 23-24 September 2016

Book of Abstracts P42

4111/A

BORSUK E., M., WILIŃSKA A., TUDEK B., SPEINA E.

Lipid peroxidation products affect cells of Fanconi anemia patients.

10th European Congress of Biogerontology and 6th Biogerontological Meeting at the Nencki Institute: The Future of Ageing, Warsaw, Poland, 23-24 September 2016

Book of Abstracts P43

4112/A

AUGUSTYNIAK J., ZYCHOWICZ M., LENART J., STĘPIEŃ P.P., BUŻAŃSKA L.

Human iPSC-derived neural progenitor fate control by Pyrroloquinone quinone (PQQ) treatment.

10th European Congress of Biogerontology and 6th Biogerontological Meeting at the Nencki Institute: The Future of Ageing, Warsaw, Poland, 23-24 September 2016

Book of Abstracts P36

4113/A

KAMIŃSKA J., RZEPNIKOWSKA W., POLAK A., FLIS K., BAŁA K., SIENKO M., GRYNBERG M., KALISZEWSKI P., URBANEK A., AYSCOUGH K., ŻOŁĄDEK T.

Phosphatidylinositol-3-phosphate regulates response of cells to proteotoxic stress.

14th International Congress on Yeasts, Awaji Yumebutai, Japan, 11-15 September 2016

Program & Abstracts p.170

4114/A

SIRKO A., COLLADOS-RODRIGUEZ M., TARNOWSKI L.J., NIEMIRO A., ZIENTARA-RYTTER K., WAWRZYŃSKA A.

The selective autophagy receptor, AtNBR1 and its involvement in plant response to sulfur deficit.

5th Sulphyton Workshop: Sulfur Nutrition and Metabolism in Plants, Taipei, Taiwan, 14-17 September 2016

Programme and Abstracts p.23

4115/A

TARNOWSKI L.J., COLLADOS-RODRIGUEZ M., SIRKO A.

Novel relations between AtNBR1 and TOR kinase in sulfur starvation.

The First Joint WGs Meeting of TRANSAUTOPHAGY, Warsaw, 6-7 October 2016

Abstracts P-25

4116/A

WAWRZYŃSKA A., SIRKO A.

Sulfur metabolism in *Arabidopsis thaliana* is regulated by proteasomal degradation of SLIM1 transcription factor.

The First Joint WGs Meeting of TRANSAUTOPHAGY, Warsaw, 6-7 October 2016

Abstracts P-23

4117/A

WAWRZYŃSKA A., COLLADOS-RODRIGUEZ M., TARNOWSKI L.J., NIEMIRO A.,
ZIENTARA-RYTTER K., SIRKO A.

Selective protein degradation in response to nutrient stress in plants.

The First Joint WGs Meeting of TRANSAUTOPHAGY, Warsaw, 6-7 October 2016

Abstracts O-24

4118/A

KOSTRZEWA J., MAZZOCCO G., GRYNBERG M., TATJEWSKI M., PLEWCZYŃSKI D.

Methodology for pairwise comparison of low-complexity regions in sequence and structure databases.

2nd NGP-NET Symposium: Non-Globular Proteins in Molecular Physiopathology, Belgrade, Serbia,
15-17 September 2016

Abstract Book P01

4119/A

ZIĘCINA M., KOSMALA D., KUJAWA M., KRASZEWSKA E.

Pseudomonas aeruginosa nudix protein PA5176 is linked to bacterial pathogenicity.

7th EMBO Meeting: Advancing the Life Sciences, Mannheim, Germany, 10-13 September 2016

Abstracts BS

4120/A

SZYMAŃSKA K., POLKOWSKA-KOWALCZYK L., DOBROWOLSKA G.

ABA-independent SnRK2 protein kinases are involved in regulation of reactive oxygen species
accumulation in plant response to salt stress.

Gordon Research Conference: Salt & Water Stress in Plants: Moving from Mechanism to Crop Yield
Stability, Les Diablerets, Switzerland, 29 May – 3 June 2016

Abstracts BS

4121/A

BARDOWSKI J.K., TYMOSZEWSKA A., CHMIELEWSKA-JEZNACH M., IZDEBSKA K.,
ŻYLIŃSKA J., RÓZGA A., SAŁAŃSKI P., BORECZEK J., RADZIWIŁŁ-BIEŃKOWSKA J.M.,
KORYSZEWSKA-BAGIŃSKA A., SZATRAJ K., ALEKSANDRZAK-PIEKARCZYK T.,
SZCZEPANKOWSKA A.K., GÓRECKI R.K., KOWALCZYK M.

Bakterie w mleczarstwie – przyjaciele czy wrogowie?

Zarządzanie Bezpieczeństwem i Jakością Żywności - 8, Zakopane, 9-11 październik 2016

Materiały konferencyjne str. 61-67

4122/A

KAMIŃSKA J., RZEPNIKOWSKA W., POLAK A., FLIS K., SOCZEWKA P., BAŁA K., SIENKO M.,
GRYNBERG M., KALISZEWSKI P., URBANEK A., AYSCOUGH K., ŻOŁĄDEK T.

Phosphatidylinositol-3-phosphate regulates response of cells to proteotoxic stress.

3rd Proteostasis Action Meeting: Proteostasis and its Biological Implications, Lisbon, Portugal,
2-5 November 2016

Abstracts p.94

4123/A

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

Adenovirus dodecahedron use as drug and antigen nanoplatfrom for cancer therapy.

4th International Conference on Nanotechnology in Medicine, Warsaw, Poland, 7-9 November 2016

Abstracts Book p.85-86

4124/A

FIJAŁKOWSKA I.J., MASŁOWSKA K., SCHAAPER R.M., MAKIEŁA-DZBEŃSKA K.
Differential DNA replication fidelity for leading and lagging strands and the critical role of DNA polymerase dissociability.

10th International 3R Symposium: Replication, Recombination and Repair, Matsue, Japan,
13-17 November 2016

Poster 19 p.129

4125/A

DMOWSKI M., JONCZYK P., FIJAŁKOWSKA I.J.

Mutations in the Dpb2 subunit of DNA polymerase epsilon affect the Nrm1 branch of the DNA replication checkpoint.

10th International 3R Symposium: Replication, Recombination and Repair, Matsue, Japan,
13-17 November 2016

Poster 18 p.127

4126/A

NIEWIADOMSKA M., JANIK A., PERLIŃSKA-LENART U., PIŁSYK S., PALAMARCZYK G.,
KRUSZEWSKA J.S.

The role of Alg13 *N*-acetylgluco- saminyl transferase in *Candida albicans* pathogenicity.

2nd Congress BIO: Expanding Beyond the Limits, Wrocław, Poland, 13-16 September 2016

Acta Biochimica Polonica 2016 63(supplement 2) P22.13

4127/A

POZNAŃSKI J.

¹⁵N relaxation – a tool to study internal protein dynamics.

Symposium Instytutu Fizyki Doświadczalnej Uniwersytetu Warszawskiego, Warszawa, 28 Listopad 2016

Abstracts BS

4128/A

KAMIŃSKA J., RZEPNIKOWSKA W., POLAK A., FLIS K., BAŁA K., SIENKO M., GRYNBERG M.,
KALISZEWSKI P., URBANEK A., AYSCOUGH K., ŻOŁĄDEK T.

Phosphatidylinositol-3-phosphate regulates response of cells to proteotoxic stress.

The First Joint WGs Meeting of TRANSAUTOPHAGY, Warsaw, 6-7 October 2016

Abstracts P-10

4129/A

KAMIŃSKA J., BAŁA K., KUCHARCZYK R., ŻOŁĄDEK T.

Rsp5 ubiquitin ligase and Sla1 an actin cytoskeleton protein are required for efficient transport via Cvt pathway in yeast.

The First Joint WGs Meeting of TRANSAUTOPHAGY, Warsaw, 6-7 October 2016

Abstracts P-11

4130/A

KEMPIŃSKI B., CHEŁSTOWSKA A., POZNAŃSKI J., ERDMANN R., SKONECZNY M.

Saccharomyces cerevisiae AOx amino acid residues involved in interaction with PTS3 recognition domain of dual-function Pex5p import receptor.

Peroxisystem: Understanding Peroxisomes as a Complete Biological System, Rehovot, Israel,
22-25 February 2016

Abstract Book p.50

4131/A

RYMER Ł., KEMPIŃSKI B., CHEŁSTOWSKA A., SKONECZNY M.

The PTS1 import signal of *Saccharomyces cerevisiae* Fox2p and Cta1p proteins is not absolutely required for their import into the peroxisomal matrix.

5th Open European Peroxisome Meeting: Peroxisomes in Health and Disease, Vienna, Austria,
14-16 September 2016

Abstract Book p.110

4132/A

KEMPIŃSKI B., CHEŁSTOWSKA A., POZNAŃSKI J., ERDMANN R., SKONECZNY M.
PTS3 import signal, targeting *Saccharomyces cerevisiae* AOx into peroxisomal matrix, is not linear.
5th Open European Peroxisome Meeting: Peroxisomes in Health and Disease, Vienna, Austria,
14-16 September 2016

Abstract Book p.109

4133/A

LEWICKA E., SZARLAK J., DOŁOWY P., LITWIN E., LUDWICZAK M., JAGURA-BURDZY G.
Expression of the stability module of the broad-host-range conjugative RA3 plasmid of the IncU
incompatibility group.

International Conference on Plasmid Biology, Cambridge, England, 18-23 September 2016

Abstracts p.111

4134/A

BARTNIK E.

Are our genes responsible for aging?

10th International Congress of Societas Humboldtiana Polonorum, Łódź, Poland, 30 June – 2 July 2016

Abstracts p.11

4135/A

GISKA F., ESCHEN-LIPPOLD L., PIECHOCKI M., KAŁUŻNA M., SOBICZEWSKI P., LEE J.,
HENNIG J., KRZYMOWSKA M.

Analysis of evolutionary adaptation of HopQ1 effector from *Pseudomonas syringae* to given plant host
species.

3rd Annual Conference of the COST Action Sustain (FA1208), Baynuls, France, 17-19 February 2016

Program & Abstract Book P23

4136/A

KWIATKOWSKI JAKUB GISKA F., PIECHOCKI M., HOSER R., HENNIG J., KRZYMOWSKA M.

Elucidation of mechanisms underlying virulence function of *Pseudomonas syringae* HopQ1 effector in
plant cells.

3rd Annual Conference of the COST Action Sustain (FA1208), Baynuls, France, 17-19 February 2016

Program & Abstract Book P26

4137/A

SARNOWSKA E., ĆWIEK P., LESZCZYŃSKI M., RUSETSKA N., GOS A., SZYMAŃSKI M.,
LIGAJ M., CHRZAN A., GRATKOWSKA D.M., ROLICKA A.T., BALCERAK A., JANCEWICZ I.,
MACECH-KLICKA E., ARAÚJO W.L., TOHGE T., SACHAROWSKI S.P., KUBALA S.,
HUETTEL B., MAASSEN A., MYŚLEWICZ J., FERNIE A.R., KONCZ C., SIEDLECKI J.A.,
SARNOWSKI T.J.

The role of SWI/SNF ATP-dependent chromatin remodeling complexes in the control of metabolic
processes.

Cell Symposia: Hallmarks of Cancer, Ghent, Belgium, 11-13 December 2016

Abstracts BS

4138/A

ĆWIEK P., SARNOWSKA E., SIEDLECKI P., ARAÚJO W.L., TOHGE T., BALCERAK A.,
MACECH-KLICKA E., KONCZ C., FERNIE A.R., SIEDLECKI J.A., SARNOWSKI T.J.

Construction of innovative platform based on Arabidopsis, human cell lines, mice and
chemoinformatics modelling for identification of drugs targeting metabolome-related human diseases.

Progress in Molecular Oncology at the Maria Skłodowska-Curie Memorial Cancer Center – Institute
of Oncology and MD Anderson Cancer Center – Looking to the Future, Warsaw, 5 April 2016

Abstracts BS

4139/A

KUBALA S., SARNOWSKA E., KONCZ C., SARNOWSKI T.J.

Identification of functional interdependence between SWI/SNF dependent chromatin remodeling and pre-mRNA splicing in *Arabidopsis*.

10th International Congress of Societas Humboldtiana Polonorum, Łódź, Poland, 30 June – 2 July 2016

Abstracts P.55

4140/A

GRATKOWSKA D.M., SACHAROWSKI S.P., SARNOWSKA E., ROLICKA A.T., COUPLAND G., KONCZ C., SARNOWSKI T.J.

Arabidopsis SWI/SNF chromatin remodeling complexes play a crucial role in cold response.

10th International Congress of Societas Humboldtiana Polonorum, Łódź, Poland, 30 June – 2 July 2016

Abstracts p.56

4141/A

SZATRAJ K., BARDOWSKI J.K., ALEKSANDRZAK-PIEKARCZYK T.

The hypothetical YugA protein is involved in the positive regulation of galactose and maltose assimilation in *L. lactis* IL1403.

17th European Congress on Biotechnology, Kraków, Poland, 3-6 July 2016

New Biotechnology (2016) 33 supplement P37-8

4142/A

SZCZEPANKOWSKA A.K., SZATRAJ K., SAŁAŃSKI P., RÓZGA A., GÓRECKI R.K., CHMIELEWSKA-JEZNACH M., PUZIO W., BARDOWSKI J.K.

Construction of mucosal vaccine against avian H5N1 virus in *Lactococcus lactis* and its immunological effect on animal model.

17th European Congress on Biotechnology, Kraków, Poland, 3-6 July 2016

New Biotechnology (2016) 33 supplement P32-11

4143/A

MAKAŁA E., RUDZIŃSKA I., BOGUTA M.

Global analysis of transcriptionally engaged yeast Pol III reveals unequal distribution of polymerase on transcription units and extended tRNA transcripts.

7th Proteasomes & Autophagy Workshop, Clermont-Ferrand, France, 6-8 April 2016

Abstracts BS

4144/A

MAKAŁA E., TUROWSKI T., TOLLERVEY D., BOGUTA M.

tRNA transcription: novel layers of regulation.

EMBO Conference on Gene Transcription in Yeast, San Feliu de Guixols, Spain, 11-16 June 2016

Abstracts BS

4145/A

MAKAŁA E., TUROWSKI T., TOLLERVEY D., BOGUTA M.

Global analysis of transcriptionally engaged yeast Pol III reveals unequal distribution of polymerase on transcription units and extended tRNA transcripts.

International Conference on Transcription by RNA Polymerases I, III, IV and V, Ann Arbor, USA, 24-27 June 2016

Abstracts BS

4146/A

TUROWSKI T., MAKAŁA E., DELAN-FORINO C., SAYOU C., BOGUTA M., TOLLERVEY D.

Global analysis of transcriptionally engaged yeast Pol III reveals frequent 3'-extended transcripts.

RNA Meeting, Kyoto, Japan, 28 June – 2 July 2016

Abstracts BS

4147/A

KUBERSKA R., KANIAK A., DZIERZBICKI P., ŚLEDZIEWSKA-GÓJSKA E.

Oxidative stress-mediated intramitochondrial translocation of Nuc1.

17th International Conference on Oxidative Stress Reduction, Redox Homeostasis & Antioxidants, Paris, France, 13-15 June 2016

Abstracts BS

4148/A

BARTOSZ P., ZUGAJ D., MIELECKI D., SARNOWSKI T.J., GRZESIUK E.

A. thaliana ALKBH6 dioxygenase may play an important role in ABA mediated stress response.

V Międzyuczelniane Sympozjum Biotechnologiczne Symbioza, Warszawa, 22-24 kwietnia 2016

Abstracts BS

4149/A

SARNOWSKA E., LESZCZYŃSKI M., RUSETSKA N., JANCEWICZ I., SZYMAŃSKI M., GOS A.,

CHYZAN A., LIGAJ M., DEMKOW T., SIEDLECKI J.A., SARNOWSKI T.J.

Loss of SWI/SNF core subunits correlates with metabolic switch in clear cell renal cellular carcinoma (ccRCC).

4 Kongres Onkologii Polskiej, Łódź, 12-15 października 2016

Nowotwory. Journal of Oncology (2016) 66 (supplement 2): 63

4150/A

McINTYRE J., McLENIGAN M.P., ŚLEDZIEWSKA-GÓJSKA E., WOODGATE R.

p300 acetyltransferase affects the fate of human DNA polymerase ϵ .

DNA Polymerases Meeting, Biarritz, France, 4-8 October 2016

Abstracts BS

4151/A

JANKAUSKAITE E., KODROŃ A., BARTNIK E.

Effects of sex hormones on apoptosis in cells with mutations responsible for Leber's hereditary optic neuropathy.

Joint Conference: The 13th International Symposium: Molecular Basis of Pathology and Therapy in Neurological Disorders and 4th International Conference: Stem Cells: Therapeutic Outlook for Central Nervous System Disorders, Warsaw, Poland, 17-18 November 2016

Folia Neuropathologica (2016) 54(3): 333

4152/A

KODROŃ A., WOJCIECHOWSKA K., DYMKOWSKA D., ZABŁOCKI K., TOŃSKA K.,

BARTNIK E.

Study of respiratory function in cybrid cells harbouring Leber's hereditary optic neuropathy mutations.

Joint Conference: The 13th International Symposium: Molecular Basis of Pathology and Therapy in Neurological Disorders and 4th International Conference: Stem Cells: Therapeutic Outlook for Central Nervous System Disorders, Warsaw, Poland, 17-18 November 2016

Folia Neuropathologica (2016) 54(3): 337

4153/A

JANKAUSKAITE E., KODROŃ A., BARTNIK E.

Gender differences in cell death in cells harboring Leber's hereditary optic neuropathy mutations.

Polish-French Scientific Conference: Alzheimer's Disease and Neurodegenerative Disorders: what Challenges for Tomorrow? Warsaw, 4 November 2016

Folia Neuropathologica (2016) 54(4): 435

4154/A

BISCARINI F., BORTOLOTTI C., KOŹMIŃSKI P., NIEDZIAŁEK D., RESCHIGLIAN P., RODA B., STEFANIAK F., WIECZOREK G., ZATTONI A.

Dissociation of amyloid aggregates with photo-switchable molecular levers.

Polish-French Scientific Conference: Alzheimer's Disease and Neurodegenerative Disorders: what Challenges for Tomorrow? Warsaw, 4 November 2016

Folia Neuropathologica (2016) 54(3): 436

4155/A

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

UV light affects regulation of yeast polymerase eta in cell cycle.

DNA Polymerases Meeting: From Molecular Function to Human Diseases, Biarritz, France, 4-8 October 2016

Abstracts BS

4156/A

MAJEWSKA M., ALABRUDZIŃSKA M., JONCZYK P., FIJAŁKOWSKA I.J.

Proper functioning of the GINS complex is crucial for the stability of repetitive sequences in *Saccharomyces cerevisiae*.

DNA Polymerases Meeting: From Molecular Function to Human Diseases, Biarritz, France, 4-8 October 2016

Abstracts BS

4157/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.

Plasmid Biology Conference, Cambridge, England, 18-23 September 2016

Abstracts BS

4158/A

NATKAŃSKA U., SKONECZNA A., SIENKO M., SKONECZNY M.

Studies on budding yeast Hsp31p protein orthologous to Parkinson's disease-associated DJ-1 and to *Candida albicans* Glx3.

V Polski Kongres Genetyki, Łódź, 19-22 września 2016

Program i Materiały Kongresowe p.342

4159/A

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

Comparative analysis of genomic sequences of Shiga toxin-converting bacteriophages.

V Polski Kongres Genetyki, Łódź, 19-22 września 2016

Program i Materiały Kongresowe p.341

4160/A

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

Mutations in *dnaE* differentially affect the fidelity of leading- and lagging-strand replication in *E. coli*.

V Polski Kongres Genetyki, Łódź, 19-22 września 2016

Program i Materiały Kongresowe p.341

4161/A

KONOPKA-POSTUPOLSKA D., SIERPIEŃ B., HALA M., ŽÁRSKÝ V.

Plant annexins in membrane trafficking.

Unconventional Protein and Membrane Traffic Independent Meeting, Lecce, Italy, 4-7 October 2016

Abstracts, Poster P5

4162/A

SZWAJCZAK E., FIJAŁKOWSKA I.J., SUSKI C.

Participation of the 4-subunit Polymerase zeta in the DNA replication.

DNA Polymerases Meeting: From Molecular Function to Human Diseases, Biarritz, France,

4-8 October 2016

Abstracts p.28

4163/A

MASZKOWSKA J., KLIMECKA M., BUCHOLC M., KRZYWIŃSKA E., GOCH G.,
DOBROWOLSKA G.

Regulation of SnRK2s-dependent stress signaling by phospholipids.

Gordon Research Conference: Salt & Water Stress in Plants: Moving from Mechanism to Crop Yield
Stability, Les Diablerets, Switzerland, 29 May – 3 June 2016

Abstracts BS

4164/A

KLIMECKA M., TARNOWSKI K., BUCHOLC M., GOCH G., POZNAŃSKI J., CIESIELSKI A.,
DOBROWOLSKA G.

Comparative studies of calcium binding properties and conformational dynamics of two isoforms
of *Arabidopsis thaliana* SnRK2-inreacting calcium sensor.

Gordon Research Conference: Salt & Water Stress in Plants: Moving from Mechanism to Crop Yield
Stability, Les Diablerets, Switzerland, 29 May – 3 June 2016

Abstracts BS

4165/A

ZIELENKIEWICZ U., IZAK D.

The hitchhiker's guide to the metagenomics analysis.

I Ogólnopolskie Sympozjum Mikrobiologiczne: Metagenomy Różnych Środowisk, Puławy,
20-21 października 2016

Abstracts BS

4166/A

ODOLCZYK N., FRITSCH J., NOREZ C., SERVEL N., FARIA da CUNHA M., BITAM S., COLAS J.,
TONDELIER D., SAUSSEREAU E.L., FAURE G., HERRMANN H., BECQ F., ZIELENKIEWICZ P.,
EDELMAAN A.

The specific drugs targeted basic defect of cystic fibrosis - from *in silico* approach to experimental
verification.

Drug Innovation in Academia: Conference Hosted by Helmholtz Drug Research, Heidelberg,
Germany, 8-9 December 2016

Abstracts P37

4167/A

WOLIŃSKA A., KUŹNIAR A., ZIELENKIEWICZ U., IZAK D., STĘPNIEWSKA Z.,
BŁASZCZYK M.

Proteobacteria - diversity dominants of bacterial community in arable soils from Lublin region.

50 Ogólnopolska Konferencja Naukowa: Mikroorganizmy w Ochronie Środowiska i Biotechnologii,
Kraków-Sieniawa, 6-9 września 2016

Abstracts p.130

4168/A

SZAFRANEK-NAKONIECZNA A., WOLIŃSKA A., KUŹNIAR A., ZIELENKIEWICZ U., IZAK D.,
BŁASZCZYK M., STĘPNIEWSKA Z.

Bacteroidetes as a sensitive indicator of biological degradation in agricultural soils of Lublin region.

50 Ogólnopolska Konferencja Naukowa: Mikroorganizmy w Ochronie Środowiska i Biotechnologii,
Kraków-Sieniawa, 6-9 września 2016

Abstracts p.123

4169/A

WOLIŃSKA A., GÓRNIAK D., ZIELENKIEWICZ U., GORYLUK-SALMONOWICZ A., KUŹNIAR A., STĘPNIEWSKA Z., BŁASZCZYK M.

The impact of agricultural practices on microbial communities across polish arable soils (SE Poland).
International Conference: Biodiversity Conservation on Farmlands at Crossroad, Puławy, Poland,
27-28 September 2016

Abstracts p.88

4170/A

SZAFRANEK-NAKONIECZNA A., WOLIŃSKA A., KUŹNIAR A., ZIELENKIEWICZ U., IZAK D., STĘPNIEWSKA Z., BŁASZCZYK M.

Methylophages in agricultural and wasteland soils of Lublin region.

International Conference: Biodiversity Conservation on Farmlands at Crossroad, Puławy, Poland,
27-28 September 2016

Abstracts Poster Session P39

4171/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., KOBŁOWSKA M., ARCHACKI R., WILCZYŃSKI B., RAPACZ M., JERZMANOWSKI A.

Linker histones in plant development under stress.

Epigenetic & Chromatin Regulation of Plant Traits, Strasbourg, France, 14-15 January 2016

Abstracts p.33

4172/A

ŁOBOCKA M., KOSAKOWSKI J., GOZDEK A., DĄBROWSKI K., GŁOWACKA A., WOŹNICA W., HEJNOWICZ M.S., WEBER-DĄBROWSKA B.

Fagi transpozycyjne *Pseudomonas aeruginosa*- nowe elementy strategii przetrwania.

XXVIII Zjazd Polskiego Towarzystwa Mikrobiologów, Bydgoszcz, 25-27 września 2016

Program, wystąpienie nr 46

4173/A

ŁOBOCKA M., GŁOWACKA A., GOZDEK A., WOŹNICA W., HEJNOWICZ M.S., DĄBROWSKI K., IZAK D., ZALEWSKA AGNIESZKA WALTER T., EMPEL J., WEBER-DĄBROWSKA B., KWIATEK M., GAWOR J., GROMADKA R.

Bacteriophages for therapeutic applications - lessons from genomics.

Polish Biochemical Society and Polish Society of Cell Biology Minisymposium: Bacteriophages in Science and in Practice, Warsaw, 17 October 2016

Abstract Book p.3

4174/A

DYLEWSKA M., KORZENIOWSKA K., KUŚMIEREK J.T., MACIEJEWSKA A.M., SOKOŁOWSKA B.

Escherichia coli AlkA and AlkB proteins repair 1,N6- α -hydroxypropanoadenine and 3,N4- α -hydroxypropanocytosine *in vivo* and *in vitro*.

41 FEBS Congress: Molecular and System Biology for a Better Life, Ephesus-Kuşadasi, Turkey,
3-8 September 2016

FEBS Journal (2016) 283 (suppl1) p.152

ROZPRAWY HABILITACYJNE 2016

848/N

GINALSKI KRZYSZTOF

Przewidywanie struktury i funkcji białek.

Predicting structure and function of proteins.

2016-01-26

Awarding of the degree of Doctor Habilitatus – January 26, 2016

Research done in IBB PAS.

849/N

VIETH MICHAŁ

Metody poprawy jakości modeli obliczeniowych w projektowaniu leków.

Approaches to improvements in quality of computational models in drug discovery.

2016-06-21

Awarding of the degree of Doctor Habilitatus – June 11, 2016

Research done in Discovery Chemistry Indianapolis USA and IBB PAS.

850/N

NIEDŹWIECKA ANNA

Biofizyczne podstawy oddziaływań analogów końca 5' mRNA z triadą białek regulującą eukariotyczną ekspresję genów.

Biophysical bases of interactions of mRNA 5' cap analogues with a protein triad that regulates eukaryotic gene expression.

2016-10-11

Awarding of the degree of Doctor Habilitatus – October 11, 2016

Research done in the Laboratory of Biological Physics Institute of Physics PAS.

PRACE DOKTORSKIE 2016

851/N

MORGIEWICZ KAROLINA

Skrajna odporność roślin ziemniaka (*Solanum tuberosum* L.) na wirus PVY warunkowana przez gen Ry-*f_{sto}* – charakterystyka na poziomie molekularnym i komórkowym.

(Ry-*f_{sto}* – mediated extreme resistance of potato plants (*Solanum tuberosum* L.) against PVY - molecular and cellular characteristic.)

Presented February 23, 2016

Research done in the Laboratory of Plant Pathogenesis IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Jacek Hennig

[pol]

852/N

MODZELAN MARTA

Białko Nudix NudC jako regulator równowagi redoks w komórkach *Pseudomonas syringae*.

(NudC Nudix protein as a regulator of redox balance in *Pseudomonas syringae* cells.)

Presented February 23, 2016

Research done in the Department of Plant Biochemistry IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Elżbieta Kraszevska

[pol]

853/N

TRACZ-GASZEWSKA ZUZANNA

Białka opiekuńcze w nabywaniu własności onkogennych przez zmutowany TP53.

(Molecular chaperones in the acquisition of oncogenic properties by mutated TP53.)

Presented April 12, 2016

Research done in the Department of Molecular Biology International Institute of Molecular and Cell Biology and IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Alicja Żylicz

[pol]

854/N

SKRAJNA ALEKSANDRA

Mechanizmy molekularne regulacji procesu dojrzewania końca 3' histonowych mRNA.

(Molecular mechanisms of histone mRNA maturation at 3'end.)

Presented May 31, 2016

Research done in the Department of Biophysics IBB PAS and Department of Biochemistry and Biophysics University of North Carolina at Chapel Hill, USA.

Ph.D. Thesis Supervisors: prof. dr hab. Michał Dadlez, prof. dr hab. Zbigniew Domiński

[ang]

855/N

KANIA MAGDALENA

Badania nad biosyntezą i strukturą poliizoprenoidów z zastosowaniem spektrometrii mas.

(Mass spectrometry studies on identification and biosynthesis of polyisoprenoids.)

Presented May 31, 2016

Research done in the Department of Lipid Biochemistry IBB PAS and ICHO PAS.

Ph.D. Thesis Supervisors: prof. dr hab. Ewa Świeżewska, dr hab. Witold Danikiewicz

[ang]

856/N

GŁADKI ARKADIUSZ

Ewolucja dominacji i bakteryjnych celów działania antybiotyków.

(Evolution of dominance and antibacterial drug targets.)

Presented June 14, 2016

Research done in the Department of Bioinformatics IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Piotr Zielenkiewicz

[ang]

857/N

GRATKOWSKA DOMINIKA M.

Identyfikacja roli kompleksów remodelujących chromatynę typu SWI/SNF u *Arabidopsis thaliana* w odpowiedzi na stres chłodu.

(Identification of the role of SWI/SNF chromatin remodeling complexes in cold response in *Arabidopsis thaliana*.)

Presented June 14, 2016

Research done in the Laboratory of Protein Biosynthesis IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisor: dr hab. Tomasz Samowski

[pol]

858/N

GRYŁAK-MIELNICKA ALEKSANDRA

Rola Rho-zależnej terminacji transkrypcji w regulacji ekspresji genów w *Bacillus subtilis*.

(Role of Rho-dependent transcription termination in the regulation of gene expression in *Bacillus subtilis*.)

Presented September 27, 2016

Research done in the Department of Microbial Biochemistry IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisors: prof. dr hab. Jacek Bardowski, dr hab. Elena Bidnenko

[ang]

859/N

ŻURCZAK MAREK

Badanie stanu równowagi cytoplazmatyczno-jądrowej receptorów NB-LRR w odpowiedzi roślin na infekcje wirusowe.

(Analysis of nucleocytoplasmic partitioning of NB-LRR receptors in plant response to viral infection.)

Presented October 4, 2016

Research done in the Laboratory of Plant Pathogenesis IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisor: dr hab. Magdalena Krzymowska

[ang]

860/N

KAZRANI ASGAR ABBAS

Badania biochemiczne i strukturalne endonukleaz specyficznych wobec 5-hydroxymetylcytosyny.

(Biochemical and structural studies of 5-hydroxymethylcytosine specific endonucleases.)

Presented October 18, 2016

Research done in the International Institute of Molecular and Cell Biology and IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Matthias Bochtler

[ang]

861/N

TARNOWSKI KRZYSZTOF

Badania struktury i dynamiki białek z zastosowaniem techniki wymiany wodoru-deuter monitorowanej za pomocą spektrometrii mas.

(Studies of protein structure and dynamics by hydrogen-deuterium exchange monitored by mass spectrometry.)

Presented December 6, 2016

Research done in the Department of Biophysics IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Michał Dadlez

[pol]

862/N

MACIEJAK AGATA

Zmiany transkryptomiczne w rozwoju pozawałowej niewydolności mięśnia sercowego.

(Transcriptomic changes in the development of post-myocardial infarction heart failure.)

Presented December 13, 2016

Research done in the Department of Genetics IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisor: dr hab. Beata Burzyńska

[pol]

863/N

ŁABNO ANNA

Rola wybranych egzo- i endorybonukleaz w regulacji metabolizmu RNA w komórkach ludzkich.
(The role of selected exo- and endoribonucleases in the regulation of RNA metabolism in human cells.)

Presented December 20, 2016

Research done in the Laboratory of RNA Biology and Functional Genomics IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisor: dr hab. Rafał Tomecki

[pol-ang]

864/N

KALISIAK KATARZYNA

Analiza funkcjonalna ludzkiego kompleksu egzozomu.

(Functional analysis of human exosome complex.)

Presented December 20, 2016

Research done in the Laboratory of RNA Biology and Functional Genomics IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Andrzej Dziembowski

[pol-ang]

PRACE MAGISTERSKIE 2016

865/N

JAWORSKA KATARZYNA E.

Związek lokalizacji gniazd pingwinów *Pygoscelis* z cechami rzeźby terenu.
(Relationship between terrain features and nest-site location of *Pygoscelis* penguins.)

Presented June 17, 2016

Research done in the Faculty of Geography and Regional Studies University of Warsaw and IBB PAS.
M.Sc. Thesis Supervisors: dr Małgorzata Korczak-Abshire, dr Piotr Pabjanek

866/N

ELKOMY MOHAMED

Charakterystyka metylotransferazy DNA-DRM2 kierowanej przez RNA.
(Functional characterization of the RNA guided DRM2 DNA methyltransferase.)

Presented June 20, 2016

Research done in the Faculty of Biology University of Warsaw and IBB PAS.
M.Sc. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Ewa Bartnik

867/N

ŻARNECKA ALEKSANDRA

Analiza liczebności i rozmieszczenia populacji ssaków płetwonogich w rejonie Zatoki Admiralicji
(Wyspa Króla Jerzego, Szetlandy Południowe, Antarktyka) w latach 2005-2015.
(Analysis of the number and spatial distribution of the pinniped populations in the area of Admiralty Bay (King George Island, South Shetlands, Antarctica) in the years 2005-2015.)

Presented June 21, 2016

Research done in the and Faculty of Oceanography and Geography University of Gdańsk and
Department of Antarctic Biology IBB PAS.
M.Sc. Thesis Supervisor: dr Małgorzata Korczak-Abshire

868/N

NURZYŃSKA IZABELA

Wstępna charakterystyka białka PA4465 z *Pseudomonas aeruginosa* o potencjalnej roli kinazy.
(Preliminary characterization of PA4465 protein from *Pseudomonas aeruginosa* with the potential kinase role.)

Presented 8 July, 2016

Research done in the Faculty of Chemistry Warsaw University of Technology and IBB PAS.
M.Sc. Thesis Supervisors: dr Anna Kulińska, dr Aneta Bartosik

869/N

MUSIAŁOWSKA AGNIESZKA

Poszukiwanie proteazy regulującej wewnątrzkomórkowy poziom ParB w *Pseudomonas aeruginosa*.
(Searching for protease regulating intracellular level of ParB in *Pseudomonas aeruginosa*.)

Presented 15 July, 2016

Research done in the Faculty of Chemistry Warsaw University of Technology and IBB PAS.
M.Sc. Thesis Supervisors: dr Jolanta Mierzejewska, dr Aneta Bartosik

870/N

GÓRECKI ADRIAN

Charakterystyka cech fenotypowych szczepów z rodzaju *Lactobacillus* izolowanych od kurcząt.
(Phenotype features of *Lactobacillus* strains isolate from avian.)

Presented July 26, 2016

Research done in the Faculty of Biology University of Warsaw and IBB PAS.
M.Sc. Thesis Supervisors: prof. dr hab. Elżbieta Jagusztyn-Krynicka, dr Tamara Aleksandrak-Piekarczyk

871/N

RACZYŃSKA MARIA MAGDALENA

Automatyczna detekcja osobników pingwinów białookich ze zdjęć cyfrowych.

(Automatic detection of Adélie penguin individuals from digital images.)

Presented September 21, 2016

Research done in the Faculty of Geography and Regional Studies UW and IBB PAS.

M.Sc. Thesis Supervisors: dr Anna Zmarz, dr Małgorzata Korczak-Abshire

872/N

CIEŚLA MONIKA

Identyfikacja nowych linii *Arabidopsis* niosących insercję T-DNA w genie *BSH*.

(The identification of new *Arabidopsis* lines carrying T-DNA insertions in *BSH* gene.)

Presented September 23, 2016

Research done in the Institute of Applied Biotechnology and Basic Sciences University of Rzeszow and IBB PAS.

M.Sc. Thesis Supervisor: dr hab. Tomasz Sarnowski

873/N

KOGUT KLAUDIA

Analiza funkcji ATP zależnych kompleksów remodelujących chromatynę typu SWI/SNF w kontroli homeostazy energetycznej u *Arabidopsis*.

(The analysis of function of SWI/SNF-type ATP-dependent chromatin remodeling complex in control of energy homeostasis in *Arabidopsis*.)

Presented September 23, 2016

Research done in the Institute of Applied Biotechnology and Basic Sciences University of Rzeszow and IBB PAS.

M.Sc. Thesis Supervisor: dr hab. Tomasz Sarnowski

874/N

KONDRAK PAULINA

Analiza zależności pomiędzy zależnym od ATP kompleksem remodelującym chromatynę typu SWI/SNF, a BRCA1 u *Arabidopsis thaliana*.

(Determination of interdependencies between the ATP-dependent SWI/SNF-type chromatin remodeling complex and BRCA1 in *Arabidopsis thaliana*.)

Presented September 21, 2016

Research done in the Faculty of Horticulture, Biotechnology and Landscape Architecture SGGW and IBB PAS.

M.Sc. Thesis Supervisor: dr hab. Tomasz Sarnowski

875/N

BACA MAGDA

Badania nad opracowaniem selektywnej i wydajnej metody wodorowania poliprenoli.

(Study on the development of a selective and efficient methods of polyprenols hydrogenation.)

Presented July 14, 2016

Research done in the Faculty of Chemistry Warsaw University of Technology and Department of Lipid Biochemistry IBB PAS.

M.Sc. Thesis Supervisors: dr hab. Mariola Koszytkowska-Stawińska, prof. dr hab. Ewa Kula-Świeżewska, dr Karolina Skorupińska-Tudek

876/N

BUJAK MAŁGORZATA

Charakterystyka peptydu o działaniu przeciwnowotworowym pochodzącym z białka wirusa roślinnego.

(Characteristics of anti-cancer peptide from a plant virus protein.)

Presented May 31, 2016

Research done in the Faculty of Biology University of Warsaw and IBB PAS.

M.Sc. Thesis Supervisors: prof. dr hab. Barbara Tudek, dr hab. Ewa Szołajska, dr hab. Jadwiga Chroboczek

877/N

DŁUGOKEĆKA JOANNA

Weryfikacja wybranych metod badania potencjału terapeutycznego bakteriofagów rodzaju *Kayvirus* infekujących *Staphylococcus aureus*.

(Verification of selected methods for testing the therapeutic potential of *Staphylococcus aureus* bacteriophages of the *Kayvirus* genus.)

Presented July 20, 2016

Research done in the Faculty of Agriculture and Biology SGGW and IBB PAS.

M.Sc.Thesis Supervisor: dr hab. Małgorzata Łobocka

878/N

ZWIERZYŃSKA ALEKSANDRA

Badanie fosforylacji i ubiquitynacji podjednostki AC19 wspólnej dla polimerazy I RNA i polimerazy III RNA.

(Phosphorylation and ubiquitination of AC19 protein, common subunit of RNA polymerases I and III.)

Presented July 15, 2016

Research done in Faculty of Chemistry Warsaw University of Technology and IBB PAS.

M.Sc.Thesis Supervisor: prof. dr hab. Magdalena Rakowska-Boguta

879/N

KOSMAŁA DARIA

Analiza fenotypowa mutantów *Pseudomonas aeruginosa* nadprodukujących białka Nudix PA3180 and PA5176.

(Phenotypic analysis of *Pseudomonas aeruginosa* mutants overproducing Nudix proteins PA3180 and PA5176.)

Presented September 20, 2016

Research done in Faculty of Agriculture and Biology SGGW and IBB PAS.

M.Sc.Thesis Supervisor: dr hab. Elżbieta Kraszevska

MISCELLANEA 2016

248/M

PASZEWSKI A.

Biologiczny i kulturowy wymiar człowieka w perspektywie ewolucyjnej.

Rozdział w: **(Gen)etyczna przyszłość człowieka**. Rzeszów: Wydawnictwo Uniwersytetu Rzeszowskiego 2016, 228 s., ISBN 978-83-7996-263-1, s. 10-18

249/M

FIKUS M.

David Shugar (1915-2015).

Nauka (2016) 1: 197-204

250/M

FIKUS M.

O upowszechnianiu nauki w Polsce na progu roku 2016.

Nauka (2016) 1: 181-193

251/M

PASZEWSKI A.

Uczeni w polityce.

Pauza Akademicka (2016) 347: 3

252/M

KILISZEK M., MACIEJAK A.

Should we expect novel biomarkers of myocardial infarction?

Annals of Translational Medicine (2016) 4(11): 227 (2 p.)

DOI: 10.21037/atm.2016.05.33

IF-

253/M

KILISZEK M., MACKIEWICZ U., MACZEWSKI M., BURZYŃSKA B.

Molecular evidence that exercise training has beneficial effects on cardiac performance.

Annals of Translational Medicine (2016) 4(11): 228 (4 p.)

DOI: 10.21037/atm.2016.05.53

IF-

254/M

PIOTROWSKA A., JANKAUSKAITĖ E., BARTNIK E.

Choroby mitochondrialne.

Postępy Biochemii (2016) 62(2): 111-115

255/M

FERNANDES H., PASTOR M., BOCHTLER M.

Type II and type V CRISPR effector nucleases from a structural biologist's perspective.

Postępy Biochemii (2016) 62(3): 315-326

256/M

SZEWCZYK M., STĘPIEŃ P.P.

Dialogi pomiędzy jądrem a mitochondriami.

Postępy Biochemii (2016) 62(2): 158-161

257/M

TUDEK B.

Różne twarze naprawy DNA - Nobel 2015 w dziedzinie chemii.

Kosmos (2016) 65(3): 309-322

258/M

GIERMASIŃSKA K., ŁOBOCKA M.

Interakcje bakteriofaga P1 z komórkami wybranych patogenów roślin z rodzaju *Erwinia* i rodzajów pokrewnych.

Rozdział w: Wybrane zagadnienia z zakresu chemii, biologii i fizyki. Lublin: Wydawnictwo Naukowe Tygiel 2016, 207 s., ISBN 978-83-65598-37-0, s. 48-67

259/M

CHOJNACKI T.

50 lat wokół lipidów i botaniki.

50 lat wokół lipidów i botaniki. Warszawa: Agencja Wydawnicza i Reklamowa Akces 2016, 64 s., [53 il.] ISBN 978-83-62761-66-1

Informacje o działalności IBB PAN za 2016 rok

opracowane zgodnie z zasadami określonymi decyzją Prezesa PAN

III

Informacje o działalności jednostki naukowej PAN w 2016 r.
(sporządzane i przekazywane adresatom wyłącznie w wersji elektronicznej)

Adresaci:

- 1) **Wydział PAN** (właściwy merytorycznie i organizacyjnie)
- 2) **Biuro Upowszechniania i Promocji Nauki PAN**

Termin: 31.01.2017

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 do badań wykorzystuje kultury komórek ludzkich. Poznawane są struktury i mechanizmy ekspresji genów oraz ich produktów – białek i kwasów rybonukleinowych.

Rozwijane są prace objęte **genomiką**, w tym 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 jak i eukariotycznych. Obecnie uwaga wielu grup badawczych skupia się nad zrozumieniem funkcjonalnym i strukturalnym złożonych kompleksów białkowych zaangażowanym w procesy replikacji DNA i transkrypcji, a także w naprawę i replikację uszkodzonych regionów DNA, ze szczególnym uwzględnieniem oksydacyjnych uszkodzeń DNA. W modelowych układach prokariotycznych badana jest wierność procesu replikacji na obydwu niciach DNA, wyjaśniany jest udział różnych polimeraz DNA w procesie replikacji DNA, a w układach eukariotycznych studiowane są funkcje białek niekatalitycznych wchodzących w skład holoenzymów oraz powiązania mutagenezy i naprawy DNA z procesami nowotworowymi. Analizowane są funkcje zarówno znanych, jak i nowoodkrytych genów zaangażowanych w procesy mutagenezy i naprawy DNA w chromosomach i mitochondriach drożdży.

Analizowane są procesy **patogenezy roślin**; poznawane są mechanizmy obrony roślin przed infekcjami wirusowymi i grzybicami. Badania te mają charakter kompleksowy i obejmują obserwację różnych procesów przebiegających w zainfekowanych roślinach oraz poznawanie mechanizmów ekspresji genów wybranych wirusów roślinnych. Konstruowane są pełne, infekcyjne genomy wirusowe a także rośliny transgeniczne w celu przeprowadzania różnorodnych badań nad interakcjami roślina-patogen.

Poznawane są **funkcje białek czynnych biologicznie** – tzw. białek opiekuńczych, białkowych kompleksów przeprowadzających replikację DNA, transkrypcję oraz translację. Prowadzone są badania roślinnych kinaz białkowych oraz białek regulujących metabolizm wapnia. Różnorodnej, molekularnej analizie poddawane są białka zaangażowane w stabilne utrzymywanie plazmidów u bakterii.

Kolejnym kluczowym nurtem badań realizowanych w Instytucie są interdyscyplinarne badania mechanizmów regulacji **metabolizmu RNA** w komórkach eukariotycznych. Wykorzystujemy szerokie spektrum narzędzi badawczych: genetyki, biologii molekularnej, proteomiki oraz biologii strukturalnej. Prowadzone przez nas prace przyczyniły się do poznania mechanizmów dojrzewania i rozkładu różnych klas RNA oraz do zainicjowania projektów o znaczeniu aplikacyjnym, których celem jest poszukiwanie nowych leków przeciwnowotworowych. Ważną częścią tych prac badawczych jest rozwijanie metodologii służącej do oczyszczania, nadekspresji i analizy kompleksów białkowych.

Biofizyczne aspekty oddziaływań biologicznych **podstawowych i toksycznych jonów metali** są badane za pomocą szerokiego wachlarza metod badawczych, obejmującego techniki eksperymentalne dostarczające informacji o termodynamice badanych procesów (kalorymetrie ITC i DSC, potencjometria, termoforeza kapilarna) i mechanizmie oddziaływań (spektroskopie UV-Vis, CD, fluorescencyjna i NMR, szereg technik MS) oraz obliczenia teoretyczne. Do kluczowych zagadnień poznawczych badanych tymi metodami należy zaliczyć mechanizmy molekularne w etiologii chorób neurodegeneracyjnych, przekazywanie sygnałów biologicznych przez jony Ca^{2+} i Zn^{2+} oraz reakcje metalozależnej hydrolizy wiązania peptydowego. Prowadzone są również badania stosowane, wykorzystujące wyniki badań podstawowych.

Struktury wybranych białek i ich kompleksów oraz niektórych związków drobnocząsteczkowych analizowane są zarówno metodami biologicznymi jak i połączonymi metodami fizyko-chemicznymi (w tym jądrowym rezonansem magnetycznym), korelowanymi z obliczeniami mechaniki i dynamiki molekularnej.

Zaawansowane metody chemii organicznej znajdują zastosowanie w pracach nad strukturą i przemianami roślinnych izoprenoidów i syntezami pewnych nukleozydów o funkcjach przeciwwirusowych i przeciwnowotworowych.

Wszystkie omówione badania oparte są na obszernym wykorzystaniu **bioinformatyki**. Rozwijane są teoretyczne metody analizy sekwencji genów, struktur ich produktów, związania łańcuchów białkowych, powstawania kryształów białkowych, tworzenia struktur białko-kwas nukleinowy, analiz filogenetycznych, modelowania molekularnego. Prowadzone są prace nad różnicową analizą oddziaływań białko-białko na poziomie komórki (interaktomów) co powinno umożliwić znalezienie kluczowych interakcji dla np. procesów chorobowych. Rozwijane są metody znajdowania inhibitorów oddziaływań białek jako potencjalnych leków w chorobach molekularnych i dla zastosowań w biotechnologii. Badania nad tym zagadnieniem prowadzone są w kierunku opracowania metodologii projektowania takich inhibitorów dającej się zastosować do dowolnych par białek o znanej strukturze. Przeprowadzane są także symulacje kinetyki ekspresji wybranych genów.

W Instytucie działa **Pracownia Analiz Mikromacierzy (PAM)**. W pracowni tej, we współpracy z innymi laboratoriami, prowadzone są wielkoskalowe badania ekspresji genów oraz rozpoczęto prace nad genotypowaniem.

Stosowanie w Instytucie wielkoskalowych metod genomiki, proteomiki i transkryptomiki, wykorzystywanych w badaniach zespołów Instytutu, w połączeniu z metodami bioinformatycznymi powoduje uzyskiwanie wyników istotnych dla **biologii systemów**.

Od roku 2015 na Polskiej Mapie Drogowej IBB PAN koordynuje projekt ELIXIR - System Informacyjny o Złożonych Systemach Biologicznych, którego IBB PAN jest koordynatorem. 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. W sumie IBB PAN uczestniczy w pięciu projektach z Polskiej Mapy Drogowej.

L.p.	Tytuł	Opis	Koordynator	Nr decyzji
1	ELIXIR – System Informacyjny o Złożonych Systemach Biologicznych	Krajowy ośrodek badawczy stanowiący część międzynarodowego projektu ELIXIR z mapy drogowej ESFRI (nauki biologiczne)	Instytut Biochemii i Biofizyki Polskiej Akademii Nauk	24/176/6/2015

2	PolarPOL – Polskie Multidyscyplinarne Laboratorium Badań Polarnych	Krajowy ośrodek badawczy stanowiący część międzynarodowego projektu SIOS z mapy drogowej ESFRI (nauki o Ziemi)	Instytut Geofizyki PAN w Warszawie	53/176/6/2015
3	CePT – Centrum Badań Przedklinicznych	Krajowy ośrodek badawczy (nauki medyczne)	Warszawski Uniwersytet Medyczny	20/176/6/2015
4	POL-OPENSREEN – Polska Platforma Infrastruktury Skriningowej dla Chemii Biologicznej	Krajowy ośrodek badawczy stanowiący część międzynarodowego projektu EU-OPENSREEN z mapy drogowej ESFRI (nauki biologiczne)	Instytut Biologii Medycznej PAN w Łodzi	27/176/6/2015
5	SOLARIS – Narodowe Centrum Promieniowania Synchrotronowego	Krajowy ośrodek badawczy	Uniwersytet Jagielloński w Krakowie	16/176/6/2015

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	
178	6	0	153	0	8	11

publikacje 1 – ukazujące się w czasopismach recenzowanych, wyróżnionych przez Journal Citation Reports (JCR, lista A)

publikacje 2 – ukazujące się w czasopismach recenzowanych, wyróżnionych przez European Reference Index for the Humanities (ERIH, lista C)

publikacje 3 – ukazujące się w innych czasopismach recenzowanych, wymienionych w aktualnym wykazie czasopism punktowanych Ministra Nauki i Szkolnictwa Wyższego (lista B)

¹ Definicja - stosownie do kryteriów przyjętych w aktualnym rozporządzeniu MNiSW

II.2. Aktywność wydawnicza jednostki

II.2.1. Wydawnictwa własne jednostki w roku sprawozdawczym (liczbowo, dotyczy wydawnictw, które ukazały się w roku sprawozdawczym)

ogółem wydane		z tego								
		wydawnictwa zwar­te		wydawnictwa ciągłe					Pozostałe	
				w tym <u>czasopisma:</u> <i>drukowane</i>		<i>wyłącznie w wersji 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:

nie dotyczy

II.3. Projekty, zadania badawcze realizowane w roku sprawozdawczym

Łączna liczba wszystkich projektów (II.3.1-II.3.3): 133

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) Rola nie kodujących RNA w adaptacji do warunków lokalnych.	Dr Szymon Świeżewski	2011-2016	1 000 000 zł	Narodowe Centrum Nauki
	2) 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
	3) Charakterystyka biochemiczna, strukturalna i funkcjonalna roślinnego kompleksu egzosomu, z wykorzystaniem <i>Arabidopsis thaliana</i> jako organizmu modelowego.	Dr hab. Rafał Tomecki	2011-2017	1 000 000 zł	Narodowe Centrum Nauki
	4) "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

5) 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
6) Identyfikacja genów drożdży <i>Saccharomyces cerevisiae</i> kontrolujących diploidalność komórek i stabilność genomu	Dr hab. Adrianna Skoneczna	2012-2016	416 190 zł	Narodowe Centrum Nauki
7) Rola niekatalitycznej podjednostki polimerazy delta DNA, białka Pol32 w kontroli koordynacji replikacji DNA.	Dr Katarzyna Grabowski	2012-2016	291 460 zł	Narodowe Centrum Nauki
8) 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
9) 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
10) Regulacja ekspresji białek ALKBH w nowotworach, znaczenie w terapii.	Prof. dr hab. Elżbieta Grzesiuk	2012-2016	537 390 zł	Narodowe Centrum Nauki
11) 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
12) 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
13) 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
14) Nowatorskie koncepcje regulacji transkrypcji tRNA.	Prof. dr hab. Magdalena Rakowska-Boguta	2016-2017	2 931 000 zł	Narodowe Centrum Nauki

15) Nowe czynniki wirulencji <i>Pseudomonas aeruginosa</i> – białka Nudix NudC i YgdP.	Dr hab. Elżbieta Kraszewska	2012-2016	400 400 zł	Narodowe Centrum Nauki
16) Nowe mechanizmy naprawy uszkodzeń alkilacyjnych DNA u bakterii środowiskowych: <i>Shewanella oneidensis</i> i <i>Pseudomonas putida</i> .	Dr hab. Anna Sikora	2013-2017	508 685 zł	Narodowe Centrum Nauki
17) Charakterystyka metagenomiczna plazmidów bakterii glebowych.	Mgr Paweł Krawczyk	2013-2016	150 000 zł	Narodowe Centrum Nauki
18) 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
19) 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
20) 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	2013-2017	470 000 zł	Narodowe Centrum Nauki
21) Charakterystyka rodziny aneksyn w odpowiedzi na stres suszy u <i>Arabidopsis thaliana</i> .	Mgr Wojciech Rymaszewski	2013-2016	150 000 zł	Narodowe Centrum Nauki
22) Rola aneksyn w wewnątrzkomórkowym krążeniu błon.	Dr Dorota Konopka-Postupolska	2013-2017	900 000 zł	Narodowe Centrum Nauki
23) 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
24) Utrzymanie stabilności genomu mitochondrialnego w komórkach organizmu modelowego <i>Saccharomyces cerevisia</i> : współdziałanie wielu nukleaz.	Dr Aneta Kaniak-Golik	2013-2017	420 000 zł	Narodowe Centrum Nauki
25) 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

26) 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
27) Badania tworzenia kompleksów ternarych przez sensory fluoroscencyjne dla jonów cynkowych.	Prof. dr hab. Wojciech Bał	2013-2016	614 900 zł	Narodowe Centrum Nauki
28) Analiza funkcjonalna genów regulatorowych <i>Streptococcus anginosus</i> .	Mgr Katarzyna Obszańska	2013-2017	149 500 zł	Narodowe Centrum Nauki
29) Nowe elementy węzłowe w metabolizmie izoprenoidów: oddziaływania pomiędzy cis-prenylotransferazami i ich komórkowymi regulatorami u <i>Arabidosis</i> .	Prof. dr hab. Ewa Świeżewska	2013-2017	977 096 zł	Narodowe Centrum Nauki
30) Molekularne podstawy rozwoju oporności na bakteriocyny u <i>Lactococcus lactis</i> .	Prof. dr hab. Jacek Bardowski	2013-2016	626 600 zł	Narodowe Centrum Nauki
31) Badania nad topogenezą białek PTS3: nowa droga importu białek do peroksysomów.	Dr hab. Marek Skoneczny	2013-2016	632 320 zł	Narodowe Centrum Nauki
32) Transpozony w genomach pierwszych grzybów lądowych (Zygomycota).	Dr Anna Muszewska	2013-2017	499 800 zł	Narodowe Centrum Nauki
33) Brakujące ogniwo ewolucji proteasomów. Strukturalna i biochemiczna analiza białka Anbu i białek z nim współwystępujących.	Dr Anna Piasecka-Fricke	2013-2017	612 000 zł	Narodowe Centrum Nauki
34) Wiroid – niekodujący replikon RNA regulujący ekspresję genomu gospodarza.	Dr Anna Góra-Sochacka	2014-2017	639 960 zł	Narodowe Centrum Nauki
35) 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
36) 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

37) Dodekahedron adenowirusa - poliwalencyjny, białkowy biodegradowalny wektor dostarczenia wewnątrzkomórkowego.	Dr hab. Ewa Szołajska	2014-2017	813 112 zł	Narodowe Centrum Nauki
38) <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
39) 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
40) 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
41) Identyfikacja molekularnej funkcji deacetylazy HD2C w odpowiedzi na stres cieplny.	Mgr Daniel Buszewicz	2014-2016	100 000 zł	Narodowe Centrum Nauki
42) Poznanie powiązań między szlakami transkrypcji, dojrzewania i degradacji tRNA u drożdży <i>Saccharomyces cerevisiae</i> .	Mgr Dominika Wichtowska	2014-2017	150 000 zł	Narodowe Centrum Nauki
43) 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	2014-2016	74 640 zł	Narodowe Centrum Nauki
44) Regulacja mitozy u <i>Drosophila melanogaster</i> – analiza proteomiczna.	Prof. dr hab. Michał Dadlez	2014-2017	945 880 zł	Narodowe Centrum Nauki
45) Metagenomy glebowe wskaźnikami degradacji bioróżnorodności mikroorganizmów w glebach użytkowych rolniczo na Lubelszczyźnie.	Dr hab. Urszula Zielenkiewicz	2014-2016	97 999,88 zł	Narodowe Centrum Nauki
46) 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
47) 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

48) Analiza funkcji kompleksów remodelujących chromatynę typu SWI/SNF w kontroli procesów metabolicznych.	Dr hab. Tomasz Sarnowski	2014-2017	990 040 zł	Narodowe Centrum Nauki
49) 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
50) Udział kinaz SnRK2 w regulacji statusu redoks u roślin podczas stresu środowiskowego.	Mgr Katarzyna Szymańska	2014-2016	49 900 zł	Narodowe Centrum Nauki
51) Naturalna zmienność efektora HopQ1 z bakterii <i>Pseudomonas syringae</i> jako przejaw adaptacji do różnych gatunków roślin-gospodarzy.	Dr Rafał Hoser/Dr hab. Magdalena Krzymowska	2014-2017	771 400 zł	Narodowe Centrum Nauki
52) Integracja sygnałów stresowych w roślinach: światło a percepcja stresu osmotycznego.	Dr Olga Sztatelman	2014-2017	612 000 zł	Narodowe Centrum Nauki
53) Analiza genomowa interakcji ParB-DNA u <i>Pseudomonas aeruginosa</i> .	Prof. dr hab. Grażyna Jagura-Burdzy	2014-2017	1 349 800 zł	Narodowe Centrum Nauki
54) Oddziaływanie jonów niklu (II) na filagrynę, kluczowe białko w supresji alergii niklowej.	Mgr Ewa Podobas	2014-2016	112 576 zł	Narodowe Centrum Nauki
55) Nowy poziom regulacji transportu jądrowo-cytoplazmatycznego białek biorących udział w odporności roślin.	Mgr Marek Żurczak	2014-2016	89 192 zł	Narodowe Centrum Nauki
56) Rozwój i zastosowanie narzędzia bioinformatycznego do oceny jakości modeli struktur RNA.	Mgr Marcin Magnus	2014-2016	98 540 zł	Narodowe Centrum Nauki
57) Multidyscyplinarne kompleksowe badania degradacji i kontroli jakości mitochondrialnego RNA.	Dr Roman Szczęsny	2014-2019	3 000 880 zł	Narodowe Centrum Nauki
58) Ewolucyjne podejście do badania genomów.	Dr hab. Szymon Kaczanowski	2015-2018	677 760 zł	Narodowe Centrum Nauki
59) Ocena ekspresji krążących mikroRNA w patogenezie pozawałowej niewydolności mięśnia sercowego.	Mgr Agata Maciejak	2015-2017	100 000 zł	Narodowe Centrum Nauki
60) Regulacja fotosyntezy i wzrostu u <i>Arabidopsis thaliana</i> podczas stresu solnego.	Mgr Anna Kulik	2015-2018	722 415 zł	Narodowe Centrum Nauki

61) 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
62) 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
63) 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
64) 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
65) Wyznaczanie dokładnej struktury kompleksu (kompleksów) peptydu AB1-16 z jonami Pd(II) przy pomocy magnetycznego rezonansu jądrowego (NMR) oraz innych technik spektroskopowych.	Mariusz Mital	2015-2018	99 960 zł	Narodowe Centrum Nauki
66) 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
67) 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
68) Strukturalne konsekwencje oligomeryzacji lizeiny – toksyny wiążącej sfingomielinę tratw lipidowych.	Dr Magdalena Kulma	2015-2018	711 620 zł	Narodowe Centrum Nauki
69) Peptydy Abeta 4-x jako odporne na leki chelatujące cząsteczki wiążące miedź, promujące tworzenie oligomerów amolitydowych	Prof. dr hab. Wojciech Bal	2015-2018	621 400 zł	Narodowe Centrum Nauki
70) Dynamika subkomórkowa efektoru HopQ1 – efektoru trzeciego systemu sekrecji z <i>Pseudomonas syringae</i> .	Dr hab. Magdalena Krzymowska	2015-2018	1 105 024 zł	Narodowe Centrum Nauki

71) Wykorzystanie techniki zagęszczania celów sprzężonej z sekwencjonowaniem nowej generacji w celu izolacji oraz charakterystyki genu Ry-fst0, 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
72) Rola proteasomalnej degradacji białek w regulacji odpowiedzi roślin na stres niedoboru siarki.	Dr Anna Wawrzyńska	2015-2018	594 340 zł	Narodowe Centrum Nauki
73) 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
74) Poszukiwana, poszukiwany – jak powstają glicynoprenole u <i>Arabidopsis</i> i dlaczego?	Mgr inż. Katarzyna Gawarecka	2015-2017	100 000 zł	Narodowe Centrum Nauki
75) 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
76) 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
77) Badanie mechanizmów biorących udział w syntezie niekodujących transkryptów.	Dr Jacek Nowak	2016-2017	1 205 200 zł	Narodowe Centrum Nauki
78) LEW1 jako białkowy partner cis-prenylotransferaz w procesie biosyntezy poliizoprenoidów u <i>Arabidopsis</i> .	Mgr Przemysław Surowiecki	2015-2018	150 000 zł	Narodowe Centrum Nauki
79) Analiza zależności funkcjonalnej pomiędzy kompleksami remodelującymi chromatynę typu SWI/SNF i splicingiem pre-mRNA u <i>Arabidopsis</i>	Dr Szymon Kubala	2015-2018	612 000 zł	Narodowe Centrum Nauki
80) Udział kinaz SNF1-related typu 2 (SnRK2) w odpowiedzi roślin na stres środowiskowy.	Mgr Katarzyna Szymańska	2015-2016	81 796 zł	Narodowe Centrum Nauki
81) 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

82) 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
83) Charakterystyka funkcjonalna kompleksów przebudowujących chromatynę typu SWI/SNF zawierających podjednostkę SWP73A lub SWP73B u <i>Arabidopsis</i> .	Mgr. inż. Sebastian Sacharowski	2016-2019	150 000 zł	Narodowe Centrum Nauki
84) Nieznane szlaki przemian metabolicznych octanu, maślanu, mleczanu i propionianu we wspólnotach mikroorganizmów produkujących metan.	Dr hab. Anna Sikora	2016-2019	970 550 zł	Narodowe Centrum Nauki
85) Regulacja posttranslacyjnej modyfikacji ludzkiej polimerazy iota.	Dr Justyna McIntyre	2016-2019	703 800 zł	Narodowe Centrum Nauki
86) Nie-katakityczne domeny DRM2, metylotransferazy DNA kierowanej przez RNA.	Dr Humberto Fernandez	2016-2019	907 200 zł	Narodowe Centrum Nauki
87) Udział polimerazy delta DNA w replikacji nici wiodącej w komórkach <i>Saccharomyces cerevisiae</i> .	Prof. dr hab. Iwona Fijałkowska	2016-2019	993 600 zł	Narodowe Centrum Nauki
88) Nowe podejście w projektowaniu inhibitorów bisubstratowych.	Mgr inż. Maria Winiewska	2016-2019	150 000 zł	Narodowe Centrum Nauki
89) Identyfikacja funkcji biologicznej oraz mechanizmów działania unikalnych dolicholi w komórkach grzybów strzępkowych.	Prof. dr hab. Joanna Kruszewska	2016-2019	653 560 zł	Narodowe Centrum Nauki
90) Mechanizmy inkorporacji i usuwania rybonukleotydów w komórkach <i>E. coli</i> .	Dr Karolina Makiela-Dzbeńska	2016-2019	549 360 zł	Narodowe Centrum Nauki
91) Szczegółowa analiza potencjalnych regulatorów transkrypcji z proteomu <i>Psuedomonas aeruginosa</i> zależnych od ParA/ParB z wykorzystaniem narzędzi bologii systemów.	Dr Aneta Bartosik	2016-2021	1 518 680 zł	Narodowe Centrum Nauki
92) Wpływ mobilnych elementów na metabolizm bakterii. Dynamiczne polimery alfa-helikalnych białek plazmidowych typu Kfr w organizacji prokariotycznego wrzeciona mitotycznego.	Prof. dr hab. Grażyna Jagura-Burdzy	2016-2019	676 800 zł	Narodowe Centrum Nauki
93) Regulacja polimerazy III RNA w makrofagach.	Dr Damian Graczyk	2016-2019	776 000 zł	Narodowe Centrum Nauki

	94) Agregacja amyloidu Ab indukowana jonami miedzi. Symulacje reakcji – dyfuzji w realistycznej trójwymiarowej rekonstrukcji szczeliny synaptycznej.	Mgr Wojciech Goch	2016-2017	38 560 zł	Narodowe Centrum Nauki
	95) Użycie modelu drożdżowego do badania funkcji białek Vps13 zaangażowanych w patogenezę rzadkich genetycznych chorób neurodegeneracyjnych.	Prof. dr hab. Teresa Żołądek	2016-2019	971 280 zł	Narodowe Centrum Nauki
	96) Hydrofobowa solwatacja halogenowych ligandów. Pomiar termodynamiczne umożliwiające określenie energii swobodnej wiązania halogenowego.	Prof. dr hab. Jarosław Poznański	2016-2019	998 100 zł	Narodowe Centrum Nauki
	97) Poszukiwanie aktywowanego przez aneksynę 1 mechanizmu molekularnego ochrony chloroplastów przed stresem oksydacyjnym w <i>Arabidopsis thaliana</i> .	Dr Dorota Konopka-Postupska	2016-2019	1 213 200 zł	Narodowe Centrum Nauki
	98) Charakterystyka funkcjonalna białka ALKBH10B, partnera kompleksu remodelującego chromatynę typu SWI/SNF u <i>Arabidopsis thaliana</i> .	Mgr Dorota Zugaj	2016-2017	91 352 zł	Narodowe Centrum Nauki
	99) Rola kompleksów przebudowujących chromatynę typu SWI/SNF zawierających podjednostki SWP73A i SWP73B w kontroli podstawowych procesów regulacyjnych u <i>Arabidopsis thaliana</i> .	Mgr Sebastian Sacharowski	2016-2017	64 676 zł	Narodowe Centrum Nauki
	100) Aspekty molekularne roli jonów Cu(II) i Zn(II) w neurotoksyczności białek AB i PrP.	Mgr Mariusz Mital	2016-2017	102 700 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) Nowe enzymy do analiz RNA w skali całego transkryptomu i ich wykorzystanie do badania molekularnego mechanizmu antynowotworowego działania 5-fluorouracylu.	Dr hab. Rafał Tomecki	2013-2016	1 199 988 zł	Narodowe Centrum Badań i Rozwoju
	5) 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
	6) 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
	7) 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
	8) 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
	9) 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
	10) 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
	11) 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
	12) 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
	13) Wykrywanie zagrożenia nagłą śmiercią łóżeczkową.	Dr Paweł Szczęsny	2015-2018	1 199 750 zł	Narodowe Centrum Badań i Rozwoju

	14) Opracowanie nowych terapii opartych na stymulacji przeciwnowotworowego działania układu odpornościowego.	Prof. dr hab. Michał Dadlez	2016-2018	1 090 000 zł	Narodowe Centrum Badań i Rozwoju
	15) Innowacyjna instalacja produkująca wodór i metan metodą mikrobiologiczną z odpadów i produktów ubocznych przemysłu cukrowniczego wraz z zastosowaniami otrzymywanych gazów i zapewnieniem samowystarczalności energetycznej oczyszczalni ścieków w cukrowni.	Dr hab. Anna Sikora	2016-2018	2 544 270 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/institucje 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) 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
	3) 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
	4) 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
	5) 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

	6) Rola białka Rho w regulacji sporulacji w <i>Bacillus subtilis</i> .	Dr Aleksandra Grylak	2015-2016		Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego
	7) Mobilność Plus	Mgr Dawid Główny	2016-2017	168 000 zł	Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego
	8) Mitochondrialna syntaza ATP.	Dr Róża Kucharczyk	2016-2017		Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego
	9) Optycznie czynne 4,5dihydrobenzo(b)(1,5) diazocyny, jako nowe struktury uprzywilejowane wykorzystane do projektowania leków przeciwnowotworowych. Projektowanie, synteza i badanie właściwości cytotoksycznych selektywnych i niskotoksycznych, hybrydowych inhibitorów deacetylazy histonowej (HDAC).	mgr Bartosz Bieszczad	2016-2020	220 000 zł	Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego
	10) Funkcjonalne zróżnicowanie niekodujących RNA u Eukariota.	Prof. dr hab. Andrzej Dziembowski	2012-2016	938 910 zł	Ośrodek Przetwarzania Informacji
	11) Jak rozbroić toksynę?	Dr Magdalena Kulma	2014-2016	96 000 zł	Fundacja na rzecz Nauki Polskiej
	12) Czy tęgoryjce wykorzystują konia trojańskiego?	Dr n. wet. inż. Anna Zdziarska	2014-2016	80 000	Fundacja na rzecz Nauki Polskiej
	13) Posttranscriptional regulation of gene expression in metazoans.	Prof. dr hab. Andrzej Dziembowski	2015-2017	29 400 zł	Fundacja na rzecz Nauki Polskiej
	14) Control of tRNA biogenesis.	Prof. dr hab. Magdalena Rakowska-Boguta	2015-2017	47 250 zł	Fundacja na rzecz Nauki Polskiej
	15) Functional interactions of human proteins involved in post-transcriptional regulatory mechanism.	Prof. dr hab. Andrzej Dziembowski	2016-2019	3 161 000 zł	Fundacja na rzecz Nauki Polskiej
	16) 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
	17) 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

	18) A whole-systems approach to optimizing feed efficiency and reducing the ecological footprint of monogastrics.	Prof. dr hab. Jacek Bardowski	2013-2017	316 256 zł	7 program ramowy Unii Europejskiej
--	---	----------------------------------	-----------	------------	--

W tabeli:

tytuł projektu/ kierownik projektu (stopień/tytuł naukowy, imię i nazwisko)/okres realizacji (rok, od-do)/ środki ogółem przyznane na okres realizacji przez instytucję finansującą projekt (pominąć tę informację, jeżeli umowa o realizacji projektu stanowi inaczej lub z innych powodów podanie tej informacji jest niemożliwe)/ nazwa instytucji finansującej

II.3.1. Projekty finansowane lub dofinansowane ze środków Narodowego Centrum Nauki;

II.3.2. Projekty finansowane lub dofinansowane ze środków Narodowego Centrum Badań i Rozwoju;

II.3.3. Pozostałe projekty:

- projekty finansowane lub dofinansowane przez Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa, Wyższego na mocy wcześniej obowiązujących zasad finansowania nauki,
- projekty finansowane przez inne organizacje krajowe,
- projekty finansowane przez podmioty/instytucje zagraniczne,
- inne projekty.

II.3.4. Zadania badawcze realizowane w ramach działalności statutowej – **liczba ogółem - 54.**

II.3.5. Wyniki prac badawczych:

- Wybrane 2 ważniejsze wyniki uzyskane w ramach projektów/ zadań badawczych (wymienić nazwę projektu/ zadania) realizowanych lub zrealizowanych w roku sprawozdawczym (na każdy opis – maks. 500 znaków ze spacjami).

Mechanizm biosyntezy i rola poliizoprenoidów u eukariontów.

Zespół prof. dr hab. Ewy Świeżewskiej

Poliizoprenoidy występują we wszystkich domenach życia, pełniąc m.in. rolę kofaktorów w procesie glikozylacji białek – modyfikacji niezbędnej do uzyskania przez nie prawidłowej struktury. Zaburzenia tego procesu u ludzi prowadzą do chorób typu CDG. Badania naszego Zespołu pozwoliły na poznanie szlaków biosyntezy poliizoprenoidów i skutków ich niedoboru w komórkach roślin. Wykazaliśmy, że zaburzenia jednego z etapów tego procesu (końcowy etap syntezy Dolicholu) są dla rośliny letalne (Jozwiak i in., doi: 10.1105/tpc.15.00463). Zaproponowaliśmy także, że podawanie pacjentom CDG tkanek roślin o zwiększonej zawartości Dol może być elementem strategii terapeutycznej tych chorób.

The role of SWI/SNF chromatin remodeling complexes in hormone crosstalk.

Zespół dr. hab. Tomasza Sarnowskiego

Zachowane w ewolucji kompleksy remodelujące chromatynę (CRC) typu SWI/SNF kontrolują rozwój i istotne procesy u organizmów eukariotycznych. Zespół dr. hab. Tomasza Sarnowskiego we współpracy z Centrum Onkologii w Warszawie oraz Instytutami Maxa Plancka w Golm i Kolonii przedyskutował uniwersalne i specyficzne funkcje kompleksów SWI/SNF u roślin i człowieka oraz odpowiedział na pytanie „Czy linie Arabidopsis pozbawione głównych podjednostek kompleksów SWI/SNF mogą posłużyć jako układ modelowy do badania na poziomie molekularnym zachowanych w ewolucji funkcji CRC?”

- Najważniejsze w roku sprawozdawczym osiągnięcie działalności naukowej jednostki o znaczeniu ogólnospołecznym lub gospodarczym związane z działalnością naukową lub twórczą, jeżeli zjawisko wystąpiło, (maks. 500 znaków ze spacjami).

nie dotyczy

- Wybrane 2 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, (na każdy opis – maks. 500 znaków ze spacjami).

Innowacyjna instalacja produkująca wodór i metan metodą mikrobiologiczną z odpadów i produktów ubocznych przemysłu cukrowniczego wraz z zastosowaniami otrzymywanych gazów i zapewnieniem samowystarczalności energetycznej.

Zespół dr hab. Anny Sikory

Opracowano warunki dwuetapowego beztlenowego rozkładu melasy buraczanej oraz odcieków cukrowniczych polegający na rozdzieleniu fazy fermentacji wodorowych od fazy metanogennej w celu pozyskania oddzielnie wodoru i metanu. Obecnie taki dwuetapowy system produkcji wodoru i metanu w skali ułamkowej pracuje w sposób ciągły w Krajowej Spółce Cukrowej S.A. (o/Cukrownia Dobrzelin). Uzyskane wyniki pozwoliły na opracowanie założeń dalszych badań, których efektem końcowym będzie innowacyjne rozwiązanie technologiczne dla cukrowni jako producenta biopaliw gazowych.

Wykorzystanie bakteriofagów w opracowaniu preparatu profilaktycznego przeciwko zapaleniu wymienia u krów.

Zespół dr hab. Małgorzaty Łobockiej

W badaniach nad preparatem zapobiegającym zapaleniu wymienia u krów (mastitis) w oparciu o metody biokontroli, przebadano dwa bakteriofagi *Staphylococcus aureus* – najtrudniejszego do eliminacji patogena mastitis. Wykazano infekcyjność obu bakteriofagów dla ponad 80% szczepów wstępnej kolekcji izolatów *S. aureus* z przypadków mastitis. Dla zapewnienia czystości genetycznej preparatu, bakteriofagi zaadaptowano do namnażania w pozbawionych niepożądanych elementów genetycznych szczepach *S. aureus*.

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 zgłoszeń patentowych i uzyskanych patentów

L.p.	Numer zgłoszenia patentowego	Data zgłoszenia patentowego	Numer prawa wyłącznego	Tytuł	Twórca / Twórcy (nazwisko i imię)	Nazwa uprawnionego z patentu	Kraj lub organizacja gdzie dokonano zgłoszenia
1.	395796	2011-07-28	PAT. 224732	Rekombinowana molekula DNA, wektor ekspresyjny, rekombinowane białko oraz zastosowanie molekuly kodującej białko.	Góra-Sochacka Anna, Redkiewicz Patrycja, Sirko Agnieszka, Zagórski Włodzimierz	Instytut Biochemii i Biofizyki PAN	Urząd Patentowy Rzeczypospolitej Polskiej
2.	201180059557.7	2011-10-27	CN 103403156B	Rekombinowana molekula DNA, kasetta ekspresyjna, wektor DNA, plazmid binarny, komórka roślinna, sposób otrzymywania polipeptydu w eukariotycznym gospodarzu oraz zastosowanie rekombinowanej molekuly DNA.	Zientara-Rytter Katarzyna, Moniuszko Grzegorz, Wawrzyńska Anna, Łukomska Jolanta, Sirko Agnieszka	Instytut Biochemii i Biofizyki PAN	Chiński Urząd Patentowy
3.	11176165.6-1410	2011-08-01	EP2436693	Synthetic genes encoding peptide fragments of natural myelin proteins for induction of oral tolerance, DNA fragment comprising these genes, means of obtaining these peptides in a microbial (bacterial) system and their medical application.	Szczepankowska Agnieszka, Bardowski Jacek, Aleksandrak-Piekarczyk Tamara, Kasarełło Kaja, Lipkowski Andrzej W., Kwiatkowska-Patzer Barbara	Instytut Biochemii i Biofizyki PAN	Europejski Urząd Patentowy
4.	402603	2013-01-29	224387	Transgeniczny szczep <i>Trichoderma atroviride</i> , otrzymywanie i zastosowanie szczepu <i>Trichoderma atroviride</i> jako biofungicydu.	Kruszewska Joanna S., Perlińska-Ienart Urszula, Piłsyk Sebastian, Górka-Nieć Wioletta, Zembek Patrycja, Graczyk Sebastian, Palamarczyk Grażyna	Instytut Biochemii i Biofizyki PAN	Urząd Patentowy Rzeczypospolitej Polskiej

5.	401450	2012-11-02	224377	Szczep <i>Trichoderma atroviride</i> , sposób otrzymywania i zastosowanie szczepu <i>Trichoderma atroviride</i> jako środka biobójczego.	Kruszewska Joanna S., Perlińska-Lenart Urszula, Piłsyk Sebastian, Górka-Nieć, Wioletta, Zembek Patrycja, Graczyk Sebastian, Palamarczyk Grażyna	Instytut Biochemii i Biofizyki PAN	Urząd Patentowy Rzeczypospolitej Polskiej
6.	400337	2012-08-10	222314	BioczuJNIk elektrochemiczny oraz zastosowanie bioczuJNIka.	Radecki Jerzy, Radecka Hanna, Grabowska Iwona, Sirko Agnieszka, Góra-Sochacka Anna, Leśnikowski Zbigniew, Olejniczak Agnieszka	Instytut Biologii Medycznej Polskiej Akademii Nauk, Instytut Rozrodu Zwierząt i Badań Żywności Polskiej Akademii Nauk, Instytut Biochemii i Biofizyki PAN	Urząd Patentowy Rzeczypospolitej Polskiej
7.	394798	2011-05-06	222250	BioczuJNIk elektrochemiczny ze stabilną warstwą detekcyjną, sposób wytwarzania bioczuJNIka elektrochemicznego ze stabilną warstwą detekcyjną oraz zastosowanie bioczuJNIka.	Radecki Jerzy, Radecka Hanna, Grabowska Iwona, Jargiło Agata, Sirko Agnieszka, Góra-Sochacka Anna, Wysłouch-Cieszyńska Aleksandra, Dadlez Michał, Dehaen Wim	Instytut Rozrodu Zwierząt i Badań Żywności Polskiej Akademii Nauk, Instytut Biochemii i Biofizyki PAN	Urząd Patentowy Rzeczypospolitej Polskiej
8.	408351	2014-05-27	224636	Sposób wytwarzania warstwy elektroaktywnej na powierzchni elektrody złotej, bioczuJNIk zawierający elektrodę i jego zastosowanie.	Malecka Kamila Dorota, Radecki Jerzy, Radecka Hanna, Dehaen Wim, Zagórski-Ostoja Włodzimierz, Sirko Agnieszka	Instytut Rozrodu Zwierząt i Badań Żywności Polskiej Akademii Nauk, Instytut Biochemii i Biofizyki PAN	Urząd Patentowy Rzeczypospolitej Polskiej

9.	413300 (numer zgłoszenia macierzystego 392396)	2010-09-14	223755	Zastosowanie modulatorów funkcji zmutowanego białka CFTR do wytwarzania leku do leczenia chorób związanych z zaburzeniami w prawidłowym funkcjonowaniu białka CFTR.	Zielenkiewicz Piotr, Wieczorek Grzegorz, Odolczyk Norbert, Edelman Aleksander, Tondelier Danielle, Fritsch Janine	Instytut Biochemii i Biofizyki PAN	Urząd Patentowy Rzeczypospolitej Polskiej
10.	14/913,650	2016-09-22		Method of using a miR172 Molecule for Decreasing Inflammatio	Łukasik Anna, Zielenkiewicz Piotr, Szweykowska-Kulińska Zofia, Pączek Leszek, Nowaczyk Maria	Instytut Biochemii i Biofizyki PAN, Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu	Stany Zjednoczone
11.	EP3035941 (A1)	2016-06-29		Use of a miR172 Molecule For Decreasing Inflammation.	Łukasik Anna, Zielenkiewicz Piotr, Szweykowska-Kulińska Zofia, Pączek Leszek, Nowaczyk Maria	Instytut Biochemii i Biofizyki PAN, Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu	Europejski Urząd Patentowy
12.	387780	2009-04-10	222496	Wektorowa cząsteczka wirusopodobna, sposób jej wytwarzania oraz kompozycja farmaceutyczna zawierająca wektorową cząsteczkę wirusopodobną.	Szołajska Ewa, Chroboczek Jadwiga, Żochowska Monika	Instytut Biochemii i Biofizyki PAN	Urząd Patentowy Rzeczypospolitej Polskiej
13.	388403	2009-06-26	222497	Wektorowa cząsteczka wirusopodobna, sposób jej wytwarzania, kompozycja farmaceutyczna oraz zastosowanie wektorowej cząsteczki wirusopodobnej.	Szołajska Ewa, Chroboczek Jadwiga, Naskalska Antonina	Instytut Biochemii i Biofizyki PAN	Urząd Patentowy Rzeczypospolitej Polskiej
14.	EP20100737125	2010-06-24	EP2461827 (B1)	Virus-like particle vector as a polyvalent platform for intracellular delivery of high-molecular-weight therapeutic substances, method for generating a virus like particle vector and use of a virus-like particle vector	Szołajska Ewa, Chroboczek Jadwiga, Naskalska Antonina	Instytut Biochemii i Biofizyki PAN	Europejski Urząd Patentowy

				and a pharmaceutical composition containing said virus-like particle vector.			
15.	US 14/346,664	2012-09-21	US9505806 B2	DNA vaccine, method of inducing the immune response, method of immunisation, antibodies specifically recognising the H5 haemagglutinin of an influenza virus and use of the DNA vaccine.	Sirko Agnieszka, Góra-Sochacka Anna, Zagórski-Ostoja Włodzimierz, Stachyra Anna, Sawicka Róża, Szewczyk Bogusław, Gromadzka Beata, Sącyńska Violetta, Florys Katarzyna, Minta Zenon, Śmietanka Krzysztof	Instytut Biochemii i Biofizyki PAN	Stany Zjednoczone
16.	417460	2016.06.07		Kompozycja farmaceutyczna do podawania przezskórnego zawierająca kandesartan, sposób otrzymywania kompozycji oraz zastosowanie roztworu wodnego kandesartanu do wytwarzania leku.	Świeżewska Ewa	Instytut Biochemii i Biofizyki PAN	Urząd Patentowy Rzeczypospolitej Polskiej
17.	392397	2010-09-14	221889	Zastosowanie modulatora funkcji zmutowanego białka CFTR lub jego farmaceutycznie akceptowalnej pochodnej do wytwarzania leku do leczenia mukowiscydozy.	Zielenkiewicz Piotr, Wieczorek Grzegorz, Odolczyk Norbert, Edelman Aleksander, Tondelier Danielle, Fritsch Janine	Instytut Biochemii i Biofizyki PAN	Urząd Patentowy Rzeczypospolitej Polskiej
18.	392396	2010-09-14	223680	Zastosowanie modulatora funkcji zmutowanego białka CFTR.	Zielenkiewicz Piotr, Wieczorek Grzegorz, Odolczyk Norbert, Edelman Aleksander, Tondelier Danielle, Fritsch Janine	Instytut Biochemii i Biofizyki PAN	Urząd Patentowy Rzeczypospolitej Polskiej

19.	419848	2016-12-18		Białka z grupy ALKBH do zastosowania w sposobie diagnozowania chorób nowotworowych, ich zastosowanie do identyfikacji substancji o działaniu przeciwnowotworowym oraz pochodne antrachinonu do zastosowania jako lek i w sposobie leczenia i/lub zapobiegania chorobie nowotworowej.	Piwowarski Jan, Kukwa Wojciech, Bieszczad Bartosz, Dadlez Michał, Dębski Janusz, Dylewska Małgorzata, Garbicz Damian, Gromadka Robert, Grzelak Katarzyna, Grzebiuk Elżbieta, Janiszewska Anna, Kosieradzki Maciej, Kozak Maciej, Kukwa Andrzej, Lisik Wojciech, Marcinkowski Michał, Mieczkowski Adam, Mielecki Damian, Migacz Ewa, Mucha Krzysztof, Pączek Leszek, Pilżys Tomasz, Popowski Wojciech, Poznański Jarosław, Przygońska Kaja, Szołajska Ewa, Taube Michał, Winiewska Maria, Wołosz Dominika, Zagożdżon Radosław, Zhukov Igor	Instytut Biochemii i Biofizyki PAN, Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu, Warszawski Uniwersytet Medyczny, Uniwersytet Warmińsko- Mazurski w Olsztynie	Urząd Patentowy Rzeczypospolitej Polskiej
20.	2011302715	2011-06-20	2011302715	Compounds as modulators of a mutant CFTR protein and their use for treating diseases associated with CFTR protein malfunction.	Odolczyk, Norbert; Zielenkiewicz, Piotr; Wieczorek, Grzegorz; Edelman, Aleksander; Tondelier, Danielle; Fritsch, Janine	Instytut Biochemii i Biofizyki PAN	Australia
21.	609204	2011-06-20	609204	Compounds as modulators of a mutant CFTR protein and their use for treating diseases associated with CFTR protein malfunction.	Odolczyk, Norbert; Zielenkiewicz, Piotr; Wieczorek, Grzegorz; Edelman, Aleksander; Tondelier, Danielle; Fritsch, Janine;	Instytut Biochemii i Biofizyki PAN	Nowa Zelandia

22.	700818	2011-06-20	700818	Compounds as modulators of a mutant CFTR protein and their use for treating diseases associated with CFTR protein malfunction.	Odolczyk, Norbert; Zielenkiewicz, Piotr; Wieczorek, Grzegorz; Edelman, Aleksander; Tondelier, Danielle; Fritsch, Janine;	Instytut Biochemii i Biofizyki PAN	Nowa Zelandia
23.	700827	2011-06-20	700827	Compounds as modulators of a mutant CFTR protein and their use for treating diseases associated with CFTR protein malfunction.	Odolczyk, Norbert; Zielenkiewicz, Piotr; Wieczorek, Grzegorz; Edelman, Aleksander; Tondelier, Danielle; Fritsch, Janine;	Instytut Biochemii i Biofizyki PAN	Nowa Zelandia
24.	JP,2013-529094	2011-06-20	5926731	Compounds as modulators of a mutant CFTR protein and their use for treating diseases associated with CFTR protein malfunction.	Odolczyk, Norbert; Zielenkiewicz, Piotr; Wieczorek, Grzegorz; Edelman, Aleksander; Tondelier, Danielle; Fritsch, Janine;	Instytut Biochemii i Biofizyki PAN	Japonia
25.	CN 201180048679	2011-06-20	CN103228632 201180048679	Compounds as modulators of a mutant CFTR protein and their use for treating diseases associated with CFTR protein malfunction.	Odolczyk, Norbert; Zielenkiewicz, Piotr; Wieczorek, Grzegorz; Edelman, Aleksander; Tondelier, Danielle; Fritsch, Janine;	Instytut Biochemii i Biofizyki PAN	Chiny
26.	MX/a/2013/002 895	2011-06-20	329971	Compuestos como moduladores de una proteina CFTR mutante y su uso para tratar enfermedades asociadas con las deficiencias de la proteina CFTR.	Odolczyk, Norbert; Zielenkiewicz, Piotr; Wieczorek, Grzegorz; Edelman, Aleksander; Tondelier, Danielle; Fritsch, Janine;	Instytut Biochemii i Biofizyki PAN	Meksyk
27.	225166	2011-06-20	225166	Compounds as modulators of a mutant CFTR protein and their use for treating diseases associated with CFTR protein malfunction.	Odolczyk, Norbert; Zielenkiewicz, Piotr; Wieczorek, Grzegorz; Edelman, Aleksander; Tondelier, Danielle; Fritsch, Janine;	Instytut Biochemii i Biofizyki PAN	Izrael

28.	11736202.0	2011-06-20	2616444	Compounds as modulators of a mutant CFTR protein and their use for treating diseases associated with CFTR protein malfunction.	Odolczyk, Norbert; Zielenkiewicz, Piotr; Wieczorek, Grzegorz; Edelman, Aleksander; Tondelier, Danielle; Fritsch, Janine;	Instytut Biochemii i Biofizyki PAN	EPO
29.	11736202.0	2011-06-20	60 2011 019 175.6	Verbindungen Als Modulatoren Eines Mutanten CFTR-Proteins Und Ihre Verwendung Zur Behandlung Von Erkrankungen Im Zusammenhang Mit Einer CFTR-Proteinfehlfunktion.	Odolczyk, Norbert; Zielenkiewicz, Piotr; Wieczorek, Grzegorz; Edelman, Aleksander; Tondelier, Danielle; Fritsch, Janine;	Instytut Biochemii i Biofizyki PAN	Niemcy
30.	11736202.0	2011-06-20	DK/EP 2616444, 20150826	Compounds As Modulators Of A Mutant CFTR Protein And Their Use For Treating Diseases Associated With CFTR Protein Malfunction.	Odolczyk, Norbert; Zielenkiewicz, Piotr; Wieczorek, Grzegorz; Edelman, Aleksander; Tondelier, Danielle; Fritsch, Janine;	Instytut Biochemii i Biofizyki PAN	Dania
31.	11736202.0	2011-06-20	E011502(EE-EP2616444)	Ühendid mutantse CFTR-proteiini modulaatoritena ja nende kasutamine CFTR- proteiini häiretega seotud haiguste ravimisel.	Odolczyk, Norbert; Zielenkiewicz, Piotr; Wieczorek, Grzegorz; Edelman, Aleksander; Tondelier, Danielle; Fritsch, Janine;	Instytut Biochemii i Biofizyki PAN	Estonia
32.	E11736202	2011-06-20	ES2553628	Compuestos como moduladores de una proteína CFTR mutante y su uso para el tratamiento de enfermedades asociadas con el mal funcionamiento de la proteína CFTR.	Odolczyk, Norbert; Zielenkiewicz, Piotr; Wieczorek, Grzegorz; Edelman, Aleksander; Tondelier, Danielle; Fritsch, Janine;	Instytut Biochemii i Biofizyki PAN	Hiszpania
33.	11736202.0	2011-06-20	EP2616444	Yhdisteet Mutantin CFTR-Proteiinin Modulaattoreina Ja Niiden Käyttö CFTR-Proteiinin Toimintahäiriöön Liittyvien Sairauksien Hoitamiseksi.	Odolczyk, Norbert; Zielenkiewicz, Piotr; Wieczorek, Grzegorz; Edelman, Aleksander; Tondelier, Danielle; Fritsch, Janine;	Instytut Biochemii i Biofizyki PAN	Finlandia

34.	11736202.0	2011-06-20	EP2616444	Composés Modulateurs D'une Protéine CFTR Mutante Et Leur Utilisation Pour Le Traitement De Maladies Associées À Un Dysfonctionnement De La Protéine Cfr.	Odolczyk, Norbert; Zielenkiewicz, Piotr; Wieczorek, Grzegorz; Edelman, Aleksander; Tondelier, Danielle; Fritsch, Janine;	Instytut Biochemii i Biofizyki PAN	Francja
35.	HRP20151224T	2011-06-20	P20151224	Tvari sa svojstvom modulatora mutiranog CFTR proteina i njihova uporaba za liječenje bolesti povezanih s nepravilnošću funkcije CFTR proteina.	Odolczyk, Norbert; Zielenkiewicz, Piotr; Wieczorek, Grzegorz; Edelman, Aleksander; Tondelier, Danielle; Fritsch, Janine;	Instytut Biochemii i Biofizyki PAN	Chorwacja
36.	11736202.0	2011-06-20	E11736202, E026271	Compounds as modulators of a mutant CFTR protein and their use for treating diseases associated with CFTR protein malfunction.	Odolczyk, Norbert; Zielenkiewicz, Piotr; Wieczorek, Grzegorz; Edelman, Aleksander; Tondelier, Danielle; Fritsch, Janine;	Instytut Biochemii i Biofizyki PAN	Węgry
37.	EP11736202	2011-06-20	2616444	Junginiai, kaip mutacijas turinčio CFTR baltymo modulatoriai, ir jų panaudojimas ligų, susijusių su CFTR baltymo sutrikusia funkcija, gydymui.	Odolczyk, Norbert; Zielenkiewicz, Piotr; Wieczorek, Grzegorz; Edelman, Aleksander; Tondelier, Danielle; Fritsch, Janine;	Instytut Biochemii i Biofizyki PAN	Litwa
38.	11736202.0	2011-06-20	RO/EP2616444	Compuși Ca Modulatori Ai Unei Proteine CFTR Mutante Și Utilizarea Lor Pentru Tratarea Bolilor Asociate Cu Funcționarea Defectuoasă A Proteinei CFTR.	Odolczyk, Norbert; Zielenkiewicz, Piotr; Wieczorek, Grzegorz; Edelman, Aleksander; Tondelier, Danielle; Fritsch, Janine;	Instytut Biochemii i Biofizyki PAN	Rumunia
39.	11736202.0	2011-06-20	SE2616444	Föreningar som modulatorer för ett muterat CFTR-protein samt användande av dem för behandling av sjukdomar med samband med felfunktion hos CFTR-protein.	Odolczyk, Norbert; Zielenkiewicz, Piotr; Wieczorek, Grzegorz; Edelman, Aleksander; Tondelier, Danielle; Fritsch, Janine;	Instytut Biochemii i Biofizyki PAN	Szwecja

40.	11736202.0	2011-06-20	E 19993	Compounds as modulators of a mutant CFTR protein and their use for treating diseases associated with CFTR protein malfunction.	Odolczyk, Norbert; Zielenkiewicz, Piotr; Wieczorek, Grzegorz; Edelman, Aleksander; Tondelier, Danielle; Fritsch, Janine;	Instytut Biochemii i Biofizyki PAN	Słowacja
41.	11736202.0	2011-06-20	2015 14790	Mutant cftr proteini modulatorleri olarak bileşikler ve cftr proteini işlev bozukluğuyla ilgili hastalıkların tedavisine yönelik kullanımları.	Odolczyk, Norbert; Zielenkiewicz, Piotr; Wieczorek, Grzegorz; Edelman, Aleksander; Tondelier, Danielle; Fritsch, Janine;	Instytut Biochemii i Biofizyki PAN	Turcja
42.	CZ2011-736202	2011-06-20	EP2616444	Sloučeniny jako modulatory mutantního CFTR proteinu a jejich použití pro léčení onemocnění spojených s poruchou CFTR proteinu.	Odolczyk, Norbert; Zielenkiewicz, Piotr; Wieczorek, Grzegorz; Edelman, Aleksander; Tondelier, Danielle; Fritsch, Janine;	Instytut Biochemii i Biofizyki PAN	Czechy
43.	201130667	2011-06-20	SI2616444	Spojine kot modulatorji mutantnega CFTR proteina in njihova uporaba za zdravljenje bolezni, povezanih s CFTR proteinsko okvaro.	Odolczyk, Norbert; Zielenkiewicz, Piotr; Wieczorek, Grzegorz; Edelman, Aleksander; Tondelier, Danielle; Fritsch, Janine;	Instytut Biochemii i Biofizyki PAN	Słowenia
44.	EP11736202	2011-06-20	EP2616444	Compounds as modulators of a mutant CFTR protein and their use for treating diseases associated with CFTR protein malfunction.	Odolczyk, Norbert; Zielenkiewicz, Piotr; Wieczorek, Grzegorz; Edelman, Aleksander; Tondelier, Danielle; Fritsch, Janine;	Instytut Biochemii i Biofizyki PAN	Holandia
45.	EP11736202	2011-06-20	EP2616444	Verbindungen als Modulatoren eines mutanten CFTR-Proteins und ihre Verwendung zur Behandlung von Erkrankungen im Zusammenhang mit einer CFTR-Proteinfehlfunktion.	Odolczyk, Norbert; Zielenkiewicz, Piotr; Wieczorek, Grzegorz; Edelman, Aleksander; Tondelier, Danielle; Fritsch, Janine;	Instytut Biochemii i Biofizyki PAN	Austria

46.	EP11736202	2015-11-25	3087566	Compounds as modulators of a mutant CFTR protein and their use for treating diseases associated with CFTR protein malfunction.	Odolczyk, Norbert; Zielenkiewicz, Piotr; Wieczorek, Grzegorz; Edelman, Aleksander; Tondelier, Danielle; Fritsch, Janine;	Instytut Biochemii i Biofizyki PAN	Grecja
47.	EP11736202	2011-06-20	745105	Compounds as modulators of a mutant CFTR protein and their use for treating diseases associated with CFTR protein malfunction.	Odolczyk, Norbert; Zielenkiewicz, Piotr; Wieczorek, Grzegorz; Edelman, Aleksander; Tondelier, Danielle; Fritsch, Janine;	Instytut Biochemii i Biofizyki PAN	Irlandia
48.	PL 224377	2012-11-02	P401450	Szczep <i>Trichoderma atroviride</i> , sposób otrzymywania i zastosowanie szczepu <i>Trichoderma atroviride</i> jako środka biobójczego.	Joanna S. Kruszewska; Urszula Perlińska-Lenart; Sebastian Piłsyk; Wioletta Górka-Nieć; Patrycja Zembek; Sebastian Graczyk; Grażyna Palamarczyk	Instytut Biochemii i Biofizyki PAN	Polska
49.	PL 224387	2013-01-29	P402603	Transgeniczny szczep <i>Trichoderma atroviride</i> , otrzymywanie i zastosowanie szczepu <i>Trichoderma atroviride</i> jako biofungicydu.	Joanna S. Kruszewska; Urszula Perlińska-Lenart; Sebastian Piłsyk; Wioletta Górka-Nieć; Patrycja Zembek; Sebastian Graczyk; Grażyna Palamarczyk	Instytut Biochemii i Biofizyki PAN	Polska

– wykaz zgłoszeń i uzyskanych praw ochronnych na wzory użytkowe

Lp.	Numer zgłoszenia	Data zgłoszenia	Numer prawa wyłącznego	Tytuł	Twórca / Twórcy (nazwisko i imię)	Nazwa uprawnionego	Kraj lub organizacja gdzie dokonano zgłoszenia
-	-	-	-	-	-	-	-

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 dotyczy**

II.6. Kształcenie i rozwój kadry naukowej

II.6.1. Wykaz uzyskanych tytułów i stopni naukowych pracowników jednostki w roku sprawozdawczym:

- profesora nadany przez Prezydenta RP (imię i nazwisko pracownika)

Imię i nazwisko	Tytuł pracy habilitacyjnej	Dziedzina i zakres nadanego stopnia naukowego
-	-	-

- 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
-	-	-

- 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
Łukasz Pleśniak	Analizy izotopowe C, H, S jako wskaźnik migracji składników gazu ziemnego w złożu Borzęcin.	dziedzina – nauki o Ziemi, dyscyplina – geologia

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
Anna Niedźwiecka	Biofizyczne podstawy oddziaływań analogów końca 5' mRNA z triadą białek regulującą eukariotyczną ekspresję genów.	dziedzina – nauki biologiczne; dyscyplina – biofizyka
Michał Vieth	Metody poprawy jakości modeli obliczeniowych w projektowaniu leków.	dziedzina – nauki biologiczne; dyscyplina – biofizyka
Krzysztof Ginalski	Przewidywanie struktury i funkcji białek.	dziedzina – nauki biologiczne; dyscyplina – biofizyka

- doktora

Imię i nazwisko	Tytuł pracy doktorskiej	Dziedzina i zakres nadanego stopnia naukowego
Kamil Jastrzębski	Rola GTPaz z rodziny Rho w transporcie endocytarnym oraz szlaku sygnałowym płytkowego czynnika wzrostu.	dziedzina – nauki biologiczne; dyscyplina – biologia
Zuzanna Tracz-Gaszewska	Białka opiekuńcze w nabywaniu własności onkogennych przez zmutowany TP53.	dziedzina – nauki biologiczne; dyscyplina – biochemia
Magdalena Kania	Badania nad biosyntezą i strukturą poliizoprenoidów z zastosowaniem spektrometrii mas.	dziedzina – nauki biologiczne; dyscyplina – biochemia

II.6.3. Studia doktoranckie - stan na dzień 31 grudnia (w przypadku środowiskowych studiów wypełnia jeden upoważniony do tego instytut naukowy PAN)

Liczba uczestników studiów doktoranckich prowadzonych przez instytut naukowy PAN, w podziale na formy studiów i płeć doktorantów:								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: stypendium doktoranckie, o którym mowa w art. 200 ust. 1 ustawy z dnia 27 lipca 2005 r. - Prawo o szkolnictwie wyższym, przyznane przez dyrektora instytutu PAN prowadzącego studia
K	M	K	M	K	M	K	M		
92	47	19	7	0	0	0	0		
Liczba uczestników studiów doktoranckich ogółem						w tym: przyjęci w roku sprawozdawczym		ogółem	57
K			M			K	M		
92			47			19	7		

Blizsze informacje o doktorantach niebędących obywatelami polskimi, zwanymi dalej „cudzoziemcami”

Liczba cudzoziemców ogółem		w tym: przyjęci w roku sprawozdawczym	
8		1	
Kraj pochodzenia	Liczba cudzoziemców	Kraj pochodzenia	Liczba cudzoziemców
1) Indie	5	1) Indie	1
2) Litwa	1		
3) Portugalia	1		
4) Ukraina	1		

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 Domańska	Rola ligazy ubikwitynowej Rsp5 w biogenezie tRNA u drożdży <i>Saccharomyces cerevisiae</i> .	dziedzina – nauki biologiczne; dyscyplina – biochemia
Karolina Morgiewicz	Skrajna odporność roślin ziemniaka (<i>Solanum tuberosum</i> L.) na wirus PVY warunkowana przez gen Ry-fsto – charakterystyka na poziomie molekularnym i komórkowym.	dziedzina – nauki biologiczne; dyscyplina – biochemia
Marta Modzelan	Białko Nudix NudC jako regulator równowagi redoks w komórkach <i>Pseudomonas syringae</i> .	dziedzina – nauki biologiczne; dyscyplina – biochemia
Aleksandra Skrajna	Mechanizmy molekularne regulacji procesu dojrzewania końca 3'histonowych mRNA.	dziedzina – nauki biologiczne; dyscyplina – biofizyka
Arkadiusz Gładki	Ewolucja dominacji i bakteryjnych celów działania antybiotyków.	dziedzina – nauki biologiczne; dyscyplina – biologia
Dominika Gratkowska	Identyfikacja roli kompleksów remodelujących chromatynę typu SWI/SNF u <i>Arabidopsis thaliana</i> w odpowiedzi na stres chłodu.	dziedzina – nauki biologiczne; dyscyplina – biologia
Aleksandra Grylak-Mielnicka	Rola Rho-zależnej terminacji transkrypcji w regulacji ekspresji genów w <i>Bacillus subtilis</i> .	dziedzina – nauki biologiczne; dyscyplina – biochemia

Marek Żurczak	Badanie stanu równowagi cytoplazmatyczno-jądrowej receptorów NB-LRR w odpowiedzi roślin na infekcje wirusowe.	dziedzina – nauki biologiczne; dyscyplina – biochemia
Asgar Abbas Kazrani	Biochemical and structural studies of 5-hydroxymethylcytosine specific endonucleases.	dziedzina – nauki biologiczne; dyscyplina – biochemia
Krzysztof Tarnowski	Badania struktury i dynamiki białek z zastosowaniem techniki wymiany wodoru-deuter monitorowanej za pomocą spektrometrii mas.	dziedzina – nauki biologiczne; dyscyplina – biofizyka

II.6.4. Udział pracowników jednostki w różnych formach kształcenia podoktorskiego w instytucjach zagranicznych (studia, staże, stypendia, inne, ukończone w roku sprawozdawczym). Dotyczy osób, które będąc pracownikami jednostki, uczestniczyły w tych formach kształcenia.

Krótki opis: imię i nazwisko pracownika; zagraniczny ośrodek naukowy; forma kształcenia; okres kształcenia, rok od-do; wybrane uzyskane najważniejsze rezultaty badawcze (ew. publikacje).

Imię i nazwisko pracownika	Zagraniczny ośrodek naukowy	Forma kształcenia	Okres kształcenia, rok od-do	Wybrane uzyskane najważniejsze rezultaty badawcze (ew. publikacje)
Adam Jóźwiak	Weizmann Institute, Izrael	Staż naukowy	01-12. 2016	Wykazano, że stres osmotyczny moduluje względny udział szlaków syntetyzujących izoprenoidy u roślin – znacząco rośnie udział szlaku fosforanu metyloerytroitylu a maleje - szlaku miewalonowego (manuskrypt wysłany do redakcji).
Marta Moskot	Telethon Institute of Genetics and Medicine (TIGEM), Pozzuoli, Włochy	Staż w ramach stypendium NCN Etiuda (2014/12/T/NZ2/00538)	04.-06.2016	Ocena stopnia translokacji czynnika transkrypcyjnego EB (TFEB) oraz liczby i rozmieszczenia lizosomów pod wpływem działania wybranych flawonoidów i ich mieszanin.
Katarzyna Szymańska	INRA Dijon, Burgundy, Francja	Staż w ramach stypendium NCN Etiuda (2016/16/T/NZ1/00164)	06.06-30.09.2016	Określenie roli kinazy SnRK2.4 w odporności roślin na infekcję <i>B.cinerea</i> zaindukowanej poprzez wcześniejsze traktowanie roślin kwasem β -aminomasłowym (BABA) oraz oligogalakuronidami (OG).
Nina Wezynfeld	Karlsruher Institut für Technologie, Karlsruhe, Niemcy	Staż w ramach stypendium NCN Etiuda (2015/16/T/NZ1/00377)	01.04-30.09.2016	Wyznaczanie stężenia jonów niklu w cytoplazmie i jądrze komórkowym po ekspozycji komórek A549 na nanocząstki związków niklu. Powstawanie mikrojąder na skutek ekspozycji komórek A549 na cząstki związków niklu.

Piotr Golec	Ernst-Moritz-Arndt University of Greifswald, Greifswald, Niemcy	Staż naukowy	02-03.2016	Identyfikacja białek bakteryjnych biorących udział w regulacji odpowiedzi na stres beztlenowy.
Krystyna Bińko	Institut de Biochimie et Genetique Cellulaire, CNRS- Université Bordeaux, Francja	Staż w ramach programu Polonium	03-10.10.2016	Biogeneza syntazy ATP – praca eksperymentalna.
Natalia Skoczeń	Institut de Biochimie et Genetique Cellulaire, CNRS- Université Bordeaux, Francja	Staż w ramach programu Polonium	30.06- 07.07.2016	Allotopowa ekspresja genów mitochondrialnych – praca eksperymentalna.

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
90	35	18	9

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	66	24
a) w uczelniach wyższych	66	19
b) w innych instytucjach	0	5
2. za granicą	1	6

Wykaz krajowych i/lub zagranicznych ośrodków naukowych, w których pracownicy jednostki prowadzili działalność dydaktyczną w roku sprawozdawczym.

lp	Nazwa placówki	Kraj
1.	Politechnika Warszawska, Wydział Chemiczny, Warszawa	Polska
2.	Politechnika Warszawska, Wydział Biotechnologii, Warszawa	Polska
3.	Uniwersytet Warszawski, Wydział Biologii, Warszawa	Polska
4.	Uniwersytet Warszawski, Wydział Geografii i Studiów Regionalnych, Warszawa	Polska
5.	Uniwersytet Warszawski, Makrokierunek Bioinformatyka i Biologia Systemów, Warszawa	Polska
6.	Uniwersytet Gdański, Kryminologia Wydziału Prawa i Administracji, Gdańsk	Polska
7.	Uniwersytet Gdański, Kryminologia Wydział Biologii, Gdańsk	Polska
8.	Uniwersytet Gdański, Kryminologia Wydział Biologii Molekularnej, Gdańsk	Polska
9.	Uniwersytet Medyczny w Lublinie, Wydział Farmaceutyczny z Oddziałem Analityki Medycznej, Lublin	Polska

10.	Instytut Chemii Bioorganicznej PAN, Poznań	Polska
11.	Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego, Wydział Rolnictwa i Biologii, Warszawa	Polska
12.	Friedrich Miescher Institute, Basel	Szwajcaria
13.	University of Michigan, Ann Arbor	USA
14.	INRA, Montpellier	Francja
15.	Seoul National University, Seoul, North Korea	Korea Południowa
16.	University of Novi Sad, Faculty of Science, Novi Sad	Serbia

II.8. Współpraca z zagranicą

II.8.1. Umowy i porozumienia o współpracy naukowej zawarte przez jednostkę z partnerem zagranicznym

Liczba ogółem: 14

z tego:

Kraj	Partner	Nazwa dokumentu	Okres obowiązywania
EU	161 członków z 66 instytucji	COST fa1208 pathogen-informed strategies for sustainable broad-spectrum crop resistance	04/2013-04/2017
Belgia	Prof. Henri Batoko	Cooperation between FRS-FNRS and PAS	2016-2018
Francja	Centre de Génétique Moléculaire – CNRS UPR3404	GDRE “Paramecium Genome Dynamics and Evolution”	2014-2017
Francja	INRA	Polonium	2015-2016
Hiszpania	IPLA-CSIC, Instituto de Productos Lacteos	porozumienie PAN/CSIC	Od 2007
Hiszpania	Prof. Miquel Coll, Institute of Research in Biomedicine, Barcelona	Umowa w ramach projektu Harmonia 2012/04/M/NZ1/00068, kierownik Dr Agnieszka Maciejewska	2012 - 2016
Niemcy	Ruhr-Universitat Bochum	list intencyjny	od 2013, bezterminowo
Norwegia	Dr Storvold Rune, Dr Stain-Rune Carlsen Northern Research Institute, Tromsø	Umowa o współpracy polsko-norweskiej Projekt: "A novel approach to monitoring the impact of climate change on Antarctic ecosystems." POL-NOR/197810/84/2013	2013-2016
Norwegia	Dr Nalan Koc, Dr Andrew Lowther, Norwegian Polar Institute (NPI) , Tromsø	Umowa o współpracy polsko-norweskiej Projekt: "Satellite tracking of non-breeding Adelie penguins during the breeding season, in CCAMLR subarea 48.1"	2016-2018
Norwegia	Prof. Anie Klungland, Oslo University Hospital, Department of Molecular Biology, Institute of Microbiology	Umowa o współpracy polsko-norweskiej Projekt: "Role of the FTO dioxygenase in development of obesity - multidisciplinary study on selected model systems." POL-NOR/196258/59/2013	2013 - 2017
Norwegia	UiT The Arctic University of Norway, Department of Chemistry, The Norwegian Structural Biology Centre (Prof. Richard A. Engh)	Umowa o współpracy polsko-norweskiej Projekt: " Toward structural characterization of novel mechanism of inhibition of SnRK2s activity by calcium sensor (SCS) in plants." POL-NOR/203156/70/2013	2013 - 2017

Węgry	Uniwersytet Szeged	Polsko-Węgierski wspólny projekt badawczy w ramach porozumienia o współpracy naukowej między PAN i Węgierską Akademią Nauk	2014-2016
Włochy	Uniwersytet Padwa	COST NGP-NET	2015-2019

II.8.2. Zagraniczne instytucje naukowe, z którymi jednostka współpracuje w sposób ciągły bez zawartego porozumienia – **liczba ogółem - 88.**

II.8.3. Tematy realizowane we współpracy z zagranicą – **liczba tematów ogółem - 87.**

II.8.4. Uzyskane rezultaty współpracy:

We współpracy opublikowano 42 publikacje (kolejne cztery wysłane do druku, a 7 w przygotowaniu), uzyskano 31 patentów w kraju i za granicą. Na konferencjach zaprezentowano 7 wspólnych komunikatów konferencyjnych.

- wybrane rezultaty współpracy, np. wspólne publikacje, patenty, nowe metody badawcze i technologie (krótki opis 2 wybranych wyników, na każdy opis – maks. 500 znaków ze spacjami).

A novel approach to monitoring the impact of climate change on Antarctic ecosystems.

Zespół dr hab. Katarzyny Chwedorzewskiej

W ramach projektu Polsko-Norweskiego „A novel approach to monitoring the impact of climate change on Antarctic ecosystems (MONICA) – 197810” w ciągu trzech sezonów badawczych w Zachodniej Antarktyce uzyskano wysokiej jakości dane fotogrametryczne zebrane przy użyciu bezzałogowych statków latających (BSL) z wykorzystaniem odpowiednich sensorów. Na podstawie zebranych danych z łącznej powierzchni 17.4 km² zlokalizowano tereny rozrodcze, oszacowano wielkość populacji gatunków wskaźnikowych (ptaków i ssaków pętonogich), wykonano szczegółowe mapy fitosocjologiczne, wykonano opis geomorfologiczny terenów peryglacjalnych oraz opracowano cyfrowe modele badanych terenów. W projekcie opracowano techniki wysokowydajnego, niskonakładowego i bezinwazyjnego multidyscyplinarnego monitoringu z wykorzystaniem BSL. Na potrzeby analizy danych przystosowano techniki automatycznej analizy obrazu. Materiał pozyskano w oparciu o specjalnie zaprojektowany i skonstruowany prototypu BSL (PW-ZOOM) dedykowany do pracy w warunkach polarnych. Analiza uzyskanych danych pozwoli na określenie wpływu zmian klimatycznych na kluczowe elementy ekosystemu morskiej Antarktyki, a zebrane dane będą bazą dla długoterminowych obserwacji środowiskowych.

The architecture of the Schizosaccharomyces pombe CCR4-NOT complex.

Zespół Prof. dr. hab. Andrzeja Dziembowskiego

CCR4-NOT jest dużym ewolucyjnie zachowanym kompleksem białkowym o masie około 1 MDa uczestniczącym w wielu różnych procesach związanych ekspresją informacji genetycznej. Jest główną deadenylazą odpowiedzialną za skracanie ogona poli(A) cząsteczek mRNA określając w ten sposób ich stabilność przez co jest najważniejszym enzymem regulującym ekspresję genów na etapie postranskrypcyjnym. Jest to także kluczowym efektem działania miRNA. Grupa Prof. Dziembowskiego we współpracy z laboratorium

Prof. Valpuesta'y (Madryt), za pomocą mikroskopii elektronowej rozwiązała strukturę trójwymiarową tego niezwykle ważnego dla fizjologii komórki kompleksu. Określono pozycje wszystkich domen katalitycznych oraz powierzchnie odpowiedzialne za oddziaływanie ze współpracującymi białkami. Wyniki dostarczyły informacji niezbędnych do zrozumienia mechanizmu działania kompleksu CCR4-NOT.

II.9. Międzynarodowe centra naukowe (działające w strukturze jednostki)

II.9.1. Dane organizacyjne:

nie dotyczy

II.9.2. Działalność naukowa:

nie dotyczy

II.9.3. Działalność dydaktyczna:

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: 0

z tego:

nie było

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).

Naukowcy IBB PAN w 2016 r. brali udział w następujących działaniach popularyzujących naukę:

1. 20. Piknik Naukowy Polskiego Radia i Centrum Nauki Kopernik – „Zdrowie”, 07.05.2016

Makromolekuły w 3D.

dr Paweł Szczęsny, dr Paweł Siedlecki, dr Arkadiusz Gładki

W trakcie pokazu można było zobaczyć molekularny świat białek i kwasów nukleinowych w postaci interaktywnych wizualizacji 3D oraz własnoręcznie dokonać manipulacji wybranymi biomolekułami. W ten sposób można się było dowiedzieć się, jak nowe leki mogą powstać w komputerze. Biosygnały z ludzkiego ciała

Czy ruch dłonią wyzwała impulsy elektryczne?

dr Paweł Szczęsny, dr Paweł Siedlecki, dr Arkadiusz Gładki

Pokazywano to za pomocą specjalnych czujników. Informowano, w jaki sposób podobne techniki wykorzystywane są w diagnostyce medycznej.

2. XX Festiwal Nauki w Warszawie, 24.09-02.10.2016

Wykłady:

Bakterie mlekowe w naszym otoczeniu.

mgr Jakub Boreczek, mgr Magdalena Chmielewska-Jeznach, mgr Aleksandra Tymoszevska, mgr Katarzyna Izdebska

Podczas spotkania można się było dowiedzieć, jakie bakterie pomagają ulepszać żywność i które produkty z naszej lodówki dzięki nim powstają.

Gen – jak go ugryźć?

dr Damian Graczyk, dr Ewa Skowronek, mgr Ewa Leśniewska, mgr Olga Wojnowska

Uczestnicy zapoznali się z pracą w laboratorium badawczym oraz niektórymi metodami biologii molekularnej m.in., przeprowadzali eksperyment z wykorzystaniem trawienia enzymami restrykcyjnymi.

Lekcje:

Jak „zobaczyć” geny plazmidowe u bakterii mlekowych?

dr Magdalena Kowalczyk, mgr Jakub Boreczek, mgr Aleksandra Tymoszevska, mgr Katarzyna Izdebska, mgr Magdalena Chmielewska-Jeznach

Podczas spotkania pokazano, jak można wykryć obecność bakterii mlekowych i zaprezentowano ich komórki. Opowiedziano także, co i w jaki sposób "mówią" nam o sobie bakterie mlekowe.

Czym są plazmidy?

dr Izabela Kern-Zdanowicz

Uczestnicy spotkania dowiedzieli się czym są plazmidy oraz jaką rolę odgrywają u bakterii te cząsteczki DNA. Odpowiedziano na pytanie dlaczego bakterie stają się niewrażliwe na antybiotyki i co mają do tego plazmidy.

II.11. Działalność zaplecza naukowego jednostki, o charakterze ogólnoodrodowskowym, 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 było

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 równorzędnych, nagrody resortowe, uczelni wyższych, fundacji, towarzystw, instytucji oraz osób działających na rzecz nauki, nagrody przyznawane przez jednostkę).

Nazwa/rodzaj nagrody	Za co przyznana	Przez kogo przyznana	Komu przyznana
Nagroda Prezesa Rady Ministrów za wyróżnioną rozprawę doktorską	Za rozprawę doktorską	Prezes Rady Ministrów	dr Marcin Jaciuk
Stypendium dla wybitnych młodych naukowców	Za osiągnięcia naukowe	Minister Nauki i Szkolnictwa Wyższego	dr Marta Moskot
Stypendium Ministra Nauki i Szkolnictwa Wyższego dla młodych wybitnych naukowców	Za osiągnięcia naukowe	Minister Nauki i Szkolnictwa Wyższego	dr Szymon Kubala
Stypendium Ministra Nauki i Szkolnictwa Wyższego dla młodych wybitnych naukowców	Za osiągnięcia naukowe	Minister Nauki i Szkolnictwa Wyższego	dr Damian Graczyk
Nagroda Wydziału II PAN Nauk Biologicznych i Rolniczych PAN	Za cykl prac pt.: „Mechanizm biosyntezy i biologiczna rola poliizoprenoidów u eukariontów”	Wydział II PAN Nauk Biologicznych i Rolniczych PAN	prof. dr hab. Ewa Świeżewska
Wyróżnienie	Za cykl prac pt.: „Szczególne zastosowanie flawonoidów w terapii genetycznie uwarunkowanych chorób metabolicznych z grupy lizosomalnych chorób spichrzeniowych (LChS)”	Wydział II Nauk Biologicznych i Rolniczych PAN	prof. PAN, dr hab. Magdalena Gabig-Cimińska, dr Marta Moskot
Stypendium START	Za osiągnięcia naukowe	Fundacja na Rzecz Nauki Polskiej	mgr inż. Sebastian Sacharowski
Członkostwo honorowe	Za wybitne osiągnięcia naukowe i w dziedzinie popularyzacji	Polskie Towarzystwo Genetyczne	prof. dr hab. Ewa Bartnik
Nagroda Polskiego Towarzystwa Genetycznego	Za publikację: „DIS3 shapes the RNA polymerase II transcriptome in humans by degrading a variety of unwanted transcripts”, Genome Research, 25(11): 1622-1633	Polskiego Towarzystwo Genetyczne	dr Teresa Szczepińska, mgr Katarzyna Kalisiak, dr hab. Rafał Tomecki, mgr Anna Łabno, dr Łukasz Borowski, lek. Tomasz M. Kuliński, mgr Dorota Adamska, prof. dr. hab. Andrzej Dziembowski

Nagroda Parnasa	Za publikację: „NTR1 is required for transcription elongation checkpoints at alternative exons in <i>Arabidopsis</i> . ” EMBO Journal (2015) 34(4): 544-558	Polskiego Towarzystwo Biochemiczne	dr Szymon Świeżewski
Certificate of distinction	Za prezentację: „Evolutionary rate of antibacterial drug targets”	X Kongres Societas Humboldtiana Polonorum, Łódź, 30.06-02-07.2016	dr Arkadiusz Gładki
I-sza nagroda	Za plakat „Dissociation of amyloid aggregates with photo-switchable molecular levers”	6th Visegrad Symposium on Structural Systems Biology	dr Grzegorz Wieczorek
I Nagroda za najlepszą publikację w 2015 r.	Za publikację: „DIS3 shapes the RNA polymerase II transcriptome in humans by degrading a variety of unwanted transcripts” Genome Research (2015) 25:1622-1633	Rada Naukowa IBB PAN	prof. dr hab. Andrzej Dziembowski, dr Łukasz S. Borowski, dr Rafał Tomecki mgr Katarzyna Kalisiak mgr Anna Łabno mgr Dorota Adamska Tomasz M. Kuliński
II Nagroda za najlepszą publikację w 2015 r.	Za publikację: „Polyprenol reductase deficiency is lethal in <i>Arabidopsis</i> due to male sterility. ” Plant Cell 27, 3336, 2015	Rada Naukowa IBB PAN	prof. dr hab. Ewa Świeżewska dr Anna Buczkowska dr Katarzyna Gawarecka dr Małgorzata Gutkowska dr Adam Józwiak dr Małgorzata Lichocka dr Liliana Surmacz
III Nagroda za najlepszą publikację w 2015 r.	Za publikację: „A functional role for Aβ in metal homeostasis? N-truncation and high-affinity copper binding. ” Angew. Chem. Int. Ed. 54, 10460-10464, 2015	Rada Naukowa IBB PAN	prof. dr hab. Wojciech Bal dr Tomasz Frączyk dr Arkadiusz Bonna mgr inż. Mariusz Mital mgr inż. Nina Wezynfeld
Stypendium dla najlepszych doktorantów	Dla najlepszych doktorantów IBB PAN za rok 2015/2016	Komisja Stypendialna dla Doktorantów IBB PAN	mgr Anna Łukasik
Stypendium dla najlepszych doktorantów	Dla najlepszych doktorantów IBB PAN	Komisja Stypendialna dla Doktorantów IBB PAN	mgr inż. Nina Wezynfeld
Stypendium dla najlepszych doktorantów	Dla najlepszych doktorantów IBB PAN	Komisja Stypendialna dla Doktorantów IBB PAN	mgr inż. Mariusz Mital
Stypendium dla najlepszych doktorantów	Dla najlepszych doktorantów IBB PAN	Komisja Stypendialna dla Doktorantów IBB PAN	mgr Anna Łabno
Stypendium dla najlepszych doktorantów	Dla najlepszych doktorantów IBB PAN	Komisja Stypendialna dla Doktorantów IBB PAN	mgr Agnieszka Macioła
Stypendium dla najlepszych doktorantów	Dla najlepszych doktorantów IBB PAN	Komisja Stypendialna dla Doktorantów IBB PAN	mgr Ewa Podobas

Stypendium dla najlepszych doktorantów	Dla najlepszych doktorantów IBB PAN	Komisja Stypendialna dla Doktorantów IBB PAN	mgr Piotr Soczewka
--	-------------------------------------	--	--------------------

II.12.2. Nagrody i wyróżnienia przyznane za praktyczne zastosowanie wyników B+R

nazwa-rodzaj nagrody/za co przyznana/przez kogo/komu

(m.in. Prezydenta RP, Prezesa Rady Ministrów, nagrody PAN, nagrody resortowe, uczelni wyższych, fundacji, towarzystw, instytucji oraz osób działających na rzecz nauki, krajowych izb gospodarczych, medali i wyróżnień przyznanych na targach krajowych i zagranicznych, nagrody przyznawane przez jednostkę).

Nazwa/rodzaj nagrody	Za co przyznana	Przez kogo przyznana	Komu przyznana
Nominacja do Polskiej Nagrody Inteligentnego Rozwoju 2016	Za realizację projektu grantowego w ramach programu Biostrateg II Narodowego Centrum Badań i Rozwoju pt. „Innowacyjna instalacja produkująca wodór i metan metodą mikrobiologiczną z odpadów i produktów ubocznych przemysłu cukrowniczego wraz z zastosowaniami otrzymywanych gazów i zapewnieniem samowystarczalności energetycznej oczyszczalni ścieków w cukrowni” Lider-IBB PAN	Puls Biznesu	IBB PAN (kierownik projektu dr hab. Anna Sikora)
Polska Nagrody Inteligentnego Rozwoju 2016 w kategorii: Innowacyjna Firma	Za realizację projektu grantowego w ramach programu Biostrateg II Narodowego Centrum Badań i Rozwoju pt. „Innowacyjna instalacja produkująca wodór i metan metodą mikrobiologiczną z odpadów i produktów ubocznych przemysłu cukrowniczego wraz z zastosowaniami otrzymywanych gazów i zapewnieniem samowystarczalności energetycznej oczyszczalni ścieków w cukrowni” Lider-IBB PAN	Puls Biznesu, Centrum Inteligentnego Rozwoju	KSC S.A. (kierownik projektu dr hab. Anna Sikora)

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	
276	116	31	2	8	0	38	39	160

III.2. Zatrudnienie średnioroczne w przeliczeniu na pełne etaty*:

Liczba ogółem/w tym naukowych.

258,79/104,93

III.3. Zatrudnienie w roku sprawozdawczym według stanu na dzień złożenia wniosku o przyznanie dotacji na utrzymanie potencjału badawczego, o którym mowa w załączniku nr 1 do rozporządzenia Ministra Nauki i Szkolnictwa Wyższego z dnia 11 września 2015 r. w sprawie sposobu ustalania wysokości dotacji i rozliczania środków finansowych na utrzymanie potencjału badawczego oraz na badania naukowe lub prace rozwojowe oraz zadania z nimi związane, służące rozwojowi młodych naukowców oraz uczestników studiów doktoranckich (Dz. U. z 2015 r. poz. 1443) - liczba osób, w przeliczeniu na pełny wymiar czasu pracy, zatrudnionych w jednostce naukowej przy prowadzeniu badań naukowych lub prac rozwojowych na podstawie stosunku pracy, ustalona na podstawie złożonych pracodawcy przez pracowników pisemnych oświadczeń o wyrażeniu zgody na zaliczenie do tej liczby.

Liczba ogółem (liczba z dwoma miejscami po przecinku): 124,10

- w tym liczba pracowników w każdej z dziedzin nauki lub sztuki w obszarach wiedzy, zgodnie z rozporządzeniem Ministra Nauki i Szkolnictwa Wyższego z dnia 8 sierpnia 2011 r. w sprawie obszarów wiedzy, dziedzin nauki i sztuki oraz dyscyplin naukowych i artystycznych (Dz. U. Nr 179, poz. 1065):

L.p.	Dziedzina nauki	Liczba pracowników
1.	nauki o ziemi	1,00
2.	nauki biologiczne	114,10
3.	nauki chemiczne	5,00
4.	nauki farmakologiczne	1,00
5.	nauki medyczne	1,00
6.	nauki rolnicze	2,00

*zgodnie z obowiązującymi przepisami.

IV. INNE FORMY ZRZESZENIA JEDNOSTEK NAUKOWYCH PAN

– powołane dla potrzeb wspólnych przedsięwzięć naukowych lub prac rozwojowych (centra doskonałości, centra PAN, sieci i konsorcja naukowe, centra naukowe uczelni wyższych, centra naukowo-przemysłowe instytutów badawczych, inne)

IV.1. Działające w jednostce Centra Doskonałości:

Centrum Doskonałości – Genomika /16.09.2004/status nadany przez KBN

IV.2. Przynależność jednostki do centrów PAN (definicja centrum stosownie do przepisów obowiązującej ustawy o Polskiej Akademii Nauk)

nie dotyczy

IV.3. Przynależność jednostki do sieci naukowych (definicja sieci naukowej stosownie do przepisów obowiązującej ustawy o zasadach finansowania nauki):

Liczba ogółem: 5

L.p.	Nazwa	Data powołania sieci naukowej	Specjalność naukowa	Jednostki naukowe tworzące sieć
1.	Zastosowanie systemów bioinformatycznych, biologicznych i biotechnologicznych do poszukiwania nowych związków obniżających stężenie cholesterolu.	22.09.2011	Badania obejmujące opracowanie i przebadanie nowych związków chemicznych hamujących szlak biosyntezy cholesterolu.	- Instytut Biochemii i Biofizyki PAN - Warszawski Uniwersytet Medyczny
2.	Krajowa Sieć Informacji o Bioróżnorodności (Global Biodiversity Information Facility GBIF) http://www.gbif.edu/p/09.12.2003 , GBIF- 2001/	28.08.2008	Poznanie i ochrona różnorodności biologicznej, ze szczególnym uwzględnieniem obszaru Polski, a także gromadzenia, przetwarzania i udostępniania danych o bioróżnorodności	- Uniwersytet Warszawski - Centrum Badań Ekologicznych PAN - Instytut Badawczy Leśnictwa - Instytut Biochemii i Biofizyki PAN - Instytut Dendrologii PAN - Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin - Instytut Ochrony Przyrody PAN - Instytut Systematyki i Ewolucji Zwierząt PAN - Morski Instytut Rybacki - Muzeum i Instytut Zoologii PAN - Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego - Uniwersytet Gdański - Uniwersytet Jagielloński - Uniwersytet Mikołaja Kopernika - Uniwersytet Opolski - Uniwersytet Śląski - Uniwersytet w Białymstoku - Uniwersytet Wrocławski - Zakład Badania Ssaków PAN
3.	Sterowanie programem rozwoju układu pokarmowego i ekosystemu jelitowego noworodków dla poprawy zdrowia dorosłych zwierząt i człowieka	27.05.2008	Badania zajmujące się problematyką z zakresu rozwoju struktury i funkcji przewodu pokarmowego, mikrobiologii przewodu pokarmowego, żywienia nowo narodzonych ssaków, jak również ich praktycznym wykorzystaniem w rolnictwie i medycynie.	- Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego, - Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie, - Uniwersytet Jagielloński – Collegium Medicum, - Instytut Genetyki i Hodowli Zwierząt PAN, - Instytut Biochemii i Biofizyki PAN, - Uniwersytet Medyczny – Collegium Medicum im. Ludwika Rydygiera w Bydgoszczy, - Katolicki Uniwersytet Lubelski, - Uniwersytet Rolniczy im. Hugona Kołłątaja.
4.	Metabolizm RNA u eukariota	20.02.2008	Badania metabolizmu RNA u eukariota.	- Uniwersytet Warszawski, - Uniwersytet Adama Mickiewicza, - Uniwersytet Marii Curie-Skłodowskiej, - Instytut Biochemii i Biofizyki PAN, - Instytut Biologii Doświadczalnej im. M.

				Nenckiego PAN, - Instytut Chemii Bioorganicznej PAN, - Instytut Fizyki PAN, - Centrum Onkologii – Instytut
5.	Nowe zastosowania spektroskopii magnetycznego rezonansu jądrowego w chemii, biologii, farmacji i medycynie	20.05.2008	Działalność na rzecz rozwoju metodologii pomiarów magnetycznego rezonansu jądrowego, mającą na celu wdrożenie i komercjalizację badań NMR w chemii organicznej, bioorganicznej i farmaceutycznej oraz biologii i medycynie oraz diagnostyce medycznej <i>in vitro</i>	- Centrum Badań Molekularnych i Makromolekularnych PAN, - Instytut Chemii Bioorganicznej PAN, - Instytut Chemii Organicznej PAN, - Instytut Chemii Fizycznej PAN, - Uniwersytet Warszawski, - Wydział Chemii; Politechnika Warszawska, - Szkoła Zaawansowanych Technologii Chemicznych i Materiałowych, - Wydział Chemiczny, - Politechnika Łódzka, - Wydział Chemiczny, - Instytut Biochemii i Biofizyki PAN, - Narodowy Instytut Leków, - Instytut "Pomnik - Centrum Zdrowia Dziecka".

IV.4. Przynależność jednostki do konsorcjów naukowych (definicja konsorcjum naukowego stosownie do przepisów obowiązującej ustawy o zasadach finansowania nauki):

Liczba ogółem: 12

L.p.	Nazwa	Data powołania	Specjalność naukowa	Jednostki naukowe tworzące konsorcjum
1.	Polskie Konsorcjum Polarne (PKPol)	25.09.2014	badania polarne	- Instytut Biochemii i Biofizyki PAN, - Uniwersytet Śląski, - Uniwersytet Jagielloński, - Uniwersytet im. Adama Mickiewicza, - Uniwersytet Marii Curie Skłodowskiej, - Uniwersytet Gdański, - Uniwersytet Jana Kochanowskiego, - Uniwersytet Mikołaja Kopertka, - Uniwersytet Wrocławski, - Instytut Geofizyki PAN, - Instytut Oceanologii PAN, - Instytut Nauk Geologicznych PAN, - Akademia Morska w Gdyni, - Państwowy Instytut Geologiczny – Państwowy Instytut Badawczy, - Politechnika Gdańska, - Uniwersytet Warszawski, - Uniwersytet Łódzki, - Politechnika Warszawska.
2.	Konsorcjum realizujące projekt: „Szczepionka przeciw grypie - innowacyjne otrzymywanie antygenów podjednostkowych”	30.12.2013	biochemia	- Instytut Biotechnologii i Antybiotyków, - Instytut Biochemii i Biofizyki PAN, - Uniwersytet Gdański, - Instytut Rozrodu Zwierząt i Badań Żywności PAN

3.	Konsorcjum realizujące projekt: "Role of the FTO dioxygenase in development of obesity - multidisciplinary study on selected model systems"	01.07.2013	medycyna	- Instytut Biochemii i Biofizyki PAN, - Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego - Oslo University Hospital.
4.	Konsorcjum realizujące projekt: „Funkcjonalne zróżnicowanie niekodujących RNA u Eukariota”	01.02.2013	biochemia	- Instytut Biochemii i Biofizyki PAN, - Université 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)¹Nazwa/ data powołania/ specjalność naukowa/ jednostki tworzące

L.p.	Nazwa	Data powołania	Specjalność naukowa	Jednostki naukowe zawiązujące umowę
1.	Porozumienie o współpracy	11.01.2016	badania polarne	- Instytut Biochemii i Biofizyki PAN, - Uniwersytet Warszawski
2.	Umowa naukowo-badawcza	01.03.2016	biochemia	- Instytut Biochemii i Biofizyki PAN, - Instytut Rybactwa Śródlądowego im. Stanisława Sakowicza w Olsztynie (IRS Olsztyn)
3.	Basic cooperation agreement	12.06.2016	Chemia organiczna i analityczna, biochemia, biofizyka, biologia syntetyczna, chemoinformatyka	- Instytut Biochemii i Biofizyki PAN, - University of Orleans, France

¹ Definicja centrum naukowego uczelni oraz centrum naukowo-przemysłowego instytutu badawczego - stosownie do przepisów obowiązujących ustaw – odpowiednio – o szkolnictwie wyższym, o instytutach badawczych