

**INSTYTUT BIOCHEMII I BIOFIZYKI
Polskiej Akademii Nauk**

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

***SPRAWOZDANIE Z DZIAŁALNOŚCI
za 2017 rok***

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.1
Temat nr 6: Sekwencjonowanie genomów wybranych szczepów wiroidów i wirusów roślinnych oraz ich detekcja	
Temat nr 6.1: Molekularne podstawy infekcji wiroidowej	
dr Anna Góra-Sochacka	I.2
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.3
Temat nr 18: Molekularne regulacje syntezy glikokoniugatów w komórkach drożdży	
prof. dr hab. G. Palamarczyk	I.4
Temat nr 18.1: Genetyczna modyfikacja grzybów i ich znaczenie w procesach biotechnologii i biokontroli	
prof. nadzw. dr hab. J. Kruszewska	I.5
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.6
Temat nr 20.2: Genetyczna regulacja metabolizmu w drożdżach <i>S. cerevisiae</i>	
dr hab. R. Kucharczyk	I.7
Temat nr 20.3: Genetyczna kontrola szlaków metabolizmu siarkowego u grzybów	
prof. dr hab. A. Paszewski	I.8
Temat nr 20.5: Mechanizmy transportu białek u drożdży <i>Saccharomyces cerevisiae</i>	
prof. dr hab. T. Żołądek	I.9
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.10
Temat nr 25.2: Mechanizmy odpowiedzi komórek <i>Saccharomyces cerevisiae</i> na uszkodzenia DNA	
dr Aneta Kaniak-Golik	I.11
Temat nr 25.3: Koordynacja procesów naprawy DNA w komórkach eukariotycznych	
prof. dr hab. E. Śledziewska-Gójska	I.12
Temat nr 27: Analiza funkcjonalna genów wybranych plazmidów pochodzących z bakterii o znaczeniu klinicznym	
dr I. Kern-Zdanowicz	I.13
Temat nr 28: Chemiczne podstawy mutagenезy i reperacja adduktów cyklicznych	
prof. dr hab. J. Kuśmierek	I.13
Temat nr 29: Analiza molekularna genów kodujących enzymy katabolizmu argininy u <i>Aspergillus</i>	
prof. dr hab. P. Węgleński	I.15
Temat nr 30: Analiza mutantów typu SUV3 u <i>Saccharomyces cerevisiae</i>	
prof. dr hab. P. Stępień	I.15
Temat nr 31: Szkoła Biologii Molekularnej, Studium Doktoranckie przy IBB PAN	
prof. dr hab. E. Kula-Świeżewska	I.16
Temat nr 32.1: Działalność Pracowni Biologii Molekularnej (afiliowanej przy UG). Regulacja ekspresji genów i innych procesów związanych z funkcjami DNA w komórkach bakteryjnych	
dr hab. M. Gabig-Cimińska	I.17

Temat nr 32.2: Działalność Zespołu Biomedycyny Molekularnej (IBD PAN, IBB PAN, MIBMiK)	
Białka opiekuńcze w transformacji nowotworowej	
prof. dr hab. M. Żylicz	I.18
Temat nr 33: Mechanizmy aktywnej segregacji niskopiętowego plazmidu P1 do komórek potomnych w czasie podziału komórkowego	
dr hab. M. Łobocka	I.19
Temat nr 34: Udział struktur chromatynowych w regulacji transkrypcji genów	
prof. dr hab. A. Jerzmanowski	I.20
Temat nr 35: Ekspresja genów kodujących białka o znaczeniu terapeutycznym w roślinach	
prof. dr hab. A. Sirko	I.21
Temat nr 36: Metody informatyczne w biologii molekularnej	
prof. dr hab. P. Zielenkiewicz	I.21
Temat nr 37: Mechanizmy kontrolujące proces patogenezy komórek roślinnych	
prof. dr hab. J. Hennig	I.22
Temat nr 39: Badanie polimorfizmu mitochondrialnego DNA w populacji polskiej	
prof. dr hab. E. Bartnik	I.23
Temat nr 41: Oksydacyjne uszkodzenia DNA	
prof. dr hab. B. Tudek	I.24
Temat nr 42: Mutacje indukowane i adaptacyjne	
prof. dr hab. E. Grzesiuk	I.25
Temat nr 43: Biologia plazmidu RK2 z grupy IncP <i>Escherichia coli</i>	
prof. dr hab. G. Jagura-Burdzy	I.26
Temat nr 47: Modelowanie struktury i funkcji białek	
prof. dr hab. P. Zielenkiewicz	I.27
Temat nr 48: Badania wczesnych etapów związania i agregacji białek	
prof. dr hab. M. Dadlez	I.27
Temat nr 49: Metabolizm cukrów u bakterii mlekowych	
prof. dr hab. J. Bardowski	I.28
Temat nr 50: Przewodzenie sygnału stresu osmotycznego w roślinach	
prof. dr hab. G. Dobrowolska	I.29
Temat nr 51: Strukturalne i funkcjonalne konsekwencje modyfikacji potranslacyjnych białek	
dr A. Wysocka-Cieszyńska	I.30
Temat nr 52: Analiza wybranych genów metabolizmu komórkowego <i>Arabidopsis thaliana</i>	
dr hab. E. Kraszeńska	I.31
Temat nr 54: Mechanizmy molekularne działania jonów metali czynnych biologicznie	
prof. dr hab. W. Bal	I.32
Temat nr 55: Analiza genetyczna podstaw wybranych chorób dziedzicznych	
dr hab. B. Burzyńska	I.32
Temat nr 56: Genomika <i>Paramecium tetraurelia</i>	
dr R. Gromadka	I.33
Temat nr 57: Mechanizmy wierności replikacji DNA	
dr hab. A. Bębenek	I.34
Temat nr 58: Identyfikacja i charakterystyka mikroorganizmów potencjalnie użytecznych w bioremediacji	
dr hab. U. Zielenkiewicz	I.35
Temat nr 60: Mechanizmy podziałów komórkowych	
dr hab. A. Kurlandzka	I.36
Temat nr 61: Dynamika transkryptomu w normie i stresie	
dr hab. M. Kobłowska	I.36
Temat nr 63: Dodekahedron adenowirusa jako platforma szczepionkowa	
dr hab. E. Szolajska	I.37
Temat nr 64: Posttranslacyjne modyfikacje białek jako mechanizm regulacji szlaków przekazywania sygnału	
dr hab. M. Krzymowska	I.38

Temat nr 65: Modelowanie mechanizmów aktywności biologicznej na podstawie danych strukturalnych	
prof. dr hab. J. Poznański	I.38
Temat nr 66: Metodyka sekwencjonowań genomowych	
dr R. Gromadka	I.39
Temat nr 67: Metabolizm siarki w roślinach	
prof. dr hab. A. Sirko	I.41
Temat nr 68: Metabolizm mitochondrialnych RNA u <i>S. cerevisiae</i>	
prof. dr hab. P. Golik	I.41
Temat nr 69: Metabolizm RNA u Eucaryota	
prof. dr hab. A. Dziembowski	I.42
Temat nr 70: Biologia strukturalna białek służących jako narzędzie modyfikacji genetycznych	
prof. dr hab. M. Bochtler	I.44
Temat nr 71: Stres środowiskowy jako źródło niestabilności genetycznej	
dr hab. A. Skoneczna	I.45
Temat nr 72: Genomika funkcjonalna odpowiedzi komórek eukariotycznych na stresy środowiskowe	
dr hab. M. Skoneczny	I.45
Temat nr 73: Uwarunkowania biologiczne, geochemiczne i genetyczne struktur i funkcjonowania ekosystemów polarnych na tle gwałtownych zmian klimatycznych	
dr hab. K. Chwedorzewska oraz dr hab. Marek Zdanowski	I.46
Temat nr 74: Udział chromatyny w kontroli podstawowych procesów regulatorowych u Eukariota.	
dr hab. Tomasz Sarnowski	I.49
Sprawozdanie z monitoringu ekologicznego - wieloletnie obserwacje ptaków i ssaków pletwonogich na wyspie Króla Jerzego w sezonie 2016/2017	
dr inż. Małgorzata Korczak-Abshire	I.50
Pracownia Analiz Mikromacierzy	
dr hab. M. Kobłowska	I.53
Serwis Bakoluwirusa	
dr hab. E. Szołajska	I.54
Pracownia Hodowli Komórkowych	
dr hab. E. Szołajska	I.55
Pracownia Sekwencjonowania DNA i Syntezy Oligonukleotydów	
dr R. Gromadka	I.55
Laboratorium Analiz Modyfikacji Genetycznych	
prof. dr hab. B. Tudek	I.59
Środowiskowe Laboratorium Spektrometrii Mas	
prof. dr hab. M. Dadlez	I.59
Pracownia Mikroskopii Konfokalnej i Fluorescencyjnej	
dr A. Anielska-Mazur, dr M. Lichocka	I.60
Kolekcja Szczepów IBB PAN „COLIBB”	
dr Karolina Makiela-Dzbeńska	I.61
Lista seminariów IBB PAN	I.63
Lista publikacji	II
Artykuły	II.66
Abstrakty	II.93
Rozprawy habilitacyjne	II.124
Rozprawy doktorskie	II.124
Prace magisterskie	II.131
Miscellanea	II.133
Publikacje nieuwzględnione w sprawozdaniu z 2016 roku	II.134
Informacje o działalności jednostki naukowej PAN w 2017 r.	III
Podstawowe dane	III.138
Publikacje naukowe jednostki, które ukazały się drukiem (liczbowo)	III.141
Aktywność wydawnicza jednostki	III.142

Projekty, zadania badawcze realizowane w roku sprawozdawczym	III.142
Zadania badawcze realizowane w ramach działalności statutowej	III.152
Wyniki prac badawczych	III.152
Działalność jednostki o charakterze innowacyjnym, aplikacyjnym	III.153
Kształcenie i rozwój kadry naukowej	III.155
Współpraca z zagranicą	III.160
Międzynarodowe centra naukowe (działające w strukturze jednostki)	III.162
Upowszechnianie i promocja osiągnięć naukowych	III.163
Działalność zaplecza naukowego o charakterze ogólnoodrodowiskowym	III.164
Nagrody, wyróżnienia naukowe uzyskane przez pracowników PAN w roku sprawozdawczym	III.164
Zatrudnienie	III.167
Inne formy zrzeszenia jednostek naukowych PAN	III.167

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 2017 r.:

Przyznane dotacje:	
Działalność statutowa	39 540 734,20
w tym:	
<i>Dotacja statutowa</i>	<i>30 638 940,00</i>
<i>Dotacja celowa dla młodych naukowców</i>	<i>1 136 900,00</i>
<i>SPUB Zintegrowane laboratorium wielkoskalowych analiz genów i białek</i>	<i>1 157 200,00</i>
<i>SPUB Polska Stacja Antarktyczna im. H. Arctowskiego</i>	<i>6 541 600,00</i>
<i>Pomoc materialna dla doktorantów</i>	<i>66 094,20</i>
Dotacja celowa na finansowanie kosztów realizacji inwestycji budowlanej pod nazwą – Hydrofornia dla IBB PAN	183 417,60
Projekty badawcze: NCN, NCBiR, MNiSW, FNP, OPI i inne	26 996 305,23
w tym:	
<i>Projekty badawcze NCN</i>	<i>15 653 050,21</i>
<i>Fundusze strukturalne</i>	<i>4 282 548,32</i>
<i>Projekty badawcze MNiSW</i>	<i>175 857,50</i>
<i>Projekty badawcze NCBiR</i>	<i>5 814 898,34</i>
<i>Projekty UE</i>	<i>712 566,15</i>
<i>Projekty międzynarodowe</i>	<i>-56 835,29</i>
<i>FNP – Mistrz</i>	<i>56 700,00</i>
<i>Stypendia - MNISW</i>	<i>357 520,00</i>
Inne	7 730 594,98
w tym:	
<i>Prawa do wynalazku</i>	<i>128 295,80</i>
<i>Działalność gospodarcza</i>	<i>1 596 743,53</i>
<i>Sprzedaż usług naukowych</i>	<i>2 643 539,67</i>
<i>Konferencje i HORIZON</i>	<i>336 539,19</i>
<i>Działalność finansowa</i>	<i>567 603,89</i>
<i>Pozostałe</i>	<i>2 457 872,90</i>
ŁĄCZNIE:	74 451 052,01

Publikacje w roku 2017:

Liczba ogółem	Monografie ¹ (lub rozdziały)	Podr. akadem. ¹ (lub rozdziały)	Publikacje w czasopismach recenzowanych			pozostałe publ. nauk.
			publikacje 1	publikacje 2	publikacje 3	
180	6	-	161	-	-	13

Sprawozdanie merytoryczne
z działalności statutowej
za 2017 rok

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

Temat nr 5.1: Terminalne białko wirusa ziemniaka Y.

Zespół: dr hab. Ewa 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 onkogenu, 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.

Dla wewnątrzkomórkowego dostarczenia peptydu VPg5 (pVPg5) w celu zbadania jego aktywności antynowotworowej planowaliśmy wykorzystanie cząstki o niezwykłych zdolnościach penetracyjnych, jaką jest dodekahedron adenowirusa (Dd). Jednak okazało się, że wprowadzenie pochodzących z VPg peptydów o długości 26 aminokwasów powoduje bardzo znaczące obniżenie poziomu produkcji rekombinowanych cząstek w systemie bakulowirusa. Również próba otrzymania DdpVPg5 w systemie ekspresyjnym *Pichia pastoris* nie umożliwiła uzyskania niezbędnej ilości materiału do badań. Skłoniło to nas do zmiany strategii – użycia jako wektora dla dostarczenia pVPg5 peptydu penetrującego do komórek (ang. CPP, cell-penetrating peptide). W tym celu zaprojektowaliśmy fuzyjny peptyd, w którym do peptydu VPg5 dołączono 9 reszt aminokwasowych pochodzących z białka TAT wirusa HIV. Kontrolą negatywną w rozpoczętych badaniach efektów antyproliferacyjnych pVPg5 w hodowlach komórek nowotworowych jest zmutowany wariant peptydu niezdolny do interakcji z czynnikiem eIF4E.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Użycie pVPg5 w formie peptydu fuzyjnego z peptydem penetrującym do komórek stwarza możliwość badania efektu antyproliferacyjnego peptydu w hodowlach komórek nowotworowych oraz w zwierzęcych modelach nowotworów.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Wyniki zostaną wykorzystane w publikacji naukowej.

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

Temat nr 5.3: Dodekahedron adenowirusowy – wektor transferu wewnątrzkomórkowego.

Zespół: dr hab. Ewa Szolajska, dr hab. Jadwiga Chroboczek (konsultant), mgr inż. Marta Jedynak (doktorantka), 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 oddziaływaniem dodekahedronu z lipidami naturalnie występującymi w błonie komórkowej. Wstępne badanie wykonane przy użyciu komercyjnie dostępnych membran Membrane Lipid Strips (protein-lipid overlay assay) wskazywało na powinowactwo Dd do lipidów anionowych. Ilościowa analiza interakcji z wykorzystaniem testu ELISA potwierdziła silne oddziaływanie VLP z fosfatydyloseryną (PS) i brak powinowactwa do fosfatydylocholiny (PC), lipidu o obojętnym ładunku elektrycznym. W dalszych badaniach przeprowadzonych we współpracy z dr. Remigiuszem Worchem z Instytutu Fizyki PAN

wykorzystaliśmy liposomy, których użycie umożliwiło badania oddziaływań Dd z potencjalnymi partnerami lipidowymi w układzie imitującym naturalną organizację błon biologicznych. Do wykazania interakcji z zastosowaniem mikroskopii konfokalnej użyliśmy wyznakowanych fluorescencyjnie wielkich pęcherzyków błonowych (ang. *giant unilamellar vesicles*, GUVs). Natomiast duże jednowarstwowe pęcherzyki (ang. *large unilamellar vesicles*, LUVs) unieruchomione na czujniku posłużyły do badań z zastosowaniem techniki SPR (pomiar rezonansu plazmonów powierzchniowych). W obu modelach doświadczalnych obserwowaliśmy interakcję Dd z liposomami zawierającymi PC i PS (60/40 mol%) oraz brak oddziaływania z liposomami składającymi się wyłącznie z PC. Równolegle kontynuowaliśmy badania nad oddziaływaniem Dd z komórkami krwi ludzkiej. We współpracy ze Stacją Krwiodawstwa w Grenoble wykazaliśmy, że Dd wydajnie wnika do różnych podtypów leukocytów. Obserwowaliśmy porównywalną penetrację VLP do komórek T, komórek wielojądrowych, fagocytów, komórek dendrytycznych oraz monocytów, przy braku penetracji do innych komórek krwi ludzkiej.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Twierdzenie oddziaływania Dd z fosfatydyloseryną, która występuje na powierzchni komórek pewnych typów nowotworów jest wskazówką do racjonalnego wyboru rodzaju nowotworu, wykorzystywanego w badaniach w modelu zwierzęcym.

Wykazanie silnego powinowactwa Dd do leukocytów, wskazuje na możliwość wykorzystania Dd jako wektora ukierunkowanego na komórki leukemiczne, w szczególności do testowania *in vitro* potencjalnych czynników terapeutycznych.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Przedstawione wyniki są przedmiotem publikacji w *Nanomedicine: Nanotechnology, Biology and Medicine* (praca na etapie odpowiedzi na uwagi recenzentów) oraz opracowywanego manuskryptu.

Publikacje:

4200/A, 4276/A, 4279/A, 4321/A, 922/N

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

Tytuł tematu: 6.1 Molekularne podstawy infekcji wiroidowej.

Zespół: dr Anna Góra-Sochacka, mgr Aneta Więsyk

Cel badania:

Analiza porównawcza zmian transkryptomicznych w liściach pomidora w przebiegu ostrej i łagodnej infekcji wiroida wrzecionowatości bulw ziemniaka (PSTVd).

Opis realizowanych prac:

Kontynuowano badania transkryptomu liści pomidora odmiany 'Rutgers' w przebiegu łagodnej i ostrej infekcji PSTVd techniką mikromacierzy (Affymetrix) oraz rozpoczęto badania transkryptomu korzeni. Zmiany profilu transkrypcyjnego w komórkach liści badano na różnych etapach rozwoju symptomów chorobowych: (1) przed ich wystąpieniem, (2) we wczesnym okresie, (3) w pełni rozwoju symptomów, (4) w późnym okresie. Sporządzono listy genów o zmienionym poziomie ekspresji dla każdego etapu rozwoju symptomów. Porównano dane otrzymane dla transkryptomu liści i korzeni. Wyniki uzyskane z wykorzystaniem mikromacierzy zweryfikowano poprzez analizę nCounter® (NanoString Technologies).

Opis najważniejszych osiągnięć:

Wykazano odmienną dynamikę rozwoju infekcji wiroidowej typu łagodnego i ostrego uwzględniając pojawianie się charakterystycznych symptomów chorobowych w połączeniu ze zmianami profilu ekspresji genów i poziomu RNA wiroida w zainfekowanych komórkach liści. Zidentyfikowano grupy genów o zmienionej ekspresji charakterystyczne dla poszczególnych etapów rozwoju infekcji typu ostrego i łagodnego, są to przede wszystkim geny związane z odpowiedzią rośliny na stres biotyczny

i abiotyczny, z fotosyntezą, ścianą komórkową, czynnikami transkrypcyjnymi, modyfikacją kwasów nukleinowych i białek.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Wyniki zostaną wykorzystane w publikacjach naukowych.

Publikacje:

5458, 4223/A

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

Zespół: prof. dr hab. Ewa Kula-Świeżewska, prof. dr hab. Tadeusz Chojnacki, dr Małgorzata Gutkowska-Stronkowska, dr Katarzyna Gawarecka, dr Agata Lipko, dr Karolina Skorupińska-Tudek, dr Liliana Surmacz, dr Daniel Buszewicz, mgr Agnieszka Onyśk (od 1 IV 2017r), mgr Przemysław Surowiecki; magistranci: inż. Magdalena Pamuła (PW), inż. Marta Zajbt (PW); inżynieranci: Marta Zajbt

Cel badania:

Realizowano następujące kierunki badań:

1. molekularna i funkcjonalna charakterystyka *cis*-prenylotransferazy 7 (CPT7) u *Arabidopsis* (współpraca dr T. Akhtar, University of Guelph, Kanada);
2. badania mechanizmów biosyntezy poliizoprenoidów u roślin (współpraca prof. M. Rohmer, University of Strasbourg, Francja);
3. identyfikacja genów odpowiedzialnych za regulację biosyntezy poliizoprenoidów u *Arabidopsis* (współpraca dr A. Ihnatowicz, UG);
4. identyfikacja CPT tworzących funkcjonalne kompleksy z białkiem regulatorowym LEW1 u *Arabidopsis*;
5. charakterystyka molekularna białek kompleksu Rab geranylogeranylotransferazy *Arabidopsis thaliana* (współpraca dr J. Rojek, UG i dr J. Nowakowska UW);
6. badanie szlaku biosyntezy glicynoprenoli (heksahidroprenoli).

Opis realizowanych prac:

Scharakteryzowano CPT7 katalizującą syntezę poliprenoli u *Arabidopsis* – wykazano, że ten plastydowy enzym wykorzystuje difosforan geranylogeranylu jako substrat. CPT7 zlokalizowana jest w stromie chloroplastów, a jej produkty – w błonach tylakoidów. Brak poliprenoli zwiększa płynność błon tylakoidów, powoduje obniżenie wydajności fotosystemu II i obniżony poziom transportu elektronów. Wykazano, iż synteza glicynoprenoli katalizowana jest przez CPT7 z wykorzystaniem difosforanu fitylu jako prekursora. Wykazano rolę czynników transkrypcyjnych z grupy Hsf w indukcji ekspresji CPT7. Na podstawie badań GWAS (kolekcja 117 ekotypów) i QTL (populacja mapująca – 122 linie) wytypowano potencjalne regulatory syntezy poliizoprenoidów.

Wykazano, że analiza statystyczna widm masowych znakowanych metabolicznie dolicholi pozwala śledzić szlak ich biosyntezy: stres osmotyczny moduluje syntezę izoprenoidów, jedna rodzina dolicholi syntetyzowana jest wyłącznie z udziałem jednego szlaku (fosforanu metyloerytroitylu, MEP), a synteza drugiej rodziny Dol zachodzi z udziałem obu szlaków (mewalonowego – MVA i MEP). W badaniach *in planta* wykazano, że prekursory syntezy poliprenoli pochodzą ze szlaku MEP, a dolicholi – z obu szlaków MEP i MVA.

Zidentyfikowano i wstępnie scharakteryzowano trzy CPT *Arabidopsis* (AtCPT3, -4 i -5) tworzące funkcjonalne kompleksy z białkiem regulatorowym LEW1. Wykazano, że utworzenie takiego kompleksu jest niezbędne dla aktywności enzymatycznej tych CPT oraz, że produkty lipidowe syntetyzowane przez te kompleksy są kluczowe w procesie glikozylacji białek.

Wstępnie scharakteryzowano metodą HDX zmiany konformacyjne roślinnego białka Rab Escort Protein po związaniu substratu – białka Rab (współpraca z grupą prof. Michała Dadleza, IBB PAN). Wykazano, że całkowite wyłączenie genu *REP* u *Arabidopsis* skutkuje sterylnością pyłku. We współpracy z dr Joanną Rojek, UG, wykazano, że w mutantach *rgtb1* zakłócenia transportu wewnątrzkomórkowego z udziałem białek Rab powodują znaczne zaburzenia syntezy/degradacji struktur kallozowych oraz

nieprawidłową dystrybucję auksyn i prowadzą do zaburzeń powstawania gametofitów żeńskich i męskich.

Opublikowano wyniki dokumentujące rolę poliprenoli w adaptacji roślin do warunków stresu zasolenia (model – drzewa), a także pracę, w której wykazano, że sole prenyloamoniowe prenoli są efektywnymi nośnikami DNA jako składniki szczepionki przeciw grypie. Opublikowano wyniki pokazujące, iż epoksyd tokotrienolu- α przyspiesza gojenie ran, stymuluje angiogenezę i migrację komórek (wsp. prof. G. Dallner, Karolinska Institute). Kontynuowano działalność Kolekcji Poliprenoli – udostępniono preparaty poliizoprenoidowe kilkunastu grupom badawczym.

Opis najważniejszych osiągnięć:

1. Wykazano, że poliprenole wpływają na wydajność fotosyntezy poprzez modulację dynamiki błon tylakoidów.
2. Pokazano, że analiza widm masowych dolicholi pozwala śledzić cross-talk szlaków MEP i MVA generujących izoprenoidy w komórkach roślinnych.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Złożono dwa zgłoszenia patentowe opisujące wykorzystanie kationowych pochodnych prenoli.

Publikacje:

5369, 5399, 5416, 5462, 5464, 5470, 4207/A, 4208/A, 4259/A, 4260/A, 4261/A, 4262/A, 4263/A, 903/N, 917/N

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

Zespół: prof. dr hab. Grażyna Palamarczyk, dr Anna Janik, prof. dr hab. Joanna Kruszewska, dr Urszula Perlińska-Lenart, dr Sebastian Piłsyk, dr Monika Niewiadomska

Cel badania:

Pokazanie związku procesów glikozylacji z przechodzeniem *Candida* z formy komensala w formę patogenną.

1. Wpływ ekspresji orf19.6025 na procesy tworzenia formy patogennej *Candida*.
2. Potwierdzenie funkcji białka kodowanego przez gen *orf19.6025* poprzez ekspresje w *Saccharomyces cerevisiae*.
3. Określenie roli białka Cwh8 w utrzymaniu poziomu dolicholu i fosforanu dolicholu w komórce *Candida*.

Opis realizowanych prac:

Ad 1. Stwierdzono poważne upośledzenie tworzenia form strzępkowych i biofilmu przez szczep *Candida* ze zmienioną ekspresją genu *orf19.6025*. Zarówno podniesienie jak i obniżenie ekspresji tego genu powodowało zmiany w tworzeniu strzępek i biofilmu.

Ad 2. Po nieudanej ekspresji *orf19.6025* w diploidzie *S. cerevisiae* $\Delta alg13/ALG13$ (transformanty miały upośledzoną sporulację) trwają prace nad zamianą promotorów genów *ALG13* i *ALG14* na promotory regulowalne celem wyłączenia czasowego ekspresji obu genów i pokazania na tym tle funkcji genu *orf19.6025* z *Candida*.

Ad 3. Usunięcie dwóch kopii genu *CWH8* prawdopodobnie kodującego fosfatazę dolicholo dwufosforanu z genomu *Candida* spowodowało podniesienie poziomu wolnego dolicholu i znaczący wzrost ekspresji genu *RER2* kodującego cis-prenylotransferazę. Enzym ten bierze udział w syntezie dolicholu *de novo*. Ograniczenie odzyskiwania fosforanu dolicholu z dwufosforanu po zakończonej rundzie *N*-glikozylacji spowodowało wzmożoną syntezę dolicholu w szlaku mewalonowym. Wyniki pokazują ścisłą zależność między odzyskiwaniem fosforanu dolicholu a syntezą *de novo*.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Pokazanie, że obniżenie aktywności wczesnych etapów procesu *N*-glikozylacji upośledza tworzenie form patogennych *Candida*. Pokazanie powiązania aktywności białka Cwh8 z syntezą dolicholu *de novo*.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Wyniki zostały opublikowane, i ujęte w pracy doktorskiej dr Moniki Niewiadomskiej.

Publikacje

5370, 904/N

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

Zespół: prof. dr hab. Joanna Kruszewska, dr Urszula Perlińska-Lenart, dr Sebastian Piłsyk, doktoranci: mgr Elżbieta Gryz, mgr Sebastian Graczyk, magistrantka Marta Ajchler

Cel badania:

1. Badanie wpływu struktury dolicholi na aktywność enzymów dolicholo-zależnych (współpraca prof. Ewa Świeżewska IBB PAN).
2. Badanie lipidomu drożdży i grzybów strzępkowych *Trichoderma*, *Neurospora* i *Aspergillus*.
3. Dalsze poszukiwanie grzybów o korzystnych właściwościach do zastosowania w utylizacji odpadów.
4. Optymalizacja aktywności Alg7 i Alg13 z zastosowaniem ochrony lipidowej.
5. Konstrukcja mutantu Alg7/13 w *Saccharomyces cerevisiae* do badania skutków mutacji w ludzkim genie Alg13.
6. Charakterystyka mutantu YIL102cA *S. cerevisiae*.
7. Mikrobiom Trufli letniej *Tuber aestivum* i badanie właściwości grzybów z otoczenia Trufli (współpraca z prof. Jadwigą Turło z Warszawskiego Uniwersytetu Medycznego i prof. Dorotą Hilszczańską z Instytutu Badawczego Leśnictwa w Raszynie).

Opis realizowanych prac:

Ad 1. Wielonasycone, niespotykane gdzie indziej dolichole z *Trichoderma* i popularne jednonasycone z *S. cerevisiae* poddano fosforylacji i zastosowano krzyżowo do oznaczania aktywności dwóch dolicholozależnych enzymów syntazy dolichylo fosfo mannozy i transferazy N-acetyloglukosaminy z *Trichoderma* i drożdży. Stwierdzono zasadnicze różnice w powinowactwie tych enzymów do poszczególnych dolicholi.

Ad 2. Badania lipidomów drożdży i grzybów strzępkowych wykazały, że drożdże posiadają krótsze kwasy tłuszczowe i bardziej nasycone niż grzyby strzępkowe. Różnice te mogą wpływać na funkcje błon komórkowych i aktywności enzymów błonowych i proces sekrecji.

Ad 3. Wyizolowano następne grzyby do kolekcji Pracowni Glikobiologii Grzybów IBB PAN. Grzyby te mogą mieć korzystne właściwości hydrolityczne.

Ad4. Enzymy błonowe Alg7 i Alg13 po solubilizacji traciły znacząco aktywność. Enzymy te tworzą kompleks i dla oznaczenia aktywności każdego z nich z osobna musimy je wyizolować z błony. Opracowaliśmy więc metodę podtrzymania aktywności solubilizowanych enzymów poprzez odpowiednią ochronę lipidową.

Ad5. Mutant *S. cerevisiae* Alg7/13 posłużył do badania stopnia niedoboru glikozylacji w różnych mutacjach w genach Alg13 pochodzących od pacjentów z zespołem CDG.

Ad6. Transformacja mutantu *S. cerevisiae* Δ YIL102cA genem *dpm2* z *Trichoderma* pozwoliła na odwrócenie letalnej mutacji. Nie stwierdzono różnic w krótkiej i długiej wersji genu YIL102cA użytych do retransformacji jak i różnic w zastosowaniu genu *dpm2Tr* w wersji z przedłużonym ORF o ogon drożdżowy. Trwa analiza biochemiczna mutantów.

Ad 7. Badania mikrobiologiczne pozwoliły wyizolować z otoczenia Trufli 19 gatunków grzybów a z wnętrza owocnika 4 gatunki. Badanie owocników metodą metagenomową pozwoliło określić skład grzybowy i bakteryjny mikrobiomu trufli. Tą metodą stwierdzono obecność 7 gatunków grzybów wewnątrz owocników w każdym owocniku innych. Stwierdzono też znaczne różnice w składzie bakteryjnym mikrobiomów wewnętrznych owocników.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Stwierdzono, że enzymy z drożdży i *Trichoderma* mają najwyższe powinowactwo do dolicholi z wątroby a najniższe do dolicholi z *Trichoderma*. Enzymy z obu grzybów osiągają najwyższą prędkość maksymalną reakcji syntazy dolichylo fosfo mannozy w obecności dolicholi drożdżowych.

Stwierdzono poważne różnice w nasyceności lipidów z *Trichoderma* i drożdży co może wpływać na płynność błon biologicznych i procesy glikozylacji i sekrecji.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Możliwość opracowania mieszanek grzybów do utylizacji odpadów według zgłoszenia patentowego P.415013

Możliwość wzbogacania sztucznych hodowli truflí letniej o korzystne gatunki grzybów i bakterii.

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

Zespół: prof. dr hab. Magdalena Boguta, dr Małgorzata Cieśla, dr Damian Graczyk, mgr Ewa Leśniewska (Makała), mgr Olga Wojnowska, mgr Aneta Jurkiewicz, mgr Marta Płonka

Cel badania:

Identyfikacja nowych mechanizmów regulacji transkrypcji tRNA.

Opis realizowanych prac:

Stosując metodę immuno-precypitacji chromatyny badano wzajemną relację wiązania do genów tRNA kompleksu polimerazy III RNA (Pol III) oraz generalnego czynnika transkrypcyjnego, TFIIC. Badania przeprowadzono w szczepie kontrolnym oraz w mutancie *maf1Δ* pozbawionym generalnego negatywnego regulatora Pol III. Zastosowano dwa schematy hodowli drożdży. W pierwszym, szczepy hodowano w pożywce z glukozą, (warunki optymalne) po czym część komórek przenoszono do pożywki z glicerolem (warunki stresowe). W drugim, szczepy hodowano na pożywce z glicerolem (warunki stresowe), po czym dodawano glukozę (przejście do warunków optymalnych). W szczepie kontrolnym wykazano odwrotną korelację między wiązaniem Pol III a TFIIC: warunki stresowe powodowały zmniejszenie powinowactwa Pol III i sprzyjały wiązaniu TFIIC, zaś zmiana warunków na optymalne sprzyjała wiązaniu Pol III powodując jednocześnie dysocjację TFIIC z chromatyny. Bez względu na warunki hodowli obserwowano przeciwny efekt *maf1Δ*: zwiększenie powinowactwa Pol III i obniżenie powinowactwa TFIIC. Podsumowując, wykazano kompetycję między Pol III a TFIIC, która obejmuje również wpływ Maf1: Poprzez konkurencję z Pol III, TFIIC działa jako negatywny regulator transkrypcji.

Badano również wpływ warunków fizjologicznych na wzajemne oddziaływania między TFIIC a TFIIB oraz na rekrutację czynnika inicjacji TFIIB do genów tRNA. Drożdże hodowano na pożywce z glicerolem, po czym dodawano glukozę. Stwierdzono, że przejście do warunków optymalnych wiąże się ze znacznym obniżeniem oddziaływania TFIIC z TFIIB, lecz ze wzrostem oddziaływania TFIIB z tDNA. Ponad 8-krotnie silniejsze oddziaływanie TFIIC z TFIIB, obserwowane na pożywce z glicerolem świadczy o wymiarczkuwaniu TFIIB przez TFIIC i przeciwdziałaniu rekrutacji TFIIB do tDNA. W ten sposób, w warunkach stresowych, TFIIC uniemożliwia inicjację transkrypcji z udziałem Pol III.

Zweryfikowano rolę fosforylacji czynnika transkrypcyjnego TFIIC w regulacji transkrypcji tRNA przez szlak sygnałowy RAS/PKA. Potencjalne trzy miejsca fosforylacji Tfc3 przez kinazę PKA inaktywowano stosując ukierunkowaną mutagenezę uzyskując szczep kodujący zmutowaną wersję Tfc3. Mutanta i szczep kontrolny hodowano przez noc na pełnej pożywce z glicerolem, a następnie dodawano glukozę w celu indukcji kinazy PKA. Jako kontrolę negatywną użyto mutanta *tpk1Δtpk2Δ* z usuniętymi podjednostkami katalitycznymi. Stosując technikę Northern blot pokazano, że natychmiastowy wzrost transkrypcji tRNA obserwowany w warunkach indukcji szlaku sygnałowego RAS/PKA jest zależny od fosforylacji podjednostki Tfc3 generalnego czynnika transkrypcyjnego TFIIC przez kinazę PKA. Przeprowadzając eksperyment ko-immunoprecypitacji udokumentowano także zależność oddziaływania między podjednostkami kompleksu TFIIC od fosforylacji podjednostki Tfc3 przez kinazę PKA. Wykazano w ten sposób rolę TFIIC w regulacji transkrypcji tRNA przez szlak sygnałowy RAS/PKA.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Wykazano udział czynnika transkrypcyjnego TFIIC w kontroli represji transkrypcji z udziałem polimerazy III RNA.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Większą część wyników opisano w artykule „Function of TFIIC, RNA polymerase III initiation factor, in repression of tRNA gene transcription” wysłanym do publikacji.

Publikacje:

5382, 5396, 4280/A, 4282/A

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, dr Chiranjit Panja, doktoranci:

mgr Krystyna Bińko, mgr Katarzyna Niedźwiecka, mgr Natalia Skoczeń, mgr Sylwia Pilch, mgr Emilia Baranowska, magistrantka Izabela Hawro

Cel badania:

1. Ewolucja genomu mitochondrialnego (mtDNA) – uzyskanie szczepów supresorowych umożliwiających jednoczesną allotopową ekspresję genów mitochondrialnych *ATP9* i *COX2* oraz identyfikacja mutacji supresorowych.
2. Badanie mechanizmów regulacji ekspresji genu *ATP9*, kodującego podjednostkę syntazy ATP, przez białka Aep1, Aep2 i Atp25 oraz domenę F1 enzymu.
3. Funkcjonalna analiza mitochondrialnego białka Fmp40 o nieznanym aktywności biologicznej w drożdżach *Saccharomyces cerevisiae*.

Opis realizowanych prac:

Ad 1. Geny *ATP9* i *COX2* sklonowano do plazmidów. Plazmidy wprowadzono do szczepów pozbawionych tych genów w mtDNA. Allotopowa ekspresja genu *ATP9* była możliwa dopiero po selekcji mutacji supresorowych, na drodze której uzyskaliśmy 3 tła genetyczne. W trzech szczepach supresorowych wydajniejsza jest również allotopowa ekspresja genu *COX2*. Jednak podwójna allotopowa ekspresja obu genów nie była skuteczna. Wyselekcjonowaliśmy 18 szczepów supresorowych. Genomy wszystkich wyselekcjonowanych szczepów zostały zsekwencjonowane. Dla trzech mutacji punktowych ich znaczenie dla allotopowej ekspresji zostało potwierdzone.

Ad 2. Zbadaliśmy znaczenie sekwencji UTR genu *ATP9* dla kontroli jego ekspresji. Ekspresja białek Aep1, Aep2 i Atp25 w bakterii oraz ich oczyszczenie z ekstraktów drożdży okazały się nieskuteczne. Zatem wyselekcjonowaliśmy dwa istotne do zrozumienia kontroli biogenezy syntazy ATP białka oddziałujące z tymi białkami w drożdżowym systemie dwu-hybrydowym: Atp2 - podjednostkę domeny F1 syntazy ATP oraz Phb1 – podjednostkę kompleksu prohibityny. Zbadaliśmy akumulację białka Atp22p w mitochondriach – czynnika translacji podjednostki Atp6, bezpośrednio oddziałującej z białkiem Atp9, oraz stan złożenia enzymu w mutantach domeny F1.

Ad 3. Białko Fmp40 jest homologiem ludzkiego seleno-białka SELO. Oba białka mają nietypową domenę kinazową, ale Fmp40 na C-końcu posiada cysteinę w pozycji 686. Domniemy, że białko Fmp40 ma aktywność kinazy. Skonstruowaliśmy szczep z delecją genu *FMP40*, plazmidy: z wersją genu typu dzikiego, genu z mutacją w domenie kinazowej lub z mutacją zmieniającą końcową cysteinę w serynę. Zbadaliśmy lokalizację białka Fmp40. Odkryliśmy, że szczep *fmp40Δ* charakteryzuje się obniżoną przeżywalnością po zadziałaniu H_2O_2 . Fenotyp ten zależy od funkcji katalitycznej, ale nie od C-końcowej cysteiny 686. Ponadto, odkryliśmy, że białko Fmp40 reguluje aktywność katalazy w odpowiedzi komórek drożdży na stres cieplny, również ta regulacja zależy od domeny katalitycznej ale także od cysteiny w pozycji 686.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Ad 1. Uzyskano funkcjonalną podwójną allotopową ekspresję genów *ATP9* i *COX2* w szczepach supresorowych. Ich analiza pozwala wnioskować, że proces transferu genów mitochondrialnych do jądra

komórkowego wymagał szeregu adaptacji metabolizmu komórki. Obok zmiany hydrofobowości białek kodowanych przez te geny są to między innymi: adaptacje w transporcie komórkowym do wakuoli/mitochondriów, w systemie degradacji białek w mitochondriach oraz w kontroli syntezy białek w cytoplazmie.

Ad 2. W oparciu o wyniki proponujemy model kontroli procesu syntezy podjednostek kodowanych mitochondrialnie syntazy ATP (Atp6 i Atp9) przez stan złożenia enzymu. Podważa on dotychczasowy model kontroli syntezy tych podjednostek przez domenę F1, ograniczający się do kontroli syntezy podjednostki Atp6 i Atp8. Nasze wyniki wskazują, że domena F1 jest niezbędna przede wszystkim do kontroli syntezy podjednostki Atp9, a obserwowany efekt braku syntezy podjednostek Atp6 i Atp8 jest efektem wtórnym wynikającym z: zaburzenia importu do mitochondriów czynnika translacji Atp22 tychże białek oraz obniżonej syntezy podjednostki Atp9.

Ad 3. Wykazaliśmy mitochondrialną lokalizację białka Fmp40 i fenotyp jego delecji. Aktywność białka *in vitro* udowodnił zespół prof. Tagliabracci z Uniwersytetu Southwestern w Dallas, z którym współpracujemy. Odkryliśmy, że aktywność katalityczna białka Fmp40 ma znaczenie w odpowiedzi komórki na stres cieplny oraz oksydacyjny.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Wyniki badań zaprezentowane były w formie dwóch posterów na konferencji dotyczącej apoptozy w drożdżach IMYA 2017, są podstawą dwóch prac doktorskich (zadania 1 i 2) a będą trzeciej (zadanie 3) i jednej pracy magisterskiej (zadanie 2).

Publikacje:

4371/A, 4372/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 (jak wynika z naszych danych transkryptomicznych) jest całkowicie zależna od czynnika transkrypcyjnego MetR. 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 obecności „dzikiego” allelu *veA⁺* mutant *metR1*, podobnie jak mutant *fphA* w genie kodującym fitochrom, nie reaguje na światło. We współpracy z dr Agnieszką Maciejewską (Zakład Biologii Molekularnej IBB PAN) zidentyfikowaliśmy metabolity wtórne wytwarzane w grzybnich *Aspergillus nidulans*. Obecnie badamy wpływ mutacji *metR1* i *veA1* na produkcję tych metabolitów. Uzyskane zostały również transformanty w szczepie *metR1,veA⁺*, do którego został wprowadzony gen *fphA* pod kontrolą heterologicznego promotora genu *gpdA* lub *pyroA*. Otrzymane szczepy wykazują częściową supresję fenotypu mutantu *metR* (wymagania metioniny) przez gen *fphA*. Zamierzamy zbadać produkcję metabolitów wtórnych w mutantach *metR1* w porównaniu do szczepów *metR1* transformowanych przez gen *fphA*. Otrzymane wyniki pozwolą na ustalenie roli genów *metR* i *fphA* w kontroli metabolizmu wtórnego u *Aspergillus nidulans*. W szerszym kontekście otrzymane wyniki potwierdzają naszą hipotezę o roli białka MetR w regulacji odpowiedzi komórki na bodźce ze środowiska, w tym światło.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Czynnik transkrypcyjny MetR regulujący metabolizm siarkowy 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.

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 (do 30 marca 2017), mgr Piotr Soczewka, mgr Damian Kołakowski.

Cel badania:

Modelowanie w drożdżach mutacji występujących w genie *hVPS13A* u chorych na płasawico-akantocytozę oraz poszukiwanie ścieżek metabolicznych i białek, które w komórkach kompensują brak genu *VPS13* i mogą być celem terapii.

Opis realizowanych prac:

Wykonano modelowanie w komórkach drożdży mutacji I2771R występującej w *hVPS13A* u ludzi chorych na płasawico-akantocytozę. Izoleucyna I2771 jest zlokalizowana w domenie APT1 w regionie zachowanym ewolucyjnie i odpowiada jej I2749 w drożdżowym białku Vps13. Mutacja *vps13-I2749R* zmieniła funkcjonowanie białka Vps13 (*loss of function*), zachowane zostało jego wiązanie z aktyną a znacznie upośledzone wiązanie z fosforanem 3-fosfatydyloinozytolu oraz zmieniona została lokalizacja komórkowa. Postawiliśmy hipotezę, że mutacja I2771 *hVPS13A* u ludzi może również zmieniać wiązanie *Vps13A* z lipidami i to może prowadzić do choroby.

W celu zbadania czy fenotypy mutantów *vps13Δ* mogą być kompensowane przez zmianę szlaków niezależnych od Vps13 wykorzystano metody genetyczne. Poszukiwano mutacji supresorowych w innych genach niż *VPS13*, które odwracają fenotyp braku wzrostu mutantów *vps13-I2749R* na pożywce z dodatkiem SDS. Wyizolowano, szereg szczepów supresorowych, które zostały zbadane genetycznie i są obecnie poddawane analizie sekwencyjnej. Przeszukano bibliotekę genomową i zidentyfikowano pięć genów, które nadprodukowane odwracają powyższy fenotyp mutantów *vps13-I2749R* i *vps13Δ*. Zanalizowano dokładniej supresję przez fragment genu *MYO3* kodujący miozynę (białko cytoszkieletu aktynowego) i gen *RCN2* kodujący regulator kalcyneuryny i stwierdzono, że w mutantach *vps13* jest pobudzona ścieżka sygnałowa związana z aktywacją kalcyneuryny. Sprawdziliśmy, że wybrane inne fenotypy braku *VPS13* (defekt organizacji cytoszkieletu aktynowego, nadwrażliwość na kanawaninę) też są częściowo odwracane przez zidentyfikowane geny supresorowe. Badania te wskazują zaburzenia, które mogą występować w komórkach drożdży i u chorych oraz, że możliwe jest genetyczne lub farmakologiczne skompensowanie braku białka *hVps13A* u ludzi.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Zidentyfikowano domenę APT1 w białku Vps13 jako wiążącą lipidy i wykazano, że drożdżowa mutacja I2749R odpowiadająca mutacji powodującej płasawico-akantocytozę u ludzi powoduje zaburzenie wiązania fosforanu 3-fosfatydyloinozytolu oraz zmianę lokalizacji komórkowej.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Wyniki badań były prezentowane na konferencjach, są częściowo opublikowane w czasopismach naukowych oraz weszły w skład pracy doktorskiej Weroniki Rzepnikowskiej i pracy magisterskiej Marleny Grabiec. Będą też wchodzić w skład prac doktorskich Piotra Soczewki i Damiana Kołakowskiego.

Publikacje:

5384, 5487, 901/N, 918/N, 4193/A, 4284/A, 4290/A, 4291/A, 4295/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, doktoranci: mgr Milena Denkiewicz-Kruk, mgr Małgorzata Jędrzychowska, mgr Ewa Sz wajczak, mgr Krystian Łazowski (od 1.10.2017)

Cel badania:

Badania ostatnich lat pokazują, że niekatalityczne elementy replisomu drożdży *Saccharomyces cerevisiae* odgrywają ogromną rolę w utrzymaniu stabilności genomu komórki. Jednym z takich elementów replisomu jest kompleks GINS. W skład kompleksu GINS wchodzi cztery białka: Sld5, Psf1, Psf2, Psf3. Allel *psf1-1* koduje białko, które destabilizuje strukturę kompleksu GINS. Zmiany w strukturze kompleksu GINS lub destabilizacja oddziaływań wewnątrz replisomu, mogą wpływać na zmniejszenie stabilności polimerazy epsilon (główniej replikazy) na matrycy DNA i zwiększoną częstość powstawania rearanżacji między starterem i matrycą DNA. Szczególnie często takie rearanżacje mogą występować w obrębie sekwencji mikrosatelitarnych, zawierających tandemowe powtórzenia sekwencji DNA. Wykazaliśmy, że obecność mutacji w genie kodującym podjednostkę Psf1 kompleksu GINS powoduje zwiększenie częstości powstawania zmian w obrębie sekwencji mikrosatelitarnych. Na podstawie uzyskanych wyników zaproponowano hipotezę zakładającą, że obserwowane zwiększenie niestabilności sekwencji mikrosatelitarnych wynika prawdopodobnie z destabilizacji oddziaływań pomiędzy kompleksem GINS a polimerazą ϵ DNA w szczepach niosących zmutowaną podjednostkę Psf1 kompleksu GINS i zwiększonej dysocjacji polimerazy ϵ od 3'-OH końca startera DNA.

Ostatnie lata dostarczyły wielu danych wskazujących, że inkorporacja rybonukleotydów do DNA przez polimerazy DNA może być istotnym źródłem niestabilności genetycznej komórek. W obronie przed zwiększoną inkorporacją rybonukleotydów do DNA komórki wykształciły mechanizmy rozpoznawania i usuwania monofosforanów rybonukleotydów (rNMP) z DNA. Badano molekularne mechanizmy inkorporacji i usuwania rybonukleotydów (RER) *in vivo* na obydwu niciach DNA, w komórkach *Escherichia coli*. W tym celu wykorzystane zostały mutanty w istotnych aminokwasach w bramce sterycznej (*ang.* steric-gate) polimerazy V (polimeraza TLS w komórkach *E. coli*), polimerazy RumA'B (homolog funkcjonalny Pol V) jak również mutanty w genach związanych z naprawą błędnie wstawionych rNMP-ów. Badania prowadzono w warunkach konstytutywnej indukcji systemu SOS. Wykazano, że mutanty Pol V-Y11A i RumA'B-Y13A powodują obniżenie poziomu mutageny na obydwu niciach DNA w porównaniu do poziomu obserwowanego dla polimeraz typu dzikiego, przy czym silniejszy efekt antymutatorowy obserwowany jest na nici opóźnionej. Uważa się że fenotyp antymutatorowy jest efektem silnej aktywacji ścieżek naprawy rybonukleotydów z DNA. Wykazano, że RNaza HII wykazuje działanie na obydwu niciach DNA w badanych szczepach. Ponadto wykazano, że ścieżka reperacji przez wycinanie nukleotydów (NER) nie bierze istotnego udziału w naprawie rybonukleotydów w szczepach niosących Y11A lub Y13A w warunkach gdy aktywna jest ścieżka naprawy zależna od RNazy HII. Natomiast NER odgrywa istotną rolę gdy RNaza HII jest nieaktywna.

Opis najważniejszych osiągnięć:

1. Zaburzenie oddziaływań wewnątrz kompleksu GINS-Polimeraza epsilon DNA powoduje zwiększenie częstości powstawania zmian w obrębie sekwencji mikrosatelitarnych.
2. Efekt antymutatorowy polimeraz DNA wykazujących zwiększoną inkorporacją rybonukleotydów obserwowano preferencyjnie na nici opóźnionej DNA, co jest związane z aktywacją ścieżek naprawy DNA – RER (zależnej od RNazyHII) i NER.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

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

Publikacje:

5365, 5492, 5516, 4192/A, 4368/A, 4378/A

Temat nr 25.2: Mechanizmy kontrolujące stabilność genomu mitochondrialnego.

Zespół: dr Aneta Kaniak-Golik, prof. dr hab. Ewa Śledziwska-Gójska, mgr Renata Kuberska

Cel badania:

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

Opis realizowanych prac:

Nasze poprzednie wyniki wskazywały, że zwiększenie mutagenazy punktowej mtDNA w szczepach pozbawionych Rad27 zależy od aktywności kinazy Dun1 na szlaku kontroli cyklu komórkowego regulowanego przez kinazy Mec1/Tel1 i Rad53 (szlak DDR), a zatem jest pośrednią konsekwencją niestabilności genomu jądrowego w tych szczepach. Pokazaliśmy teraz, że również zwiększona mutagenaza punktowa mtDNA w mutancie podwójnym pozbawionym genu *RRM3* i niosącym defektywny allel genu *MSH1*, kodującego białko odpowiedzialne za postreplikacyjną reperację błędów mitochondrialnej polimerazy DNA, zależy od aktywności kinazy Dun1. Ponieważ wiadomo, że delecja *RRM3*, genu kodującego jądrową helikazę ułatwiającą replikację poprzez trudne do zreplikowania rejony genomu, np. powtórzenia rDNA, prowadzi do stresu replikacyjnego i uaktywnienia szlaku wyżej wymienionych kinaz, podobnie jak inaktywacja genu *RAD27*, wynik ten sugeruje, że aktywacja szlaku DDR, wynikająca z niestabilności genomu jądrowego, jest źródłem zwiększonej mutagenazy punktowej mtDNA nie tylko w szczególnym przypadku szczepów pozbawionych genu *RAD27*, ale jest sytuacją bardziej ogólną. Zgodnie z tym wnioskiem również inne delecje genów uaktywniające szlak DDR (*RAD51*, *RAD55* lub *MRC1*) wykazują fenotyp mutatora mitochondrialnego w połączeniu z mutacją *msh1-R813W*. Ponieważ wcześniej stwierdziliśmy, że przynajmniej część mutacji punktowych w mtDNA szczepów *rad27Δ* powstaje w wyniku zależnego od Dun1 podwyższenia poziomu dNTP, przyjmujemy w naszej obecnej hipotezie roboczej, że istotnym czynnikiem wpływającym na podwyższenie punktowej mutagenazy mtDNA podczas aktywacji szlaku DDR jest zwiększony poziom dNTP. Jesteśmy w trakcie sprawdzania, czy taką prawidłowość można udowodnić również dla zależnej od Dun1 zwiększonej mitochondrialnej mutagenazy w szczepach *rrm3Δ*. Dodatkowo, wyniki naszych wstępnych badań sugerują, że znaczna część mutacji mitochondrialnych w szczepach *rad27Δ* zależy od aktywności polimerazy TLS Rev3, ale nie od Rev1, co otwiera nową perspektywę na jeszcze nieznaną rolę regulacji aktywności pomocniczych polimeraz mitochondrialnych przez szlak DDR.

W drugim wątku badawczym, związanym z wyjaśnieniem funkcji nukleazy Nuc1, jesteśmy w trakcie analizy potencjalnego defektu mitofagii w szczepach pozbawionych tego białka (zasugerowanego poprzez synergistyczną utratę żywotności podwójnych mutantów *nuc1Δatg32Δ* w warunkach głodzenia azotowego), w porównaniu ze szczepami *atg32Δ*, przy użyciu sprowadzonych konstrukcji reporterowych do badania autofagii różnych kompartmentów komórkowych w drożdżach.

Wróciliśmy również do dalszej analizy dotychczas niewyjaśnionego fenotypu synergistycznie zwiększonej mutagenazy w kierunku oporności na erytromycynę (częstsze mutacje zarówno w mtDNA, jak i jądrze) w podwójnym mutancie *rad27Δ nuc1Δ* wiedząc, że mutagenaza wynikająca z braku Rad27 w obu kompartmentach, w jądrze i mitochondriach, jest pośrednim efektem aktywacji szlaku kinaz DDR. Szukamy odpowiedzi na pytanie, czy brak mitochondrialnej, czy jądrowej funkcji Nuc1 ma znaczenie w powstaniu tego syntetycznego fenotypu, korzystając z odpowiednich mutantów Nuc1 o zmienionej lokalizacji wewnątrzkomórkowej. Uzyskaliśmy też zaskakujący wynik z kilkukrotnie podniesioną mutagenazą jądrową (oporność na kanawaninę) w szczepie *nuc1Δ* po traktowaniu nadtlakiem wodoru, co może sugerować, że nukleaza Nuc1 jest zaangażowana w mechanizm modulacji odpowiedzi DDR po stresie oksydacyjnym.

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 prowadzą do lepszego zrozumienia mechanizmów kontrolujących stabilność mitochondrialnego DNA. Zostały przedstawione w komunikatach zjazdowych i w publikacji w PLOS One.

Publikacje:

5429, 4364/A, 4365/A

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

Zespół: prof. dr hab. Ewa Śledziwska-Gójska, dr Agnieszka Hałas, dr Justyna McIntyre, doktoranci: mgr Mikołaj Fedoriowicz, 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. Polimerazy te, w większości należące do rodziny Y, są zdolne do syntezy DNA poprzez uszkodzenia matrycy. W naszym laboratorium zajmujemy się dwoma przedstawicielami tej rodziny; polimerazą eta (Pol eta), której brak odpowiada za predyspozycję rakową XP-V, oraz polimerazą iota (Pol iota), której defekt wiązany jest ze zwiększeniem częstości nowotworów mezyngematycznych.

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

Prowadzone w minionym roku badania regulacji poziomu tej polimerazy po działaniu promieniowania UV, powodującego uszkodzenia DNA będące swoistym substratem dla polimerazy eta, pokazały, że zarówno poziom mRNA jak i białka tego enzymu jest indukowany w fazie S cyklu komórkowego. Podobne działanie hydroksy mocznika (HU), który blokując syntezę DNA poprzez inhibicję aktywności reduktazy rybo nukleotydowej, powoduje zwiększenie poziomu polimerazy eta w fazie S (pomimo braku indukcji mRNA) wskazuje, że generalnie stres replikacyjny zwiększa potencjał syntezy poprzez uszkodzenia DNA (TLS) w fazie S cyklu komórkowego.

Kolejny wątek badań polimeraz TLS dotyczy mechanizmów kontrolujących funkcjonowanie ludzkiej polimerazy iota (Pol iota). Nasze uprzednie badania wykazały, że ta najbardziej mutagenna i zarazem najmniej poznana z polimeraz TLS, jest acetylowana na lizynie550, w domenie RIR. Wykorzystując metodę CRISPR/Cas, skonstruowaliśmy linię komórkową pozbawioną genu kodującego acetylazę p300 i potwierdziliśmy, że enzym ten jest odpowiedzialny za zdecydowaną większość acetylacji Pol iota *in vivo*. Pokazaliśmy też, że acetylacja Pol iota jest indukowana specyficznie w odpowiedzi komórek na działanie czynników alkilujących typu SN2 (ale nie SN1) i wysokich dawek środków oksydacyjnych.

Kontynuowaliśmy także badania nowej pro-mutagennej funkcji pseudo-koniugazy ubikwitynowej Mms2, znanej wcześniej wyłącznie z udziału w bezbłędnej drodze tolerancji uszkodzeń DNA. Stwierdziliśmy uprzednio, że efekt mutatorowy związany z nadprodukcją Mms2 zależy od Rev3, enzymatycznej podjednostki polimerazy zeta. Obecnie udało nam się potwierdzić, że efekt ten angażuje pełną cztero-podjednostkową formę tej polimerazy, gdyż stwierdziliśmy zależność powstawania mutacji od oddziaływania Rev3 z Pol31 i od Pol 32. Wykazaliśmy także, że badany efekt mutatorowy zależy zarówno od aktywności domeny odpowiedzialnej za wiązanie ligaz ubikwitynowych typu HECT koniugazy Ubc4 jak i od oddziaływania Mms2 z ligazą ubikwitynową Rsp5. Wynik ten sugeruje udział nowego kompleksu ubikwitynującego Ubc4/Rsp5/Mms2 w stymulacji powstawania mutacji spontanicznych.

Opis najważniejszych osiągnięć:

1. Polimeraza iota jest acetylowana w odpowiedzi na działanie czynników alkilujących typu SN2 w komórkach ludzkich.
2. Stres replikacyjny zwiększa poziom polimerazy eta w komórkach drożdży.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

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

Publikacje:

5514, 5429, 4322/A, 4376/A, 4376/A, 4377/A, 268/M

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

Zespół: dr Izabela Kern-Zdanowicz, mgr Katarzyna Obszańska (do 30.09.2017)

Cel badania:

1. Badanie roli genu *orf35*, z rejonu wiodącego plazmidu pCTX-M3 – w bakteryjnym systemie dwuhybrydowym wykazano silne oddziaływanie białek NikA i NikB (kodujących białko pomocnicze nikazy i nikazę) oraz NikA z Orf35 i nieco słabsze oddziaływanie NikB z Orf35. Postawiono hipotezę, że Orf35 oddziałuje z relaksosomem pCTX-M3.
2. Badanie roli genu *orf36*, unikalnego genu operonu *tra* plazmidu pCTX-M3. Wykazano, że w komórkach *Escherichia coli* z plazmidem pCTX-M3orf36::cat poziom transkrypcji genu *traH*, trzeciego po *nikA* i *nikB* genu operonu koniugacyjnego *tra*, jest ok. 50-80 razy wyższy niż w *Escherichia coli* niosących pCTX-M3. Przy tym poziom transkrypcji genów *nikA* i *nikB*, kodujących składniki relaksosomu, w obu rodzajach komórek nie różni się. Powstała hipoteza, że geny *traH-excA* mogą być pod kontrolą dodatkowego promotora leżącego w końcu genu *nikB*.

Opis realizowanych prac:

1. Podjęto próby weryfikacji oddziaływań NikA, NikB i Orf35 *in vitro*, poprzednio nadprodukowano białka NikA i Orf35, zarówno natywne jak i w fuzji ze znacznikiem 6×His na końcu aminowym. Podjęto próbę nadprodukcji białka nikazy NikB z podstawieniem katalitycznej reszty tyrozynowej (Tyr→Phe). Chociaż poziom transkrypcji tego genu rośnie ok. czterdziestokrotnie po dodaniu induktora, to białko powstaje w ilościach niewystarczających do badań *in vitro*. Prace nad tym będą kontynuowane.
2. Określono wpływ delekcji *orf36* na poziom transkrypcji genów operonu *tra*. W szczepie *E. coli* z plazmidem pCTX-M3orf36::cat poziom transkrypcji nie tylko *traH*, ale też kolejnych, wybranych do badania genów operonu *tra*: *pri*, *traN*, *traU*, *traX* i *excA*, ostatniego genu rejonu *tra*, jest podwyższony w stosunku do szczepu niosącego pCTX-M3 dzikiego typu: dla *pri* i *traN* – ok. 25×, dla genów *traU* i *traX* – około 10×, natomiast dla genu *excA* – 3×. Natomiast w szczepie z komplementacją, który dodatkowo niesie gen *orf36* na plazmidzie wielokopiiowym, poziom transkrypcji badanych genów jest porównywalny z poziomem w szczepie z pCTX-M3. Podjęte próby nadprodukcji różnych wariantów białka *orf36* (w różnych szczepach, ze znacznikiem 6×His na końcu aminowym, z delecją każdej z dwóch hipotetycznych domen transbłonowych), prowadzone w różnych warunkach hodowli nie powiodły się. Nie uzyskano wykrywalnych ilości białka. Jednocześnie poziom transkrypcji *orf36* jest zadowalający – rośnie w wyniku indukcji ponad trzystukrotnie.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Delekcja genu *orf36*, unikalnego dla systemu koniugacyjnego plazmidu pCTX-M3 wpływa na zwiększenie poziomu transkrypcji wszystkich genów operonu *tra*, poza *nikA* i *nikB*, pierwszymi genami tego operonu.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Wyniki badań są częścią przygotowywanej publikacji naukowej. Stanowią część 2 prac magisterskich i dwóch inżynierskich.

Publikacje:

912/N

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

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

Zespół zajmuje się właściwościami mutagennymi i naprawą adduktów egzocyklicznych do zasad DNA. Głównymi obiektami badań są ostatnio: addukty akroleiny do zasad DNA: 1,N⁶-α-hydroksypropanoadenina (HPA) i 3,N⁴-α-hydroksypropanocytozyna (HPC) oraz białka systemu

odpowiedzi adaptacyjnej u *E. coli* (Ada) glikozylaza AlkA i dioksygenaza AlkB, a także ludzkie homologi AlkB.

Cel badań:

Ustalenie specyficzności substratowej białek systemu Ada oraz poszukiwanie inhibitorów ludzkich dioksygenaz typu AlkB

Opis realizowanych prac:

1. *Ustalenie specyficzności mutagenezy indukowanej obecnością HPC i HPA w DNA.* Określono poziom mutacji indukowanych obecnością HPA w DNA, (tj. A→C, A→T i A→G) przy użyciu plazmidów pIF101, pIF105 i pIF106 oraz poziom mutacji indukowanych obecnością HPC w DNA, (tj. C→A, C→T i C→G) przy użyciu plazmidów pIF104, pIF102 i pIF103. HPA i HPC wykazywały wysoką częstość mutacji w szczepach *E. coli alkB⁻* oraz *alkA⁻*. W mutancie podwójnym *alkAalkB* rosnące stężenia akroleiny użytej do modyfikacji plazmidów pIF spowodowały znaczący wzrost częstości względem szczepu dzikiego oraz z delecją pojedynczych genów od 2 do nawet kilkuset razy.
2. *Sprawdzenie wpływu akroleiny na indukcję systemu Ada.* Aktywność promotorową genów wchodzących w skład Ada (*alkB*, *alkA*) monitorowano za pomocą genu reporterowego GFP wyrażanego z plazmidu pROBE-NT. Podstawowy poziom fluorescencji zarówno w komórkach wolnych jak i zawierających wektor pROBE-NT, wskazuje, że akroleina nie powoduje indukcji odpowiedzi adaptacyjnej (*współpraca dr D. Mielecki*).
3. *Poszukiwanie inhibitorów dla dioksygenazy z rodziny AlkB.* Wyniki uzyskane w pracowni prof. Elżbiety Grzesiuk wykazały nadekspresję pięciu dioksygenaz: ALKBH1, 3, 4, 5 i FTO w rakach płaskonabłonkowych głowy i szyi. Obecność tych białek może zakłócać proces leczenia. Aktywność potencjalnych inhibitorów – naturalnych pochodnych antrachinonów – takich jak reina, emodyna i aloe-emodyna, a także ich nowo zsyntetyzowanych pochodnych – chloroemodyny i dichloroemodyny badano obserwując hamowanie naprawy 3-metylocytozyny przez AlkB i ALKBH3. Wszystkie wyselekcjonowane związki mają zdolność do hamowania aktywności enzymatycznej zarówno AlkB, jak i ALKBH3. Zdolność wiązania inhibitorów do białek ALKBH3 i FTO potwierdzono metodą różnicowej fluorymetrii skaningowej (DSF). Parametry termodynamiczne wskazują, że ALKBH3 najsilniej wiąże reinę i emodynę, a nieco słabiej aloe-emodynę i 2,4-dichloroemodynę. FTO najsilniej wiąże reinę, następnie 2,4-dichloroemodynę oraz kwas karminowy. Dodatkowo, stosując technikę DLS (ang. Dynamic Light Scattering) zbadano obecność nanoagregatów w roztworach inhibitorów. Przy stężeniu 1 mM wszystkie inhibitory poza reiną tworzą nanoagregaty o promieniu około 100 nm. Dalsze rozcieńczanie próbki wpłynęło na zmniejszenie populacji nanoagregatów, jednak ich średnia wielkość pozostała taka sama. (*współpraca prof. E. Grzesiuk, prof. J. Poznański, dr A. Mieczkowski*).
4. *Identyfikacja metabolitów wtórnych wytwarzanych przez grzyba nitkowatego *Aspergillus nidulans*.* Stosując technikę HPLC porównano wpływ mutacji *metR1* i *veA1* na produkcję tych metabolitów (*współpraca dr J. Brzywczy*).

Opis najważniejszych osiągnięć:

Niskocząsteczkowe związki chemiczne z grupy antrachinonów oraz ich pochodne są skutecznymi inhibitorami dioksygenaz AlkB, ALKBH3 i FTO.

Wykorzystanie uzyskanych wyników

Uzyskane wyniki zostaną wykorzystane w przygotowywanych publikacjach naukowych.

Publikacje:

880/N, 5428, 5405, 4318/A, 4319/A, 4206/A, 4205/A

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

Zespół: prof. dr hab. P. Węgleński, dr hab. Agnieszka Dzikowska, mgr Joanna Gawlik

Cel badania:

1. Poznanie mechanizmów regulacji genetycznej u prostych eukariontów.
2. Poznanie mechanizmów ewolucji wybranych gatunków ryb i ssaków.

Opis realizowanych prac:

Kontynuowano prace nad regulacją metabolizmu argininy u *Aspergillus nidulans*. W ramach tych prac wykonano charakterystykę dwóch nowych genów odpowiadających za regulację genów *agaA* i *ataA* kodujących odpowiednio arginazę i transaminazę ornitynową. W oparciu o materiały kostne z terenu Ukrainy i Krymu wykonano analizy sekwencji mtDNA kilkudziesięciu osobników jelenia szlachetnego datowanych na 47 000 – 900 lat BP. Analizy te pozwoliły na wykazanie, że w okresie Plejstocenu mieliśmy do czynienia z trzema falami kolonizacji Krymu przez jelenie z rodzaju *Cervus*, powiązane z głównymi zmianami klimatycznymi zachodzącymi w tym okresie. Wykonanie analizy mikrosatelitarnego DNA z archiwalnych łusek jesiotrów występujących na początku XX wieku w Bałtyku oraz jesiotrów współczesnych z Zachodniej Europy i Kanady pozwoliły na wykazanie, że najbliższą genetycznie populacją jesiotra do tej, która występowała w wodach Polski, jest populacja kanadyjska.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Opracowanie przebiegu ewolucji rodzaju *Cervus*. Przeprowadzenie analiz genetycznych wymarłej z Polsce populacji jesiotra.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Uzyskane wyniki zostaną wykorzystane w publikacjach naukowych.

Publikacje:

5467, 898/N

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

Zespół: prof. dr hab. P. Stępień

Cel badania:

ustalenie wpływu nanocząstek na wzrost komórek oraz indukowanie regulacji różnicowania komórek macierzystych przez substancje wpływające na biogenezę mitochondriów.

Opis realizowanych prac:

Badano różnicowanie komórek macierzystych w kierunku neurogenezy pod wpływem induktorów biogenezy mitochondriów – pyrroloquinoline quinone oraz idebenone. Syntetyzowano nowe warianty nanocząstek i badano ich aktywność biologiczną *in vitro* w stosunku do komórek HeLa, HEK293 i astrocytów.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Stwierdzono, że wpływ pyrroloquinoline quinone (PQQ) oraz idebenonu 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). Wykryto istnienie tzw. „window of opportunity” to jest ściśle określonego czasu w trakcie różnicowania, kiedy komórki reagują na zastosowany bodziec chemiczny.

Cytotoksyczność nanocząstek zawierających domieszki pierwiastków tzw. ziem rzadkich jest zależna od funkcjonowania komórkowego systemu endocytozy zależnej od klatryny.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Uzyskane wyniki zostaną wykorzystane w publikacjach naukowych.

Publikacje:

5387, 5451, 5480, 5510

Temat nr 31: Studia doktoranckie.

Zespół: prof. dr hab. Grażyna Palamarczyk oraz prof. dr hab. Ewa Świeżewska (Kierownik Studium od marca 2017r.), prof. dr hab. Piotr Jonczyk (Dyrektor do Spraw Naukowych IBB PAN), prof. dr hab. Monika Hryniewicz

Na studiach doktoranckich (SD) w IBB PAN zarejestrowano 141 osób, które realizują projekty doktorskie w IBB PAN – 103 osoby, w Międzynarodowym Instytucie Biologii Molekularnej i Komórkowej (MIBMiK) – 28 osób, w Centrum Nowych Technologii Uniwersytetu Warszawskiego – 8 osób, w Narodowym Instytucie Leków – 1 osoba oraz w Instytucie Podstaw Informatyki – 1 osoba.

W 2017 r. na studia doktoranckie przyjęto 33 osoby, z czego 17 osób w wyniku trójstopniowego egzaminu wstępnego, do którego przystąpiło 29 osób. Egzamin obejmował znajomość języka angielskiego, pisemny test oraz ustną prezentację wyników prac magisterskich, połączoną z rozmową z kandydatami. Egzamin ustny przeprowadziła 12-to osobowa komisja składająca się z pracowników naukowych, reprezentujących poszczególne kierunki badawcze Instytutu. Ponadto 16 osób zostało przyjętych w ramach rekrutacji do projektów realizowanych w IBB PAN.

W 2017 roku 32 doktorantom został nadany stopień naukowy doktora.

Działalność dydaktyczna:

W roku sprawozdawczym w IBB PAN zorganizowano następujące cykle wykładów i kursów:

1. Wykład pt.: „Peptydy biologicznie aktywne – wybrane zagadnienia” (w okresie 13.03-15.05.2017 r. odbyło się 15 godzin wykładów) – prowadzący: dr Arkadiusz Bonna i dr Tomasz Frączyk.
2. Warsztaty pt.: „Praktyczne umiejętności biostatystyczne z wykorzystaniem środowiska R” (w okresie 04-06.2017 r. – prowadzący Paweł Kobyliński.
3. Cykl wykładów pt.: „Biologia molekularna eukariontów – nowe odkrycia i trendy badawcze” (w okresie 2.10-11.12.2017 r. odbyło się dziesięć dwugodzinnych wykładów) – prowadzący dr hab. Marta Kobłowska, dr hab. Tomasz Sarnowski, dr Michał Dmowski, dr hab. Adrianna Skoneczna, dr Szymon Świeżewski, prof. Magda Konarska, prof. Magdalena Rakowska-Boguta, prof. Joanna Kufel, prof. Andrzej Dziembowski.
4. Warsztaty kształcące umiejętności dodatkowe (w okresie 1.12-18.12.2017 r. odbyło się 27 godzin zajęć) – prowadzący dr Dariusz Aksamić.

Doktoranci mieli również możliwość uczestniczenia w cyklach wykładów organizowanych w innych instytutach Biocentrum Ochota i Warszawy (IChO PAN, Wydział Chemiczny PW). Każdy doktorant, w porozumieniu z promotorem, miał możliwość wybrania zajęć, które dotyczyły realizowanych przez niego prac lub które w sposób szczególny go zainteresowały.

Dnia 5 października 2017 odbyło się I Sympozjum Sprawozdawcze SBM IBB, sympozjum zorganizowane przez Samorząd Doktorantów SBM odbyło się w budynkach IBB PAN w Dziekanowie Leśnym. Uczestniczyło w nim 50 doktorantów, przedstawiono 9 wykładów i 41 posterów.

W roku sprawozdawczym, podobnie jak w latach poprzednich, istniał obowiązek rocznego pisemnego sprawozdawania się doktorantów z przebiegu ich pracy badawczej. Sprawozdania, poza promotorem oceniali jeszcze dwóch pracowników naukowych IBB PAN.

Doktoranci są współautorami 46 pełnych prac naukowych oraz 106 komunikatów lub plakatów przedstawionych na konferencjach i zjazdach krajowych i zagranicznych. 15. 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. Projekty ocenione zostały przez ekspertów – pracowników naukowych instytucji zewnętrznych specjalizujących się w tematyce bliskiej aplikacjom. 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, które oceniane będzie przez ekspertów.

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, sfinansowano organizację Sympozjum Sprawozdawczego SBM.

W 2017 roku 4 doktorantów otrzymało projekty PRELUDIUM, 2 doktorantów projekty ETIUDA.

Temat nr 32.1: Działalność Pracowni Biologii Molekularnej w Gdańsku.

Regulacja ekspresji genów i innych procesów związanych z funkcjami DNA w komórkach bakteryjnych.

Zespół: prof. PAN dr hab. Magdalena Gabig-Cimińska, prof. PAN dr hab. Alicja Węgrzyn, dr Marta Moskot, dr Piotr Golec (do 31.10.2017 r.)

Cel badania:

1. Ocena wpływu genisteiny na pacjentów łuszczycowych.
2. Określenie wpływu NLPZ na transkryptom oraz cykl komórkowy zdrowych ludzkich fibroblastów skórnych, w kontekście ich potencjalnego zastosowania w leczeniu neurologicznych objawów chorób metabolicznych.
3. Zbadanie roli genów i otwartych ramek odczytu z rejonu *exo-xis* i ich produktów w regulacji rozwoju bakteriofagów lambdoidalnych.

Opis realizowanych prac:

Ad 1. Badania profilu transkrypcyjnego genów keratynocytów tkanki skórnej biopatów pochodzących z miejsc niezmiennych i zmienionych łuszczycowo czterech pacjentów, przed (czas 0) i po zakończeniu próby klinicznej (po 56 dniach), przyjmujących genisteinę (2 razy na dobę w dawce 75 lub 150 mg) bądź placebo wskazują na modulowaną przez genisteinę ekspresję wielu spośród 90 testowanych genów markerowych w przypadku jednego pacjenta, klasyfikując go do grupy osób przyjmujących 150 mg, podczas gdy znacznie mniejszy efekt obserwowano dla pozostałych trzech pacjentów, należących do grupy kontrolnej (placebo) bądź przyjmujących niższą dawkę genisteiny. Nie stwierdzono jednak wpływu genisteiny na pierwszo- jak i drugorzędowe punkty końcowe skuteczności klinicznej.

Ad 2. Analiza wpływu NLZP, tj. indometacyny i nimesulidu, na transkryptom fibroblastów HDFa, traktowanych osiągalnymi klinicznie stężeniami, pozwoliła stwierdzić, iż pomimo relatywnie dużej liczby genów, poziom zmian w ich aktywności jest niewielki. Sprawdzając z kolei wpływ testowanych leków na przebieg faz cyklu komórkowego uznano brak znaczących statystycznie różnic w liczbie komórek poddanych traktowaniu, które znajdowały się w danej fazie cyklu, w stosunku do kontroli.

Ad 3. Zbadano rolę *orf63* i jego produktu, białka Orf63, w regulacji rozwoju bakteriofagów λ i $\Phi 24_B$. Stwierdzono, że mutanty pozbawione *orf63* charakteryzowały się opóźnioną indukcją profaga oraz wykazywały znaczne zmiany w regulacji ekspresji genów fagowych. Określona została struktura białka Orf63. Wyniki te wskazują, że Orf63 może brać udział w regulacji rozwoju bakteriofagów lambdoidalnych poprzez kontrolę ekspresji poszczególnych genów fagowych.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Ad 1. Wstępne badanie wskazało na brak skuteczności klinicznej genisteiny w leczeniu łuszczycy, co prawdopodobnie wynikało zarówno z nabyt niskiego stężenia, jak i krótkiego czasu podawania tej substancji, jednakże obserwacje zmian aktywności genów markerowych wskazują na trend, który sugeruje kontynuację badań, w tym ze zwiększoną grupą pacjentów.

Ad 2. Potwierdzenie profilu bezpieczeństwa testowanych leków, w świetle możliwości ich użycia w terapii osób cierpiących na lizosomalne choroby spichrzeniowe, dotyczące ośrodkowego układu nerwowego.

Ad 3. Określenie roli *orf63* i jego produktu w regulacji rozwoju bakteriofagów lambdoidalnych.

Publikacje:

5358, 5422, 5446, 5468, 5511, 5512, 4181/A, 4191/A, 4359/A, 4360/A

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

Zespół: prof. dr hab. Maciej Żylicz, dr Bartosz Wawrzynów, mgr Magdalena Prusko

Cel badania:

1. Udział białek szoku termicznego (HSP) w nabywaniu przez komórki nowotworowe raka piersi i płuca oporności na chemioterapię poprzez hamowanie apoptozy wywołanej chemioterapeutykami uszkadzającymi DNA.
2. Wykorzystanie macierzy eksonowych do analizy transkrypcji i alternatywnego składania pre-mRNA (splicing) w komórkach nowotworowych.

Opis realizowanych prac:

Ad 1. Poprzednie nasze wyniki wskazywały, że 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 niektórych białek opiekuńczych (publikacja: Tracz-Gaszewska i wsp., 2017). Obecnie korzystając z danych zgromadzonych w bazie The Cancer Genome Atlas (TCGA), która zawiera informacje genomowe, proteomowe oraz kliniczne ok. 1100 pacjentów z rakiem piersi, przeprowadzono wielopłaszczyznową analizę bioinformatyczną i wyselekcjonowano białka szoku cieplnego, których poziom ekspresji genów korelował z czasem przeżycia pacjentów z rakiem piersi w dwóch niezależnych bazach danych. Wykazano, że białka HSP mogą odgrywać zarówno rolę supresorową, jak i onkogenną w nowotworach. Wysoka ekspresja dwóch genów *HSP* wiązała się z dłuższym czasem przeżycia, w czterech innych – wysoka ekspresja korelowała ze skróconym przeżyciem. Analizy wykazały, że ekspresja genów kodujących białka HSP, które pełnią rolę supresorową w raku piersi jest skorelowana z łagodniejszą postacią kliniczną raka, natomiast ekspresja genów HSP funkcjonujących jako onkogeny, korelowała z występowaniem wyższego stadium zaawansowania choroby.

Ad 2. Ostatnie nasze wyniki pokazały nową onkogenną funkcję produktów zmutowanego genu *TP53* w alternatywnym składaniu pre-mRNA *VEGFA*. Zaproponowaliśmy mechanizm tego zjawiska, gdzie kluczową rolę odgrywa rybonukleinowy kompleks: mut p53-ID4-SRSF1-MALAT1 (praca: Prusko i wsp., 2017). Obecne wyniki uzyskane z wykorzystaniem mikromacierzy eksonowych pozwoliły na zidentyfikowanie grupy genów, które mogą być potencjalnymi celami dla powyższego kompleksu. Wiele z tych genów jest zaangażowane w procesy związane z nowotworzeniem.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Ad 1. Zaproponowano molekularny mechanizm chemiooporności dla pacjentów z rakiem płuca i piersi posiadających zmieniony status genu *TP53* oraz amplifikację genu *MDM2*.

Ad 2. Zaproponowano nową onkogenną funkcję białkowych produktów zmutowanego *TP53* w alternatywnym składaniu pre-mRNA *VEGFA* skutkującą powstawaniem jego proangiogennej izoformy.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Uzyskane wyniki były podstawą do opublikowania dwóch artykułów naukowych, napisania dysertacji doktorskiej i jej publicznej obrony przez M. Prusko (wniosek Komisji ds. Przewodów Doktorskich do Rady Naukowej IBB PAN o wyróżnienie).

Publikacje:

5450, 5476

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

Cel badania:

Poznanie mechanizmów efektywnego działania systemu aktywnej segregacji (partycji) plazmidu-profaga P1 oraz udziału systemu partycji w stabilnym utrzymaniu plazmidu-profaga P1 w komórkach gospodarzy alternatywnych dla *Escherichia coli*.

Opis realizowanych prac:

W ramach poszukiwań gospodarzy faga P1 alternatywnych dla *Escherichia coli*, w lizogenach których profag P1 mógłby być utrzymywany w formie plazmidu przetestowano szczepy bakterii należących do gatunków: *Enterobacter cloacae*, *Vibrio harvei*, *Shewanella baltica*, *Dickeya solani*, *Pectobacterium* sp. pod kątem wrażliwości na infekcję fagiem P1. Spośród badanych szczepów P1 mógł infekować, rozwijać się drogą rozwoju litycznego i lizogenizować tylko *E. cloacae*. Wykazano jednak, że rozwój lityczny w komórkach *E. cloacae* przebiega inaczej w czasie niż rozwój w komórkach *E. coli*. Ponadto liza, po indukcji rozwoju litycznego profaga w lizogenach zachodzi po znacznie dłuższym czasie i z udziałem jako dominujących, innych białek litycznych niż w przypadku lizy *E. coli*. Oprócz *Agrobacterium tumefaciens*, *E. cloacae* nadaje się więc do badania funkcji systemu partycji w komórkach różnych gospodarzy. W ramach współpracy z Samodzielnym Zakładem Biologii Mikroorganizmów WRiB SGGW oraz z Pracownią Sekwencjonowania DNA i Syntezy Oligonukleotydów IBB PAN kontynuowano badanie możliwości lizogenizacji środowiskowego izolatu *Pantoea agglomerans* przez faga P1. Po uzyskaniu kompletnej sekwencji genomu tego szczepu, okazało się, że oprócz poprzednio wykrytego w nim plazmidu o wielkości 0,07 Mb, posiada on jeszcze dwa dodatkowe duże plazmidy o wielkości odpowiednio 0,2 i 0,6 Mb. Co więcej replikon najmniejszego plazmidu wykazuje cechy wskazujące na niekompatybilność replikacyjną z plazmidem P1, a kaseta partycyjna największego plazmidu cechy wskazujące na niekompatybilność partycyjną z plazmidem P1. Komórki badanego szczepu udało się wyleczyć ze średniego plazmidu. Ponadto wykazano, że replikon tego plazmidu jest funkcjonalny w komórkach *E. coli* i jest kompatybilny z P1. Próby wyleczenia z dwóch pozostałych plazmidów nie powiodły się i są one kontynuowane. W ramach dodatkowych badań we współpracy z Centrum Inżynierii Biologicznej Uniwersytetu w Minho, w Portugalii, scharakteryzowano DNA genomowe kilku fagów infekujących szczepy bakterii rodzaju *Morganella* lub *Providencia*.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Identyfikacja alternatywnego gospodarza faga P1 dogodnego do badania zarówno funkcji litycznych P1 jak i funkcji odpowiedzialnych za stabilne utrzymanie plazmidu profaga w lizogenach. Wykazanie różnic w profilach białek litycznych P1 istotnych w lizie komórek różnych gospodarzy tego faga.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Wyniki zostaną wykorzystane w planowaniu dalszych badań nad funkcją systemu partycji plazmidu-profaga P1 w komórkach różnych gospodarzy bakteryjnych.

Publikacje:

5376, 5389, 5391, 5508, 5517, 919/N, 4357/A, 4358/A, 4361/A, 4362/A, 4363/A

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

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

Cel badania:

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

Ustalenie mechanizmów regulacji czasu spoczynkowego nasion oraz kontroli odpowiedzi na suszę przez białko DOG1.

Opis realizowanych prac:

Kontynuowano badania nad funkcją zależną od bodźców środowiskowych regulacji proporcji wariantów histonu H1 w dystrybucji nukleosomów i znaczników epigenetycznych w chromatynie *Arabidopsis thaliana* oraz mechanizmami regulacji transkrypcji w *Arabidopsis*, zależnymi od remodelera chromatyny, białka BRM i kompleksu remodelującego SWI/SNF. Badano rolę antysensownego niekodującego białka transkryptu w regulacji transkrypcji genu DOG1 kluczowego regulatora czasu spoczynkowego nasion.

Opis najważniejszych osiągnięć:

1. Uściślono zależność między dystrybucją nukleosomów w genomie *Arabidopsis*, a obecnością wariantów histonu H1. Na podstawie porównania podatności fragmentów genomu na trawienie enzymatyczne wykazano, że histony łącznikowe są niezbędne dla utrzymania kondensacji heterochromatyny. Ponadto analiza pozycji nukleosomów wykazała rolę H1 w utrzymywaniu wydłużonych odcinków DNA łącznikowego w heterochromatynie i w promotorach aktywnych genów.
2. Ustalono, że białko BRM kontroluje ekspresję genów poprzez wiązanie zarówno do ich promotorów, jak i terminatorów. Ustalono wpływ mutacji w genie BRM na dystrybucję nukleosomów w genomie *Arabidopsis*. Wykazano, że mutanty w genach kodujących białka zawierające bromodomenę (mutanty brd) przejawiają nadwrażliwą odpowiedź na kwas abscysynowy oraz paklobutrazol (inhibitor biosyntezy giberelin).
3. Zanalizowano bioinformatycznie białka *Arabidopsis* z domeną globularną histonu H1 (GH1) i zaproponowano ich nową całościową klasyfikację.
4. Ustalono funkcję antysensownego transkryptu na genie *DOG1* w regulacji czasu spoczynkowego nasion. Ustalono funkcję antysensownego transkryptu na genie *DOG1* w percepcji zewnętrznych czynników stresowych. Ustalono rolę terminacji na nici sensownej w regulacji antysensownego transkryptu.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Kontynuacja badań.

Publikacje:

5393, 5412, 5463, 5457, 5522, 4218/A, 264/M

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 (zatrudniona do 28.02.2017), dr Anna Stachyra (do 31.10.2017), dr Róża Sawicka (doktorantka), mgr Barbara Kalenik (doktorantka)

Cel badania:

1. Analiza skuteczności immunizacji kur oraz myszy różnymi wariantami szczepionek DNA kodujących hemaglutyninę wirusa grypy.
2. Analiza 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:

Nasze badania dotyczyły głównie efektywności immunizacji kur i myszy plazmidami ekspresyjnymi (szczepionkami DNA) kodującymi różne warianty hemaglutyniny wirusa grypy. Analizę porównawczą efektywności szczepień przeprowadzono poprzez ocenę odpowiedzi immunologicznej typu humoralnego metodą ELISA oraz typu komórkowego metodą cytometrii przepływowej. Badano także profil transkryptomyczny śledzion immunizowanych zwierząt. Ponadto, oceniano możliwość zwiększenia skuteczności szczepień poprzez zastosowanie biologicznych adiuwantów: (1) rekombinowanego białka CMTI::GM-CSF wyprodukowanego w systemie roślinnym lub (2) plazmidu ekspresyjnego kodującego białko mGM-CSF.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Wykazano zwiększoną efektywność zoptymalizowanych wariantów wybranych szczepionek. Zaobserwowano wzmocnienie odpowiedzi immunologicznej po immunizacji myszy szczepionką DNA przeciwko wirusowi grypy poprzez zastosowanie jako adiuwantu rekombinowanego białka GM-CSF lub rekombinowanego plazmidu ekspresyjnego zawierającego cDNA kodujące to białko.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Wyniki badań zostały oraz zostaną wykorzystane w publikacjach naukowych.

Publikacje:

5354, 5385, 5460, 5464, 893/N, 910/N

Temat nr 36: Metody informatyczne w biologii molekularnej.

Zespół: prof. dr hab. Piotr Zielenkiewicz, dr Paweł Szczęsny, dr Paweł Siedlecki, dr Szymon Kaczanowski, dr Anna Łukasik, mgr Małgorzata Habich (doktorantka), mgr Marta Stępniewska-Dziubińska (doktorantka), mgr Maciej Wójcikowski (doktorant)

Cel badania:

Zastosowanie metod modelowania molekularnego do przewidywania struktury i funkcji biopolimerów.

Opis realizowanych prac:

Opracowano nową funkcję oceny siły oddziaływań białko-ligand opartą o uczenie maszynowe – RF-Score-VS. Stworzona funkcja ma szczególne zastosowanie w badaniach przesiewowych *in silico*. Opracowano głęboką konwolucyjną sieć neuronową przewidującą siłę oddziaływania białko-ligand na podstawie struktury 3D kompleksu. Wyniki badań zostały opisane w pracy "Development and evaluation of a deep learning model for protein-ligand binding affinity prediction" (Bioinformatics). Stworzono metodę przewidywania celów związków niskocząsteczkowych opartą o struktury 2D molekuł. Opracowano nową metodę opisu interakcji białko-ligand nazwaną Protein-Ligand Extended Connectivity Fingerprint (PLEC FP). Na jej podstawie zbudowano model przewidywania siły oddziaływania białko-ligand. Publikacja w przygotowaniu. Rozwijano pakiet narzędzi cheminformacyjnych Open Drug Discovery Toolkit (ODDT). Zaimplementowano dwie nowe własne metody: RF-ScoreVS oraz PLEC FP.

Kontynuowano badania różnych procesów biologicznych przy użyciu metod informatycznych: (i) analizowano przebieg ewolucji programowanej śmierci komórkowej; (ii) analizowano własności sieci interakcji genetycznych drożdży piekarskich *Saccharomyces cerevisiae*; (iii) analizowano przebieg ewolucji drożdży piekarskich w hemostacie wieloprobówkowym.

Zakończono prace nad projektem dotyczącym uwarunkowań, chronologii, oraz dynamiki powstawania standardowego kodu genetycznego (SKG) oraz reguł późniejszej ewolucji pierwszych genomów.

W ramach badań wpływu mechanizmów molekularnych na fizjologię organizmu stworzono podstawowy model (na poziomie proof-of-concept) pozwalający wnioskować o stężeniach wybranych enzymów i ich metabolitów w krwi na podstawie oscylacji różnicy potencjałów pomiędzy krwią żylną i tętniczą.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Opracowano podstawowy model wpływu siły elektromotorycznej powstałej w układzie tetnica-żyła na właściwości fizjologiczne krwi.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Kontynuacja badań przy użyciu wytworzonych narzędzi programistycznych.

Publikacje:

5406, 5435, 5419, 5448.

Temat nr 37: Mechanizmy kontrolujące proces patogenezy komórek roślinnych.

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

Cel badania:

Prowadziliśmy badania mające na celu 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 zmodyfikowaną technologię RenSeq umożliwiającą „zagęszczanie celów” to jest sekwencji kodujących białka należące do nadrodziny R i wielkoskalowe sekwencjonowanie nowej generacji PacBio SMRT (Pacific Biosciences Single-Molecule Real Time sequencing). Zastosowanie takiej strategii umożliwiło nam wyizolowanie sekwencji genomowej, obejmującej gen *Ry_{sto}*, *S. tuberosum*. Sekwencja ta koduje wcześniej nie scharakteryzowany gen o długości 3777 nukleotydów, kodujący białko zawierające charakterystyczne dla genów odporności R domeny: TIR-NB-LRR. Ekspresja, wyodrębnionego przez nas, genu *Ry_{sto}*, w układzie transgenicznym roślin ziemniaka całkowicie zahamowuje namnażanie się wirusa PVY. W rezultacie genotypy wcześniej podatne na infekcję PVY stają się odporne (ER) na infekcję tym patogenem.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Wyizolowaliśmy nieopisany dotychczas gen, którego ekspresja warunkuje odporność typu ER ziemniaka, po infekcji PVY. ER to jedna z najważniejszych cech hodowlanych ziemniaka jadalnego.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Uzyskane wyniki są podstawą zgłoszenia patentowego z dnia 28. 07. 2017, o numerze 070294.0112 i tytule „Potyvirus Resistance Genes and Methods of Use” zgłoszonego do U.S. Patent and Trademark Office.

Publikacje:

5423, 4220/A, 4224/A, 4375/A

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 II. Z wykorzystaniem opracowanej w naszej pracowni metody sekwencjonowania wysokoprzepustowego całych genomów mitochondrialnych na platformie MiSeq, Illumina, zidentyfikowano warianty mtDNA i określono haplogrupę mitochondrialną dla 100 pacjentów z cukrzycą typu II i 115 osób z dopasowanej grupy kontrolnej bez cukrzycy. Rozkład haplogrup mitochondrialnych przedstawiono w tabeli poniżej.

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

Haplogrupa mitochondrialna	Cukrzyca typu II (n=100)	Grupa kontrolna (n=115)
C	1 (1%)	1 (1%)
D	0 (0%)	2 (2%)
H	42 (42%)	43 (37%)
HV	0 (0%)	2 (2%)
I	5 (5%)	1 (1%)
J	9 (9%)	7 (6%)
K	4 (4%)	6 (5%)
R	1 (1%)	2 (2%)
T	10 (10%)	8 (7%)
U	22 (22%)	30 (26%)
V	1 (1%)	8 (7%)
W	3 (3%)	3 (3%)
X	2 (2%)	2 (2%)

Analiza statystyczna rozkładu haplogrup mitochondrialnych wykazała, że haplogrupa V występuje istotnie rzadziej w badanej grupie pacjentów (1%) niż w grupie kontrolnej (7%).

Ponadto, zidentyfikowano 5 wariantów mtDNA, których częstość również była istotnie niższa w grupie pacjentów z cukrzycą typu II w porównaniu do grupy kontrolnej (tabela 2).

Tabela 2. Analiza asocjacji wariantów mitochondrialnych w grupie pacjentów z cukrzycą typu II i grupie kontrolnej bez cukrzycy.

Wariant mitochondrialny	Częstość w grupie pacjentów z cukrzycą II	Częstość w grupie kontrolnej
m.72T>C	1 (1%)	9 (9%)
m.4580G>A	1 (1%)	8 (8%)
m.15904C>T	1 (1%)	8 (8%)
m.16261C>T	0 (0%)	6 (6%)
m.16298T>C	2 (2%)	10 (10%)

Otrzymane wyniki sugerują, że haplogrupa V oraz 5 wariantów mtDNA mogą pełnić rolę ochronną w rozwoju cukrzycy w polskiej populacji.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Zakończono analizę mtDNA dla 100 pacjentów z cukrzycą typu II i 115 osób z dopasowanej grupy kontrolnej bez cukrzycy – zidentyfikowano warianty mtDNA, określono haplogrupę mitochondrialną oraz przeprowadzono analizę statystyczną.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Wyniki badań zostaną wykorzystane w publikacjach naukowych.

Publikacje:

5353, 5357, 5418, 5440

Temat nr 41: Oksydacyjne uszkodzenia DNA

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

Cel badania:

Określenie znaczenia produktów peroksydacji lipidów, 4-hydroksynonenalu (HNE), aldehydu krotonowego (CRO) i akroleiny (ACR) w przebiegu niedokrwistości Fanconiego.

Kolejnym celem jest badanie mechanizmów oporności na terapię fotodynamiczną (PDT) w liniach wrażliwych i opornych na PDT, ze szczególnym naciskiem na znaczenie naprawy DNA.

Opis realizowanych prac:

Zostały przeprowadzone badania nad hamowaniem przez produkty LPO aktywności ludzkich kinaz białkowych zaangażowanych w DDR, CHK1 i CHK2. Enzymy zostały oczyszczone, została opracowana nowa metoda oznaczania aktywności kinaz i zbadana ich aktywność w obecności HNE, CRO i ACR. Do tej pory dużo uwagi poświęcono mechanizmom oporności na PDT linii nowotworowych o pochodzeniu mezenchymalnym, tj. nowotworom mózgu. W sprawozdawanym roku badany był mechanizm oporności na PDT w wyizolowanych liniach opornych o pochodzeniu nabłonkowym, tj. nowotworów szyjki macicy i sromu.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Oczyszczono dwie kinazy systemu DDR, CHK1 i CHK2. Opracowano nową metodę oznaczania aktywności kinaz, w której oczyszczona kinaza fosforyluje syntetyczny peptyd o określonej sekwencji radioaktywnym ATP. Peptyd z przyłączoną radioaktywną grupą fosforanową zostaje następnie rozdzielony w elektroforezie na żelu poliakrylamidowym, a ilość przeniesionych grup fosforanowych zostaje oznaczona poprzez fosforadiografię. Pokazano, że kinaza białkowa CHK2 ulegała silnej modyfikacji przez HNE i nieco słabszej przez CRO i ACR. Wszystkie te związki silnie hamowały aktywność katalityczną CHK2. Kinaza CHK1 była także modyfikowana przez produkty LPO, jednakże jej aktywność enzymatyczna była zahamowana jedynie przez CRO i ACR i to znacznie słabiej niż kinaza CHK2. Co ciekawe, HNE nie tylko nie hamował kinazy CHK1 ale nawet ją w niewielkim stopniu aktywował (jednak istotnym statystycznie).

Wyizolowano dwie nowe linie raka sromu częściowo odporne na PDT. Badania proteomiczne i biochemiczne wykazały, że linia A431 charakteryzowała się zmniejszoną produkcją fotouczulacza, protoporfiryny IX (PpIX), a także zwiększoną syntezą enzymów antyoksydacyjnych, co spowodowało obniżony poziom reaktywnych form tlenu (RFT). Komórki innej linii, Cal-39, po osiągnięciu częściowej oporności na PDT zmieniły kształt na bardziej fibroblastyczny. Zmienione komórki słabiej przyłączały się do podłoża i oddziaływały między sobą. Ku zaskoczeniu, poziom RFT był podniesiony w opornych komórkach CAL-39 w stosunku do wrażliwych. Badania proteomiczne pokazały, że komórki odporne miały wyższy w stosunku do wrażliwych poziom białek mogących obniżać szkodliwe skutki RFT, takich jak białka naprawy DNA (MSH2, MSH6 i APE1), enzymy antyoksydacyjne (TXNL1, GPX8, GSS, GPX1, PRDX2, SOD1), i enzymy metabolizmu hemu (HO-1, UPD, BVR, CPO, PPO – podwyższone). Sugeruje to, że komórki Cal-39 zdobyły oporność poprzez zwiększenie ilości enzymów naprawy DNA i enzymów antyoksydacyjnych oraz być może zwiększone tempo metabolizmu hemu, a więc i degradacji PpIX. Tak więc, w komórkach raka sromu oporność może wynikać między innymi z obniżonej produkcji lub zwiększonej degradacji PpIX, zwiększonej ilości enzymów antyoksydacyjnych i/lub naprawy DNA.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

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

Publikacje:

5415, 5528, 4249/A, 4250/A, 4251/A, 4252/A, 4253/A, 4254/A, 4353/A, 4393/A, 4394/A, 4395/A

Temat nr 42: Mutacje indukowane i adaptacyjne.

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

Cel badania:

Realizowano następujące cele:

1. Określenie struktury i funkcji białka FTO.
2. Ekspresja białek ALKBH w nowotworach nosogardła (HNSCC).
3. Ocena właściwości antynowotworowych nowych pochodnych stilbenów i oksepin.
4. Charakterystyka transkryptomu bakterii *Pseudomonas putida* KT2440 i *Shewanella oneidensis* MR-1 traktowanych MMS, MNNG i cis-platyną.
5. Analiza metagenomiczna i metatranskryptomiczna wspólnot mikroorganizmów metanogennych w zależności od składu substratów poddawanych metagenizacji.
6. Wpływ obecności drożdżaków na pracę hodowli fermentacji wodorowych.

Opis realizowanych prac:

1. Stosując techniki MST i DSF wykazano tworzenie kompleksu FTO-wapń, a metoda SAXS wykazała, że obecność wapnia jest wymagana do tworzenia homodimeru FTO. Nasze odkrycia dotyczące kompleksu FTO-kalmodulina, sugerują powiązania FTO ze ścieżkami regulacji wapnia.
2. Białka ALKBH 1, 3, 4, 5 i FTO lokalizują się preferencyjnie w nowotworach HNSCC. Również wyniki analizy western blot wskazały na nadekspresję białek ALKBH w tych nowotworach. Nowe pochodne antrachinonów okazały się inhibitorami białek ALKBH (zgłoszenie patentowe P.419848).
3. Spośród 11 nowych pochodnych stilbenów i oksepin (współpraca z Wydziałem Chemii PW) dwie pochodne JR5 i JJR6 były szczególnie aktywne w stosunku do nowotworowych linii komórkowych (publikacja w Curr Canc Drug Targets doi 10.2174/1568009617666170623120742).
4. Bakterie *P. putida* KT2440 i *S. oneidensis* MR-1 traktowano wybranymi czynnikami alkilującymi (MMS, MNNG i cis-platyną) w fazie wzrostu logarytmicznego lub stacjonarnego, a w przypadku *S. oneidensis* dodatkowo bakterie traktowano w warunkach beztlenowych. Ze wszystkich wariantów izolowano RNA, które posłużyło do przygotowania biblioteki NGS.
5. Gdy metagenizacji poddawane jest podłoże bogate w mleczan, wówczas metan produkowany jest głównie z octanu na drodze metanogenezy acetotroficznej. Dalsze prace są w trakcie realizacji.
6. Drożdżaki zakłócają pracę wspólnoty bakterii fermentacji wodorowych poprzez zmianę typu fermentacji, obniżenie pH środowiska i produkcję czynników hamujących wzrost bakterii.

Opis najważniejszych osiągnięć:

1. Odkrycie nadekspresji białek ALKBH w nowotworach HNSCC.
2. 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 nieznanej funkcji.
3. Utlenianie mleczanu do octanu podczas acetogenezy warunkuje acetotroficzny szlak metanogenezy.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Uzyskane wyniki są wykorzystywane do przygotowania zgłoszeń patentowych, publikacji oraz prac magisterskich, inżynierskich i doktorskich.

Publikacje:

5371, 5405, 5413, 5428, 5520, 4205/A, 4206/A, 4285/A, 4318/A, 4337/A, 4352/A, 4354/A, 4355/A, 4366/A, 4367/A, 4369/A, S3535, 916/N

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

Zespół: prof. dr hab. Grażyna Jagura-Burdzy, dr Aneta Bartosik, dr Krzysztof Głąbski, dr Adam Kawalek, mgr Ewa Lewicka, 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 segregacyjną plazmidu testowego zawierającego moduł stabilizacyjny plazmidu o szerokim spektrum gospodarzy RA3 (IncU) i warianty delecyjne tego modułu w wybranych gospodarzach oprócz *Escherichia coli* i porównano z wynikami analizy ilościowej transkryptów (RT-qPCR) powstających w obrębie modułu stabilizacyjnego i wariantów delecyjnych w tych gospodarzach. Analiza ta wykazała gatunkowo-specyficzną rolę poszczególnych genów modułu stabilizacyjnego: *kfrA*, *kfrC*, *kfcA* i *orf02*.

Szczególnie interesująca wydaje się funkcja miozyno-podobnych białek alfa-helikalnych KfrA i KfrC kodowanych przez plazmidy BHR. Wykazano, że pochodne delecyjne *kfrA-kfrC* mają ograniczoną zdolność stabilnego utrzymywania się w komórkach różnych bakterii. Potwierdzono zdolności dimeryzacyjne i polimeryzacyjne KfrA i KfrC a także zdolność tworzenia kompleksów KfrA-KfrC *in vivo* i *in vitro*. Obecnie trwa analiza właściwości mutantów delecyjnych RA3 pozbawionych *orf02* i *kfcA* (potencjalnie kodującego białko antyrestrykcyjne).

Konstruowana jest biblioteka genomowa *E. coli* w wektorze systemu dwuhybrydowego BACTH, która wykorzystana zostanie do znalezienia potencjalnych białek partnerskich w proteomie gospodarza dla wybranych białek plazmidowych RA3 i R751.

W drugim kierunku naszych badań analizowano uzyskane dane ChIP-seq dla ParB w *P. aeruginosa* dla szczepu dzikiego, przy nadprodukcji ParB oraz kilku mutantów *parS*. Pozwoliło to na powiązanie danych transkryptomicznych z nowoodkrytymi miejscami wiązania ParB w chromosomie poza miejscami *parS*. Znalezione nowych partnerów białka ParB m.in. białka histonopodobne zaangażowane w regulację ekspresji genów.

Prowadzone są badania nad 6. potencjalnymi regulatorami transkrypcji zależnymi od ParB.

Opis najważniejszych osiągnięć:

1. Wykazano gatunkowo-specyficzne funkcje poszczególnych elementów kasety stabilizacyjnej (produktów genów, promotorów) w testowanych gospodarzach plazmidu RA3.
2. Wykazano, że białko partycyjne ParB w *P. aeruginosa* pełni funkcje NAP (*Nucleoid Associated Protein*) wiążąc się do licznie występującego w genomie 7 nt motywu. Wykazano oddziaływania ParB z innymi białkami, w tym NAP np. histonopodobnymi. To pozwala zrozumieć pleiotropowy charakter zmian transkryptomicznych w mutancie *parB_{null}* czy w warunkach nadprodukcji ParB.
3. Wstępne wyniki sugerują udział potencjalnych transkrypcyjnych regulatorów PA1196, PA3458 oraz PA3027 w regulacji ekspresji genów zaangażowanych w metabolizm związków węgla takich jak arginina, glutamina i glicerol, odpowiednio.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Uzyskane wyniki badań są podstawą publikacji naukowej (druga jest przygotowywana do druku). Zostały przedstawione w formie 4 posterów na międzynarodowej konferencji naukowej.

Publikacje:

5449, 4201/A, 4202/A, 4203/A, 4204/A

Temat nr 47: Modelowanie struktury i funkcji białek.

Zespół: prof. dr hab. Piotr Zielenkiewicz, dr Danuta Płochocka, dr Piotr Pawłowski

Cel badania:

Zastosowanie metod modelowania molekularnego do przewidywania struktury i funkcji biopolimerów.

Opis realizowanych prac:

Przeprowadzono bioinformatyczną analizę β -globiny ludzkiej, w której została wykryta mutacja polegająca na insercji CCAGT w trzecim egzonie. W wyniku tej mutacji m-RNA ulegało degradacji. Rozpatrzono znane mechanizmy „mRNA decay” i wykazano, że tego typu degradacja mRNA nie była dotychczas obserwowana.

Badano mechanizmy regulacji translacji u organizmów eukariotycznych. Kolejna już praca będąca owocem tej współpracy dotyczyła korelacji pomiędzy efektywnością translacji a skalą represji ekspresji białek zależnej od miRNA. W tym samym nurcie badania regulacji ekspresji białek na poziomie translacji ukazała się praca będąca wynikiem współpracy pracowników trzech zakładów Instytutu dotycząca wpływu nowych mutacji chorobotwórczych w genie beta-globiny na jego ekspresję.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Odkrycie nieobserwowanego dotychczas mechanizmu degradacji mRNA.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Próby komercjalizacji uzyskanych patentów 225166, 2015201410, 2015201409, JP2015-163655

Publikacje:

5496, 5455

Temat nr48: Badania wczesnych etapów związania i agregacji białek.

Zespół: prof. dr hab. Michał Dadlez, dr Ewa Sitkiewicz, dr Aleksander Moysa, mgr Kaja Przygońska

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 i in. 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 (IF), błonowe toksyny bakteryjne, receptor RAGE, czy białka natywnie nieustrukturyowane.

Opis realizowanych prac:

Wyniki 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) podsumowano w publikacji złożonej po recenzji do JBC. Wykazano, że koniec N, którego obecność różni amyloidogenną formę Abeta od nieamyloidogennego, krótszego, ale też endogennego, peptydu p3 aktywnie partycypuje w stabilizacji struktury oligomerów. Informacja ta może być kluczem do zrozumienia fenomenu oligomeryzacji tego peptydu i tworzenia form neurotoksycznych. Opracowano model molekularny wskazujący możliwą trajektorię transformacji oligomerów o strukturze

antyrownoległej do struktury równoległej, w której rola regionu końca N polega na stabilizacji form przejściowych. Przystąpiliśmy do badań serii mutantów punktowych A2T, A2V, H6A, H13A, H14A, co pokazało bardzo silną zależność równowag oligomeryzacyjnych od zmian pojedynczych reszt. Spośród innych badanych układów wykorzystano opracowaną uprzednio nową metodykę pomiarów kinetyk polimeryzacji/depolimeryzacji białek IF i zamknięto cykl eksperymentów pokazujących wpływ zmian statusu redox jedynej cysteiny w sekwencji vimentyny na szybkość tych procesów. Kinetyki polimeryzacji/depolimeryzacji vimentyny są kluczowe w tak ważnych procesach jak przejście epithelialno-mezenchymalne (EMT) w rozwoju raka. Ustalono stechiometrię wiązania jonów cynku do vimentyny i ich wpływ na proces oligomeryzacji. Pokazano istnienie dwu klas miejsc wiążących i odmienność morfologii tworzonych włókien. Pokazano też zmianę trybu oligomeryzacji i tworzenia kanałów błonowych w punktowym wariacie perfringolizyny. Eksperymenty NativeMS dla pełnej formy receptora RAGE wykazały tworzenie struktur oktamerycznych. Analizy HDeXMS zastosowaliśmy też w nowym projekcie dotyczącym wiązania peptydów kolagenowych do chondroadheryny.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Stworzenie modelu molekularnego przejścia od struktur antyrownoległych do równoległych w oligomerach amyloidowych. Ustalenie roli reszt histydynowych w kształtowaniu równowagi strukturalnej oligomerów. Ustalenie stechiometrii oligomerów pełnej formy receptora RAGE.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Uzyskane rezultaty wejdą w skład publikacji.

Publikacje:

5360, 5373, 4273/A, 4298/A, 4299/A, 4300/A, 4301/A, 4302/A, 4303/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 Aleksandra Grylak-Mielnicka, dr Anna Koryszewska-Bagińska, dr Magdalena Kowalczyk, dr Joanna Radziwiłł-Bieńkowska, dr Katarzyna Szatraj, dr Agnieszka Szczepankowska, dr Joanna Żylińska, doktoranci: mgr Jakub Boreczek, mgr Magdalena Chmielewska-Jeznach, mgr Katarzyna Izdebska, mgr Agnieszka Różga, mgr Przemysław Sałański, mgr Aleksandra Tymoszevska

Cel badania:

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

Opis realizowanych prac:

W wielotorowo prowadzonych badaniach nad bakteriami mlekowymi wykazano, że: (i) plazmidowo kodowana peptydaza S8 szczepu *Lactococcus lactis* IBB477 uczestniczy w zdolności jego komórek do adhezji do i tranzytu przez jelito; (ii) analizując strukturę genetyczną 5 plazmidów szczepu IBB477 można zidentyfikować w nich obecność różnych systemów stabilności plazmidów, a system partycji jest funkcjonalny; (iii) bakteriocyna GarQ, wytwarzana przez szczep *Lactococcus garvieae* BCC 43578 ma szeroki zakres przeciwbakteryjnej aktywności i oddziałuje z wrażliwymi komórkami bakteryjnymi za pośrednictwem systemu Man-PTS; (iv) struktury genomów 18 bakteriofagów (10 z grupy c2 i 8 z grupy 936) atakujących komórki *L. lactis* chociaż bardzo podobne w obrębie grupy prezentują cechy szczepowo-specyficzne; (v) bakterie mlekowe prezentują ogromny stopień zróżnicowania właściwości biologicznych, co umożliwia identyfikowanie unikatowych szczepów przydatnych dla zastosowań praktycznych – jako szczepionki doustne czy kultury starterowe specjalnego przeznaczenia; (vi) hemaglutynina wirusa H5N1 ptasiej grypy jest wytwarzana w komórkach *L. lactis*, które indukują odpowiedź immunologiczną w szczepionych kurczakach i myszach; (vii) unikatowe szczepy *Lactobacillus plantarum* obniżają stopień kolonizacji jelita kurcząt przez chorobotwórcze dla ludzi bakterie *Campylobacter*; (viii) wyselekcjonowane szczepy bakterii mlekowych mogą stanowić istotne

składniki kultur starterowych opartych o tradycyjny żur piekarski i być stosowane z sukcesem w wypieku pieczywa.

Opis najważniejszych osiągnięć:

1. Wykazanie, że plazmidowo kodowana peptydaza S8 szczepu *L. lactis* IBB477 uczestniczy w zdolności jego komórek do adhezji do i tranzytu przez jelito.
2. Udowodnienie, że bakteriocyna GarQ, wytwarzana przez szczep *L. garvieae* BCC 43578 ma szeroki zakres przeciwbakteryjnej aktywności i oddziałuje z wrażliwymi komórkami bakteryjnymi za pośrednictwem systemu Man-PTS.
3. *L. lactis* wytwarzający hemaglutyninę wirusa H5N1 ptasiej grypy jest zdolny do indukcji odpowiedzi immunologicznej w szczepionych kurczakach i myszach.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Badania poszerzają dotychczasową wiedzę na temat biologii komórki u bakterii fermentacji mlekowej (LAB). Udzielono licencję na użycie naszego szczepu bakterii mlekowych w preparacie probiotycznym stosowanym w chowie zwierząt. Szczep ten został także wpisany do rejestru dodatków paszowych w Unii Europejskiej, co jest ogromnym sukcesem. W Urzędzie patentowym RP złożono zgłoszenie patentowe „Bakteryjna kultura starterowa, zakwas ją zawierający, sposób wytwarzania pieczywa i zastosowanie bakteryjnej kultury starterowej lub zakwasu do wytwarzania pieczywa”. Nie należy również zapomnieć o efektach edukacyjnych prowadzonych badań, które dostarczają przykładów w omawianiu zagadnień biologicznych w procesach edukacji studentów szkół wyższych.

Publikacje:

5363, 5411, 5442, 5447, 5453, 5465, 5483, 4210/A, 4212/A, 4244/A, 4245/A, 4246/A, 4247/A, 4248/A, 4256/A, 4258/A, 4287/A, 4397/A, 4398/A, 885/N

Temat nr 50: Przewodzenie sygnału stresu osmotycznego w roślinach.

Zespół: prof. dr hab. Grażyna Dobrowolska, prof. dr hab. Grażyna Muszyńska (1/3 etatu), dr Dorota Konopka-Postupolska, dr Maria Bucholc, dr Anna Kulik, dr Lidia Polkowska-Kowalczyk, dr Jadwiga Szczepielniak, dr Olga Sztatelman, dr Marcin Gładysz (do 31.05.2017), dr Maria Klimecka (do 31.08.2017), dr Umesh Tanwar (od 24.10.2017), mgr Justyna Maszkowska, mgr Barbara Sierpień (do 30.04.2017), mgr Katarzyna Szymańska, doktoranci: mgr Julia Rachowka, mgr Adrian Kasztelan (od 1 grudnia 2017)

Cel badania:

Celem badań było poznanie roli kinaz białkowych SnRK2 (SNF1-related protein kinases 2), regulatora ich aktywności SCS (SnRK2-interacting Calcium Sensor) oraz kinaz CDPK (Calcium-dependent protein kinases) i aneksyn w odpowiedzi roślin na stresy środowiskowe.

Opis realizowanych prac:

1. Badania dotyczące roli kinaz SnRK2 wykazały, że w odpowiedzi na zasolenie SnRK2.4 i SnRK2.10 regulują akumulację reaktywnych form tlenu (RFT) w komórkach *Arabidopsis thaliana*. Wcześniejsze nasze badania wskazywały na regulację aktywności oksydazy NADPH, RbohD, przez kinazy. Obecnie badaliśmy udział SnRK2 w regulacji ekspresji genów kodujących enzymy zaangażowane w produkcję RFT, jak również enzymy biorące udział w ich usuwaniu. Uzyskane wyniki wskazują, że kinazy SnRK2.4/10 są regulatorami homeostazy redoks w komórkach roślinnych w warunkach stresu zasolenia. Ponadto, wykazano, że obie kinazy pozytywnie regulują przyrost suchej masy rozet rzodkiewnika w warunkach długotrwałego zasolenia środowiska.
2. Analiza roślin transgeniczných rzodkiewnika nadprodukujących AtSCS-A lub AtSCS-B oraz mutantów Atscs typu „knockout” wykazały, że białka te są regulatorami odpowiedzi rośliny na deficyt wody. Regulacja ta jest odwrotna niż kinaz SnRK2, co potwierdza nasze wcześniejsze wyniki wskazujące, że AtSCS-A i AtSCS-B są negatywnymi regulatorami kinaz SnRK2.
3. Badano zjawisko kompensacji (na poziomie ekspresji) w przypadku delekcji poszczególnych genów w obrębie rodziny aneksyn *Arabidopsis thaliana* w warunkach kontrolnych oraz w stresie zasolenia.

Kontynuowano szeroko zakrojoną identyfikację białkowych interaktorów aneksyn. Wyprowadzono indywidualne linie podwójnych mutantów roślin flu/ Δ ann1 i GO/ Δ ann1.

4. Kontynuowano badania dotyczące udziału kinaz SnRK2 w regulacji ruchów chloroplastów, skupiając się na jednym z fosforylowanych substratów, THRUMIN1. Uzyskano rośliny transgeniczne *trm1-3* wykazujące nadekspresję *TRM1:YFP* oraz wersji tego białka z wprowadzonymi mutacjami zmieniającymi fosforylowaną serynę w alaninę lub kwas asparaginowy. Rośliny te zostaną wykorzystane do analiz fenotypowych.
5. Badanie fenotypu roślin transgenicznych *Arabidopsis thaliana* z wprowadzonym genem kodującym kinazę białkową ZmCPK11 wykazało, że korzenie roślin transgenicznych mają większy poziom transkryptu genów transporterów sodu: AtHKT1, AtSOS1 and AtNHK1 niż rośliny typu dzikiego. Transportery te pełnią ważną rolę w utrzymaniu homeostazy jonów sodu i potasu transportując nadmiar jonów sodu z cytosolu na zewnątrz komórki i do wakuoli oraz hamując transport jonów sodu z korzeni do liści. Liście roślin transgenicznych z ZmCPK11 zawierają znacznie mniej Na^+ , mają większy stosunek K^+/Na^+ i są bardziej odporne na stres zasolenia.
6. Wykonano analizę transkryptomyczną 23 kinaz CDPK *Solanum tuberosum* w odpowiedzi na infekcję *Phytophthora infestans*. Po potraktowaniu liści ziemniaka filtratem z *P. infestans* obserwowano podwyższenie zarówno ekspresji niektórych kinaz CDPK jak również wzrost aktywności kinaz CDPK w zależności od poziomu odporności genotypów *Solanum*, co mogłoby sugerować udział tych kinaz w szlakach sygnałowych stresu biotycznego.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Wykazano, że kinazy SnRK2.4 i SnRK2.10 regulują homeostazę redoks w odpowiedzi rośliny na stres zasolenia. Kinazy regulują zarówno aktywność NADPH oksydazy RbohD, jak również ekspresję genów kodujących enzymy biorące udział w regulacji akumulacji reaktywnych form tlenu.

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 i zasolenie oraz biotyczne.

Publikacje:

5401, 5522, 5529, 4213/A, 4214/A, 4215/A, 4226/A, 4226/A, 4228/A, 4236/A, 4379/A, 4380/A, 4381/A, 4384/A, 4385/A, 4385/A, 4387/A

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

Zespół: dr Aleksandra Wysłouch-Cieszyńska

Cel badania:

Określenie wpływu potranslacyjne modyfikacji grup tiolowych cystein w białkach wiążących jony metali.

Opis realizowanych prac:

Kontynuowano prace nad badaniem roli modyfikacji potranslacyjnych cystein w białkach z rodziny S100 oraz w wimentynie – białku filamentu pośredniego aktywnego w komórkach pochodzenia mezenchymalnego.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Zidentyfikowano unikalny sposób bardzo silnego, dwuetapowego wiązania wielu jonów cynku przez wimentynę i opisano wpływ wiązania cynku na strukturę i oligomeryzację białka. Dodatkowo wykazano, że wiązanie cynku do wimentyny jest zależne od obecności w białku niezmodyfikowanej grupy tiolowej cysteiny.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Uzyskane wyniki będą przedmiotem publikacji naukowych.

Dodatkowo, białka będące przedmiotem badań pełnią istotne funkcje w fizjologii człowieka. Deregulacja ich aktywności biologicznej jest podstawą wielu chorób, stąd zrozumienie molekularnych mechanizmów ich aktywności może być kluczowe przy opracowywaniu metod profilaktyki i leczenia.

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 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*. Wcześniej skonstruowano 11 mutantów pozbawionych aktywności poszczególnych białek nudix oraz przeprowadzono analizę fenotypową tych szczepów. Z wyjątkiem mutantów PA0336, PA5176 oraz PA0990, nie zaobserwowano różnic pomiędzy pozostałymi mutantami a szczepem rodzicielskim. W związku z tym postanowiono zbadać efekty fenotypowe nadprodukcji tych białek w komórkach *P. aeruginosa*. Geny kodujące *nudix* wprowadzono do wektorów ekspresyjnych typu broad host range, a następnie do komórek bakteryjnych. Analiza fenotypowa uzyskanych mutantów obejmująca obserwacje tempa wzrostu bakterii, ich zdolności ruchowych, zdolności do produkcji biofilmu oraz piocyany, antybiotyko-wrażliwości oraz zjadliwości względem nicienia *C. elegans*, nie wykazała znaczących różnic pomiędzy zmutowanymi szczepami a szczepem dzikim. Obserwacje te sugerują, że większość białek Nudix obecna w *P. aeruginosa* nie jest niezbędna do życia bakterii i najprawdopodobniej nie bierze udziału w procesach związanych z patogenezą. Interesującym wynikiem uzyskanym w trakcie badania białka PA0336-Nudix hydrolazy RNA było ustalenie, że hydrolaza ta tworzy kompleksy z białkiem o nie ustalonej funkcji PA2504. Które, jak zaobserwowano, może także wiązać się z negatywnym regulatorem exotoksyny A oraz z jednym ze składników degradosomu RNA.

Opis najważniejszych osiągnięć:

1. Stworzenie kolekcji mutantów nudix *P. aeruginosa* nadprodukcujących białka Nudix.
2. Identyfikacja zależności pomiędzy czynnikiem wirulencji ptxS a białkiem PA2504.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Wyniki dotyczące białka Nudix PA0336 zostały opublikowane i będą stanowić część rozprawy doktorskiej mgr Martyny Kujawy. Wyniki uzyskane z badań nad białkami PA5176, PA4841, były prezentowane na dwóch konferencjach. Podstawę dwóch prac magisterskich stanowią wyniki uzyskane w trakcie prac nad PA5176, PA0990, PA5176 oraz PA3180.

Publikacje:

5485, 4209/A, 4242/A, 4243/A, 4267/A

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

Zespół: prof. dr hab. Wojciech Bał, dr hab. Marcin Grynberg, dr Igor Żukow, dr Adam Mieczkowski, dr Agnieszka Belczyk-Ciesielska, dr Krzysztof Drabikowski, dr Ewa Podobas, dr Nina Wezynfeld, dr Piotr Skrobecki, dr Irena Paczkowska, mgr Wojciech Goch, mgr Aleksandra Witkiewicz-Kucharczyk, mgr Dawid Płonka, mgr Karolina Bossak, mgr Mariusz Mital, mgr Tomasz Żurawik, mgr Ewelina Stefaniak, mgr Radosław Kotuniak, mgr Magdalena Pacewicz, prof. dr hab. Kazimierz Wierchowski, 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 rolę w toksykologii i zastosowaniach. Przeprowadzono obrony dwóch rozpraw doktorskich na temat związków reakcji z toksycznością niklu: dr Ewy Podobas (891/N) i dr Niny Wezynfeld (902/N). Publikacje są w przygotowaniu. Kontynuowano badania eksperymentalne i teoretyczne oddziaływań jonów Cu(II) z peptydem Aβ, układami modelowymi i albuminą, współpracując z partnerami zagranicznymi i krajowymi (5362, 5398, 5482, 5519, 5527). W dziedzinie fizjologii molekularnej cynku nawiązano współpracę z dr Samanthą Pitt (St. Andrews) i opublikowano artykuł na temat modulacji przez cynk kanałów wapniowych w kardiomiocytach (5461). We współpracy z badaczami z Australii wykazano wpływ eksperymentalnego leku na chorobę Parkinsona na gospodarkę żelaza w mózgu (5469). Dr hab. M. Grynberg we współpracy opublikował artykuł na temat modelu drożdżowego choreaakantocytozy w prestiżowym Human Molecular Genetics (5384). Dr A. Mieczkowski opublikował dwa artykuły z dziedziny substancji naturalnych i syntezy organicznej (5427, 5491). Dr I. Zhukov opublikował dwa artykuły z dziedziny badań strukturalnych NMR białek, w tym wstępne wyniki badań pełnej formy białka prionowego PrPc (5443, 5493).

Opis najważniejszych osiągnięć:

Uzyskanie danych strukturalnych NMR dla białka prionowego przez dr. I. Zhukova i współpracowników (5493), udział w wykazaniu aktywności nowej cząsteczki w mysim modelu parkinsonizmu (5469) i odkrycie nowych peptydów bakteriobójczych (badania w toku).

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Odkrycie nowych peptydów bakteriobójczych jest na ścieżce do komercjalizacji.

Publikacje:

5362, 5384, 5398, 5427, 5482, 5443, 5491, 5493, 5519, 5527, 891/N, 902/N

Temat nr 55: Analiza genetyczna podstaw wybranych chorób dziedzicznych.

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

Cel badania:

Ostatnie badania na polskiej populacji z niewydolnością serca pokazują, że roczna śmiertelność w tej populacji wynosi ponad 10%. U podłoża progresji choroby leżą: niewydolność serca jako pompy oraz niestabilność elektryczna mięśnia sercowego. Celem naszych badań jest poznanie:

1. Genetycznych uwarunkowań rozwoju pozawałowej niewydolności serca.
2. Identyfikacja biochemicznych i transkryptomicznych czynników ryzyka występowania częstoskurczów komorowych oraz niepożądanych zdarzeń sercowo-naczyniowych (zaostrenie niewydolności serca, zgon sercowo-naczyniowy).

Opis realizowanych prac:

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. Na podstawie wyników otrzymanych z analiz transkryptomicznych oraz literatury wybrano transkrypty mogące być potencjalnymi biomarkerami rozwoju pozawałowej niewydolności serca. Przeprowadziliśmy profilowanie krążących miRNA w surowicy i osoczu. Weryfikacja wyselekcjonowanych transkryptów i miRNA jest przeprowadzana metoda ddPCR na dodatkowej grupie pacjentów.
2. Zgromadzono próbki od około 100 chorych oraz 20 pacjentów bez niewydolności serca, dobranych względem płci i wieku – grupa kontrolna. Przygotowano próbki surowicy od wybranych pacjentów i pacjentów z grupy kontrolnej w celu przeprowadzenie sekwencjonowania krążących miRNA.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Wykazaliśmy, że u pacjentów ze świeżym zawałem można zidentyfikować geny, których ekspresja jest istotnym czynnikiem predykcyjnym pogorszenia frakcji wyrzutowej lewej komory w ciągu 6 miesięcy po zawale serca. Wykazano także że miR30a-p5, może służyć jako element predykcyjny zdarzeń sercowo-naczyniowych w grupie chorych z rozwiniętą pozawałową niewydolnością. Wykonano analizy bioinformatyczne mające na celu określenie potencjalnej funkcji tego miRNA w sercu i krwi.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Uzyskane wyniki badań znalazły się w przygotowanej publikacji, rozprawie doktorskiej oraz w patencie RP i europejskim zgłoszeniu Patentowym.

Publikacje:

5419, 4190/A, 4356/A

Temat nr 56: Genomika *Paramecium tetraurelia*.

Zespół: dr Robert Gromadka, dr Julita Gruchota, dr Jacek Nowak, dr Kamila Maliszewska-Olejniczak, 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. 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 specyficznie podczas procesów płciowych i wykazujących podobieństwo do znanych czynników biorących udział w metabolizmie RNA.

Opis realizowanych prac:

Kontynuowano badania funkcji białek homologicznych do czynników elongacji transkrypcji Spt4 i Spt5. Przeprowadzono eksperyment, w którym wyciszano w trakcie cyklu płciowego trzy geny kodujące białka Spt4: *SPT4ma*, *SPT4mb* i *SPT4v*. Analiza RNA wyizolowanego z komórek poddanych wyciszaniu wykonana z wykorzystaniem elektroforezy PAGE, a następnie wysokoprzepustowego

sekwencjonowania RNA wykazała, że wyciszenie genów *SPT4* istotnie wpływa na poziom syntetyzowanych w mikronukleusach krótkich scnRNA. Obserwowano także zmniejszenie ilości powstających w nowych makronukleusach iesRNA.

W dalszych badaniach wykonaliśmy pierwsze próby zastosowania komplementacji do badania istotności elementów strukturalnych białek Spt5. Wykonaliśmy konstrukty hybrydowe zawierające białko Spt5m z całą domeną KOW1 oraz z samym Linkerem1 domeny KOW1 pochodzącymi z Spt5v. Lokalizacja hybrydowego białka Spt5m-KOW1^V-GFP jest identyczna jak dzikiego, ale nie jest ono w stanie komplementować wyciszenia *SPT5m* oraz wykazuje pewien efekt „dominant-negative”, podobnie jak Spt5m-Linker1^V-GFP. Te wyniki wskazują na istotność długości Linkera1 w domenie KOW1 dla funkcji Spt5. Domena KOW1-Linker1 jest najprawdopodobniej odpowiedzialna za kontakt z kwasami nukleinowymi i jest potencjalnie interesująca dla badań porównawczych mejotycznego i konstytywnego paraloga Spt5.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Odkrycie wpływu białek Spt4 na syntezę wyrażanych podczas procesów płciowych krótkich RNA: scnRNA oraz iesRNA. Wykazanie istotności Linkera1 domeny KOW1 dla funkcji białka Spt5m.

Publikacje:

5403, 4264/A, 4265/A, 907/N

Temat nr 57: Mechanizmy wierności replikacji DNA.

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

Cel badania:

Badania oddziaływań białek replisomu faga T4, polimerazy gp43 i prymazy gp61.

Opis realizowanych prac:

Primery RNA syntetyzowane przez prymazę są wykorzystywane przez replikacyjne polimerazy do podjęcia syntezy DNA na nici opóźnionej. Kolejność zdarzeń zachodząca w widełkach replikacyjnych nie jest wyjaśniona, w tym nie znany jest mechanizm przekazywania primera RNA do polimerazy. Jednym z możliwych mechanizmów jest bezpośredni kontakt polimerazy i prymazy, który umożliwiłby związanie primera RNA w centrum aktywnym polimerazy.

Nasze badania oddziaływania pomiędzy białkami polimerazy RB69 i prymazy faga T4 rozszerzyliśmy dodając do badanego układu jednoniciowe DNA (58-mer) oraz rybonukleotyd pppACUCA (komplementarny do sekwencji TGAGT w oligo DNA) i badaliśmy oddziaływania prymazy i polimerazy w obecności ssDNA (58-meru) i rybonukleotydu pppRNA, a także w obecności hybrydu oligDNA/pppRNA metodą MST oraz metodą badania opóźnionej migracji na żelu poliakrylamidowym. Kontynuowaliśmy badania oddziaływania polimerazy i prymazy *in vivo* w dwuhybrydowym bakteryjnym systemie BACTH.

Badanie powstawania kompleksu polimerazy DNA faga RB69 oraz prymazy faga T4 badano także z wykorzystaniem techniki dynamicznego rozpraszania światła (DLS).

Opis najważniejszych osiągnięć:

Wstępne wyniki MST wskazują na oddziaływanie prymazy i polimerazy w obecności hybrydu DNA i oligorybonukleotydu pppACUCA.

Powstawanie kompleksów polimerazy RB69 oraz prymazy T4 wykazano także za pomocą DLS.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Uzyskane wyniki zostaną przedstawione w pracy doktorskiej mgr Izabeli Ziuzi-Graczyk.

Publikacje:

4351/A

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

Zespół: dr hab. Urszula Zielenkiewicz, dr Anna Muszewska, mgr Tomasz Walter (doktorant), mgr Joanna Klim (doktorantka)

Cel badania:

Głównym celem prowadzonych badań jest izolowanie, charakterystyka oraz poznanie właściwości szczepów mikroorganizmów, konsorcjów mikroorganizmów oraz grzybów z różnych środowisk. Ponadto poszukujemy alternatywnych do antybiotyków terapii przeciwbakteryjnych w oparciu o wymodelowane peptydy znoszące interakcje białko-białko, z użyciem jako modelu kompleksu Epsilon-Zeta systemu toksyna-antytoksyna *Streptococcus pyogenes*.

Opis realizowanych prac:

Kontynuując badania środowiskowego szczepu *Acinetobacter lwoffii* ZS207 sprawdzono eksperymentalnie funkcjonalność wszystkich systemów toksyna-antytoksyna obecnych w genomie tego szczepu. Stwierdzono, że funkcjonalne są systemy RelBE (3 kopie w plazmidach) oraz jeden z dwóch systemów HigBA (w megaplazmidzie). Pozostałe systemy, w tym hybrydowy RelB/YafQ nie powodują zwiększenia stabilności wektorów testowych. Ponadto zbadano zdolność tego szczepu do wzrostu na różnorodnych źródłach węgla, a także zakres jego oporności na szereg antybiotyków oraz na metale ciężkie.

Na podstawie analizy struktur związków spośród wyodrębnionych w poprzednim roku 10 klas strukturalnych związków wykazujących zdolności do zaburzania oddziaływania białko Epsilon-peptyd 1a wybrano do dalszych badań 6 cząsteczek, które mogą być modyfikowane w sposób umożliwiający ich przenikanie przez ściany komórek bakterii, a tym samym potencjalnie mogących mieć zastosowanie w opracowaniu terapii klinicznych szczepów bakteryjnych.

Prowadzono również analizy bioróżnorodności oraz potencjału metabolicznego wspólnot mikroorganizmów gleb rolniczych, bioreaktorów, lignitów oraz tkanin muzealnych, poprzez wysokoprzepustowe sekwencjonowanie metagenomów i metatranskryptomów.

We współpracy z Zakładem Bioinformatyki IBB PAN przeprowadzono eksperymentalną analizę obecności w mleku matek karmiących wybranych roślinnych miRNA.

Dr Anna Muszewska kontynuowała i zakończyła w połowie roku realizację grantu SONATA (2012/07/D/NZ2/04286) dotyczącego różnorodności transpozonów DNA w genomach ponad 600 grzybów o różnorodnym trybie życia i pochodzących z różnych grup taksonomicznych. Wyniki uzyskane podczas realizacji grantu zostały opublikowane. Ukazał się również artykuł pokazujący zależność repertuaru kodowanych w genomie proteaz serynowych od trybu życia grzyba. Pod koniec roku uzyskała finansowanie dalszych badań dotyczących związku między genomem a trybem życia grzybów (OPUS 2017/25/B/NZ2/01880).

Opis najważniejszych osiągnięć:

1. Pełna charakterystyka środowiskowego szczepu *Acinetobacter lwoffii* ZS207.
2. Opisanie zależności repertuaru kodowanych w genomie proteaz serynowych od trybu życia grzyba.
3. Wykazanie obecności roślinnych miRNA w mleku matek karmiących.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Uzyskane wyniki zostały (i zostaną) wykorzystane w publikacjach naukowych oraz są podstawą jednej zrealizowanej pracy magisterskiej.

Publikacje:

5378, 5386, 5412, 5414, 5432, 5454, 5455, 5459, 5526, 4278/A, 4323/A, 4352/A, 923/N

Temat nr 60: Mechanizmy podziałów komórkowych.**Zespół:** dr hab. Anna Kurlandzka**Cel badania:**

Celem było ukończenie prac nad lokalizacją komórkową wielofunkcyjnego białka Irr1 drożdży *Saccharomyces cerevisiae* oraz rozpoczęcie prac nad przyczyną niestabilności genetycznej wywołanej brakiem genu *SWI6* w tym samym organizmie.

Opis realizowanych prac:

Dotychczas opisane procesy, w których zaangażowane było białko Irr przebiegały w jądrze komórkowym. Ustalono, że Irr1 występuje w znaczącej ilości również na terenie cytoplazmy, jego poziom zmienia się w cyklu komórkowym. Wykazano, że na terenie cytoplazmy Irr1 oddziałuje z białkiem Imi1, któremu uprzednio przypisano rolę w utrzymywaniu homeostazy glutationu i integralności mitochondriów. Drugi aspekt badań to rola białka Swi6 w utrzymaniu stabilności genetycznej, realizowany we współpracy z dr hab. Adrianną Skoneczną (IBB PAN). Koncentrowano się na ustaleniu, czy przyczyną niestabilności wywołanej brakiem Swi6 jest zaburzenie odpowiedzi na stres, wynikające ze zmienionej aktywności transkrypcyjnej, czy też ze zmienionej aktywności i integralności jąderka lub ze zmienionej struktury chromatyny. Stwierdzono, że brak białka Swi6 prowadzi do podwyższonej częstości powstawania pęknięć DNA oraz zmian w składzie chromatyny manifestujących się m.in. podwyższonym poziomem alternatywnego wariantu histonu Htz1. Scharakteryzowano także zmiany w rejonie rDNA towarzyszące brakowi Swi6 wskazując na udział tego białka w modelowaniu integralności tego rejonu chromosomowego.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Pula cytoplazmatyczna białka Irr1 wchodzi w interakcję z białkiem Imi1 zaangażowanym w utrzymywanie stabilności genomu mitochondrialnego i homeostazę glutationu.

Brak białka Swi6 prowadzi do zmiany składu histonowego chromatyny, podwyższenia poziomu histonu Htz1 oraz do powstawania nietypowych struktur DNA świadczących o zaburzeniach replikacji i obecności licznych pęknięć DNA.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Część wyników została opublikowana, a pozostałe są przygotowywane do publikacji.

Publikacje:

5367, 5402, 4288/A, 4289/A, 4304/A, 4305/A

Temat nr 61: Dynamika transkryptomu w normie i stresie.**Zespół:** dr hab. Marta Kobłowska, prof. dr hab. Andrzej Jerzmanowski, dr Roksana Iwanicka-Nowicka, dr 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:

Wykonywano badania dotyczące poziomu i lokalizacji w genomie acetylowanego w lizynie 16 histonu H4 (H4K16Ac) w komórkach *Arabidopsis* T87 hodowanych w zawiesinie w warunkach kontrolnych oraz po stresie abiotycznym.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Wykazano dynamiczne zmiany poziomu H4K16Ac w odpowiedzi komórek roślinnych na stres zasolenia i chłodu. Zmiany te są przejściowe, w pierwszych minutach poziom acetylacji lizyny 16 histonu H4 wzrasta aby po kilkudziesięciu minutach powrócić do stanu wyjściowego. Tego typu zmiany modyfikacji

histonowych spełniają kryteria odpowiedzi nukleosomowej i mogą wpływać na regulację genów szybkiej odpowiedzi. Analiza ChIP-seq wykazała, że H4K16Ac jest rozmieszczony na całym obszarze chromatyny zarówno w komórkach kontrolnych jak i poddanych stresowi zasolenia. Analizowano poziom badanej modyfikacji H4 na chromatynie genów o różnej sile transkrypcji. Poziom H4K16 jest wyższy w obszarze genów aktywnie transkrybowanych.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Otrzymane wyniki zostaną wykorzystane w przygotowywanej publikacji.

Temat nr 63: Dodekahedron adenowirusa jako platforma szczepionkowa.

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

Cel badania:

Celem badań jest stworzenie modelowej terapeutycznej szczepionki nowotworowej, opartej na wykorzystaniu cząstki wirusopodobnej (ang. virus-like particle, VLP), dodekahedronu adenowirusowego (Dd). W proponowanym podejściu Dd służy jednocześnie jako nośnik antygenów nowotworowych i adiuwant, wzmacniający odpowiedź immunologiczną na wprowadzony antygen. Nasza strategia opiera się na dostarczaniu antygeny zwanego z nowotworem (ang. tumor associated antigen, TAA) poprzez jego włączenie do struktury Dd, co umożliwia dostarczanie TAA do komórek prezentujących antygen, a następnie prezentację epitopów przez główny kompleks zgodności tkankowej (MHC).

Opis realizowanych prac:

Do stworzenia modelu szczepionki wybraliśmy immunogenne peptydy pochodzące z owoalbuminy (OVA): epitop CD8⁺ (peptyd OVA₂₅₇₋₂₆₄) oraz epitop CD4⁺ (peptyd OVA₂₆₅₋₂₈₀), które na potrzeby naszych badań, służą jako TAA. Otrzymaliśmy rekombinowane cząstki dodekahedronów niosących 60 kopii peptydu OVA₂₄₂₋₂₈₄, obejmującego peptydy immunodominujące oraz sekwencje flankujące, zapewniające odpowiednie procesowanie antygeny przez proteasom. Podstawienie 43 aminokwasów na N-końcu białka podstawy pentonu, z którego zbudowany jest Dd, nie zaburzyło integralności cząstek, co wykazaliśmy przy użyciu mikroskopii elektronowej. Obecność epitopów pochodzących z owoalbuminy potwierdziliśmy przy użyciu odpowiednio spektrometrii mas (MS) i analizy N-terminalnej.

Otrzymaliśmy homogeny preparat rekombinowanych DdOVA produkowanych z dużą wydajnością w systemie bakulowirusa, który posłużył do immunizacji myszy BL57/6. Przy użyciu testu immunoenzymatycznego IFN γ ELISPOT (ang. IFN γ enzyme-linked immunospot) z wykorzystaniem splenocytów wyizolowanych ze śledzion myszy immunizowanych DdOVA wykazaliśmy, że preparat szczepionkowy bardzo efektywnie indukuje specyficzne wobec antygeny OVA limfocyty T cytotoksyczne w porównaniu do kontrolnych peptydów podawanych z niekompletnym adiuwantem Freund. Kolejnym etapem badań, który aktualnie rozpoczynamy jest weryfikacja aktywności terapeutycznej DdOVA w modelu myszy BL57/6, którym wstrzyknięto podskórnie komórki mysiego czerniaka B16OVA, prezentujące owoalbuminę.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Wykazaliśmy, że epitopy antygenowe wprowadzone do struktury VLP w opracowanym modelu szczepionki DdOVA są odpowiednio procesowane i prezentowane przez cząsteczki MHC co prowadzi do aktywacji specyficznych wobec OVA cytotoksycznych limfocytów T bez użycia adiuwantów.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Wyniki zostaną wykorzystane w publikacji naukowej.

Publikacje:

5486

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

Zespół: dr hab. Magdalena Krzymowska, dr Karolina Morgiewicz, dr Patrycja Zembek, mgr inż. Jakub Kwiatkowski (doktorant), mgr Dominika Kamrowska (doktorantka), mgr Marcin Piechocki

Cel badania:

Wyjaśnienie molekularnych mechanizmów działania efektor HopQ1 we wnętrzu komórek gospodarza.

Opis realizowanych prac:

Efektor HopQ1 wydzielany przez wiele szczepów *Pseudomonas syringae* przyczynia się do infekcji różnych gatunków roślin. Molekularne podłoże tego zjawiska jest słabo poznane. Nasze dotychczasowe badania wykazały, że HopQ1 oddziałuje z roślinnymi białkami z rodziny 14-3-3, co wpływa na stabilność oraz lokalizację subkomórkową efektor. Jednak wydaje się, że białka 14-3-3 nie są celem działania HopQ1, lecz tylko wspomagają jego aktywność.

W aktualnym okresie sprawozdawczym badaliśmy, w jaki sposób HopQ1 interferuje ze ścieżkami sygnalnymi aktywowanymi w wyniku infekcji. W tym celu, prowadziliśmy ekspresję przejściową różnych, naturalnie występujących, wariantów HopQ1 w dwóch układach modelowych, tj. w roślinach *Nicotiana benthamiana* oraz protoplastach *Arabidopsis thaliana*. Następnie sprawdzaliśmy, czy obecność efektor wpływa na aktywację kaskady kinaz MAP. Nasze doświadczenia ujawniły, że efektor HopQ1 suprymuje aktywację kinaz MAP. Co ciekawe, warianty efektoru nieznacznie różniące się sekwencją aminokwasową (6 różnych reszt), przejawiają znacząco różne zdolności w tym zakresie. Wykazaliśmy również, że HopQ1 działa na poziomie MEK2, tj. kinazy kinaz MAP. Ko-ekspresja efektoru z kinazą MEK2 znacząco obniża ilość białka MEK2 nie wpływając na ilość transkryptu.

Analizy typu BIFC oraz FRET pokazały, że HopQ1 bezpośrednio oddziałuje z MEK2 w komórkach roślinnych. Zastosowanie mutantów MEK2, pozwoliło nam wnioskować, że do interakcji dochodzi, bez względu na to, czy kinaza jest w formie aktywnej czy nieaktywnej. Z kolei, na podstawie struktury HopQ1 zaprojektowaliśmy mutanty w hipotetycznej domenie oddziaływania z kinazą. Fakt, że mutanty te nie wiązały MEK2, implikuje że badane reszty tyrozynowe położone w pozycjach 264, 346 i 383 uczestniczą w interakcji.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Wykazano, że HopQ1 wpływa na obniżenie poziomu białka ale nie transkryptu MEK2 oraz że efektor bezpośrednio oddziałuje z tą kinazą. Zmapowano domenę interakcji w strukturze HopQ1.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Wyjaśnienie sposobu działania bakteryjnych effektorów przyczyni się nie tylko do zrozumienia mechanizmów patogenezy ale też dostarczy wygodnych narzędzi do badania odpowiedzi roślin na infekcje.

Publikacje:

4183/A, 4184/A, 4185/A, 4229/A, 4230/A, 4324/A, 914/N

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

Zespół: prof. dr hab. Jarosław Poznański, dr Kinga Mieczkowska, dr Maria Winiewska-Szajewska, mgr Ewa Bugajska (doktorantka), mgr Anna Szymaniec (doktorantka), Sławomir Kasperowicz (student)

Cel badania:

Celem realizacji tematu jest udoskonalenie procedury umożliwiającej ustalenie zależności między strukturą a funkcją biologiczną. Badania opierają się przede wszystkim na analizie średnio- i wysokorozdzielczych struktur, które budowane są w oparciu o dane strukturalne dostępne dla podobnych układów (na przykład. modelowanie przez homologię), w kontekście dostępnych danych termodynamicznych (aktywność biologiczna, parametry biochemiczne, dane kinetyczne, pomiary termodynamiczne, pomiary spektroskopowe, analizy statystyczne). Poszukiwane są konkretne

oddziaływania lub ich kombinacje, które tłumaczą obserwowany efekt. Poprzednio prowadzone badania będą kontynuowane.

Opis realizowanych prac:

1. Rola wiązania halogenowego w układach biologicznych. Pomiary termodynamiczne są prowadzone dla coraz większej serii halogenowanych związków heterocyklicznych, równolegle metodami DSF, DSC, ITC oraz DSC, poszerzone dodatkowo o dane strukturalne (X-ray). Otrzymane wyniki jednoznacznie dowodzą, że efekt wiązania halogenowego w układzie białko ligand jest zwykle zdominowany przez równowagę między oddziaływaniami elektrostatycznymi i hydrofobowymi, przy czym wkład oddziaływań hydrofobowych jest niezwykle trudny do wyznaczenia. Publikacje: 5375, 4325/A, 4329/A, 4330/A, 4331/A, 4344/A, 4349/A
2. Analiza profilu aktywności białek z rodziny AlkB. Do rodziny AlkB należy między innymi dziewięć ludzkich odpowiedników ALKBH, z których w chwili obecnej badane jest głównie białko FTO. Przeprowadzony został szereg pomiarów umożliwiających określenie warunków niezbędnych dla badania aktywności FTO *in vitro*, w szczególności metody wydajnego testowania potencjalnych substratów. Publikacje: 5405 4206/A, 4318/A, 4319/A, 4354/A
3. Analiza ścieżek metabolicznych poli-izoprenoidów na podstawie danych biofizycznych. Spektrometria mas pozwala śledzić redystrybucję izotopów w poli-izoprenoidach syntetyzowanych w różnych warunkach w obecności różnie wzbogaconych prekursorów lub substratów. Zastosowanie globalnej analizy statystyczno-kombinatorycznej pozwoliło zaproponować model interferencji dwóch potencjalnych szlaków metabolicznych (MEP i MVA). W chwili obecnej trudno ocenić zakres jego stosowności, chociaż wydaje się on tłumaczyć wszystkie dostępne wyniki doświadczalne. Publikacje: 5416 4274/A
4. Modele strukturalne kompleksów krótkich peptydów z jonami metalami. Celem modelowania jest ułatwienie poszukiwania takich sposobów modyfikacji startowych peptydów, aby wykazywały one oczekiwane właściwości chelatujące. Publikacje: 4274/A, 4277/A, 4326/A

Opis najważniejszych osiągnięć:

Wprowadzenie nowej metody oszacowania energii swobodnej oddziaływań hydrofobowych dla związków niskocząsteczkowych. Zaproponowana metodologia prowadzi do wyznaczenia ekstensywnego parametru termodynamicznego, który powinien być bliższy energii swobodnej solwatacji (też parametr ekstensywny) niż powszechnie używane parametry intensywne (logP, rozpuszczalność).

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Uzyskane wyniki znalazły się bądź znajdują się w publikacjach naukowych.

Publikacje:

5375, 5392, 5405, 5416, 5448, 4206/A, 4260/A, 4274/A, 4277/A, 4318/A, 4319/A, 4325/A, 4326/A, 4329/A, 4330/A, 4331/A, 4344/A, 4349/A, 4351/A, 4354/A, 888/N

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 Wylot, mgr Karolina Żuchniewicz

Cel badania:

Poznanie składu gatunkowego bakterii polarnych w guanie pingwinów z rejonów lodowcowych. Poznanie sekwencji genomów i plazmidów bakterii polarnych. Określenie składu konsorcjów bakteryjnych i drożdżowych żurów do pieczenia chleba. Poznanie sekwencji rybosomalnego DNA w kolekcji alg z rodzaju *Prototheca*. Określenie składu gatunkowego mykobiomu skóry pacjentów z atopowym zapaleniem skóry. Uzyskanie kompletnych genomów bakterii z gatunku *Escherichia albertii* i *Bacillus* sp.

Opis realizowanych prac:

W ramach projektu FunChleb wykonano sekwencjonowanie 18 próbek metagenomicznych uzyskując 3,6 G par zasad w celu określenia składu konsorcjów bakteryjnych i drożdżowych w żurach chlebowych.

Uzyskano 36 kompletnych sekwencji genomów bakterii z rodzaju *Escherichia albertii* i *Bacillus* sp. z wykorzystaniem długich odczytów dzięki nowo wprowadzanej technologii bezpośredniego sekwencjonowania nici DNA sekwenatorem MinION MkIb Oxford Nanopore.

Uzyskano 15 kompletnych genomów plazmidowych w ramach realizacji projektu „Betalaktamazy – geny oporności i ich lokalizacja w genomach szczepów środowiskowych”.

Opracowano zmodyfikowaną metodę izolacji materiału genetycznego i potwierdzono poprzez identyfikację genetyczną występowanie nicienia *Baylisascaris transfuga* w próbkach kału niedźwiedzi występujących na terenie Tatrzańskiego Parku Narodowego we współpracy z Instytutem Parazytologii PAN.

Opracowano dane transkryptomiczne w projekcie „Adaptacja bakterii *Lactobacillus salivarius* do środowiska – identyfikacja i charakterystyka indukowanych temperaturą promotorów”.

W ramach współpracy z innymi laboratoriami kontynuowano projekt sekwencjonowania referencyjnego genomu i transkryptomu mikroalgi *Prototheca wickerhamii* DPVPG. Dodatkowo uzyskano 38 sekwencji rybosomalnego DNA alg z rodzaju *Prototheca* do projektu „Ocena potencjału epidemicznego chorobotwórczych glonów z rodzaju *Prototheca* w Polsce: badania środowiskowe, kliniczne i molekularne protokozy u zwierząt”.

Zoptymalizowano metody izolacji materiału genetycznego i rozpoczęto prace nad określeniem składu gatunkowego mykobiomu ludzkiej skóry w ramach realizacji projektu „Charakterystyka mykobiomu skóry osób zdrowych oraz pacjentów z atopowym zapaleniem skóry”.

Ponadto z wykorzystaniem aparatu MiSeq firmy Illumina wykonano sekwencjonowanie DNA totalnego z 36 szczepów bakterii z rodzaju *Escherichia* sp. i *Bacillus* sp. Wykonano sekwencjonowanie 3 próbek metagenomicznych pobranych z guana pingwinów, 12 próbek mykobiomu skóry pacjentów, i 1 transkryptom algi *Prototheca* sp. Dla każdej próbki uzyskano około 0,5 miliona 2x300 nukleotydowych odczytów (metoda Paired End-Illumina), średnio 400 Mb par zasad na próbkę. Łącznie uzyskano 25 GB par zasad, co pozwoliło na złożenie pełnych genomów i plazmidów.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Uzyskano 38 sekwencji rybosomalnego DNA alg *Prototheca*. Złożono sekwencje 36 pełnych genomów bakterii z rodzaju *Escherichia* i *Bacillus* sp wraz z przenoszonymi przez nie plazmidami oraz 2 sekwencje fagów bakterii mlekowych. Uzyskano 15 genomów plazmidowych z bakterii środowiskowych. Opracowano metodologię izolacji materiału genetycznego z ludzkiej skóry. Zoptymalizowano metodykę sekwencjonowania III generacji (Oxford Nanopore). Opracowano markery genetyczne do molekularnej identyfikacji nicieni izolowanych z kału koni.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

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.

Opracowanie metodyki izolacji materiału genetycznego z ludzkiej skóry pozwoli na poznanie mykobiomu skóry u pacjentów z atopowym zapaleniem skóry.

Uzyskane sekwencje transkryptomiczne alg z rodzaju *Prototheca* pozwoli na wytypowanie genów odpowiedzialnych za jej wirulencję.

Stworzenie testu na molekularną identyfikację nicieni izolowanych z kału koni.

Publikacje:

5381, 5455, 5467, 5473, 5494, 5501, 5508, 4215/A, 4245/A, 4246/A, 4247/A, 4248/A, 4256/A, 4357/A, 4258/A, 4363/A

Temat nr 67: Metabolizm siarki w roślinach.

Zespół: prof. dr hab. Agnieszka Sirko, dr Anna Wawrzyńska, dr Leszek Tarnowski, mgr Anna Niemiro (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:

Trwają prace nad potwierdzeniem oddziaływań AtNBR1, receptora selektywnej autofagii, z białkami zidentyfikowanymi dzięki technice TAP-MS. Oddziaływania AtNBR1 z rybosomalnym białkiem RPS6 zostały potwierdzone niezależnie technikami Y2H oraz BiFC. Analiza fenotypowa roślin ze zwiększonym poziomem AtNBR1 wykazała, że białko to może mieć wpływ na regulację kinazy TOR1, która z kolei jest regulatorem funkcji RPS6. Sprawdzana jest możliwość oddziaływań wybranych białek peroksyzomalnych z AtNBR1, co wskazywałoby na jego udział w peksofagii u roślin. Przygotowywane są kolejne porcje materiału do analiz TAP-MS z roślin nadprodukcujących białka LSU, potwierdzonych partnerów AtNBR1, silnie i specyficznie ekspresjonowanych podczas deficytu siarki. Ich oddziaływania z wybranymi białkami są w trakcie weryfikacji. Stosując technikę CRISPR/Cas prowadzone są prace nad uzyskaniem linii *Arabidopsis thaliana* z usuniętymi sekwencjami kodującymi funkcjonalne białko NBR1 oraz izoformy białek LSU. Kontynuowane są prace nad szczegółową charakterystyką oddziaływań tytoniowego homologa białka AtNBR1, JOKA2 z różnymi izoformami białek Atg8.

Wykazano możliwość interakcji pomiędzy białkiem SLIM1, kluczowym dla ścieżki sygnału braku siarki, a dwoma innymi białkami, dotychczas nieopisanymi czynnikami transkrypcyjnymi. Została przeprowadzona hybrydyzacja z mikromacierzami w celu porównania transkryptomu roślin *Arabidopsis* z zablokowanym proteasomem hodowanych w niedoborze siarki; wyniki są obecnie analizowane. Stworzono katalog roślinnych białek ubikwitynowanych, które mogą być degradowane na drodze proteasomalnej podczas deficytu siarki. Lista białek jest stale rozbudowywana (oddzielnie dla liści i korzeni).

Opis najważniejszych osiągnięć:

1. Wytypowanie białek, które oddziałują z AtNBR1 lub LSU.
2. Wytypowanie genów, kodujących białka biorące udział w selektywnej degradacji białek, których transkrypcja jest zmieniona podczas niedoboru siarki.
3. Stworzenie wstępnej listy białek ubikwitynowanych w warunkach deficytu siarki.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Uzyskane wyniki znajdują się w publikacjach naukowych.

Publikacje:

5544, 5513, 4186/A, 4187/A, 4188/A, 4189/A, 4216/A, 4217/A, 4296/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 specyficznością rozpoznawania docelowej sekwencji RNA przez drożdżowe białko PPR – Dmr1. Badano odpowiedź regulacyjną transkryptomu *C. albicans* na defekty ekspresji

genomu mitochondrialnego. Badano wpływ podstawień aminokwasowych w sekwencji drożdżowych białek Suv3 i Dss1 na funkcjonowanie mitochondrialnego kompleksu degradującego RNA – mtEXO.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Za pomocą sekwencjonowania transkryptomu (RNA-seq) wykazano, że zaburzenia w ekspresji genomu mitochondrialnego *C. albicans* prowadzą do charakterystycznych zmian we wzorze ekspresji genów jądrowych, w szczególności do indukcji ekspresji alternatywnej oksydazy (AOX2) i do wyciszenia ekspresji genów odpowiadających za inwazyjność i patogenność. Wykazano przy tym, że ekspresja AOX2 zależy od aktywności czynników transkrypcyjnych Rtg1 i Rtg3.

Wykazano, że podstawienia aminokwasowe w wytypowanych na podstawie badań krystalograficznych pozycjach białek Suv3 i Dss1 wpływają na oddziaływania tych białek w kompleksie mtEXO, a przez to na ich funkcję.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Wyniki wejdą w skład publikacji.

Temat nr 69: Metabolizm RNA u Eucaryota.

Zespół: prof. dr hab. Andrzej Dziembowski, dr hab. Rafał Tomecki, mgr Anna Maksymiuk, mgr Katarzyna Kowalska, doktoranci: mgr Dominik Cysewski, mgr Ewa Furmańczyk, mgr Michał Kamiński, mgr Adam Pyzik, mgr Agata Jędruszkowiak, mgr Anna Kotrys, mgr Michał Brouze, mgr Salvador Alonso-Martinez, mgr Karolina Wróbel, mgr Janina Durys, Marta Błaszczewicz (magistrantka)

Osoby zatrudnione w projektach naukowych:

dr Łukasz Borowski, dr Roman Szczęsny, dr Zbigniew Warkocki, dr Monika Kusio-Kobiałka, dr Sylwia Czarnomska, dr Anna Hojka-Osińska, dr Magdalena Chojnacka (technik), mgr Dorota Adamska (technik), mgr Kamila Affek (technik), mgr Aleksander Chlebowski (technik), mgr Kamila Kłosowska-Kosicka (technik), lek. Tomasz Kuliński (technik), mgr Ewelina Owczarek (technik), mgr Aneta Pawlukiewicz (technik), Jakub Gruchota (technik)

Cel badania:

Podstawowym celem badań prowadzonych w ramach tematu jest zrozumienie mechanizmów posttranskrypcyjnej regulacji ekspresji genów u *Eukaryota*.

Opis realizowanych prac:

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

Analiza kompleksu egzosomu:

Podjednostka katalityczna egzosomu DIS3 jest z dużą częstością zmutowana w komórkach szpiczaków mnogich. Wykorzystaliśmy myszy model, w którym DIS3 zawiera mutację analogiczną do znalezionej w komórkach szpiczaków i wykazaliśmy, że mutacja w DIS3 predysponuje do rozwoju plazmocytozy, mysiego modelu szpiczaka. Prowadzone są analizy molekularne mające na celu zrozumienie mechanizmu tego zjawiska.

Wykorzystując całogenomowe przeszukania bibliotekami siRNA zidentyfikowaliśmy geny funkcjonalnie oddziałujące z głównymi rybonukleazami zaangażowanymi w degradację i obróbkę RNA. Wykazaliśmy, że DIS3 jest antagonistą terminacji transkrypcji. Ponadto odkryliśmy szereg genów których wyciszenie jest syntetycznie letalne z mutacjami w DIS3, XRN2 i DIS3L2. Aktualnie prowadzone są dalsze analizy funkcjonalne.

Analiza Rybonukleazy DIS3L:

Rola cytoplazmatycznej podjednostki kompleksu egzosomu DIS3L jest słabo poznana. Skonstruowaliśmy myszy z delecją DIS3, która okazała się embrioletalna na wczesnym etapie rozwoju zarodkowego. Zostały jednak wyprowadzone linie embrionalnych komórek macierzystych pozbawiane DIS3. Stanowi to doskonały model do dalszych badań nad rolą DIS3L.

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. Co niezwykle istotne we współpracy z laboratorium Prof. Nicolasa Proudfoota z Uniwersytetu Oxfordzkiego odkryliśmy, że dwuniciowe RNA akumulowane w mitochondriach prowadzi to indukcji odpowiedzi immunologicznej (Dahir i inni, Nature, praca na etapie ponownej recenzji).

Mitochondrialne genomy kręgowców wykazują nierównomierne rozłożenie par GC, co powoduje syntezę antysensownych RNA bogatych w guaniny, które są podatne na tworzenie niekanonicznych struktur zwanych G-quadrupleksami. Molekularne analizy pozwoliły nam zaproponować mechanizm, w którym RNA zawierające G-quadrupleksy są rozpoznawane i degradowane w ludzkich mitochondriach. Ludzki mitochondrialny genom (Pietras i inni, Nature communications, praca w recenzji)

Analiza niekanonicznych poli(A) polimeraz z rodziny FAM46.

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.

Analiza poli(U) polimeraz:

Analizy ludzkich poli(U) polimeraz TUT4 i TUT7 doprowadziły do nieoczekiwanego odkrycia, że pełnią one istotną rolę w restrykcji działania retrotranspozonów Line-1. (Warkocki i inni, Cell, praca po pozytywnych recenzjach przygotowywana do odesłania do czasopisma)

Analizy Metagenomiczne:

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

Inne badania:

Poradzono również inne analizy, z których część zaowocowała publikacjami naukowymi. Między innymi zbadaliśmy właściwości ciekawej nukleotydylotransferazy Cut1, która preferencyjnie dodaje cytozyny do 3' końców mRNA oraz uczestniczyliśmy w badaniach strukturalnych kompleksu degradacyjnego RNA MtEXO i mykobakteryjnej prymazy.

Opis najważniejszych osiągnięć:

1. Wykazanie, że nie kanoniczna poli(A) polimeraza FAM46C jest supresorem nowotworów specyficznym dla limfocytów B.
2. Odkrycie roli dwuniciowego RNA akumulowanego w mitochondriach w regulacji odpowiedzi immunologicznej.
3. Odkrycie roli TUT4 i TUT7 w restrykcji retrotranspozonów LINE-1.
4. Odkrycie mechanizmu degradacji RNA bogatego w G-quadrupleksy w ludzkich mitochondriach.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Wyniki badań zostaną wykorzystane w publikacjach naukowych.

Publikacje:

5355, 5397, 5419, 5445, 5456, 5471, 5475, 5479, 5499, 5502, 5503, 5507, 5509, 4343/A, 4254/A

Temat nr 70: Biologia strukturalna białek służących jako narzędzia do modyfikacji genetycznych.
Zespół: prof. dr hab. Matthias Bochtler, dr Anna Piasecka-Fricke, dr Humberto Fernandes, mgr Michał Pastor, mgr Marlena Kisiała

Cel badania: Celem badań jest znalezienie, charakterystyka enzymatyczna oraz przedstawienie przykładów zastosowania narzędzi do inżynierii genomowej.

Opis realizowanych prac:

Zespół prowadzi badania narzędzi do modyfikacji genetycznych – w tym endonukleaz TALE, CRISPR oraz wrażliwych na obecność modyfikacji enzymów restrykcyjnych. W roku 2017 ukończono projekt mający na celu znalezienie białek o architekturze podobnej do białek TALE, ale o niskim podobieństwie sekwencyjnym. Kontynuowano ponadto próby zastosowania narzędzi opartych o system CRISPR do edycji genomu mitochondrialnego z użyciem systemu modelowego w postaci cybryd zawierających mitochondria pacjentów z chorobą Lebera. Niestety badania te okazały się utrudnione ze względu na nieoczekiwaną zmienność poziomu heteroplazmii w badanych komórkach. We współpracy z naukowcami z firmy New England Biolabs prowadzono badania strukturalne enzymów, które swoiście przecinają heterodupleksy RNA/DNA oraz enzymów hydrolizujących jedynie metylowane lub hydroksymetylowane dwuniciowe DNA. Uzyskanie wspomnianych specyficzności substratowych nie jest jak dotąd w prosty sposób możliwe z użyciem endonukleaz TALEN i CRISPR. Niedawne doniesienia literaturowe wskazują na możliwość kontroli metylacji genomu w komórkach zwierzęcych z użyciem białka dCas9. W komórkach roślinnych, wzorcowe fragmenty RNA są naturalnie używane do ukierunkowanej metylacji DNA w kontekście CHH. Próbuje się lepiej zrozumieć naturalny system metylacji DNA z użyciem wzorcowego RNA. Przeprowadziliśmy również analizę porównawczą czułości i specyficzności narzędzi do detekcji i charakterystyki produktów naprawy podwójnych nacięć DNA. Ukończyliśmy ponadto projekt krystalograficzny mający na celu określenie struktury białka Anbu, homologa proteasomu o prawdopodobnych cechach ewolucyjnych prekursorów proteasomów.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Znaleziono białka zawierające zestaw powtórzeń o prawdopodobnej architekturze podobnej do białek TALE. Kilka białek wyłonionych w ramach poszukiwań stanowią patogeny roślinne o prawdopodobnym znaczeniu ekonomicznym (Perycz et al., 2017). Badania metod do genotypowania produktów naprawy podwójnych nacięć DNA pozwoliły na określenie czułości różnych technik w tych samych warunkach oraz wyłonienie prostych zasad umożliwiających wybór najlepszej metody (Krwawicz et al., manuskrypt w przygotowaniu do ponownego wysłania do Scientific Reports). Struktura krystaliczna białka Anbu wykazała, że białko to ma zdefiniowaną formę oligomeryczną ale znacznie niższą niż oczekiwana symetrię. Zamiast budowy pierścieniowej, Anbu przyjmuje formę przeciętej podkładki (helisy, w której możliwy jest tylko jeden skok, gdyż następny uniemożliwiają konflikty steryczne) (Piasecka et al., 2017 [epub]).

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Mamy nadzieję, że nasza analiza porównawcza metod detekcji produktów naprawy podwójnych nacięć DNA będzie pomocna dla innych naukowców stosujących narzędzia modyfikacji genetycznych. Jeśli powiodą się próby dostosowania narzędzi typu CRISPR do edycji genomu mitochondrialnego, będzie to również miało szerokie zastosowanie praktyczne. Nukleazy do edycji genomu w zależności od jego stopnia modyfikacji są już obecnie stosowane – ich charakterystyka mogłaby pomóc w poprawie ich własności.

Publikacje:

5433, 4286/A

Temat nr 71: Stres środowiskowy jako źródło niestabilności genetycznej.

Zespół: dr hab. Adrianna Skoneczna, dr Kamil Król, mgr Justyna Antoniuk-Majchrzak, mgr Anna Długajczyk

Cel badania:

Wyniki badań przeprowadzonych w naszej pracowni wykazały, że szczepy drożdżowe pozbawione genu *SWI6* są niestabilne genetycznie. Możliwą przyczyną obserwowanej niestabilności genetycznej tych szczepów jest ich niewłaściwa odpowiedź na stres, wynikająca, bądź to ze zmienionej aktywności transkrypcyjnej w odpowiedzi na stres, bądź to ze zmienionej aktywności i integralności jąderka, bądź też ze zmienionej struktury chromatyny w tych szczepach. Celem planowanych badań było sprawdzenie, która z przedstawionych możliwości jest prawdziwa.

Opis realizowanych prac:

Zastosowanie testu chmury chromosomalnej do analizy anomalii występujących w rejonie rDNA szczepów pozbawionych genu *SWI6*, oraz kometkowego testu chmury chromosomalnej umożliwiło wykazanie obecności nietypowych struktur DNA zarówno w prążku zawierającym chromosomy IV i XII (chromosom zawierający rDNA), jak i w prążku zawierającym chromosomy VII i XV. Obecne były struktury DNA świadczące o częstym występowaniu bloku replikacji w komórkach pozbawionych genu *SWI6*. W DNA izolowanym z komórek *swi6Δ* nadreprezentowane były struktury typu Ψ odpowiadające regresji widełek replikacyjnych, a w DNA izolowanym z komórek *swi6Δ/swi6Δ* liczne złożone intermediały rekombinacyjne mogące odpowiadać strukturom powstającym podczas indukowanych przez multi-inwazję rearanzacji DNA. Obserwowano również pęknięcia DNA, oraz formy koliste DNA, małe u haploidów i duże u diploidów. Te struktury świadczą o podwyższonej częstości powstawania pęknięć DNA w genomie mutantów pozbawionych *SWI6*, oraz wskazują na używane do ich naprawy mechanizmy reperacyjne, odmienne w komórce haplo- i diploidalnych.

Zastosowanie techniki ASPIC-MS do identyfikacji białek wiążących się do rDNA szczepów kontrolnych i tych z delecją genu *SWI6* pozwoliło wskazać na istotne różnice w budowie ich chromatyny, która w szczepach pozbawionych *Swi6* obfituje w alternatywny wariant histonu- białko Htz1. Analizy te pozwoliły scharakteryzować zmiany w rejonie rDNA towarzyszące usunięciu z genomu *Saccharomyces cerevisiae* genu *SWI6*, pomagając ustalić w jaki sposób białko *Swi6* moduluje integralność tego rejonu chromosomalnego.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Wykazano, że w chromatynie szczepów pozbawionych białka *Swi6* występuje alternatywna wersja histonu – białko Htz1. Wykazano również, że w genomie szczepów pozbawionych genu *SWI6* dochodzi do powstawania nietypowych struktur DNA świadczących o bloku replikacji, co dodatkowo potwierdzają liczne pęknięcia DNA, będące wynikiem takiego bloku, a których reperacja prowadzi do rearanzacji DNA poprzez zidentyfikowane intermediały rekombinacyjne.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Uzyskane wyniki pozwolą, prawdopodobnie, wyjaśnić molekularne przyczyny niestabilności genetycznej analizowanych szczepów, posłużą też do przygotowania manuskryptu publikacji.

Publikacje:

5359, 5402, 5498, 4288/A, 4289/A, 4292/A, 4304/A, 4305/A, 884/N, 924/N

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

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

Cel badania:

1. Analiza roli i lokalizacji wewnątrzkomórkowej Hsp31p, białka odpowiedzi na stres o aktywności gliksalazy III w drożdżach *Saccharomyces cerevisiae*.

2. Poznanie nowej drogi importu białek do peroksysomów, organelli uczestniczących w ochronie przed stresem oksydacyjnym.

Opis realizowanych prac:

Ad 1. Kontynuowano prace nad lokalizacją wewnątrzkomórkową Hsp31p. Ustalono, że jest ono zlokalizowane w periplazmie. Wykazano, że jego ilość w periplazmie rośnie w komórkach wystawionych na działanie stresów środowiskowych. Na podstawie analizy sekwencji aminokwasowej Hsp31p oraz innych przesłanek, w tym braku związków tego białka z retikulum endoplazmatycznym (ER), postawiono hipotezę stanowiącą, iż sekrecja Hsp31p do periplazmy następuje w sposób nieklasyczny, niezależny od ER. Ponadto okazało się również, wbrew wcześniejszym wstępnym obserwacjom, że także w tle genetycznym BY Hsp31p jest obecny w periplazmie. To otwiera pole do badań nad mechanizmem sekrecji Hsp31p i w ogóle nad słabo poznanymi nieklasycznymi szlakami sekrecji z wykorzystaniem posiadanej kolekcji szczepów delecyjnych *S. cerevisiae*.

Ad 2. Kontynuowano prace nad współdziałaniem szlaków importu do peroksysomów zależnych od PTS1 i PTS3. Prowadzono jakościową (mikroskopia fluorescencyjna) i ilościową (frakcjonowanie organelli komórek drożdży) analizę zależności wydajności importu do peroksysomów białek Cta1p i Fox2p od funkcjonalności domen rozpoznających sygnały PTS1 i PTS3 w receptorze Pex5p oraz od obecności sygnału PTS1 w tych białkach. Ustalono, że na wydajność importu Cta1p i Fox2p do peroksysomów w około 30% składa się szlak PTS3. Ponadto ustalono, że w imporcie Cta1p i Fox2p do peroksysomów oprócz receptora Pex5p bierze udział jego nowoodkryty paralog białko Pex9p. Co ciekawe wynik porównania sekwencji aminokwasowych Pex5p i Pex9p ujawnił wysoką homologię w rejonie Pex5p zawierającym motyw diaromatyczny FxxxW uczestniczący w oddziaływaniu z białkami AOx, Cat2p, Cta1p i Fox2p. To sugeruje, że Pex9p może również mieć domenę rozpoznającą hipotetyczny sygnał PTS3.

Opis najważniejszych osiągnięć:

1. Hsp31p jest zlokalizowany w periplazmie drożdży *S. cerevisiae*. Sekrecja Hsp31p do periplazmy następuje w sposób nieklasyczny, niezależny od ER.
2. Na wydajność importu Cta1p i Fox2p do peroksysomów w około 30% składa się szlak PTS3. W ich imporcie oprócz receptora Pex5p bierze udział jego nowoodkryty paralog białko Pex9p.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Wyniki badań zostaną opisane w publikacjach naukowych.

Publikacje:

5359, 5402, 5490, 5498, 4288/A, 4289/A, 4292/A, 4293/A, 4304/A, 4305/A

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

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

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

Cel badania:

Celem badań była ocena w jaki sposób obserwowane fluktuacje abiotycznych składowych środowiska wywołanych zmianami klimatycznymi w rejonie Antarktyki Zachodniej powodują destabilizację struktury i funkcjonowania zarówno lądowych, jak i morskich zespołów roślinnych oraz zwierzęcych. Jak również wpływają na kluczowe składowe abiotyczne: rzeźbę terenu, warunki hydrologiczne.

Opis realizowanych prac:

Oceniono skutki gwałtownych zmian środowiskowych na różne elementy ekosystemów morskich i lądowych Zachodniej Antarktyki.

Analizowano mechanizmy ekspansji gatunków obcych w różnych skalach przestrzennych co poszerzyło naszą wiedzę na temat ogólnych mechanizmów ekspansji obcych gatunków w nowe środowiska. Kontynuowano badania nad biologią obcego dla Antarktyki gatunku *Poa annua*. Prowadzono również

pracę dotyczące zmienności genetycznej rodzimego dla Antarktyki gatunku *Colobanthus quitensis* w granicach jego zasięgu i podjęto próbę odpowiedzi na pytanie, czy populacje antarktyczne są potomstwem postglacjalnych emigrantów; czy ostatnie zlodowacenie przetrwały w izolowanych refugiach. Również rozpoczęto badania taksonomiczne gatunków z rodzaju *Colobanthus*.

Kontynuowano badania zasięgów występowania, wielkości oraz kondycji populacji pingwinów i ssaków płetwonogich co poszerza wiedzę na temat gatunków wskaźnikowych zależnych od kryła. Badania te wyrażają dbałość o to aby obecna eksploatacja poszczególnych gatunków obecnych w Południowym Oceanie, odbywała się w oparciu o ekologiczne rozpoznanie i ustalenie jego zasobów niezbędnych do dalszego sprawnego funkcjonowania całego ekosystemu. Obserwowane obecnie zmiany klimatu w rejonach polarnych nakładają dodatkową nagłą potrzebę rozpoznania w jaki sposób te zmiany mogą wpłynąć, obok eksploatacji, na wielkość populacji poszczególnych gatunków i równowagę w ekosystemach morskich Antarktyki. Przeprowadzono analizę zasięgu występowania oraz zachowania lęgowego osobników pingwina królewskiego *Aptenodytes patagonicus*, gatunku nierodzimego dla Wyspy Króla Jerzego, Szetlandy Południowe. Podjęto pierwsze próby analizy wybranych aspektów behawioralnych populacji uchatek antraktycznych *Arctocephalus gazella* w monitorowanych obszarach chronionych. Gatunek ten jest ważnym konsumentem kryła antarktycznego. Populacja uchatek antarktycznych jest obecnie w fazie odradzania po okresie intensywnych odłowów w XIX w i objęta jest ochroną.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Zsekwencjonowano chloroplastowy genom *Colobanthus appetalus* i porównano go z chloroplastowym genomem *C. quitensis*.

Zidentyfikowano i opisano nowe stanowisko lęgowe *Aptenodytes patagonicus* na Wyspie Króla Jerzego (Szetlandy Południowe, Antarktyka) dokumentując zmianę zasięgu występowania tego gatunku najdalej na południe, w kierunku kontynentu antarktycznego.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Wyniki badań nad wielkością i kondycją populacji ssaków i ptaków morskich, tzw. gatunków wskaźnikowych zasilily międzynarodową bazę danych „Konwencja o Zachowaniu Żywych Zasobów Morskich Antarktyki” i posłużyły 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. Uzyskane wyniki badań znalazły się w publikacjach naukowych.

Publikacje:

5377, 5394, 5408, 5426, 5452, 5400, 4198/A, 4199/A, 4237/A, 4238/A, 4239/A, 4240/A, 4241/A, 4255/A, 4266/A, 4309/A, 4311/A, 4312/A, 4314/A, 4317/A, 265/M

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

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

Zespół: dr hab. Marek K. Zdanowski, dr Jakub Grzesiak

Cel badania:

1. Opracowanie wyników szczegółowej analizy mobilomu plazmidowego arktycznych i antarktycznych szczepów z rodzaju *Polaromonas* (współpraca z ZGB UW).
2. Opracowanie wyników analiz fizjologicznej i genetycznej bakterii kwasu mlekowego z rodzaju *Carnobacterium* wyizolowanych ze środowisk polarnych (współpraca z ZDB IBB PAN).
3. Ekofizjologiczna analiza mikrobiocenozy guana pingwinów Adeli (praca magisterska studentki Akademii Pomorskiej w Słupsku Agaty Kaczyńskiej).

4. Uzupełnienie banku szczepów o ważne biotechnologicznie izolaty uzyskane z próbek wycieków podlodowcowych, próbek pozyskanych z terenów lądowych pingwinów oraz z ryzosfery naczyniowych roślin antarktycznych.
5. Optymalizacja technik izolacji bakterii z warstw powierzchniowych i wglębnych porostów w oparciu o posiadane próbki porostów arktycznych oraz pochodzących ze zbiorów krajowych.

Opis realizowanych prac:

1. Przeprowadzono szczegółową analizę bioinformatyczną grupy 13. plazmidów (o sumarycznej wielkości 510 kbp) szczepów bakterii z rodzaju *Polaromonas* (*Comamonadace*, *Betaproteobacteria*) wyizolowanych z lodowców Arktyki i Antarktyki. W replikonach wyróżniono moduły genetyczne tworzące rdzeń plazmidu oraz moduły fenotypowe. Adnotację plazmidów wykonano z wykorzystaniem publicznie dostępnych baz danych GenBank, Conserved Domain Database, UniProt Knowledgebase oraz ARAGORN.
2. Przeprowadzono szczegółowe testy właściwości biochemicznych 10. szczepów rodzaju *Carnobacterium*: testy API 50 CH, globalne analizy fenotypów komórkowych – Biolog®, badanie konfiguracji i stężenia produkowanego kwasu mlekowego, identyfikacja i charakterystyka posiadanej aktywności przeciwdrobnoustrojowej; Analiza bioinformatyczna szlaków biochemicznych w celu identyfikacji potencjału przemysłowego zastosowania szczepów w oparciu o dane uzyskane z testów aktywności biochemicznych; Przygotowanie próbek plazmidowego DNA do procesu sekwencjonowania; Obróbka danych po procesie sekwencjonowania plazmidów.
3. Guano pingwinów Adeli zostało pobrane w trzech różnych stadiach rozkładu. Przeprowadzone analizy obejmowały m.in.: liczebność całkowitą komórek bakterii (mikroskopia epifluorescencyjna), liczebność jednostek tworzących kolonie na zestawie różnych podłoży bakteriologicznych w różnych temperaturach, analiza metaboliczna na płytkach Biolog EcoPlate, fizjologiczna analiza zimnolubnych szczepów, analiza amplikonów genu 16S rRNA bakteriocenozy guana.
4. Izolacja zimnolubnych szczepów bakterii wykonana została przy użyciu nowo opracowanych technik izolacji komórek drobnoustrojów z materiałów z Wyspy Króla Jerzego (Antarktyka). Uzyskane izolaty bakteryjne zostały poddane wstępnej analizie morfo-fizjologicznej, w szczególności pod kątem cech przystosowawczych do warunków środowiska, np.: tworzenie biofilmów, lipoliza, proteoliza, urykoliza (rozkład kwasu moczowego), rozpuszczanie wytrąconych związków mineralnych czy wiązanie azotu atmosferycznego (N₂). Dodatkowo część izolatów poddano identyfikacji filogenetycznej. Wspomniane szczepy zostały zabezpieczone w 20% glicerolu w temp. -80°C.
5. Opracowano technikę izolacji bakterii z wnętrza plechy porostu arktycznego i oznaczono liczbę jednostek tworzących kolonie. Sprawdzano wpływ różnych rodzajów pożywek agarowych, użycia antybiotyków hamujących wzrost grzybów oraz metod sterylizacji powierzchni plechy (alkohol/woda utleniona) na wynik hodowli bakterii.

Opis najważniejszych osiągnięć:

1. Na plazmidach wyróżniono wiele genów i modułów, których obecność może mieć potencjalne znaczenie w adaptacji do życia w środowiskach lodowcowych. Białka kodowane na plazmidach są prawdopodobnie zaangażowane w: (i) ochronę przed reaktywnymi formami tlenu, promieniowaniem UV oraz niską temperaturą, (ii) transport i metabolizm związków organicznych, (iii) transport jonów metali oraz (iv) oporność na metale ciężkie. Ponadto przeprowadzono szczegółową analizę modułów odpowiedzialnych za replikację (moduł replikacyjny), stabilne dziedziczenie plazmidów do komórek potomnych (moduł partycyjny) oraz eliminację komórek bezplazmidowych (systemy toksyna-antytoksyna). Zgromadzone dane wskazują, że analizowane plazmidy pełnią istotną rolę w adaptacji gospodarza do warunków panujących w lodowcach Arktyki i Antarktyki.
2. Wyniki badań wskazały na występowanie znaczących różnic w obserwowanych profilach metabolicznych szczepów tych samych gatunków bakterii, izolowanych z różnych miejsc bytowania. Zmiany obejmowały m.in. zdolność do asymilacji większej ilości źródeł węgla z grupy pentoz i heksoz oraz większą oporność na zasolenie i zmiany pH. Wszystkie badane szczepy *Carnobacterium* spp. produkują w przewodzie kwas mlekowy o konfiguracji L, z dość niską wydajnością na poziomie ok. 5,0 g/l. Ponadto, wykazano aktywność przeciwdrobnoustrojową szczepów *Carnobacterium* wobec patogennych szczepów z rodzaju *Listeria* spp. i *Staphylococcus* spp. Produkowane związki antymikrobiologiczne poddały się trawieniu proteinazą K, co sugeruje ich

białkowy charakter (bakteriocyny). W procesie sekwencjonowania DNA plazmidowego, w szczepach *Carnobacterium* zidentyfikowano sześć szczepów posiadających jeden lub więcej plazmidów. Wstępne analizy bioinformatyczne sekwencji DNA plazmidowego wskazały na obecność genów plazmidowych, kodujących białka zaangażowane w procesy metaboliczne i transportowe. W porównaniu do bezplazmidowych szczepów tego samego gatunku, szczepy posiadające plazmidy charakteryzują się większym spektrum metabolizowanych cukrów oraz są bardziej odporne na zmiany zasolenia i pH.

3. Niewielki udział komórek tworzących kolonie w stosunku do całkowitej liczby komórek oraz niska aktywność w testach metabolicznych próbek guana pingwinów Adeli zebranych w szczycie sezonu lęgowego wskazują na niewielki wkład mikrobiomu w proces dekompozycji guana. Próbkę zebraną w marcu (miesiąc po zakończeniu sezonu lęgowego) wskazują na wyższą aktywność saprofitycznej mikroflory głównie w obrębie rozkładu białek, tłuszczu i kwasu moczowego w guanie pingwinów. Analiza filogenetyczna bakteriocenozy guana ujawniła zmiany w jej obrębie a także obecność mikroflory jelitowej pingwinów w każdym z badanych okresów.
4. Wyizolowano szereg bakterii zdolnych do niskotemperaturowego rozkładu kwasu moczowego oraz substancji tłuszczowych (rodzaj *Psychrobacter*) a także białek (rodzaj *Chryseobacterium*). Ponadto udało się wyizolować szczep bakterii kwasu mlekowego z rodziny *Carnobacteriaceae* stanowiący potencjalnie nowy rodzaj bakterii. Część szczepów bakterii ze strefy korzeniowej traw antarktycznych wykazywała zdolność do wzrostu bez źródła azotu i do rozpuszczania fosforanu wapnia.
5. Średnia wartość CFU wynosiła po przeliczeniu na gram plechy porostów $17\,590$ (1.76×10^4) jednostek tworzących kolonie. Wstępne wyniki ogólnej liczebności bakterii oznaczonych metodą epifluorescencyjną wynosiły na gram mokrej masy – 8.31×10^8 z wnętrza plechy i 3.42×10^7 z powierzchni plechy porostów pochodzących z obszaru nadmorskiego Polski. Liczba komórek glonowych wynosiła odpowiednio 3.42×10^7 i 1.01×10^7 .

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

1. Uzyskane wyniki wejdą w skład oryginalnej pracy pt. „Plasmids of psychrophilic *Polaromonas* spp. isolated from Arctic and Antarctic Glaciers – Diversity and Role in Adaptation to Polar Environments” (praca jest obecnie w przygotowaniu).
2. Uzyskane wyniki wejdą w skład oryginalnej pracy pt. „Characteristics of *Carnobacterium* spp. strains isolated from polar region habitats” (praca jest obecnie w przygotowaniu).
3. Wyniki posłużą przygotowaniu pracy magisterskiej Agaty Kaczyńskiej oraz publikacji w recenzowanym czasopiśmie naukowym.
4. Uzyskane wyniki posłużą uzupełnieniu kolekcji zimnolubnych szczepów IBB PAN o nowe izolaty i wiedzę o nich. Wraz z resztą izolatów stanowiąc będą zaplecze dla przyszłych badań ekologicznych i biotechnologicznych nad mikroorganizmami stref polarnych.
5. Część uzyskanych wyników została wykorzystana przy opracowaniu projektu zbadania mikrobiomu porostów antarktycznych przyjętego przez NCN do realizacji.

Publikacje:

5381, 5452, 4257/A, 4309/A, 4313/A

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

Zespół: dr hab. Tomasz Sarnowski, dr Szymon Kubala, dr Anna Maassen, mgr Sebastian Sacharowski, mgr inż. Paweł Ćwiek, mgr Dorota Zugaj, mgr inż. Paulina Kondrak, mgr inż. Jarosław Steciuk, mgr Marcin Leszczyński, mgr. inż. Joanna Szarkowska, Piotr Bartosz, Paweł Kowalewski, Mateusz Abramczuk

Cel badania:

Identyfikacja zachowanych w ewolucji mechanizmów kontroli podstawowych procesów regulatorowych u Eukariota uczestniczących w odpowiedzi organizmu na działanie czynników środowiskowych.

Opis realizowanych prac:

Badana była funkcja głównych maszynerii związanych z przebudową chromatyny m.in. kompleksów remodelujących chromatynę typu SWI/SNF w kontroli podstawowych procesów regulatorowych u Eukariota. W badaniach zostały wykorzystane dwa układy modelowe: *Arabidopsis thaliana* i ludzkie linie komórkowe. Badany był wpływ zewnętrznych białek partnerskich na aktywność maszynerii kontrolujących strukturę chromatyny, a także oceniona została istotność biologiczna zidentyfikowanych zależności na poziomie całego organizmu jak również w komórce.

Opis najważniejszych osiągnięć:

1. Określono, że zaburzenie funkcjonalności kompleksów remodelujących chromatynę wpływa w istotny sposób na kontrolę procesów metabolicznych.
2. Wykazano, że inaktywacja głównej podjednostki kompleksów remodelujących chromatynę typu SWI/SNF może być jedną z pierwotnych przyczyn zaburzeń występujących w jasnokomórkowym raku nerki.
3. Zidentyfikowano zależny od kompleksów typu SWI/SNF mechanizm kontroli ekspresji wybranych genów u *Arabidopsis*.
4. Oceniono wpływ białek zewnętrznych- partnerów kompleksu SWI/SNF na regulację ekspresji genów związanych ze szlakami przekazywania sygnału za pomocą hormonów.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Uzyskane wyniki ujęte zostały w doniesieniach na krajowe i międzynarodowe konferencje naukowe w formie wykładów i plakatów. Wyniki uzyskane podczas realizacji zaplanowanych doświadczeń posłużyły również do konstrukcji publikacji naukowej, która została opublikowana w międzynarodowym czasopiśmie naukowym, nowych projektów badawczych a także wykorzystane zostały podczas popularyzujących naukę zajęć z uczniami szkół podstawowych i ponadpodstawowych oraz zajęć ze studentami biologii i dziedzin pokrewnych SGGW.

Publikacje:

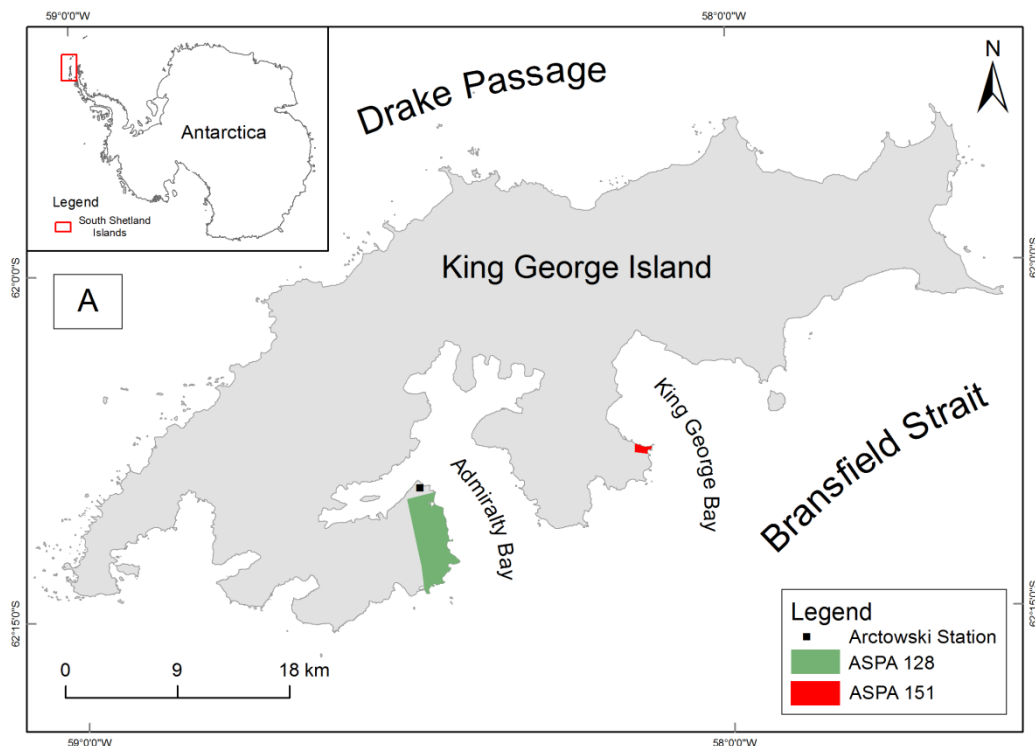
5506, 4219/A, 4231/A, 4232/A, 4233/A, 4234/A, 4235/A, 4269/A, 4270/A, 4328/A, 4333/A, 4334/A, 4335/A, 4336/A, 4337/A, 4338/A, 4339/A, 4340/A, 4341/A, 4342/A, 4382/A, 4383/A, 4390/A, 4391/A, 4392/A, 4396/A

Sprawozdanie z monitoringu ekologicznego - wieloletnie obserwacje ptaków i ssaków pętlonogich na wyspie Króla Jerzego w sezonie 2016/2017

Koordynator: dr inż. Małgorzata Korczak-Abshire

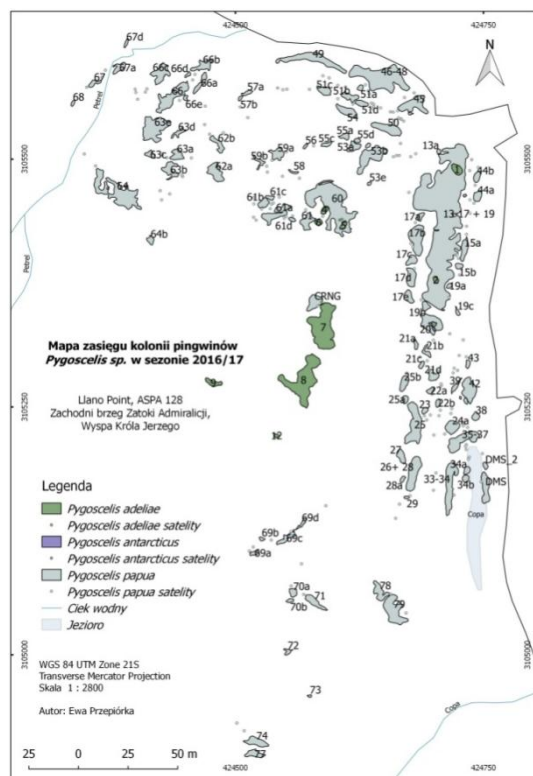
Obserwatorzy: Ewa Przepiórka, Damian Czajka (ASP 128), Anna Grebieniow, Julia Kończak (ASP 151)

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 Wyspy Króla Jerzego (Szetlandy Południowe, Antarktyka Zachodnia) i obejmuje teren zachodniego wybrzeża Zatoki Admiralicji (w tym – Antarctic Specially Protected Area – ASPA No 128) oraz teren zachodniego wybrzeża Zatoki Króla Jerzego (ASP 151) (Ryc.1). Prowadzone są szczegółowe obserwacje trzech gatunków pingwinów *Pygoscelis* (*P. papua*, *P. adeliae*, *P. antarcticus*), dziesięciu gatunków ptaków latających (*Larus dominicanus*, *Sterna vittata*, *Daption capense*, *Chionis alba*, *Macronectes giganteus*, *Oceanites oceanicus*, *Fregetta tropica*, *Stercorarius maccormicki*, *Stercorarius antarcticus lonnbergi*, *Phalacrocorax bransfieldensis*) oraz pięciu gatunków ssaków pętlonogich (*Mirounga leonina*, *Arctocephalus gazella*, *Lobodon carcinophagus*, *Leptonychotes weddellii*, *Hydrurga leptonyx*) na terenach ich rozrodu, linienia i wypoczynku. Obserwacjami objęte są także ssaki morskie (*Cetacea*) występujące w wodach obu zatok oraz gatunki ptaków niecharakterystycznych dla regionu, tzw. vagrant. Obserwacje gatunków wskaźnikowych zależnych od kryła (*Euphausia superba*) na Wyspie Króla Jerzego w Antarktyce prowadzone były zgodnie z wytycznymi *Commission for the Conservation of Antarctic Marine Living Resources* (CCAMLR), w obszarze statystycznym 48.1. Jest to region intensywnej eksploatacji kryła oraz intensywnie zachodzących zmian klimatycznych.



Ryc. 1. Obszary objęte obserwacjami: ASPA 128 i 151, Wyspa Króla Jerzego, Szetlandy Południowe, Antarktyka Zachodnia.

W 2017 roku w ASPA 128 obserwacje prowadzone były w systemie całorocznym, w ASPA 151 w okresie lata antarktycznego (do kwietnia 2017). Rejestrowane parametry obejmowały: wielkość populacji (Metoda A3) trzech gatunków pingwinów (6 kolonii lęgowych) 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), na podstawie których sporządzono mapy (Ryc.2).



Ryc. 2. Przykład mapy rozkładu grup lęgowych w kolonii Llanó Point (ASPA 128) w sezonie 2016/2017 na Wyspie Króla Jerzego Szetlandy Południowe.

Prowadzono rejestr wielkości populacji, sukces lęgowy oraz rejestr rozmieszczenia przestrzennego terenów lęgowych 10 gatunków ptaków latających oraz rozrodczych ssaków płetwonogich, a także rejestr pojawiających się w wodach obu zatok waleni (*Cetacea*). Obserwacje ssaków płetwonogich wzdłuż 15 odcinków zachodniego wybrzeża Zatoki Admiralicji oraz 7 odcinków zachodniego wybrzeża Zatoki Króla Jerzego przeprowadzono co 10 dni, zgodnie z wytycznymi. Odnotowano rejestr oznakowań ptaków i ssaków płetwonogich według wytycznych w celu uzyskania informacji o wędrówkach zwierząt. Podczas prowadzenia obserwacji gatunków ptaków niecharakterystycznych dla regionu odnotowano pojawienie się biegusa długoskrzydłego (*Calidris bairdii*) (Fot.1), do tej pory gatunku nie pojawiającego się w obszarach Antarktycznych.



Ryc.3. Biegus długoskrzydły (*Calidris bairdii*) gatunek ptaka niecharakterystyczny dla regionu Antarktyki (Potwierdzające orzeczenie Komisji Faunistycznej, Przewodniczący prof. T. Stawarczyk), fot. D. Czajka.

W celu wsparcia dotychczas prowadzonych obserwacji gatunków wskaźnikowych zależnych od kryła kontynuowano realizację międzynarodowego projektu "Establishing a CEMP Camera Network in Subarea 48.1". W ramach projektu rejestrowana jest chronologia rozrodu i sukces lęgowy trzech gatunków pingwinów za pomocą systemu zautomatyzowanych kamer (RECONYX HyperFire PC800). W sezonie 2017 przeanalizowano materiał z 14 kamer RECONYX HyperFire PC800 umieszczonych w wybranych koloniach lęgowych pingwinów *Pygoscelis* w ASPA 128 i ASPA 151. Ponadto, w celu

weryfikacji nowatorskiej metody, zebrano metodą klasyczną bezpośrednich obserwacji w terenie i przeanalizowano materiał referencyjny dotyczący chronologii lęgów wybranych par pingwinów.

Rozpoczęto realizację projektów: "*Tracking the overwinter habitat use of krill dependent predators from Subarea 48.1*" i "*Foraging range and habitat preference of non-breeding pygoscelid penguins in CCAMLR subarea 48.1*". Zainstalowano 40 nadajników satelitarnych (PTT, Argos-linked Kiwisat K2G, Sirtrack Ltd.) na wybranych osobnikach pingwinów z monitorowanych kolonii (Ryc. 4), w celu prześledzenia wyjątkowo słabo poznanych zimowych wędrówek i miejsc żerowania trzech gatunków pingwinów (*P. adeliae*, *P. papua*, *P. antarcticus*). Zebrane dane zdeponowano w bazie danych CCAMLR, gdzie m.in. posłużą do przygotowania opracowania nowej strategii zarządzania połowami kryla za pomocą sprzężenia zwrotnego (*Feedback Management*).



Ryc. 4. Przykład zainstalowanych na pingwinach nadajników satelitarnych oraz wstępne wyniki dot. wędrówek i miejsc żerowania trzech gatunków pingwinów (*P. adeliae*, *P. papua*, *P. antarcticus*) w regionie półwyspu Antarktycznego, fot. A. Grebieniow, opracowanie wyników A. Lowther.

Zebrano materiał do analizy wybranych aspektów behawioralnych populacji uchatek antraktycznych *Arctocephalus gazella* w monitorowanych obszarach chronionych (ASP 151). Część spośród uzyskanych danych jest wykorzystywana dla potrzeb międzynarodowego monitoringu gatunków wskaźnikowych zależnych od kryla przez 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, które nadzoruje 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).

Pracownia Analiz Mikromacierzy

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

W 2017 roku w Pracowni Analiz Mikromacierzy przeprowadzono eksperymenty z użyciem technologii mikromacierzy i sekwencjonowania nowej generacji, wykonano izolację RNA wraz z usunięciem zanieczyszczeń DNA, a następnie analizę jakościową i ilościową otrzymanych prób.

W ramach działalności Pracowni wykonano także szereg analiz bioinformatycznych wcześniej uzyskanych danych.

Lista naukowców IBB PAN współpracujących z Pracownią

1. Dr Anna Góra – wykonanie sekwencjonowania 9 bibliotek przygotowanych do analizy RNA-seq.
2. Przeprowadzenie analizy bioinformatycznej danych RNA-seq.
3. Dr hab. Elżbieta Kraszevska – Przeprowadzenie analizy bioinformatycznej wcześniej uzyskanych danych RNA-seq.

4. Prof. dr hab. Piotr Zielenkiewicz – izolacja 180 prób RNA - ocena jakościowa i ilościowa oraz usuwanie zanieczyszczeń DNA. Wykonanie 54 mikromacierzy typu Human Transcriptome 2.0 (HTA).
5. Dr hab. Beata Burzyńska – wykonanie wraz z analizą bioinformatyczną 60 macierzy typu RatGene 2.1 ST oraz 12 HumanGene 1.0 ST.
6. Prof. dr hab. Agnieszka Sirko – wykonanie 8 mikromacierzy typu ARAGene1.1ST oraz analiza bioinformatyczna.
7. Dr Rafał Archacki – wykonanie 56 mikromacierzy typu ARAGene1.1ST.
8. Dr Damian Mielecki – ocena jakościowa prób RNA i bibliotek do sekwencjonowania – 350 prób.

Dla pracowni badawczych IBB PAN wykonano izolacje RNA ze 180 prób, ocenę jakościową prób RNA i bibliotek do sekwencjonowania – 600 prób, 170 mikromacierzy, przeprowadzono sekwencjonowanie 9 bibliotek do analizy RNA-seq. Wykonano analizy bioinformatyczne danych z mikromacierzy ekspresyjnych oraz RNA-seq.

Pracownia Analiz Mikromacierzy wykonała zlecenia otrzymane z następujących jednostek badawczych:

1. Warszawski Uniwersytet Medyczny – analiza jakościowa RNA.
2. Instytut Genetyki i Hodowli Zwierząt PAN – analiza mikromacierzowa SNP dla 48 prób DNA.
3. Instytut Biologii Doświadczalnej im. M. Nenckiego PAN – immunoprecypitacja chromatyny.

W ramach współpracy naukowej z wymienionymi poniżej naukowcami Zespół Pracowni Analiz Mikromacierzy wykonał szereg eksperymentów z zastosowaniem technologii mikromacierzy. Przeprowadzono także odpowiednie analizy bioinformatyczne uzyskanych w pracowni danych. Naukowcy, z którymi Pracownia współpracuje naukowo:

z Wydziału Biologii, Uniwersytetu Warszawskiego:
– Dr Konrad Kosicki

z Instytutu Medycyny Doświadczalnej i Klinicznej PAN:
– Prof. dr hab. Bogdan Lesyng

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Uzyskane wyniki zostaną opublikowane w międzynarodowych czasopismach.

Publikacje:

5393, 5431, 5472, 5449, 5485

Serwis Bakulowirusa

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

W 2017 roku w pracowni nadprodukowano w komórkach owadzych (system Bac-To-Bac oraz FlashBac):

1. Białka ludzkie: FTO i kalmodulinę; model domeny CUB 2, kinazy CHK1 i CHK2.
2. Białka wirusowe: – białko podstawy pentonu adenowirusa, białko typu dzikiego oraz zawierające epitopy owoalbuminy oraz epitopy glipikanu 3, – hemaglutyninę wirusa ptasiej grypy w fuzji z N-kończowym fragmentem białka włókna adenowirusa oraz domeną trymeryzacyjną.

Otrzymane rekombinowane białka były wykorzystywane do realizacji tematów statutowych IBB PAN. W ramach działalności usługowej, dla zleceniodawców spoza IBB PAN nadprodukowano: tubulinę oraz kinezynę Kif5, oba białka pochodzące z myszy *Mus musculus* dla Instytutu Biologii Doświadczalnej PAN im. M. Nenckiego

Pracownia Hodowli Komórkowych

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

W 2017 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 liniami komórkowymi keratynocytów: HaCaT i N-HEK (grupa prof. dr hab. Wojciecha Bala, Zakład Biofizyki).
3. Charakterystyka procesu aktywacji receptora RAGE w obecności lizeniny – toksyny wiążącej sfingomielinę traw lipidowych (grupa prof. dr hab. Wojciecha Bala, Zakład Biofizyki).
4. Rola peroksydacji lipidów w chorobach rzadkich i efektywności terapii fotodynamicznej (grupa prof. dr hab. Barbary Tudek, Zakład Biologii Molekularnej).
5. Rola białek ALKBH w metabolizmie komórki, rozwoju otyłości i cukrzycy typu 2 – badania na liniach komórkowych (grupa prof. dr hab. Elżbiety Grzesiuk, Zakład Biologii Molekularnej).
6. Wykorzystanie linii komórkowych do badań właściwości nowo syntetyzowanych antynowotworowych związków z grupy antrachinonów (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 Szolajskiej, Zakład Biosyntezy Białka).
9. Badanie regulacji ekspresji tRNA w komórkach nowotworowych (dr Damian Graczyk, Zakład Genetyki).
10. Wyciszenie mRNA w komórkach ssaczych przy użyciu białka Cpfl (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 Mutagenyzy i Reperacji DNA).
12. Rola posttranslacyjnych modyfikacji w regulacji ludzkiej polimerazy iota (dr Justyna McIntyre, mgr inż. Mikołaj Fedorowicz, mgr Aleksandra Sobolewska – grupa prof. dr hab. Ewy Śledziewskiej-Gójskiej, Pracownia Mutagenyzy i Reperacji DNA).
13. Analiza zmian zawartości DNA genomowego szczepów drożdży *S. cerevisiae* oraz zaburzeń cyklu komórkowego spowodowanych mutacjami w genach kodujących białka odpowiedzialne za ochronę komórek przed stresem i utrzymywanie stabilności genetycznej (dr hab. Adrianna Skoneczna, dr Kamil Król, mgr Justyna Antoniuk-Majchrzak, mgr Anna Długajczyk, Pracownia Mutagenyzy i Reperacji DNA).
14. 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, dr Piotr Dzierzbicki, mgr Beata Babińska, mgr Ewa Kalińska, mgr Małgorzata Filipiak, mgr Jan Gawor, mgr Karolina Wylot, mgr Karolina Wylot, mgr Karolina Żuchniewicz

W 2017 roku ramach działalności usługowej dla IBB PAN zsyntetyzowano 3 705 oligonukleotydów oraz zsekwencjonowano na aparatach ABI 3730 i ABI 3730 xl 17 880 matryc DNA, co przy średniej długości odczytu 850bp daje 15 198 000 zasad.

Dla 113 zleceniodawców spoza IBB zostały zrealizowane zamówienia na zsekwencjonowanie 29 963 matryc i zsyntetyzowano 16 300 oligonukleotydów.

Za pomocą sekwenatora genomowego MiSeq Illumina zsekwencjonowano dla IBB 4 genomy bakteryjne, 2 plazmidy bakteryjne, 18 genomów drożdży i 48 próbek środowiskowych uzyskując łącznie 30 GB par zasad.

W ramach współpracy z jednostkami spoza Instytutu zsekwencjonowano: 193 genomy bakteryjne, 24 plazmidy bakteryjne, 3 genomy bakteriofagów, 1 genom algi oraz 126 próbek środowiskowych otrzymując około 80 GB par zasad.

Za pomocą sekwenatora genomowego MinION zsekwencjonowano dla IBB 6 genomów bakteryjnych, uzyskując łącznie 2,4 GB par zasad.

W ramach współpracy z jednostkami spoza Instytutu zsekwencjonowano: 53 genomy bakteryjne i 6 izolatów plazmidowych z bakterii otrzymując łącznie około 46GB par zasad.

Dodatkowo w ramach przyznanych doktorantom IBB PAN minigrantów wykonano 247 sekwencjonowań matryc DNA i 6 390 reakcji analizy polimorfizmu.

Syntezy oligonukleotydów i sekwencjonowanie matryc wykonano dla następujących zakładów IBB:

		matryce	oligonukleotydy
1.	Zakład Genetyki	621	103
2.	Zakład Biochemii Drobnoustrojów	1 375	114
3.	Zakład Biosyntezy Białka	299	111
4.	Zakład Biochemii Roślin	498	225
5.	Zakład Biofizyki	520	140
6.	Zakład Biologii Molekularnej	600	151
7.	Zakład Genetyki UW	2 359	222
8.	Pracownia Mutagenyzy i Reperacji DNA	445	229
9.	Pracownia Glikobiologii Grzybów	370	165
10.	Pracownia Sekwencjonowania DNA i Syntezy Oligonukleotydów	132	112
11.	Zakład Biochemii Lipidów	272	179
12.	Pracownia Biologii RNA i Genomiki Funkcjonalnej	10 389	1 954

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

1	Instytut Biocybernetyki i Inżynierii Biomedycznej PAN, Warszawa
2	Instytut Biologii Doświadczalnej PAN im. M. Nenckiego, Warszawa
3	Instytut Biologii Medycznej PAN, Łódź
4	Instytut Biologii Ssaków PAN, Białowieża
5	Instytut Chemii Bioorganicznej PAN, Poznań
6	Instytut Farmakologii PAN, Kraków
7	Instytut Genetyki i Hodowli Zwierząt PAN, Jastrzębiec
8	Instytut Genetyki Roślin PAN, Poznań
9	Instytut Immunologii i Terapii i Doświadczalnej PAN, Wrocław
10	Instytut Medycyny Doświadczalnej i Klinicznej PAN, Warszawa
11	Instytut Medycyny Wsi, Lublin
12	Instytut Paleobiologii PAN, Warszawa
13	Instytut Parazytologii PAN, Warszawa
14	Instytut Podstawowych Problemów Techniki PAN, Warszawa
15	Instytut Rozrodu Zwierząt i Badań Żywności PAN, Olsztyn

16	Instytut Systematyki i Ewolucji Zwierząt PAN, Kraków
17	Muzeum i Instytut Zoologii PAN, Warszawa
18	Zakład Ichtiobiologii i Gospodarki Rybackiej PAN, Gołysz
19	Międzynarodowy Instytut Biologii Molekularnej i Komórkowej, Warszawa
20	Akademia Wychowania Fizycznego, Poznań
21	Uniwersytet Gdański, Gdańsk
22	Uniwersytet im. A. Mickiewicza, Poznań
23	Uniwersytet im. Kardynała Stefana Wyszyńskiego, Warszawa
24	Uniwersytet Jagielloński, Kraków
25	Uniwersytet Jana Kochanowskiego, Kielce
26	Uniwersytet Kazimierza Wielkiego, Bydgoszcz
27	Uniwersytet Łódzki, Łódź
28	Uniwersytet Marii Curie-Skłodowskiej, Lublin
29	Uniwersytet Medyczny Lublin
30	Uniwersytet Medyczny, Łódź
31	Uniwersytet Medyczny, Poznań
32	Uniwersytet Medyczny, Wrocław
33	Uniwersytet Medyczny, Białymstok
34	Uniwersytet Mikołaja Kopernika, Toruń
35	Uniwersytet Przyrodniczy, Poznań
36	Uniwersytet Przyrodniczy, Wrocław
37	Uniwersytet Rolniczy, Kraków
38	Uniwersytet Rzeszowski, Rzeszów
39	Uniwersytet Szczeciński, Szczecin
40	Uniwersytet Śląski, Katowice
41	Uniwersytet Technologiczno-Przyrodniczy, Bydgoszcz
42	Uniwersytet w Białymstoku, Białystok
43	Uniwersytet Warmińsko-Mazurski, Olsztyn
44	Uniwersytet Warszawski, Warszawa
45	Uniwersytet Wrocławski, Wrocław
46	Uniwersytet Zielonogórski, Zielona Góra
47	Gdański Uniwersytet Medyczny, Gdańsk
48	Pomorski Uniwersytet Medyczny, Szczecin
49	Śląski Uniwersytet Medyczny, Katowice
50	Warszawski Uniwersytet Medyczny, Warszawa
51	Zachodniopomorski Uniwersytet Technologiczny, Szczecin
52	Politechnika Gdańska, Gdańsk
52	Politechnika Łódzka, Łódź
54	Politechnika Warszawska, Warszawa
55	Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego, Warszawa
56	Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin PIB, Radzików
57	Instytut Ochrony Roślin PIB, Poznań
58	Państwowy Instytut Weterynaryjny PIB, Puławy

59	Instytut Zootechniki PIB, Kraków
60	Centralny Instytut Ochrony Pracy PIB, Warszawa
61	Centrum Medyczne Kształcenia Podyplomowego, Warszawa
62	Centrum Onkologii, Warszawa
63	Centrum Onkologii, Bydgoszcz
64	Instytut Fizjologii i Patologii Słuchu, Warszawa
65	Instytut Matki i Dziecka, Warszawa
66	Instytut Psychiatrii i Neurologii, Warszawa
67	Narodowy Instytut Geriatrii, Reumatologii i Rehabilitacji, Warszawa
68	Narodowy Instytut Zdrowia Publicznego - PZH, Warszawa
69	Samodzielny Publiczny Centralny Szpital Kliniczny, Warszawa
70	Samodzielny Publiczny Dziecięcy Szpital Kliniczny, Warszawa
71	Wojewódzki Inspektorat Weterynarii, Opole
72	Wojewódzka Stacja Sanitarno-Epidemiologiczna, Bydgoszcz
73	Wojskowy Instytut Higieny i Epidemiologii, Warszawa
74	Główny Inspektorat Jakości Handlowej Artykułów Rolno-Spożywczych, Warszawa
75	Polska Grupa Badawcza Chłoniaków, Warszawa
76	Adamed sp. z o.o., Pieńków
77	BIO4EVER, Warszawa
78	Bio-Genetik NZOZ, Wrocław
79	CELON PHARMA S.A, Kielcin
80	Celther Diagnostics sp. z o.o, Konstantynów Łódzki
81	Celther Polska sp. z o.o., Zakroczym
82	Centrum Badań DNA sp. z o.o., Poznań
83	Centrum Materiałów Polimerowych i Węglowych PAN, Zabrze
84	Curiocity Diagnostics, Warszawa
85	EURx sp. z o.o., Gdańsk
86	Genesis Polska, Poznań
87	Genomtec S.A., Wrocław
88	GENOPLAST, Rokocin
89	Genotyp Studio, Warszawa
90	Helix Immuno-Oncology sp. z o.o., Warszawa
91	Hurt-Chem Hurtownia Odczynników Chemicznych, Duchnice
92	Instytut BioInfoBank sp. z o.o., Poznań
93	Laboratorium Badań Genetycznych sp. z o.o., Lublin
94	Laboratorium Dermatologiczne Derma-Lab sp. z o.o., Wrocław
95	MBS Szkolenia Konferencyjne Usługi sp. z o.o., Warszawa
96	Medgenetix sp. z o.o., Warszawa
97	MediGen, Warszawa
98	Medycyna Diagnostyczna PUM sp. z o.o., Szczecin
99	Oncogene Diagnostics, Kraków
100	Personather sp. z o.o., Konstantynów Łódzki
101	Read Gene S.A., Grzeczka

102	Rex Company, Wrocław
103	Stowarzyszenie Miłośników Żubrów, Warszawa
104	Stowarzyszenie na Rzecz Rozwoju Endokrynologii, Gdańsk
105	Stowarzyszenie Naukowo Techniczne Inżynierów i Techników Przemysłu Spożywczego, Warszawa
106	Stowarzyszenie Polskiej Grupy ds. Lecznictwa, Gliwice
107	Synaptise S.A., Wrocław
108	Synevo Polska, Warszawa
109	Vet-Lab, Brudzew
110	VitaGenum, Lublin
111	Wildlife Consulting, Lipowa
112	Wrocławskie Centrum Badań EIT+ sp. z o.o., Wrocław
113	Zakład Diagnostyki Medycznej, Poznań

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.

Opis najważniejszych osiągnięć

1. Laboratorium uczestniczyło w testach nowego produktu polskiej firmy biotechnologicznej.
2. Wykonano usługi pomiaru ilościowego mRNA w różnych próbkach dostarczonych przez badaczy z IBB PAN oraz zewnętrznych. Oznaczano również liczbę kopii genów w materiale dostarczonym przez klientów. Wykonano około 34 520 reakcji, łącznie z opracowaniem metodyki analiz i projektowaniem starterów.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

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

Środowiskowe Laboratorium Spektrometrii Mas

Zespół: prof. dr hab. Michał Dadlez, dr Magdalena Kaus-Drobek, dr Dominik Domański, mgr Jacek Olędzki, mgr Magdalena Bakun, mgr Agnieszka Fabijańska, mgr Piotr Zarębski, mgr Radosław Jaźwiec, mgr Emilia Pawłowska, mgr Agata Malinowska, mgr Michał Kistowski, dr Aiswarya Premchandrar, mgr Anna Perzanowska, mgr Katarzyna Dąbrowska, mgr Katarzyna Bucholc, mgr Agnieszka Fatalska, mgr Bianka Świdorska, mgr Dominik Cysewski

Cel badania:

Analizy proteomiczne i metabolomiczne.

Opis realizowanych prac:

Laboratorium, wzorem lat poprzednich, uczestniczyło w wielu projektach, wykonując wszystkie niezbędne analizy proteomiczne i analizy związków niskocząsteczkowych, w tym leków i ich metabolitów. Spośród projektów zakończonych publikacjami należy wymienić: w dziedzinie badań

strukturalnych – zmapowanie regionów kontaktu wewnętrznego kinetochoru *Kluyveromyces lactis* (5518), wykazanie, że białko FLASH gra podwójną rolę w procesingu histonowych mRNA (5420), wykazanie zmiany trybu funkcjonowania toksyny bakteryjnej w efekcie punktowej mutacji R468A (5373). Badania proteomiczne pozwoliły wykazać np. że dwustopniowa fosforylacja jest niezbędna do inicjacji tworzenia procentrioli przez białka Ana2 i Sas6 (5524), że kinazy GSK3 α,β fosforylują związane z cystoszkieletem białko Arc i regulują jego degradację (5439), czy wykazanie silnej nadreprezentacji peptydów elastazowych w proteomie tkanki raka jelita grubego (5356). Zmapowaliśmy też partnerów kompleksu eEF1B we frakcji jądrowej komórek raka płuca (5521) i określiliśmy sygnatury molekularne komórek raka piersi przy ekspozycji na inhibitory deacetylazy SAHA i JAHA (5523).

Część laboratorium odpowiedzialna za analizy substancji niskocząsteczkowych kontynuowała projekty rozpoczęte w poprzednich latach jak: oznaczanie leków immunosupresyjnych we krwi pełnej (Novartis) oraz mleku pacjentek dla dr hab. Bożeny Kociszewskiej-Najman (WUM), metabolitu leflunomidu (Sandoz), kwasów abscysynowego i jasmonowego w ekstraktach roślinnych dla prof. Grażyny Dobrowolskiej, prof. Ewy Świeżewskiej (IBB PAN), asymetrycznej i symetrycznej dimetyloargininy (ADMA, SDMA) w dializatach płynu mózgowo-rdzeniowego dla dr hab. Magdaleny Zielińskiej (IMDiK), witaminy D (prof. Pierzynowski i Alcresta), wolnych i całkowitych kwasów tłuszczowych w osoczu (prof. Pierzynowski i Alcresta), wykonano oznaczenia BK124.1 w próbkach osocza dla prof. Wojdy (IMDiK). Kontynuowano badania farmakokinetyczne nowych związków dla OncoArendi w ramach grantu STRATEGMED i AmCase backup. Kontynuowano oznaczania aminokwasów w osoczu i homogenatach tkanki mózgowej i guza. Wykonano oznaczenia trimetyloaminy i jej tlenku w osoczu dla dr. hab. Marcina Ufnala (WUM). Opracowano metodę krótkołańcuchowych kwasów tłuszczowych (C2:C6) oraz wykonano oznaczenia próbek dla dr. hab. Marcina Ufnala (WUM).

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 i białek centrioli. W przypadku centrioli przyczyniliśmy się do identyfikacji kaskady fosforylacyjnej w inicjacji ich tworzenia. Wykazanie podwójnej roli białka FLASH w regulacji ekspresji genów histonowych.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Uzyskane rezultaty wchodzą w skład publikacji. Procedury pomiarów ilościowych związków niskocząsteczkowych (np. leki immunosupresyjne, leflunomid i ich metabolity) używane są także do oznaczeń klinicznych dla polskich pacjentów.

Publikacje:

5356, 5373, 5383, 5402, 5420, 5439, 5477, 5518, 5521, 5523, 5524, 5525, 4221/A, 4227/A, 4268/A, 4327/A, 4332/A, 4345/A, 4348/A, 4350/A

Pracownia Mikroskopii Konfokalnej i Fluorescencyjnej

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.

Działalność Pracowni obejmuje:

1. prowadzenie szkoleń z obsługi mikroskopu fluorescencyjnego Nikon E800, mikroskopu konfokalnego Nikon C1 oraz mikrotomu Leica, które umożliwiają samodzielną pracę w oparciu o infrastrukturę Pracowni.
2. Wykonywanie analiz mikroskopowych w ramach usługi oraz współpracy naukowej.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Mikroskop fluorescencyjny Nikon E800 wykorzystano w wymiarze 220 godz. przez samodzielnych użytkowników.

Mikroskop konfokalny Nikon C1 wykorzystano ogółem w wymiarze 333 godz. przez samodzielnych użytkowników po przeszkoleniu a także w ramach usług i współpracy naukowej.

Z infrastruktury Pracowni korzystali pracownicy IBB, doktoranci oraz magistranci z Zakładów/Pracowni:

1. Zakład Biochemii Roślin
2. Zakład Biosyntezy Białka
3. Zakład Biochemii Lipidów
4. Zakład Genetyki
5. Pracownia Patogenezy Roślin
6. Pracownia Sekwencjonowania DNA i Syntezy Oligonukleotydów
7. Pracownia Biologii RNA i Genomiki Funkcjonalnej

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.

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 3 343 szczepy bakteryjne, 3 882 szczepy drożdżowe i 2 280 plazmidów, 300 izolatów środowiskowych oraz 2 953 szczepy psychrofilne.

Gatunki bakterii zdeponowane w kolekcji to m.in:

Escherichia coli
Lactococcus lactis
Lactococcus raffinola
Lactobacillus sp.
Lactobacillus paracasei
Lactobacillus casei
Streptococcus thermophilus
Bacillus subtilis
Lactococcus hordniae
Lactococcus raffinolactis
Lactococcus garvieae
Lactobacillus plantarum
Bifidobacterium longum
Salmonella typhimurium

Staphylococcus aureus
Psychrobacter sp
Sejongia sp
Arthrobacter sp.
Yersinia sp.
Acinetobacter sp.
Flavobacterium sp.
Pseudomonas sp.
Serratia sp.
Leifsonia sp.
Polaromonas sp.
Hymenobacter sp.
Agrococcus sp.

Gatunek drożdży zdeponowany w kolekcji:
Saccharomyces cerevisiae

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

Seminaria instytutowe w roku 2017

L.p.	Data	Prelegent, placówka	Tytuł seminarium
1.	03.01.2017	mgr inż. Maria Winiewska (Zakład Biofizyki, IBB PAN)	„Contribution of halogen bonding to protein – ligand interactions. Thermodynamic studies on binding of halogenated benzotriazoles to the catalytic subunit of protein kinase CK2”
2.	10.01.2017	mgr Ewa Podobas (Zakład Biofizyki, IBB PAN)	„Nickel(II) ions interactions with filaggrin, a key epidermal protein: Ni(II)-assisted peptide bond hydrolysis and nickel sensitization”
3.	17.01.2017	dr Zbigniew Warkocki (Pracownia Biologii RNA i Genomiki Funkcjonalnej, IBB PAN)	„Role of terminal uridylyltransferases (TUTs) in RNA expression and function in humans”
4.	24.01.2017	prof. dr hab. Radosław Śpiewak (Collegium Medicum Uniwersytet Jagielloński)	„Diagnosis of allergy to metals – patch tests and beyond”
5.	07.02.2017	mgr Adam Pyżik (Pracownia Biologii RNA i Genomiki Funkcjonalnej, IBB PAN)	„Comprehensive, genomic analysis of biogas producing consortia”
6.	08.02.2017	prof. dr hab. Zbigniew Gaciong (Katedra i Klinika Chorób Wewnętrznych, Nadciśnienia Tętniczego i Angiologii Samodzielny Publiczny Centralny Szpital Kliniczny)	„Czy leki naprawdę działają?”
7.	21.02.2017	dr hab. med. Leszek Kalinowski, prof. nadzw. (Zakład Medycznej Diagnostyki Laboratoryjnej, Gdański Uniwersytet Medyczny, Beckman Institute for Advanced Science and Technology, Univ. of Illinois, Urbana-Champaign, IL, USA)	„Endothelial dysfunction – an emerging paradigm of health and disease of the cardiovascular system”
8.	14.03.2017	mgr inż. Nina Wezynfeld (Zakład Biofizyki, IBB PAN)	„Studies on proteins involved in the immune response as molecular targets for metal-dependent hydrolysis”
9.	21.03.2017	prof. Isabel Baeurle (University of Potsdam, Institute of Biochemistry and Biology)	„Chromatin regulation of environmental stress memory in plants”
10.	28.03.2017	mgr Justyna Kowalczyk (Zakład Biosyntezy Białka, IBB PAN)	„New regulator of Arabidopsis DOG1 gene reveals antisense regulation by poly-a site selection”
11.	04.04.2017	mgr inż. Ilona Marszałek (Zakład Biofizyki, IBB PAN)	„Ternary complexes of fluorescent sensors for zinc ions”
12.	11.04.2017	mgr Marcin Piechocki (Pracownia Patogenezy Roślin, IBB PAN)	„Evolutional and functional analysis of homologs of bacterial effector HopQ1 from <i>Pseudomonas syringae</i> ”
13.	18.04.2017	dr Artur Sawicki (Zakład Biologii Antarktyki, IBB PAN)	„Magnesium chelatase structure and post-translational modification”

14.	25.04.2017	prof. dr hab. Paweł Golik (Instytut Genetyki i Biotechnologii Uniwersytet Warszawski)	„Genomika i ewolucja człowieka – co nowego?”
15.	27.04.2017	dr Pierre-Olivier Schmit (Proteomics market area manager, Bruker Daltonics)	„From differential proteomics to structural analysis: exploiting the full potential of high resolution solutions”
16.	09.05.2017	mgr Katarzyna Krzyczmonik (Zakład Biosyntezy Białka, IBB PAN)	„Understanding DOG1 regulation using <i>Arabidopsis thaliana</i> natural variation”
17.	16.05.2017	mgr inż. Anna Łoboda (Zakład Hydrologii i Hydrodynamiki, Instytut Geofizyki PAN)	„Sezonowa zmienność właściwości biomechanicznych moczarki kanadyjskiej”
18.	18.05.2017	dr Izabela Zawisza (KF Niccolum)	„Od badań podstawowych do sprzedaży produktu. Krótka historia powstania i komercjalizacji kremu barierowego na alergię nikielową”
19.	23.05.2017	mgr inż. Anna Biernacka (Laboratorium Bioinformatyki i Biologii Systemów Centrum Nowych Technologii Uniwersytet Warszawski)	„Development of BLESS method and its application to studying DNA double-strand breaks in selected eukaryotic organisms”
20.	30.05.2017	mgr Krzysztof Szczepaniak (Laboratorium Bioinformatyki i Inżynierii Białka, Międzynarodowy Instytut Biologii Molekularnej i Komórkowej)	„Discovering sequence-structure relationship with sequence design tools”
21.	06.06.2017	dr Daniel Buszewicz (Zakład Biochemii Lipidów, IBB PAN)	„Cis-prenyltransferase CPT7 of <i>Arabidopsis thaliana</i> is involved in plant response to heat”
22.	13.06.2017	mgr Ewa Furmańczyk (Pracownia Biologii RNA i Genomiki Funkcjonalnej, IBB PAN)	„Searching for microorganisms able to degrade anionic surfactant such as sodium dodecyl sulfate (SDS)”
23.	20.06.2017	mgr Katarzyna Obszańska (Zakład Biochemii Drobnoustrojów, IBB PAN)	„ <i>Streptococcus anginosus</i> group: the unrecognized and unpredictable pathogen”
24.	27.06.2017	mgr Michał Kamiński (Pracownia Biologii RNA i Genomiki Funkcjonalnej, IBB PAN)	„Adaptation of microorganisms to toxic chemical compounds in the environment. The gamma-hexachlorocyclohexane case”
25.	04.09.2017	mgr inż. Marta Borowiec (Centrum Nowych Technologii, Laboratorium Bioinformatyki i Biologii Systemów)	„Analysis of biological activities of recombinant Exotoxin A muteins from <i>Pseudomonas aeruginosa</i> ”
26.	05.09.2017	Sergej Djuranovic, PhD (Department of Cell Biology and Physiology, Washington University School of Medicine, St. Louis, USA)	„Mechanisms of translational control during translational elongation”
27.	12.09.2017	dr Céline Masclaux-Daubresse (Institut Jean-Pierre Bourgin INRA Versailles)	„Protein degradation during leaf senescence for nitrogen remobilization”
28.	12.09.2017	dr Honorata Czapińska (Międzynarodowy Instytut Biologii Molekularnej i Komórkowej)	„Structural studies of restriction-modification systems”

29.	19.09.2017	dr Thomas Fricke (Międzynarodowy Instytut Biologii Molekularnej i Komórkowej)	„Characterization of novel HIV host and restriction factors”
30.	26.09.2017	mgr Marcin Magnus (Międzynarodowy Instytut Biologii Molekularnej i Komórkowej)	„Development of computational tools for RNA tertiary structure prediction”
31.	03.10.2017	prof. Michel Rohmer (CNRS/Université de Strasbourg, Institut Le Bel, Strasbourg, France)	„Biosynthesis of bacterial triterpenoids of the hopane series: a mine of new enzyme reactions”
32.	10.10.2017	mgr Róża Sawicka (Zakład Biosyntezy Białka, IBB PAN)	„Development of novel variants of DNA vaccine against H5N1 and tools for monitoring vaccination efficacy”
33.	17.10.2017	prof. George W. Bassel (School of Biosciences, University of Birmingham)	„Information processing and distributed computation in plant organs”
34.	24.10.2017	dr hab. Piotr Głowacki prof. PAN (Zakład Badań Polarnych i Morskich, Instytut Geofizyki PAN)	„Rola pokryw lodowych dla ekosystemów naszej planety”
35.	07.11.2017	mgr Astha (Międzynarodowy Instytut Biologii Molekularnej i Komórkowej)	„RNA 3D structure determination using hybrid approaches”
36.	14.11.2017	mgr Agnieszka Maciola (Zakład Biosyntezy Białka, IBB PAN)	„Studies on the recombinant hemagglutinin of influenza virus produced in <i>Pichia pastoris</i> – an introduction to the subunit vaccine”
37.	28.11.2017	mgr Natalia Skoczeń (Zakład Genetyki, IBB PAN)	„Experimental relocation of the mitochondrial genes to the nucleus reveals forces underlying mitochondrial genome evolution”
38.	05.12.2017	mgr Maciej Wójcikowski (Zakład Bioinformatyki, IBB PAN)	„Can machines learn to design better inhibitors?”
39.	12.12.2017	mgr Kaja Przygońska (Zakład Biofizyki MSLab, IBB PAN)	„The Structural Analysis of Oligomeric Forms of Amyloid β (1-40) and its Mutants, using Mass Spectrometry Methods”
40.	19.12.2017	mgr Dominik Cysewski (Pracownia Biologii RNA i Genomiki Funkcjonalnej, IBB PAN)	„Proteomic analysis of locally synthesized proteins in synapses”

5353

JANKAUSKAITĖ E., BARTNIK E., KODROŃ A.

Investigating Leber's hereditary optic neuropathy: cell models and future perspectives.

Mitochondrion (2017) 32: 19-26

DOI: 10.1016/j.mito.2016.11.006

IF 3.704

5354

STACHYRA A., PIETRZAK M., MACIOŁA A., PROTASIUK A., OLSZEWSKA M., ŚMIETANKA K., MINTA Z., GÓRA-SOCHACKA A., KOPERA E., SIRKO A.

A prime/boost vaccination with HA DNA and *Pichia*-produced HA protein elicits a strong humoral response in chickens against H5N1.

Virus Research (2017) 232: 41-47

DOI: 10.1016/j.virusres.2017.01.025

IF 2.628

5355

KALISIAK K., KULIŃSKI T., TOMECKI R., CYSEWSKI D., PIETRAS Z., CHLEBOWSKI A., KOWALSKA K., DZIEMBOWSKI A.

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

Nucleic Acids Research (2017) 45(4): 2068-2080

DOI: 10.1093/nar/gkw862.

IF 10.162

5356

KISTOWSKI M., DĘBSKI J., KARCMARSKI J., PAZIEWSKA A., OŁĘDZKI J., MIKUŁA M., OSTROWSKI J., DADLEZ M.

A strong neutrophil elastase proteolytic fingerprint marks the carcinoma tumor proteome.

Molecular & Cellular Proteomics (2017) 16(2): 213-227

DOI: 10.1074/mcp.M116.058818

IF 6.540

5357

KODROŃ A., GHANIM M., KRAWCZYK K. K., STELMASZCZYK-EMMEL A., TOŃSKA K., DEMKOW U., BARTNIK E.

Mitochondrial DNA in pediatric leukemia patients.

Acta Biochimica Polonica (2017) 64(1): 183-187

DOI: 10.18388/abp.2016_1444

IF 1.159

5358

MOZOLEWSKI P., MOSKOT M., JAKÓBKIEWICZ-BANECKA J., WĘGRZYN G., BOCHEŃSKA K., BANECKI B., GABIG-CIMIŃSKA M.

Nonsteroidal anti-inflammatory drugs modulate cellular glycosaminoglycan synthesis by affecting EGFR and PI3K signaling pathways.

Scientific Reports (2017) 7: 43154 (12 p.)

DOI: 10.1038/srep43154

IF 4.259

5359

NATKAŃSKA U., SKONECZNA A., SIENKO M., SKONECZNY M.

The budding yeast orthologue of Parkinson's disease-associated DJ-1 is a multi-stress response protein protecting cells against toxic glycolytic products.

Biochimica et Biophysica Acta -Molecular Cell Research (2017) 1864(1): 39-50

DOI: 10.1016/j.bbamcr.2016.10.016

IF 4.521

5360

PREMCHANDAR A., KUPNIEWSKA A., BONNA A., FAURE G., FRĄCZYK T., ROLDAN A., HOFFMANN B., FARIA da CUNHA M., HERRMANN H., LUKACS G., EDELMAN A., DADLEZ M.
New insights into interactions between the nucleotide-binding domain of CFTR and keratin 8.

Protein Science (2017) 26(2): 343-354

DOI: 10.1002/pro.3086

IF 2.523

5361

ZARYCHTA- WIŚNIEWSKA W., BURDZIŃSKA A., KULESZA A., GALA K., KALETA B., ZIELNIOK K., SIENNICKA K., SABAT M., PĄCZEK L.

Bmp-12 activates tenogenic pathway in human adipose stem cells and affects their immunomodulatory and secretory properties.

BMC Cell Biology (2017) 18(1): 13 (14 p.)

DOI: 10.1186/s12860-017-0129-9

IF 2.405

5362

GOCH W., BAL W.

Numerical simulations reveal randomness of Cu(II) induced A β peptide dimerization under conditions present in glutamatergic synapses.

PLOS ONE (2017) 12(1): e0170749 (24 p.)

DOI: 10.1371/journal.pone.0170749

IF 2.806

5363

SZCZEPANKOWSKA A. K., SZATRAJ K., SAŁAŃSKI P., RÓZGA A., GÓRECKI R. K., BARDOWSKI J. K.
Recombinant *Lactococcus lactis* expressing haemagglutinin from a polish avian H5N1 isolate and its immunological effect in preliminary animal trials.

Biomed Research International (2017) 6747482 (8 p.)

DOI: 10.1155/2017/6747482

IF 2.476

5364

ŁUKASIK A., ZIELENKIEWICZ P.

Plant microRNAs—novel players in natural medicine?

International Journal of Molecular Sciences (2017) 18(1): 9 (16 p.)

DOI: 10.3390/ijms18010009

IF 3.226

5365

DMOWSKI M., RUDZKA J., CAMPBELL J. L., JONCZYK P., FIJAŁKOWSKA I. J.

Mutations in the non-catalytic subunit Dpb2 of DNA polymerase epsilon affect the Nrm1 branch of the DNA replication checkpoint.

PLOS Genetics (2017) 13(1): e1006572 (24 p.)

DOI: 10.1371/journal.pgen.1006572

IF 6.100

5366

PAZIEWSKA A., HABIOR A., ROGOWSKA A., ZYCH W., GORYCA K., KARZMARSKI J., DĄBROWSKA M., AMBROŹKIEWICZ F., WALEWSKA-ZIELECKA B., KRAWCZYK M., CICHOLACH H., MILKIEWICZ P., KOWALIK A., MUCHA K., ET AL.

A novel approach to genome-wide association analysis identifies genetic associations with primary biliary cholangitis and primary sclerosing cholangitis in Polish patients.

BMC Medical Genomics (2017) 10:2 (9 p.)

DOI: 10.1186/s12920-016-0239-9

IF 2.848

5367

KOWALEC P., FRONK J., KURLANDZKA A.

The Irr1/Scc3 protein implicated in chromosome segregation in *Saccharomyces cerevisiae* has a dual nuclear-cytoplasmic localization.

Cell Division (2017) 12: 1 (13 p.)

DOI: 10.1186/s13008-016-0027-0

IF 3.909

5368

GODZISZEWSKA J., GUZEK D., GŁĄBSKA D., JÓŹWIK A., BRODOWSKA M., GŁĄBSKI K., ZARODKIEWICZ M., GANTNER M., WIERZBICKA A.

Nutrient oxidation in pork loin is influenced by feed supplementation and packing methods.

Journal of Food Composition and Analysis (2017) 56: 18-24

DOI: 10.1016/j.jfca.2016.11.009

IF 2.752

5369

MILEWSKA-HENDEL A., BACZEWSKA A. H., SALA K., DMUCHOWSKI W., BRĄGOSZEWSKA P., GOZDOWSKI D., JÓŹWIAK A., CHOJNACKI T., ŚWIEŻEWSKA E., KURCZYNSKA E.

Quantitative and qualitative characteristics of cell wall components and prenol lipids in the leaves of *Tilia x euchlora* trees growing under salt stress.

PLOS ONE (2017) 12(2): e0172682 (25 p.)

DOI: 10.1371/journal.pone.0172682

IF 2.806

5370

NIEWIADOMSKA M., JANIK A., PERLIŃSKA-LENART U., PIŁSYK S., PALAMARCZYK G., KRUSZEWSKA J. S.

The role of Alg13 *N*-acetylglucosaminyl transferase in the expression of pathogenic features of *Candida albicans*.

Biochimica et Biophysica Acta - General Subjects (2017) 1861(4): 789-801

DOI: 10.1016/j.bbagen.2017.01.019

IF 4.702

5371

SIKORA A., DETMAN A., CHOJNACKA A., BŁASZCZYK M.

Anaerobic digestion: I. A common process ensuring energy flow and the circulation of matter in ecosystems.

II. A tool for the production of gaseous biofuels.

Chapter 14 in: **Fermentation Processes**. Ed. Faustino Jozala A., InTech; ISBN 978-953-51-2927-1 [310p.] 2017, p.271-301

DOI: 10.5772/64645

IF-

5372

WALCZAK S., NOWICKA A. KUBACKA D., FAC K., WANAT P., MROCZEK S., KOWALSKA J., JEMIELITY J.

A novel route for preparing 5' cap mimics and capped RNAs: phosphate-modified cap analogues obtained via click chemistry.

Chemical Science (2017) 8(1): 260-267

DOI: 10.1039/c6sc02437h

IF 8.668

5373

KULMA M., KACPRZYK-STOKOWIEC A., KWIATKOWSKA K., TRACZYK G., SOBOTA A., DADLEZ M.

R468A mutation in perfringolysin O destabilizes toxin structure and induces membrane fusion.

Biochimica et Biophysica Acta - Biomembranes (2017) 1859(6): 1075–1088

DOI: 10.1016/j.bbamem.2017.03.001

IF 3.498

5374

DUDEK M., TRYLSKA J.

Molecular dynamics simulations of L -RNA involving homo- and heterochiral complexes.

Journal of Chemical Theory and Computation (2017) 13(3): 1244-1253

DOI: 10.1021/acs.jctc.6b01075

IF 5.245

5375

WINIEWSKA M., BUGAJSKA E., POZNAŃSKI J.

ITC-derived binding affinity may be biased due to titrant (nano)-aggregation. Binding of halogenated benzotriazoles to the catalytic domain of human protein kinase CK2.

PLOS ONE (2017) 12(3): e0173260 (15 p.)

DOI: 10.1371/journal.pone.0173260

IF 2.806

5376

KWIATEK M., PARASION S., RUTYNA P., MIZAK L., GRYKO R., NIEMCEWICZ M., OLENDER A., ŁOBOCKA M.

Isolation of bacteriophages and their application to control *Pseudomonas aeruginosa* in planktonic and biofilm models.

Research in Microbiology (2017) 168(3): 194-207

DOI: 10.1016/j.resmic.2016.10.009

IF 2.549

5377

GALERA H., WÓDKIEWICZ M., CZYŻ E., ŁAPIŃSKI S., KOWALSKA M. E., PASIK M., RAJNER M., BYLINA P., CHWEDORZEWSKA K. J.

First step to eradication of *Poa annua* L. from Point Thomas Oasis (King George Island, South Shetlands, Antarctica).

Polar Biology (2017) 40(4): 939-945

DOI: 10.1007/s00300-016-2006-y

IF 1.949

5378

CZARNECKA A., MILEWSKI K., JAŻWIEC R., ZIELIŃSKA M.

Intracerebral administration of *S*-adenosylhomocysteine or *S*-adenosylmethionine attenuates the increases in the cortical extracellular levels of dimethylarginines without affecting cGMP level in rats with acute liver failure.

Neurotoxicity Research (2017) 31(1): 99-108

DOI: 10.1007/s12640-016-9668-7

IF 2.942

5379

WOLIŃSKA A., KUŹNIAR A., ZIELENKIEWICZ U., BANACH A., IZAK D., STĘPNIEWSKA Z., BŁASZCZYK M.

Metagenomic analysis of some potential nitrogen-fixing bacteria in arable soils at different formation processes.

Microbial Ecology (2017) 73(1): 162-176

DOI: 10.1007/s00248-016-0837-2

IF 3.630

5380

BOCHTLER M., KOLANO A., XU G.

DNA demethylation pathways: additional players and regulators.

Bioessays (2017) 39(1): 1600178 (13 p.)

DOI: 10.1002/bies.201600178

IF 4.441

5381

ZDANOWSKI M. K., BOGDANOWICZ A., GAWOR J., GROMADKA R., WOLICKA D., GRZESIAK J.

Enrichment of cryoconite hole anaerobes: implications for the subglacial microbiome.

Microbial Ecology (2017) 73(3): 532-538

DOI: 10.1007/s00248-016-0886-6

IF 3.630

5382

LEŚNIEWSKA E., BOGUTA M.

Novel layers of RNA polymerase III control affecting tRNA gene transcription in eukaryotes.

Open Biology (2017) 7(2): 170001 (11 p.)

DOI: 10.1098/rsob.170001

IF 3.481

5383

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

Total testosterone to dihydrotestosterone ratio assessed by LC-MS/MS predicts a worse metabolic profile not only in PCOS patients.

Ginekologia Polska (2017) 88(1): 5-8

DOI: 10.5603/GP.a2017.0001

IF 0.576

5384

RZEPNIKOWSKA W., FLIS K., KAMIŃSKA J., GRYNBERG M., URBANEK A., AYSCOUGH K., ŻOŁĄDEK T.

Amino acid substitution equivalent to human chorea-acanthocytosis I2771R in yeast Vps13 protein affects its binding to phosphatidylinositol 3-phosphate.

Human Molecular Genetics (2017) 26(8): 1497-1510

DOI: 10.1093/hmg/ddx054

IF 5.340

5385

SAWICKA R., SIEDLECKI P., KALENIK B., RADOMSKI J.P., SĄCZYŃSKA V., PORĘBSKA A., SZEWCZYK B., SIRKO A., GÓRA-SOCHACKA A.

Characterization of mAb6-9-1 monoclonal antibody against hemagglutinin of avian influenza virus H5N1 and its engineered derivative, single-chain variable fragment antibody.

Acta Biochimica Polonica (2017) 64(1): 85-92

DOI: 10.18388/abp.2016_1292

IF 1.159

5386

TEIXEIRA M. M. MORENO L. F., STIELOW B. J., MUSZEWSKA A., HAINAUT M., GONZAGA L., ABOUELLEIL A., PATANÉ J. S. L., PRIEST M., SOUZA R., YOUNG S., FERREIRA K. S., ZENG Q., DA CUNHA M. M. L., GŁADKI A., ET AL.

Exploring the genomic diversity of black yeasts and relatives (*Chaetothyriales*, *Ascomycota*).

Studies in Mycology (2017) 86: 1-28

DOI: 10.1016/j.simyco.2017.01.001

IF 14.000

5387

SZEWCZYK M., FEDORYSZAK-KUŚKA N., TKACZUK K., DOBRUCKI J., WALIGÓRSKA A., STĘPIEŃ P. P.

Human SUV3 helicase regulates growth rate of the HeLa cells and can localize in the nucleoli.

Acta Biochimica Polonica (2017) 64(1): 177-181

DOI: 10.18388/abp.2016_1419

IF 1.159

5388

SZIŁO J., BIALIK R. J.

Bedload transport in two creeks at the ice-free area of the Baranowski Glacier, King George Island, West Antarctica.

Polish Polar Research (2017) 38(1): 21-39

DOI: 10.1515/popore-2017-0003

IF 0.636

5389

OLIVEIRA H., PINTO G., OLIVEIRA A., NOBEN J. P., HENDRIX H., LAVIGNE R., ŁOBOCKA M., KROPINSKI A. M., AZEREDO J.

Characterization and genomic analyses of two newly isolated *Morganella* phages define distant members among *Tevenvirinae* and *Autographivirinae* subfamilies.

Scientific Reports (2017) 7: 46157 (14 p.)

DOI: 10.1038/srep46157

IF 4.259

5390

BURDZIŃSKA A., DYBOWSKI B., ZARYCHTA-WIŚNIEWSKA W., KULESZA A., ZAGOŹDŻON R., GAJEWSKI Z., PAĆZEK L.

The anatomy of caprine female urethra and characteristics of muscle and bone marrow derived caprine cells for autologous cell therapy testing.

Anatomical Record - Advances in Integrative Anatomy and Evolutionary Biology (2017) 300(3): 577-588

DOI: 10.1002/ar.23498

IF 1.431

5391

MIĘDZYBRODZKI R., KŁAK M., JOŃCZYK-MATYSIAK E., BUBAK B., WÓJCIK A., KASZOWSKA M., WEBER-DĄBROWSKA B., ŁOBOCKA M., GÓRSKI A.

Means to facilitate the overcoming of gastric juice barrier by a therapeutic Staphylococcal bacteriophage A5/80.

Frontiers in Microbiology (2017) 8: 467 (11 p.)

DOI: 10.3389/fmicb.2017.00467

IF 4.076

5392

FIGIEL M., KREPL M., POZNAŃSKI J., GOŁĄB A., ŠPONER J., NOWOTNY M.

Coordination between the polymerase and RNase H activity of HIV-1 reverse transcriptase.

Nucleic Acids Research (2017) 45(6): 3341-3352

DOI: 10.1093/nar/gkx004

IF 10.162

5393

ARCHACKI R., YATUSEVICH R., BUSZEWICZ D., KRZYCZMONIK K., PATRYN J., IWANICKA-NOWICKA R., BIECEK P., WILCZYŃSKI B., KOBŁOWSKA M., JERZMANOWSKI A., ŚWIEŻEWSKI S. Arabidopsis SWI/SNF chromatin remodeling complex binds both promoters and terminators to regulate gene expression.

Nucleic Acids Research (2017) 45(6): 3116-3129

DOI: 10.1093/nar/gkw1273

IF 10.162

5394

BACIOR M., NOWAK P., HARAŃCZYK H., PATRYAS S., KIJAK P., LIGĘZOWSKA A., OLECH M.A. Extreme dehydration observed in Antarctic *Turgidosculum complicatulum* and in *Prasiola crispa*.

Extremophiles (2017) 21(2): 331-343

DOI: 10.1007/s00792-016-0905-z

IF 2.236

5395

MIKUŁA E., WYSŁOUCH-CIESZYŃSKA A., ZHUKOVA L., VERWILST P., DEHAEN W., RADECKI J., RADECKA H.

Electrochemical biosensor for the detection of glycated albumin.

Current Alzheimer Research (2017) 14(3): 345-351

DOI: 10.2174/1567205013666161108110542

IF 2.952

5396

FORETEK D., NUC P., ŻYWICKI M., KARŁOWSKI W. M., KUDŁA G., BOGUTA M.

Maf1-mediated regulation of yeast RNA polymerase III is correlated with CCA addition at the 3' end of tRNA precursors.

Gene (2017) 612: 12-18

DOI: 10.1016/j.gene.2016.08.033

IF 2.415

5397

KOZŁOWSKA M., TARCZEWSKA A., JAKÓB M., BYSTRANOWSKA D., TAUBE M., KOZAK M., CZARNOCKI-CIECIURA M., DZIEMBOWSKI A., ORŁOWSKI M., TKOCZ K., OŻYHAR A.

Nucleoplasmin-like domain of FKBP39 from *Drosophila melanogaster* forms a tetramer with partly disordered tentacle-like C-terminal segments.

Scientific Reports (2017) 7: 40405 (14 p.)

DOI: 10.1038/srep40405

IF 4.259

5398

WIŁOCH M. Z., UFNALSKA I., BONNA A., BAL W., WRÓBLEWSKI W., WAWRZYNIAK U. E. Copper(II) complexes with ATCUN peptide analogues: studies on redox activity in different solutions.

Journal of the Electrochemical Society (2017) 164(7): G77-G81

DOI: 10.1149/2.1191706jes

IF 3.259

5399

XU CH., BENTINGER M., SAVU O., MOSHFEGH A., SUNKARI V., DALLNER G., ŚWIEŻEWSKA E., CATRINA S. B., BRISMAR K., TEKLE M.

Mono-epoxy-tocotrienol- α enhances wound healing in diabetic mice and stimulates *in vitro* angiogenesis and cell migration.

Journal of Diabetes and its Complications (2017) 31(1): 4-12

DOI: 10.1016/j.jdiacomp.2016.10.010

IF 2.734

5400

KELLMANN-SOPYŁA W., KOC J., GÓRECKI R. J., DOMACIUK M., GIEŁWANOWSKA I.
Development of generative structures of polar Caryophyllaceae plants: the Arctic *Cerastium alpinum* and *Silene involucrata*, and the Antarctic *Colobanthus quitensis*.

Polish Polar Research (2017) 38(1): 83-104

DOI: 10.1515/popore-2017-0001

IF 0.636

5401

KONOPKA-POSTUPOLSKA D., CLARK G.

Annexins as overlooked regulators of membrane trafficking in plant cells.

International Journal of Molecular Sciences (2017) 18(4): 863 (34 p.)

DOI: 10.3390/ijms18040863

IF 3.226

5402

KRÓL K., JENDRYSEK J., DĘBSKI J., SKONECZNY M., KURLANDZKA A., KAMIŃSKA J.,
DADLEZ M., SKONECZNA A.

Ribosomal DNA status inferred from DNA cloud assays and mass spectrometry identification of agarose-squeezed proteins interacting with chromatin (ASPIC-MS).

Oncotarget (2017) 8(15): 24988-25004

DOI: 10.18632/oncotarget.15332

IF 5.168

5403

GRUCHOTA J., DENBY-WILKES C., ARNAIZ O., SPERLING L., NOWAK J. K.

A meiosis-specific Spt5 homolog involved in non-coding transcription.

Nucleic Acids Research (2017) 45(8): 4723-4732

DOI: 10.1093/nar/gkw1318

IF 10.162

5404

CISZEK M., MUCHA K., FORONCEWICZ B., ŻOCHOWSKA D., KOSIERADZKI M.,
GROCHOWIECKI T., DURLIK M., GÓRSKI A., PĄCZEK L.

Immune biomarkers and long-term graft survival: a prospective follow-up of 457 kidney transplant recipients.

Polskie Archiwum Medycyny Wewnętrznej (2017) 127(3): 178-183

DOI: 10.20452/pamw.3937

IF 2.191

5405

DYLEWSKA M., KUŚMIEREK J. T., PILŻYS T., POZNAŃSKI J., MACIEJEWSKA A. M.

1,N⁶- α -hydroxypropanoadenine, the acrolein adduct to adenine, is a substrate for AlkB dioxygenase.

Biochemical Journal (2017) 474(11): 1837-1852

DOI: 10.1042/BCJ20161008

IF 3.797

5406

WÓJCIKOWSKI M., BALLESTER P. J., SIEDLECKI P.

Performance of machine-learning scoring functions in structure-based virtual screening.

Scientific Reports (2017) 7: 46710 (10 p.)

DOI: 10.1038/srep46710

IF 4.259

5407

MACIOŁA A. K., PIETRZAK A. M., KOSSON P., CZARNOCKI-CIECIURA M., ŚMIETANKA K., MINTA Z., KOPERA E.

The length of *N*-glycans of recombinant H5N1 hemagglutinin influences the oligomerization and immunogenicity of vaccine antigen.

Frontiers in Immunology (2017) 8: 444 (10 p.)

DOI: 10.3389/fimmu.2017.00444

IF 6.429

5408

DĄBSKI M., ZMARZ A., PABJANEK P., KORCZAK-ABSHIRE M., KARSZNIA I., CHWEDORZEWSKA K. J.

UAV-based detection and spatial analyses of periglacial landforms on Demay Point (King George Island, South Shetland Islands, Antarctica).

Geomorphology (2017) 290: 29-38

DOI: 10.1016/j.geomorph.2017.03.033

IF 2.958

5409

DĄBROWSKI F., BURDZIŃSKA A., KULESZA A., KALETA B., PĄCZEK L., WIELGOŚ M.

Premature fetal tissues are possible source of valuable mesenchymal stem cells.

Ginekologia Polska (2017) 88(4): 191-197

DOI: 10.5603/GP.a2017.0037

IF 0.576

5410

MIERZEJEWSKA J., TYMOSZEWSKA A., CHREPTOWICZ K., KRÓL K.

Mating of 2 laboratory *Saccharomyces cerevisiae* strains resulted in enhanced production of 2-phenylethanol by biotransformation of L-phenylalanine.

Journal of Molecular Microbiology and Biotechnology (2017) 27(2): 81-90

DOI: 10.1159/000455169

IF 1.250

5411

OVCHINNIKOV K. V., KRISTIANSEN P. E., STRAUME D., JENSEN M. S., ALEKSANDRZAK-PIEKARCZYK T., NES I. F., DIEP D. B.

The leaderless bacteriocin enterocin K1 is highly potent against *Enterococcus faecium*: a study on structure, target spectrum and receptor.

Frontiers in Microbiology (2017) 8: 774 (12 p.)

DOI: 10.3389/fmicb.2017.00774

IF 4.076

5412

KOTLIŃSKI M., KNIŻEWSKI Ł., MUSZEWSKA A., RUTOWICZ K., LIRSKI M., SCHMIDT A., BAROUX C., GINALSKI K., JERZMANOWSKI A.

Phylogeny-based systematization of *Arabidopsis* proteins with histone H1 globular domain.

Plant Physiology (2017) 174(1): 27-34

DOI: 10.1104/pp.16.00214

IF 6.456

5413

DETMAN A., BŁASZCZYK M. BŁASZCZYK M., KAŻMIERCZAK W., PIOTROWSKI J., SIKORA A.

Biohydrogen and biomethane (biogas) production in the consecutive stages of anaerobic digestion of molasses.

Polish Journal of Environmental Studies (2017) 26(3): 1023-1029

DOI: 10.15244/pjoes/68149

IF 0.793

5414

WOLIŃSKA A., GÓRNIAK D., ZIELENKIEWICZ U., GORYLUK-SALMONOWICZ A., KUŹNIAR A., STĘPNIEWSKA Z., BŁASZCZYK M.

Microbial biodiversity in arable soils is affected by agricultural practices.

International Agrophysics (2017) 31(2): 259-271

DOI: 10.1515/Intg-2016-0040

IF 0.967

5415

TUDEK B., ZDŻALIK-BIELECKA D., TUDEK A., KOSICKI K., FABISIEWICZ A., SPEINA E.

Lipid peroxidation in face of DNA damage, DNA repair and other cellular processes.

Free Radical Biology & Medicine (2017) 107: 77-89

DOI: 10.1016/j.freeradbiomed.2016.11.043

IF 5.606

5416

JÓŹWIAK A., LIPKO A., KANIA M., DANIKIEWICZ W., SURMACZ L., WITEK A., WÓJCIK J., ZDANOWSKI K., PĄCZKOWSKI C., CHOJNACKI T., POZNAŃSKI J., ŚWIEŻEWSKA E.

Modeling of dolichol mass spectra isotopic envelopes as a tool to monitor isoprenoid biosynthesis.

Plant Physiology (2017) 174(2): 857-874

DOI: 10.1104/pp.17.00036

IF 6.456

5417

UHRYNOWSKI W., DECEWICZ P., DZIEWIT Ł., RADLIŃSKA M., KRAWCZYK P.S., LIPIŃSKI L., ADAMSKA D., DREWNIAK Ł.

Analysis of the genome and mobilome of a dissimilatory arsenate reducing *Aeromonas* sp. O23A reveals multiple mechanisms for heavy metal resistance and metabolism.

Frontiers in Microbiology (2017) 8: 936 (12 p.)

DOI: 10.3389/fmicb.2017.00936

IF 4.076

5418

KIERDASZUK B., DZIEWULSKA D., PRONICKA E., TRUBICKA J., ROKICKI D., PIEKUTOWSKA-ABRAMCZUK D., KALISZEWSKA M., TOŃSKA K., BARTNIK E., PŁOSKI R., KAMIŃSKA A.

Identification of the first in Poland *CACNA1A* gene mutation in familial hemiplegic migraine. Case report.

Neurologia i Neurochirurgia Polska (2017) 51(2): 184–189

DOI: 10.1016/j.pjnns.2017.01.005

IF 0.857

5419

RAWA K., SZCZĘSNY R. J., OWCZAREK E. P., ADAMOWICZ-SALACH A., KLUKOWSKA A., DEMKOW U., PŁOCHOCKA D., SZCZĘSNY P., GÓRA M., DZIEMBOWSKI A., BURZYŃSKA B.

Two novel C-terminal frameshift mutations in the β -globin gene lead to rapid mRNA decay.

BMC Medical Genetics (2017) 18(1): 65 (6 p.)

DOI: 10.1186/s12881-017-0428-1

IF 2.198

5420

SKRAJNA A., YANG X-C., BUCHOLC K., ZHANG J., HALL T. M.T., DADLEZ M., MARZLUFF W. F., DOMIŃSKI Z.

U7 snRNP is recruited to histone pre-mRNA in a FLASH-dependent manner by two separate regions of the stem-loop binding protein.

RNA (2017) 23(6): 938-951

DOI: 10.1261/rna.060806.117

IF 4.605

5421

DOAN K., ZACHOS F. E., WILKENS B., VIGNE J.-D., PIOTROWSKA N., STANKOVIC A., JĘDRZEJEWSKA B., STEFANIAK K., NIEDZIAŁKOWSKA M.

Phylogeography of the Tyrrhenian red deer (*Cervus elaphus corsicanus*) resolved using ancient DNA of radiocarbon-dated subfossils.

Scientific Reports (2017) 7: 2331 (9 p.)

DOI: 10.1038/s41598-017-02359-y

IF 4.259

5422

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

Small and smaller-sRNAs and microRNAs in the regulation of toxin gene expression in prokaryotic cells: a mini-review.

Toxins (2017) 9(6): 181 (13 p.)

DOI: 10.3390/toxins9060181

IF 3.030

5423

RYMASZEWSKI W., VILE D., BEDIEE A., DAUZAT M., LUCHAIRE N., KAMROWSKA D., GRANIER C., HENNIG J.

Stress-related gene expression reflects morphophysiological responses to water deficit.

Plant Physiology (2017) 174(3): 1913-1930

DOI: 10.1104/pp.17.00318

IF 6.456

5424

GRACZYK-JARZYŃKA A., ZAGOŹDŻON R., MUCHOWICZ A., SIERNICKA M., JUSZCZYŃSKI P., FIRCUK M.

New insights into redox homeostasis as a therapeutic target in B-cell malignancies.

Current Opinion in Hematology (2017) 24(4): 393-401

DOI: 10.1097/MOH.0000000000000351

IF 3.200

5425

WYCZAŁKOWSKA-TOMASIŁ A., CZARKOWSKA-PĄCZEK B., GIEBUŁTOWICZ J., WROCZYŃSKI P., PĄCZEK L.

Age-dependent increase in serum levels of indoxyl sulphate and p-cresol sulphate is not related to their precursors: Tryptophan and tyrosine.

Geriatrics & Gerontology International (2017) 17(6): 1022-1026

DOI: 10.1111/ggi.12811

IF 2.351

5426

SIERAKOWSKI K., KORCZAK-ABSHIRE M., JADWISZCZAK P.

Changes in bird communities of Admiralty Bay, King George Island (West Antarctic): insights from monitoring data (1977–1996).

Polish Polar Research (2017) 38(2): 231-262

DOI: 10.1515/popore-2017-0010

IF 0.636

5427

SZAKIEL A., GRABARCZYK M., PĄCZKOWSKI C., MIECZKOWSKI A.

Comparison of the profiles of non-glycosylated triterpenoids from leaves of plants of selected species of genus *Dioscorea*.

Phytochemistry Letters (2017) 20: 350-355

DOI: 10.1016/j.phytol.2016.11.013

IF 1.418

5428

FERENC K., PILŹYS T., SKRZYPEK T., GARBICZ D., MARCINKOWSKI M., DYLEWSKA M., GŁADYSZ P., SKOROBOGATOV O. Y., GAJEWSKI Z., GRZESIUK E., ZABIELSKI R.

Structure and function of enterocyte in intrauterine growth retarded pig neonates.

Disease Markers (2017): 5238134 (9 p.)

DOI: 10.1155/2017/5238134

IF 2.348

5429

KANIAK-GOLIK A., KUBERSKA R., DZIERZBICKI P., ŚLEDZIEWSKA-GÓJSKA E.

Activation of Dun1 in response to nuclear DNA instability accounts for the increase in mitochondrial point mutations in Rad27/FEN1 deficient *S. cerevisiae*.

PLOS ONE (2017) 12(7): e0180153 (30 p.)

DOI: 10.1371/journal.pone.0180153

IF 2.806

5430

KOWALIK P., ELBAUM D., MIKULSKI J., FRONC K., KAMIŃSKA I., MORAIS P. C., SOUZA P. E. DE., NUNES R. B., VEIGA-SOUZA F. H., GRUZEL G., MINIKAYEV R., WOJCIECHOWSKI T., MOSINIEWICZ-SZABLEWSKA E., SZEWCZYK M., PAWLYTA M., SIENKIEWICZ A., ŁAPIŃSKI M., ZAJDEL K., STĘPIEŃ P. P., SZCZEPKOWSKI J., JASTRZĘBSKI W., FRONTCZAK-BANIEWICZ M., PASZKOWICZ W., SIKORA B.

Upconversion fluorescence imaging of HeLa cells using ROS generating SiO₂-coated lanthanide-doped NaYF₄ nanoconstructs.

RSC Advances (2017) 7(48): 30262-30273

DOI: 10.1039/c6ra25383k

IF 3.108

5431

KISIEL B., KISIEL K., SZYMAŃSKI K., MACKIEWICZ W., BIAŁO-WÓJCICKA E., UCZNIAK S., FOGTMAN A., IWANICKA-NOWICKA R., KOBLOWSKA M., KOSSOWSKA H., PLACHA G., SYKULSKI M., BACHTA A., TŁUSTOCHOWICZ W., PŁOSKI R., KASZUBA A.

The association between 38 previously reported polymorphisms and psoriasis in a Polish population: high predicative accuracy of a genetic risk score combining 16 loci.

PLOS ONE (2017) 12(6): e0179348 (15 p.)

DOI: 10.1371/journal.pone.0179348

IF 2.806

5432

WOLIŃSKA A., FRĄC M., OSZUST K., SZAFRANEK-NAKONIECZNA A., ZIELENKIEWICZ U., STĘPNIEWSKA Z.

Microbial biodiversity of meadows under different modes of land use: catabolic and genetic fingerprinting.

World Journal of Microbiology and Biotechnology (2017) 33(8): 154 (15 p.)

DOI: 10.1007/s11274-017-2318-2

IF 1.658

5433

PERYCZ M., KRWAWICZ J., BOCHTLER M.

A TALE-inspired computational screen for proteins that contain approximate tandem repeats.

PLOS ONE (2017) 12(6): e0179173 (21 p.)

DOI: 10.1371/journal.pone.0179173

IF 2.806

5434

STĘPNIEWSKA-DZIUBIŃSKA M. M., ZIELENKIEWICZ P., SIEDLECKI P.
DeCAF—discrimination, comparison, alignment tool for 2D pharmacophores.
Molecules (2017) 22(7): 1128 (12 p.)
DOI: 10.3390/molecules22071128
IF 2.861

5435

PRABUCKA B., MIELECKI M., CHOJNACKA M., BIELAWSKI W., CZARNOCKI-CIECIURA M.,
ORZECOWSKI S.
Structural and functional characterization of the triticale (x *Triticosecale* Wittm.) phytocystatin TrcC-8 and
its dimerization-dependent inhibitory activity.
Phytochemistry (2017) 142: 1-10
DOI: 10.1016/j.phytochem.2017.06.008
IF 3.205

5436

ADAMEK D., RZEPKOWSKA M., PANAGIOTOPOULOU H., OSTASZEWSKA T., FAJKOWSKA M.,
KAMASZEWSKI M., KOLMAN R.
Morphological differences of white muscle fibers and genetic diversity of fast and slow growing Atlantic
sturgeons (*Acipenser oxyrinchus*).
Turkish Journal of Fisheries and Aquatic Sciences (2017) 17(5): 959-966
DOI: 10.4194/1303-2712-v17_5_11
IF 0.484

5437

PEŹLICKI M., SZIŁO J., MACDONELL S., VIVERO S., BIALIK R. J.
Recent deceleration of the ice elevation change of ecology glacier (King George Island, Antarctica).
Remote Sensing (2017) 9(6 special issue: Remote Sensing of Glaciers): 520 (18 p.)
DOI: 10.3390/rs9060520
IF 3.244

5438

OTERO J., NAVARRO F. J., LAPAZARAN J. J., WELTY E., PUCZKO D., FINKELNBURG R.
Modeling the controls on the front position of a tidewater glacier in Svalbard.
Frontiers in Earth Science (2017) 5: 29 (11 p.)
DOI: 10.3389/feart.2017.00029
IF –

5439

GÓŹDŹ A., NIKOLAIENKO A., URBAŃSKA M., CYMERMAN I. A., SITKIEWICZ E., BŁAŹEJCZYK M.,
DADLEZ M., BRAMHAM C. R., JAWORSKI J.
GSK3 alpha and GSK3 beta phosphorylate arc and regulate its degradation.
Frontiers in Molecular Neuroscience (2017) 10: 192 (18 p.)
DOI: 10.3389/fnmol.2017.00192
IF 5.076

5440

JĘDRAK P., KRYGIER M., TOŃSKA K., DROZD M., KALISZEWSKA M., BARTNIK E., SOŁTAN W.,
SITEK E. J., STANISŁAWSKA-SACHADYN A., LIMON J., SŁAWEK J., WĘGRZYN G., BARAŃSKA S.
Mitochondrial DNA levels in Huntington disease leukocytes and dermal fibroblasts.
Metabolic Brain Disease (2017) 32(4): 1237-1247
DOI: 10.1007/s11011-017-0026-0
IF 2.297

5441

BIELECKA Z. F., MALISZEWSKA-OLEJNICZAK K., SAFIR I. J., SZCZYLIK C., CZARNECKA A. M.
Three-dimensional cell culture model utilization in cancer stem cell research.

Biological Reviews (2017) 92(3): 1505-1520

DOI: 10.1111/brv.12293

IF 11.615

5442

RADZIWIŁŁ-BIEŃKOWSKA J. M., ROBERT V., DRABOT K., CHAIN F., CHERBUY C., LANGELLA P.,
THOMAS M., BARDOWSKI J.K., MERCIER-BONIN M., KOWALCZYK M.

Contribution of plasmid-encoded peptidase S8 (PrtP) to adhesion and transit in the gut of *Lactococcus lactis* IBB477 strain.

Applied Microbiology and Biotechnology (2017) 101(14): 5709-5721

DOI: 10.1007/s00253-017-8334-1

IF 3.420

5443

WAWRA S., TRUSCH F., MATENA A., APOSTOLAKIS K., LINNE U., ZHUKOV I., STANEK J.,
KOŹMIŃSKI W., DAVIDSON I., SECOMBES C. J., BAYER P., WEST VAN P.

The RxLR motif of the host targeting effector AVR3a of *Phytophthora infestans* is cleaved before secretion.

Plant Cell (2017) 29(6): 1184-1195

DOI: 10.1105/tpc.16.00552

IF 8.688

5444

ZNÓJ A., ZIENTARA-RYTTER K., SĘKTAS P., MONIUSZKO G., SIRKO A., WAWRZYŃSKA A.

A glycine-rich protein encoded by sulfur-deficiency induced gene is involved in the regulation of callose level and root elongation.

Chapter in: **Sulfur Metabolism in Higher Plants - Fundamental, Environmental and Agricultural Aspects**, Proceedings of the International Plant Sulfur Workshop. Ed. de Kok L.J. , Hawkesford, M.J., Haneklaus, S.H., Schnug, E., Springer; ISBN 978-3-319-56525-5 [243 p.] p.207-213

DOI: 10.1007/978-3-319-56526-2_21

IF –

5445

TOMECKI R., SIKORSKI P. J., ZAKRZEWSKA-PŁACZEK M.

Comparison of preribosomal RNA processing pathways in yeast, plant and human cells - focus on coordinated action of endo- and exoribonucleases.

FEBS Letters (2017) 591(13): 1801-1850

DOI: 10.1002/1873-3468.12682

IF 3.623

5446

GOLEC P., ŻELECHOWSKA K., KARCZEWSKA-GOLEC J., KARCZEWSKI J., LEŚNIEWSKI A., ŁOŚ M.,
WĘGRZYN G., KŁONKOWSKI A. M.

Bacteriophages as factories for Eu2O3 nanoparticle synthesis.

Bioconjugate Chemistry (2017) 28(7): 1834-1841

DOI: 10.1021/acs.bioconjchem.7b00119

IF 4.818

5447

SZATRAJ K., SZCZEPANKOWSKA A. K., CHMIELEWSKA-JEZNACH M.

Lactic acid bacteria — promising vaccine vectors: possibilities, limitations, doubts.

Journal of Applied Microbiology (2017) 123(2): 325-339

DOI: 10.1111/jam.13446

IF 2.099

5448

POZNAŃSKI J., SZCZĘSNY P., PAWLIŃSKI B., MAZUREK T., ZIELENKIEWICZ P., GAJEWSKI Z., PĄCZEK L.

Arteriovenous oscillations of the redox potential: is the redox state influencing blood flow?

Redox Report (2017) 22(5): 210-217

DOI: 10.1080/13510002.2016.1177933

IF 2.070

5449

KAWAŁEK A., GŁĄBSKI K., BARTOSIK A. A., FOGTMAN A., JAGURA-BURDZY G.

Increased ParB level affects expression of stress response, adaptation and virulence operons and potentiates repression of promoters adjacent to the high affinity binding sites *parS3* and *parS4* in *Pseudomonas aeruginosa*.

PLOS ONE (2017) 12(7): e0181726 (28 p.)

DOI: 10.1371/journal.pone.0181726

IF 2.806

5450

PRUSZKO M., MILANO E., FORCATO M., DONZELLI S., GANCI F., DI AGOSTINO S., PANFILIS DE S., FAZI F., BATES O. D., BICCIATO S., ŻYLICZ M., ŻYLICZ A., BLANDINO G., FONTEMAGGI G.

The mutant p53-ID4 complex controls VEGFA isoforms by recruiting lncRNA MALAT1.

EMBO Reports (2017) 18(8): 1331-1351

DOI: 10.15252/embr.201643370

IF 8.568

5451

AUGUSTYNIAK J., LENART J., ZYCHOWICZ M., STĘPIEŃ P. P., BUŻAŃSKA L.

Mitochondrial biogenesis and neural differentiation of human iPSC is modulated by idebenone in a developmental stage-dependent manner.

Biogerontology (2017) 18(4): 665-677

DOI: 10.1007/s10522-017-9718-4

IF 3.231

5452

ZNÓJ A., CHWEDORZEWSKA K. J., ANDROSIUK P., CUBA-DIAZ M., GIELWANOWSKA I., KOC J., KORCZAK-ABSHIRE M., GRZESIAK J., ZMARZ A.

Rapid environmental changes in the western Antarctic peninsula region due to climate change and human activity.

Applied Ecology and Environmental Research (2017) 15(4): 525-539

DOI: http://dx.doi.org/10.15666/aeer/1504_525539

IF 0.681

5453

BIDNENKO V., NICOLAS P., GRYLAK-MIELNICKA A., DELUMEAU O., AUGER S.,

AUCOUTURIER A., GUERIN C., REPOILA F., BARDOWSKI J. K., AYMERICH S., BIDNENKO E.

Termination factor Rho: from the control of pervasive transcription to cell fate determination in *Bacillus subtilis*.

PLOS Genetics (2017) 13(7): e1006909 (47 p.)

DOI: 10.1371/journal.pgen.1006909

IF 6.100

5454

WOLIŃSKA A., KUŻNIAR A., ZIELENKIEWICZ U., IZAK D., SZAFRANEK-NAKONIECZNA A., BANACH A., BŁASZCZYK M.

Bacteroidetes as a sensitive biological indicator of agricultural soil usage revealed by a culture-independent approach.

Applied Soil Ecology (2017) 179: 128-137

DOI: 10.1016/j.apsoil.2017.06.009

IF 2.786

5455

TOMCZYK-ŻAK K., SZCZĘSNY P., GROMADKA R., ZIELENKIEWICZ U.
Taxonomic and chemical assessment of exceptionally abundant rock mine biofilm.

PeerJ (2017) 5: e3635 (20 p.)

DOI: 10.7717/peerj.3635

IF 2.177

5456

ŁEPETA K., PURZYCKA K. J., PACHULSKA-WIECZOREK K., MITJANS M., BEGEMANN M.,
VAFADARI B., BIJATA K., ADAMIAK R. W., EHRENREICH H., DZIEMBOWSKA M., KACZMAREK L.
A normal genetic variation modulates synaptic MMP-9 protein levels and the severity of schizophrenia
symptoms.

EMBO Molecular Medicine (2017) 9(8): 1100-1116

DOI: 10.15252/emmm.201707723

IF 9.249

5457

KRZYCZMONIK K., WRÓBLEWSKA-ŚWINIARSKA A., ŚWIEŻEWSKI S.

Developmental transitions in *Arabidopsis* are regulated by antisense RNAs resulting from bidirectionally
transcribed genes.

RNA Biology (2017) 14(7): 838-842

DOI: 10.1080/15476286.2017.1327112

IF 3.900

5458

WIĘSYK A., CANDRESSE T., ZAGÓRSKI-OSTOJA W., GÓRA-SOCHACKA A.

Viability and genetic stability of potato spindle tuber viroid mutants with indels in specific loops of the rod-
like secondary structure.

Virus Research (2017) 240: 94-100

DOI: <https://doi.org/10.1016/j.virusres.2017.07.024>

IF 2.628

5459

MUSZEWSKA A., STĘPNIEWSKA-DZIUBIŃSKA M. M., STECZKIEWICZ K., PAWŁOWSKA J.,
DZIEDZIC A., GINALSKI K.

Fungal lifestyle reflected in serine protease repertoire.

Scientific Reports (2017) 7: 9147 (12 p.)

DOI: 10.1038/s41598-017-09644-w

IF 4.259

5460

REDKIEWICZ P., STACHYRA A., SAWICKA R., BOCIAN K., GÓRA-SOCHACKA A., KOSSON P.,
SIRKO A.

Immunogenicity of DNA vaccine against H5N1 containing extended Kappa B site: *in vivo* study in mice and chickens.

Frontiers in Immunology (2017) 8: 1012 (10 p.)

DOI: 10.3389/fimmu.2017.01012

IF 6.429

5461

REILLY-O'DONNELL B., ROBERTSON G. B., KARUMBI A., MCINTYRE C., BAL W., NISHI M.,
TAKESHIMA H., STEWART A. J., PITT S. J.

Dysregulated Zn²⁺ homeostasis impairs cardiac type-2 ryanodine receptor and mitsugumin 23 functions,
leading to sarcoplasmic reticulum Ca²⁺ leakage.

Journal of Biological Chemistry (2017) 292(32): 13361-13373

DOI: 10.1074/jbc.M117.781708

IF 4.125

5462

AKHTAR T. A., SUROWIECKI P., SIEKIERSKA H., KANIA M., VAN GELDER K., REA K. A., VIRTÀ L. K. A., VATTÀ M., GAWARECKA K., WÓJCIK J., DANIKIEWICZ W., BUSZEWICZ D., ŚWIEŻEWSKA E., SURMACZ L.

Polyprenols are synthesized by a plastidial *cis*-prenyltransferase and influence photosynthetic performance.

Plant Cell (2017) 29(7): 1709-1725

DOI: 10.1105/tpc.16.00796

IF 8.688

5463

JERZMANOWSKI A., ARCHACKI R.

Universal and lineage-specific properties of linker histones and SWI/SNF-chromatin remodeling complexes in plants.

Chapter in: **Plant Epigenetics: RNA Technologies**. Ed. Rajewsky N., Jurga S., Barciszewski J., Springer;

ISBN 978-3-319-55519-5 [536 p.] 2017, p.463-492

DOI: 10.1007/978-3-319-55520-1_23

IF –

5464

STACHYRA A., RAK M., REDKIEWICZ P., MADEJA Z., GAWARECKA K., CHOJNACKI T., ŚWIEŻEWSKA E., MASNYK M., CHMIELEWSKI M., SIRKO A., GÓRA-SOCHACKA A.

Effective usage of cationic derivatives of polyprenols as carriers of DNA vaccines against influenza virus.

Virology Journal (2017) 4:168 (9 p.)

DOI: 10.1186/s12985-017-0838-x

IF 2.139

5465

TYMOSZEWSKA A., DIEP D. B., WIRTEK P., ALEKSANDRZAK-PIEKARCZYK T.

The non-lantibiotic bacteriocin garvicin Q targets man-PTS in a broad spectrum of sensitive bacterial genera.

Scientific Reports (2017) 7: 8359 (14 p.)

DOI: 10.1038/s41598-017-09102-7

IF 4.259

5466

SLYVKA A., MIERZEJEWSKA K., BOCHTLER M.

Nei-like 1 (NEIL1) excises 5-carboxylcytosine directly and stimulates TDG-mediated 5-formyl and 5-carboxylcytosine excision.

Scientific Reports (2017) 7: 9001 (13 p.)

DOI: 10.1038/s41598-017-07458-4

IF 4.259

5467

PANAGIOTOPOULOU H., AUSTIN J.D., ZALEWSKA K., GONCIARZ M., CZARNOGÓRSKA K., GAWOR J., WĘGLEŃSKI P., POPOVIC D.

Microsatellite mutation rate in Atlantic Sturgeon (*Acipenser oxyrinchus*).

Journal of Heredity (2017) 108(6): 686–692

DOI: 10.1093/jhered/esx057

IF 2.432

5468

DYDECKA A., BLOCH S., RIZVI A., PEREZ S., NEJMAN-FALEŃCZYK B., TOPKA G., GAŚSIOR T., NECEL A., WĘGRZYN G., DONALDSON L.W., WĘGRZYN A.

Bad phages in good bacteria: role of the mysterious *orf63* of λ and Shiga toxin-converting $\Phi 24_B$ bacteriophages.

Frontiers in Microbiology (2017) 8: 1618 (12 p.)

DOI: 10.3389/fmicb.2017.01618

IF 4.076

5469

FINKELSTEIN D. I., BILLINGS J. L., ADLARD P. A., AYTON S., SEDJAHTERA A., MASTERS C. L., WILKINS S., SHACKLEFORD D. M., CHARMAN S. A., BAL W., ZAWISZA I., KUROWSKA E., GUNDLACH A. L., MA S., BUSH A. I. HARE D. J., DOBLE P. A., CRAWFORD S., GAUTIER E. CL., PARSONS J., HUGGINS P., BARNHAM K.J., CHERNY R. A.

The novel compound PBT434 prevents iron mediated neurodegeneration and alpha-synuclein toxicity in multiple models of Parkinson's disease.

Acta Neuropathologica Communications (2017) 5: 53 (16 p.)

DOI: 10.1186/s40478-017-0456-2

IF –

5470

GUTKOWSKA M.

Rab geranylgeranyltransferase.

Chapter in: **Encyclopedia of Signaling Molecules**. 2nd edition. Ed. Choi S., Springer; ISBN 978-3-319-67198-7 [6330 p.] 2017 p.1-7

DOI: 10.1007/978-1-4614-6438-9_101635-1

IF –

5471

MROCZEK S., CHLEBOWSKA J., KULIŃSKI T.M., GEWARTOWSKA O., GRUCHOTA J., CYSEWSKI D., LIUDKOVSKA V., BORSUK E., NOWIS D., DZIEMBOWSKI A.

The non-canonical poly(A) polymerase *FAM46C* acts as an onco-suppressor in multiple myeloma.

Nature Communications (2017) 8: 619 (17 p.)

DOI: 10.1038/s41467-017-00578

IF 12.124

5472

KOWALSKI K., KOŁODZIEJCZYK A. S., SIKORSKA M., PŁACZKIEWICZ J., CICHOSZ P., KOWALEWSKA M., STREMIŃSKA W., JAŃCZYK-ILACH K., KOBŁOWSKA M., FOGTMAN A., IWANICKA-NOWICKA R., CIEMERYCH M. A., BRZOSKA E.

Stem cells migration during skeletal muscle regeneration - the role of Sdf-1/Cxcr4 and Sdf-1/Cxcr7 axis.

Cell Adhesion and Migration (2017) 11(4): 384-398

DOI: 10.1080/19336918.2016.1227911

IF 3.872

5473

JAGIELSKI T., GAWOR J., BAKUŁA Z., ŻUCHNIEWICZ K., ŻAK I., GROMADKA R.

An optimized method for high quality DNA extraction from microalga *Prototheca wickerhamii* for genome sequencing.

Plant Methods (2017) 13: 77 (8 p.)

DOI: 10.1186/s13007-017-0228-9

IF 3.510

5474

ZARYCHTA-WIŚNIEWSKA W., BURDZIŃSKA A., ZAGOŹDŻON R., DYBOWSKI B., BUTRYM M., GAJEWSKI Z., PĄCZEK L.

In vivo imaging system for explants analysis - a new approach for assessment of cell transplantation effects in large animal models.

PLOS ONE (2017) 12(9): e0184588 (21 p.)

DOI: 10.1371/journal.pone.0184588

IF 2.806

5475

KAMIŃSKI M. A., FURMAŃCZYK E. M., DZIEMBOWSKI A., SOBCZAK A., LIPÍŃSKI L.
Draft genome sequence of the type strain *Sphingopyxis bauzanensis* DSM 22271.

Genome Announcements (2017) 5(37): e01014-17 (2 p.)

DOI: 10.1128/genomeA.01014-17

IF –

5476

TRACZ-GASZEWSKA Z., KLIMCZAK M., BIECEK P., HEROK M., KOSIŃSKI M., OLSZEWSKI M. B., CZERWIŃSKA P., WIECH M., WIZNEROWICZ M., ŻYLICZ A., ŻYLICZ M., WAWRZYNÓW B.
Molecular chaperones in the acquisition of cancer cell chemoresistance with mutated *TP53* and MDM2 up-regulation.

Oncotarget (2017) 8(47): 82123-82143

DOI: 10.18632/oncotarget.18899

IF 5.168

5477

OLKOWICZ M., DĘBSKI J., JABŁOŃSKA P., DADLEZ M., SMOLEŃSKI R. T.

Application of a new procedure for liquid chromatography/mass spectrometry profiling of plasma amino acid-related metabolites and untargeted shotgun proteomics to identify mechanisms and biomarkers of calcific aortic stenosis.

Journal of Chromatography A (2017) 1517: 66-78

DOI: 10.1016/j.chroma.2017.08.024

IF 3.981

5478

WOJCIESZAK M., PYZIK A., POSZYTEK K., KRAWCZYK P. S., SOBCZAK A., LIPÍŃSKI L., ROUBINEK O., PALIGE J., SKŁODOWSKA A., DREWNIĄK Ł.

Adaptation of methanogenic inocula to anaerobic digestion of maize silage.

Frontiers in Microbiology (2017) 8: 1881 (12 p.)

DOI: 10.3389/fmicb.2017.01881

IF 4.076

5479

FURMAŃCZYK E. M., KAMIŃSKI M. A., DZIEMBOWSKI A., LIPÍŃSKI L., SOBCZAK A.
Draft genome sequence of the type strain *Pseudomonas jessenii* DSM 17150.

Genome Announcements (2017) 5: 39: e01035-17 (2 p.)

DOI: 10.1128/genomeA.01035-17

IF –

5480

SIKORA B., KOWALIK P., MIKULSKI J., FRONC K., KAMIŃSKA I., SZEWCZYK M., KONOPKA A., ZAJDEL K., MINIKAYEV R., SOBCZAK K., ZALESZCZYK W., BORODZIUK A., RYBUSIŃSKI J., SZCZYTKO J., SIENKIEWICZ A., STĘPIEŃ P. P., FRONTCZAK-BANIEWICZ M., ŁAPIŃSKI M., WILCZYŃSKI G., PASZKOWICZ W., TWARDOWSKI A., ELBAUM D.

Mammalian cell defence mechanisms against the cytotoxicity of NaYF₄:(Er,Yb,Gd) nanoparticles.

Nanoscale (2017) 9(37): 14259-14271

DOI: 10.1039/c7nr03705h

IF 7.367

5481

BOBROWICZ M., DWOJAK M., PYRZYŃSKA B., STACHURA J., MUCHOWICZ A., BERTHEL E., DALLA-VENEZIA N., KOZIKOWSKI M., SIERNICKA M., MIAZEK N., ZAPAŁA P., DOMAGAŁA A., BOJARCZUK K., MALEND A., BARANKIEWICZ J., GRACZYK-JARZYŃKA A., ZAGOŹDŹON A., GABRYŚIAK M., DIAZ J. J., KARP M., LECH-MARANDA E., FIRCUK M., GIANNOPOLLOS K., EFREMOV D. G., LAURENTI L., BAATOUT D., FRENZEL L., MALINOWSKA A., ŚLABICKI M., ZENZ T., ZERROUQI A., GOŁĄB J., WINIARSKA M.

HDAC6 inhibition upregulates CD20 levels and increases the efficacy of anti-CD20 monoclonal antibodies.

Blood (2017) 130(14): 1628-1638

DOI: 10.1182/blood-2016-08736066

IF 13.164

5482

SANTORO A., WEZYNFELD N. E., VAŠÁK M., BAL W., FALLER P.

Cysteine and glutathione trigger the Cu–Zn swap between Cu(II)-amyloid- β_{4-16} peptide and Zn7-metallothionein-3.

Chemical Communications (2017) 53(85): 11634-11637

DOI: 10.1039/c7cc06802f

IF 6.319

5483

KOBIERECKA P., WYSZYŃSKA A., ALEKSANDRZAK-PIEKARCZYK T., KUCZKOWSKI M., TUZIMEK A., PIOTROWSKA W., GÓRECKI A., ADAMSKA I., WIELICZKO A., BARDOWSKI J. K., JAGUSZTYN-KRYNICKA E. K.

In vitro characteristics of *Lactobacillus* spp. strains isolated from the chicken digestive tract and their role in the inhibition of *Campylobacter* colonization.

Microbiology Open (2017) 6(5): e512 (15 p.)

DOI: 10.1002/mbo3.512

IF 2.747

5484

JAKUBOWSKI M., DĘBSKI J., SZAHIDEWICZ-KRUPSKA E., TUREK-JAKUBOWSKA A., GAWRYŚ J., GAWRYŚ K., SKOMRO R., DERKACZ A., DOROSZKO A.

Platelet carbonic anhydrase II, a forgotten enzyme, may be responsible for aspirin resistance.

Oxidative Medicine and Cellular Longevity (2017): 3132063 (8 p.)

DOI: 10.1155/2017/3132063

IF 4.593

5485

KUJAWA M., LIRSKI M., ZIĘCINA M., DRABIŃSKA J., MODZELAN M., KRASZEWSKA E.

Nudix-type RNA pyrophosphohydrolase provides homeostasis of virulence factor pyocyanin and functions as a global regulator in *Pseudomonas aeruginosa*.

Molecular Microbiology (2017) 106(3): 381-394

DOI: 10.1111/mmi.13771

IF 3.898

5486

CHROBOCZEK J., SZURGOT I.

Virus-like particle-mediated intracellular delivery for nanomedicine.

Chapter 31 in: **Nanotechnology in Biology and Medicine. Methods, Devices and Applications**. 2nd ed.

Ed. Vo-Dinh T., CRC Press; ISBN 978-14398-9378-4 [740 p.] 2017. p.679-694

IF –

5487

RZEPNIKOWSKA W., FLIS K., MUÑOZ-BRACERAS S., MENEZES R., ESCALANTE R., ŻOŁĄDEK T.
Yeast and other lower eukaryotic organisms for studies of Vps13 proteins in health and disease.

Traffic (2017) 18(11): 711-719

DOI: 10.1111/tra.12523

IF 4.133

5488

DUDZIK K., WÓJCIK J., EJCHART A., NOWAKOWSKI M.

Size makes a difference: chiral recognition in complexes of fenchone with cyclodextrins studied by means of NMR titration.

Chirality (2017) 29(11): 747-758

DOI: 10.1002/chir.22747

IF 1.956

5489

POSZYTEK K., PYZIK A., SOBCZAK A., LIPIŃSKI L., SKŁODOWSKA A., DREWNIĄK Ł.

The effect of the source of microorganisms on adaptation of hydrolytic consortia dedicated to anaerobic digestion of maize silage.

Anaerobe (2017) 46 (special issue): 46-55

DOI: 10.1016/j.anaerobe.2017.02.011

IF 2.278

5490

JONCZYK M., SOBKOWIAK A., TRZCIŃSKA-DANIELEWICZ J., SKONECZNY M., SOLECKA D., FRONK J., SOWIŃSKI P.

Global analysis of gene expression in maize leaves treated with low temperature. II. Combined effect of severe cold (8 °C) and circadian rhythm.

Plant Molecular Biology (2017) 95(3): 279-302

DOI: 10.1007/s11103-017-0651-3

IF 3.356

5491

MIECZKOWSKI A., TRZYBIŃSKI D., WILCZEK M., PSURSKI M., BAGIŃSKI M., BIESZCZAD B., MROCZKOWSKA M., WOŹNIAK K.

(S)-2-(4-Chlorobenzoyl)-1,2,3,4-tetrahydrobenzo[e] pyrazino[1,2-a][1,4]diazepine-6,12(11*H*,12*aH*)-dione—synthesis and crystallographic studies.

Molbank (2017) 4: M964 (6 p.)

DOI: 10.3390/M964

IF –

5492

DMOWSKI M., FIJAŁKOWSKA I. J.

Diverse roles of Dpb2, the non-catalytic subunit of DNA polymerase ϵ .

Current Genetics (2017) 63(6): 983-987

DOI: 10.1007/s00294-017-0706-7

IF 3.764

5493

NOWAKOWSKI M., CZAPLA-MASZTAFIAK J., KOZAK M., ZHUKOV I., ZHUKOVA L., SZLACHETKO J., KWIATEK W. M.

Preliminary results of human PrP^C protein studied by spectroscopic techniques.

Nuclear Instruments and Methods in Physics Research B (2017) 411: 121-128

DOI: 10.1016/j.nimb.2017.06.022

IF 1.109

5494

KAUPKE A., GAWOR J., RZEŻUTKA A., GROMADKA R.

Identification of pig-specific *Cryptosporidium* species in mixed infections using Illumina sequencing technology.

Experimental Parasitology (2017) 182: 22-25

DOI: 10.1016/j.exppara.2017.09.020

IF 1.724

5495

STASIAK M., GAWRYŚ K., POPIELARSKI M., BEDNAREK R., STUDZIAN M., SITKIEWICZ E., SZEMRAJ J., SWIATKOWSKA M.

Differential quantitative proteomics of human microvascular endothelial cells 1 by iTRAQ reveals palladin to be a new biomarker during TGF- β 1 induced endothelial mesenchymal transition.

Journal of Proteomics and Bioinformatics (2017) 10(10): 236-245

DOI: 10.4172/jpb.1000447

IF –

5496

COTTRELL K. A., SZCZĘSNY P., DJURANOVIC S.

Translation efficiency is a determinant of the magnitude of miRNA-mediated repression.

Scientific Reports (2017) 7: 14884 (10 p.)

DOI: 10.1038/s41598-017-13851-w

IF 4.259

5497

MYDLAK A., SOŁDACKI D., FORONCEWICZ B., STOPA Z., POWAŁA A., BUDLEWSKI T., PĄCZEK L., MUCHA K.

Relapsing polychondritis in a liver transplant recipient: A case report.

Medicine (2017) 96(43): e8360 (5 p.)

DOI: 10.1097/MD.00000000000008360

IF 1.804

5498

SKONECZNA A., SKONECZNY M.

Mitotic genome variations in yeast and other fungi.

Chapter 9 in: **Somatic Genome Variation in Animals, Plants and Microorganisms**. Ed. Li X-Q., Wiley;

ISBN 978-1-118-64706-6 [419 p.] 2017, p.199-249

IF-

5499

PŁOCIŃSKI P., BRISSETT N. C., BIANCHI J., BRZOSTEK A., KORYCKA-MACHAŁA M., DZIEMBOWSKI A., DZIADEK J., DOHERTY A. J.

DNA Ligase C and Prim-PolC participate in base excision repair in mycobacteria.

Nature Communications (2017) 8(1): 1251 (12 p.)

DOI: 10.1038/s41467-017-01365-y

IF 12.124

5500

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

Evidence for interactions between homocysteine and genistein: insights into stroke risk and potential treatment.

Metabolic Brain Disease (2017) 32(6): 1855-1860

DOI: 10.1007/s11011-017-0078-1

IF 2.297

5501

GAWOR J., GAWOR J., GROMADKA R., ZWIJACZ-KOZICA T., ZIĘBA F.

A modified method for molecular identification of *Baylisascaris transfuga* in European brown bears (*Ursus arctos*).

Parasitology Research (2017) 116(12): 3447-3452

DOI: 10.1007/s00436-017-5660-2

IF 2.329

5502

FURMAŃCZYK E. M., KAMIŃSKI M.A., SPOLNIK G., SOJKA M., DANIKIEWICZ W.,
DZIEMBOWSKI A., LIPIŃSKI L., SOBCZAK A.

Isolation and characterization of *Pseudomonas* spp. strains that efficiently decompose sodium dodecyl sulfate.

Frontiers in Microbiology (2017) 8: 1872 (16 p.)

DOI: 10.3389/fmicb.2017.01872

IF 4.076

5503

KOBYŁECKI K., KUCHTA K., DZIEMBOWSKI A., GINALSKI K., TOMECKI R.

Biochemical and structural bioinformatics studies of fungal CutA nucleotidyltransferases explain their unusual specificity toward CTP and increased tendency for cytidine incorporation at the 3'-terminal positions of synthesized tails.

RNA (2017) 23(12): 1902-1926

DOI: 10.1261/rna.061010.117

IF 4.605

5504

DĄBROWSKI F., BURDZIŃSKA A., KULEZA A., ŚLADOWSKA A., ZOŁOCIŃSKA A., GALA K.,
PĄCZEK L., WIELGOŚ M.

Comparison of the paracrine activity of mesenchymal stem cells derived from human umbilical cord, amniotic membrane and adipose tissue.

Journal of Obstetrics and Gynaecology Research (2017) 43(11): 1758-1768

DOI: 10.1111/jog.13432

IF 1.099

5505

MILEWSKI K., BOGACIŃSKA-KARAŚ M., FRĘSKO I., HILGIER W., JAŻWIEC R., ALBRECHT J.,
ZIELIŃSKA M.

Ammonia reduces intracellular asymmetric dimethylarginine in cultured astrocytes stimulating its γ^+ LAT2 carrier-mediated loss.

International Journal of Molecular Sciences (2017) 8(11): E2308 (13 p.)

DOI: 10.3390/ijms18112308

IF 3.226

5506

SARNOWSKA E., SZYMAŃSKI M., RUSETSKA N., LIGAJ M., JANCEWICZ I., ĆWIEK P.,
SKRODZKA M., LESZCZYŃSKI M., SZARKOWSKA J., CHRZAN A., STACHOWIAK M., STECIUK J.,
MAASSEN A., GALEK L., DEMKOW T., SIEDLECKI J. A., SARNOWSKI T. J.

Evaluation of the role of downregulation of SNF5/INI1 core subunit of SWI/SNF complex in clear cell renal cell carcinoma development.

American Journal of Cancer Research (2017) 7(11): 2275-2289

IF 3.264

5507

FURMAŃCZYK E. M., KAMIŃSKI M. A., DZIEMBOWSKI A., LIPIŃSKI L., SOBCZAK A.

Draft genome sequence of the type strain *Pseudomonas umsongensis* DSM 16611.

Genome Announcements (2017) 5(39): e01038-17 (2 p.)

DOI: 10.1128/genomeA.01038-17

IF –

5508

OLIVEIRA H., PINTO G., HENDRIX H., NOBEN J. P., GAWOR J., KROPINSKI A. M., ŁOBOCKA M., LAVIGNE R., AZEREDO J.

A lytic *Providencia rettgeri* virus of potential therapeutic value is a deep-branching member of the *T5virus* genus.

Applied and Environmental Microbiology (2017) 83(23): e01567-17 (12 p.)

DOI: 10.1128/AEM.01567-17

IF 3.807

5509

KAMIŃSKI M. A., FURMAŃCZYK E. M., DZIEMBOWSKI A., SOBCZAK A., LIPÍŃSKI L.

Draft genome sequence of the type strain *Sphingopyxis wittflariensis* DSM 14551.

Genome Announcements (2017) 5(36): e00924-17 (2 p.)

DOI: 10.1128/genomeA.00924-17

IF –

5510

AUGUSTYŃIAK J., LENART J., ZYCHOWICZ M., LIPKA G., GAJ P., KOLANOWSKA M., STĘPIEŃ P. P., BUŻAŃSKA L.

Sensitivity of hiPSC-derived neural stem cells (NSC) to Pyrroloquinoline quinone depends on their developmental stage.

Toxicology in Vitro (2017) 45(Pt 3): 434-444

DOI: 10.1016/j.tiv.2017.05.017

IF 2.866

5511

LABUDDA Ł., STRAPAGIEL D., KARCZEWSKA-GOLEC J., GOLEC P.

Complete annotated genome sequences of four *Klebsiella pneumoniae* phages isolated from sewage in Poland.

Genome Announcements (2017) 5(45): e00919-17 (2 p.)

DOI: 10.1128/genomeA.00919-17

IF –

5512

BOCHEŃSKA K., SMOLIŃSKA E., MOSKOT M., JAKÓBKIEWICZ-BANECKA J., GABIG-CIMIŃSKA M.

Models in the research process of Psoriasis.

International Journal of Molecular Sciences (2017) 18(12): E2514 (17 p.)

DOI: 10.3390/ijms18122514

IF 3.226

5513

BATOKO H., DAGDAS Y., BALUSKA F., SIRKO A.

Understanding and exploiting autophagy signaling in plants.

Essays in Biochemistry (2017) 61(6): 675-685

DOI: 10.1042/EBC20170034

IF 2.227

5514

LEWANDOWSKI M., KUSIAK M. A., MICHALCZYK Ł., SZMIGIEL D., ŚLEDZIEWSKA-GÓJSKA E., BARZYCKA B., WAWRZYŃIAK T., LUKS B., THORDARSON T., WILDE S. A., HOSKULDSSON A.
Message in a stainless steel bottle thrown into deep geological time.

Gondwana Research (2017) 52: 139-141

DOI: 10.1016/j.gr.2017.09.005

IF 6.959

5515

JAWORSKA K., HUC T., SAMBOROWSKA E., DOBROWOLSKI L., BIELIŃSKA K., GAWLAK M., UFNAL M.

Hypertension in rats is associated with an increased permeability of the colon to TMA, a gut bacteria metabolite.

PLOS ONE (2017) 12(12): e0189310 (16 p.)

DOI: 10.1371/journal.pone.0189310

IF 2.806

5516

SZWAJCAZAK E., FIJAŁKOWSKA I. J., SUSKI C.

The CysB motif of Rev3p involved in the formation of the four-subunit DNA polymerase ζ is required for defective-replisome-induced mutagenesis.

Molecular Microbiology (2017) 106(4): 659-672

DOI: 10.1111/mmi.13846

IF 3.898

5517

AJCHLER M., ŁOBOCKA M., OSZAKO T.

Pathogenic oomycetes of *Phytophthora* genus – a new threat to forests in Europe.

Sylvan (2017) 161(10): 870-880

IF 0.481

5518

SCHMITZBERGER F., RICHTER M. M., GORDIYENKO Y., ROBINSON C. V., DADLEZ M., WESTERMANN S.

Molecular basis for inner kinetochore configuration through RWD domain-peptide interactions.

EMBO Journal (2017) 36(23): 3458-3482

DOI: 10.15252/embj.201796636

IF 9.792

5519

GONZALEZ P., VILENO B., BOSSAK K., EL KHOURY Y., HELLWIG P., BAL W., HUREAU CH., FALLER P.

Cu(II) binding to the peptide Ala-His-His, a chimera of the canonical Cu(II)-binding motifs Xxx-His and Xxx-Zzz-His.

Inorganic Chemistry (2017) 56(24): 14870-14879

DOI: 10.1021/acs.inorgchem.7b01996

IF 4.857

5520

BIELECKA Z. F., MALINOWSKA A., BRODACZEWSKA K., KLEMBA A., KIEDA C., KRASOWSKI P., GRZESIUK E., PIWOWARSKI J., CZARNECKA A. M., SZCZYLIK C.

Hypoxic 3D in vitro culture models reveal distinct resistance processes to TKIs in renal cancer cells.

Cell and Bioscience (2017) 7: 71

DOI: 10.1186/s13578-017-0197-8

IF 3.294

5521

KAPUSTIAN L. M., DADLEZ M., NEGRUTSKII B. S.

Protein partners of the eEF1B β subunit of the translation elongation complex eEF1B in the nuclear fraction of human lung carcinoma cells.

Biopolymers and Cell (2017) 33(4): 243-255

DOI: 10.7124/bc.00095D

IF –

5522

YATUSEVICH R., FEDAK H., CIESIELSKI A., KRZYCZMONIK K., KULIK A., DOBROWOLSKA G., ŚWIEŻEWSKI S.

Antisense transcription represses Arabidopsis seed dormancy QTL *DOG1* to regulate drought tolerance.

EMBO Reports (2017) 18(12): 2186-2196

DOI: 10.15252/embr.201744862

IF 8.568

5523

LIBRIZZI M., CARADONNA F., CRUCIATA I., DĘBSKI J., SANOOK S., DADLEZ M., SPENCER J., LUPARELLO C.

Molecular signatures associated with treatment of triple-negative MDA-MB231 breast cancer cells with histone deacetylase inhibitors JAH1 and SAHA.

Chemical Research in Toxicology (2017) 30(12): 2187-2196

DOI: 10.1021/acs.chemrestox.7b00269

IF 3.278

5524

DZHINDZHEV N., TZOLOVSKY G., LIPINSZKI Z., ABDELAZIZ M., DĘBSKI J., DADLEZ M., GLOVER D. M.

Two-step phosphorylation of Ana2 by Plk4 is required for the sequential loading of Ana2 and Sas6 to initiate procentriole formation.

Open Biology (2017) 7(12): 170247

DOI: 10.1098/rsob.170247

IF 3.481

5525

KOCISZEWSKA-NAJMAN B., SZPOTAŃSKA-SIKORSKA M., MAZANOWSKA N., PĄCZEK L., SAMBOROWSKA E., DADLEZ M., WIELGOŚ M., PIETRZAK B.

Transfer of everolimus into Colostrum of a kidney transplant mother.

Annals of Transplantation (2017) 22: 755-758

DOI: 10.12659/AOT.907944

IF 1.252

5526

MUSZEWSKA A., STECZKIEWICZ K., STĘPNIEWSKA-DZIUBIŃSKA M. M., GINALSKI K.

Cut-and-paste transposons in fungi with diverse lifestyles.

Genome Biology and Evolution (2017) 9(12): 3463–3477

DOI: 10.1093/gbe/evx261

IF 3.979

5527

SENDZIK M., PUSHIE J. M., STEFANIAK E., HAAS K. L.

Structure and affinity of Cu(I) bound to human serum albumin.

Inorganic Chemistry (2017) 56(24): 15057-15065

DOI: 10.1021/acs.inorgchem.7b02397

IF 4.857

5528

DŁUSKA E., MARKOWSKA-RADOMSKA A., METERA A., TUDEK B., KOSICKI K.

Multiple emulsions as effective platforms for controlled anti-cancer drug delivery.

Nanomedicine (2017) 12(18): 2183-2197

DOI: 10.2217/nnm-2017-0112

IF 4.727

5529

GABRYŚ H., BANAŚ A. K., HERMANOWICZ P., KRZESZOWIEC W., LEŚNIEWSKI S., ŁABUZ J., SZTATELMAN O.

Photometric assays for chloroplast movement responses to blue light.

Bio-protocol (2017) 7(11): e2310 (11 p.)

DOI: 10.21769/BioProtoc.2310

IF –

ABSTRAKTY 2017

4183/A

GRADOWSKI M., KAMROWSKA D., ZEMBEK P., HENNIG J., KRZYMOWSKA M., PAWŁOWSKI K.
Novel families of pathogen effector kinases in plants. Evolutionary origin and biological function.
4th Annual Conference of the COST Action, Bled, Slovenia, 1-3 March 2017

Program & Abstracts Book p.17

4184/A

ŻURCZAK M., LICHOCKA M., SCHMELZER E., PARKER J. E., HENNIG J., KRZYMOWSKA M.
Regulatory role of the truncated isoform of tobacco N receptor.
4th Annual Conference of the COST Action, Bled, Slovenia, 1-3 March 2017

Program & Abstracts Book p.26

4185/A

ZEMBEK P., HOSER R., ESCHEN-LIPPOLD L., RYMASZEWSKI W., KWIATKOWSKI JAKUB LEE J.,
HENNIG J., KRZYMOWSKA M.
The function of the N-terminus of HopQ1 effector from *Pseudomonas syringae*.
4th Annual Conference of the COST Action, Bled, Slovenia, 1-3 March 2017

Program & Abstracts Book p.63

4186/A

WAWRZYŃSKA A., SIRKO A.
Transcript profiles of selected genes encoding proteins of the ubiquitination pathway during sulfur deficiency stress in *Arabidopsis*.
Plant Autophagy: Improving Crop and Energy Production, Madrid, Spain, 23-27 March 2017

Program and Abstracts S1-P9

4187/A

TARNOWSKI L., COLLADOS-RODRIGUEZ M., SIRKO A.
Relations between AtNBR1 and TOR kinase in sulfur or nitrogen starvation.
Plant Autophagy: Improving Crop and Energy Production, Madrid, Spain, 23-27 March 2017

Program and Abstracts S1-P8

4188/A

NIEMIRO A., WAWRZYŃSKA A., SIRKO A.
Possible role of AtNBR1 in peroxophagy in plants.
Plant Autophagy: Improving Crop and Energy Production, Madrid, Spain, 23-27 March 2017

Program and Abstracts S1-P6

4189/A

TARNOWSKI L., COLLADOS-RODRIGUEZ M., WAWRZYŃSKA A., SIRKO A.
Ectopic expression of AtNBR1, a gene encoding selective autophagy cargo receptor results in significant changes of *Arabidopsis* transcriptome.
Plant Autophagy: Improving Crop and Energy Production, Madrid, Spain, 23-27 March 2017

Program and Abstracts S1-05

4190/A

MACIEJAK A., KILISZEK M., SEGIET A., OPOLSKI G., GÓRA M., BURZYŃSKA B.
Profiling of circulating MicroRNA in patients presenting with ST-segment elevation myocardial infarction.
8th International Gene Quantification Event qPCR dPCR & NGS 217: Liquid Biopsy, Integrative Big Data Analysis, Biomarker Signature... and beyond, Freising, Germany, 3-7 April 2017

Abstracts BS

4191/A

WĘGRZYN G., PIERZYNOWSKA K., HAC A., GABIG-CIMIŃSKA M., JAKÓBKIEWICZ-BANECKA J.
Genistein: a lysosomal stimulator for treatment of various lysosomal diseases.
13th Annual Research Meeting on We're Organizing Research for Lysosomal Diseases (WORLD), San Diego, USA, 13-17 February 2017

Molecular Genetics and Metabolism (2017) 120(1-2): S138-S139

4192/A

SUSKI C., SZWAJCZAK E., KANIAK-GOLIK A., FIJAŁKOWSKA I. J.

The 4-subunit polymerase zeta participates in the nuclear DNA replication in *Saccharomyces cerevisiae* cells, but in the mitochondrion the polymerase functions in the alternative 2-subunit complex.
Beatson International Cancer Conference 2017: Feeding the Beast – the metabolic landscape of the tumour and its host, Glasgow, England, 2-5 July 2017

Abstracts P-18 p.61

4193/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.

EMBO | EMBL Symposium: Molecular and Cell Biology of Membranes, Heidelberg, Germany, 21-23 May 2017

Poster Abstracts p.85

4194/A

KOZAK M., GIELNIK M., TAUBE M., ZHUKOV I.

Spectroscopic and SAXS studies of human prion protein variants complexed with divalent cations.

61st Annual Meeting of the Biophysical Society, New Orleans, USA, 11-15 February 2017

Biophysical Journal (2017) 112(3): 190a suppl. 1

4195/A

NOWAKOWSKI M., EJCHART A., JAREMKO Ł., WŁADYKA B., MAK P.

Solution structure of bacteriocin BacSp222 from *Staphylococcus pseudintermedius* 222.

Magnetic Moments in Central Europe, Budapest, Hungary, 8-12 March 2017

Book of Abstracts P-17 p.84

4196/A

EJCHART A.

NMR w cieczach. Podstawy fizyczne, zastosowania chemiczne.

YUPPAS NMR: Young from Universities, Polytechnics & Polish Academy of Sciences Nuclear Magnetic Resonance, Łódź, 21-22 June 2017

Materiały konferencyjne W-01

4197/A

KŁOSKA D., KOPACZ A., DULAK J., JÓZKOWICZ A., GROCHOT-PRZECZEK A., CYSEWSKI D., KACZARA P., PRONIEWSKI B.

S-nitrosylation as a double-edged sword in Nrf2-deficient endothelial cell senescence.

ESM-EVBO 2017: 2nd Joint Meeting of the European Society for Microcirculation (ESM) and European Vascular Biology Organisation, Geneva, Switzerland, 29 May - 1 June 2017

Journal of Vascular Research (2017) 54 (suppl 1) 2B-01 p.7

4198/A

RUDAK A., ZNÓJ A., CHWEDORZEWSKA K. J., GALERA H., WÓDKIEWICZ M.

Seed germination as an obstacle in invasion of the Antarctic – comparison of 8 populations from different climatic zones.

30th Conference of the Plant Population Biology Section of the Ecological Society of Germany, Austria and Switzerland (GfÖ), Halle / Saale, Germany, 18-20 May 2017

Book of Abstracts p.111

4199/A

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

The importance of rhizosphere in plant survival in the Antarctic.

30th Conference of the Plant Population Biology Section of the Ecological Society of Germany, Austria and Switzerland (GfÖ), Halle / Saale, Germany, 18-20 May 2017

Book of Abstracts p.127

4200/A

SZOŁAJSKA E., JEDYNAK M., LAURIN D., PODSIADŁA-BIAŁOSKÓRSKA M., ŻOCHOWSKA M., CHROBOCZEK J.

Adenovirus dodecahedron as a nanoplatform for cancer therapy.

BIT's 7th Annual International Symposium of Drug Delivery Systems, Prague, Czech Republic, 12-14 July 2017

Abstract Book p.100

4201/A

MODRZEJEWSKA M., BARTOSIK A. A.

Analysis of three putative transcriptional regulators PA1196, PA2121 and PA2577 from *Pseudomonas aeruginosa* proteome.

7th Congress of European Microbiologists FEMS 2017, Valencia, Spain, 9-13 July 2017

Scientific Programme, PV02, Abstract 111

4202/A

KOTECKA K., BARTOSIK A. A.

Preliminary functional characterization of putative transcriptional regulators PA3027, PA3458 and PA3973 from *Pseudomonas aeruginosa*.

7th Congress of European Microbiologists FEMS 2017, Valencia, Spain, 9-13 July 2017

Scientific Programme, PV02, Abstract 057

4203/A

KAWAŁEK A., GŁĄBSKI K., BARTOSIK A. A., FOGTMAN A., JAGURA-BURDZY G.

Partitioning protein PARB controls expression of genes adjacent to its high affinity binding sites PARS3 nad PARS4 in *Pseudomonas aeruginosa*.

7th Congress of European Microbiologists FEMS 2017, Valencia, Spain, 9-13 July 2017

Scientific Programme, PV01, Abstract 042

4204/A

BARTOSIK A. A., GŁĄBSKI K., KAWAŁEK A., JAGURA-BURDZY G.

Genome-wide analysis of PARB binding sites in *Pseudomonas aeruginosa*.

7th Congress of European Microbiologists FEMS 2017, Valencia, Spain, 9-13 July 2017

Scientific Programme, PV01, Abstract 041

4205/A

PILŹYS T., KUKWA W., MARCINKOWSKI M., GARBICZ D., MIECZKOWSKI A., DYLEWSKA M., GRZESIUK E.

New inhibitors of ALKBH dioxygenases overexpressed in neck and head cancer.

42nd FEBS Congress: From Molecules to Cells and Back, Jerusalem, Israel, 10-14 September 2017

FEBS Journal (2017) 284 suppl 1 p.289

4206/A

DYLEWSKA M., KUŚMIEREK J. T., POZNAŃSKI J., MACIEJEWSKA A. M., GRZESIUK E.

1,N6- α -hydroxypropanoadenine is effectively repaired by *E. coli* AlkB dioxygenase.

42nd FEBS Congress: From Molecules to Cells and Back, Jerusalem, Israel, 10-14 September 2017

FEBS Journal (2017) 284 suppl. 1

4207/A

ROJEK J., GUTKOWSKA M., ŚWIEŻEWSKA E., BOHDANOWICZ J.

Arabidopsis RAB geranylgeranyl transferase β -subunit mutation affects ovule and megagametophyte development, and leads to reproductive breakdown.

20th European Network for Plant Endomembrane Research Meeting, Prague, Czech Republic, 12-15 September 2017

Abstract Book P6, p.66

4208/A

GUTKOWSKA M., PAMUŁA M., KAUS-DROBEK M., PERYCZ M., ŚWIEŻEWSKA E.

Impact of *Arabidopsis thaliana* Rab Escort Protein (REP) C-terminal truncations on REP-Rab interaction and plant fertility.

20th European Network for Plant Endomembrane Research Meeting, Prague, Czech Republic, 12-15 September 2017

Abstract Book P15, p.75

4209/A

KRASZEWSKA E., KUJAWA M., LIRSKI M.

Nudix-type RNA pyrophosphohydrolase provides homeostasis of virulence factors and functions as a global regulator in *Pseudomonas aeruginosa*.

EMBO at Basel Life, Basel, Switzerland, 10-13 September 2017

Abstracts P179 p.42

4210/A

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

The presence of seven plasmids (pIL1-pIL7) in *Lactococcus lactis* IL594 strain determine the significant phenotypic variability.

12th International Symposium on Lactic Acid Bacteria, Egmond aan Zee, the Netherlands, 27-31 August 2017

Abstracts BS

4211/A

PAWLIŃSKI B., SZCZĘSNY P., SIEWRUK K., DOMINO M., SADY M., GAJEWSKA M. GAJEWSKI Z.

Evaluation of selected gasometric parameters in piglets during weaning period.

21st Annual Conference of the European Society for Domestic Animal Reproduction (ESDAR), Bern, Switzerland, 24-26 August 2017

Reproduction in Domestic Animals 52 (suppl. 3), special issue P171

4212/A

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

The presence of extrachromosomal genes in the *Lactococcus Lactis* IL594 strain determines significant adaptative and industrial potential of the strain.

4th Workshop on Microbiology in Health Care and Environmental Protection MIKROBIOT 2017, Łódź, Poland, 19-21 September 2017

Postępy Mikrobiologii (2017) 56 (suppl.1)

4213/A

SOBKOWIAK A., TRZCIŃSKA-DANIELEWICZ J., SZCZEGIELNIAK J., KOWALEC P., JOŃCZYK M., SOWIŃSKI P.

The use of CRISP/Cas9 system for targeted mutagenesis of AtCPK11 involved in salt tolerance in *Arabidopsis thaliana*.

8th Conference of the Polish Society of Experimental Plant Biology. Communication in Plants: from Cell to Environment, Białystok, Poland, 12-15 September 2017

Book of Abstracts P3.53 p.155

4214/A

BORKIEWICZ L., CIEŚLA J. M., POLKOWSKA-KOWALCZYK L., MUSZYŃSKA G., SZCZEGIELNIAK J.

Expression of calcium dependent protein kinase (ZmCPK11) improves salt tolerance in transgenic *Arabidopsis thaliana* leaves by regulating sodium and potassium homeostasis.

8th Conference of the Polish Society of Experimental Plant Biology. Communication in Plants: from Cell to Environment, Białystok, Poland, 12-15 September 2017

Book of Abstracts P3.56 p.158

4215/A

GROMADKA R., CIEŚLA J. M., OLSZAK K., SZCZEGIELNIAK J., MUSZYŃSKA G., POLKOWSKA-KOWALCZYK L.

Calcium-dependent protein kinase (CDPK) gene family in potato: genome-wide identification, expression in organs and involvement in disease resistance.

8th Conference of the Polish Society of Experimental Plant Biology. Communication in Plants: from Cell to Environment, Białystok, Poland, 12-15 September 2017

Book of Abstracts P1.17 p.92

4216/A

TARNOWSKI L., COLLADOS-RODRIGUEZ M., BRZYWCZY J., SIENKO M., NIEMIRO A., WAWRZYŃSKA A., SIRKO A.

Role of selective autophagy in plant response to nutrients deficit and other abiotic stresses.

8th Conference of the Polish Society of Experimental Plant Biology. Communication in Plants: from Cell to Environment, Białystok, Poland, 12-15 September 2017

Book of Abstracts P3.68

4217/A

NIEMIRO A., CYSEWSKI D., WAWRZYŃSKA A., SIRKO A.

New insight into possible role of LSU proteins family from *Arabidopsis thaliana*.

8th Conference of the Polish Society of Experimental Plant Biology. Communication in Plants: from Cell to Environment, Białystok, Poland, 12-15 September 2017

Book of Abstracts P3.42 p.144

4218/A

DOLATA J., GUO Y., KOŁOWERZO A., SMOLIŃSKI D., BRZYŻEK G., ŚWIEŻEWSKI S., JARMOŁOWSKI A.

Coupling of RNA Polymerase II transcription elongation with pre-mRNA splicing.

8th Conference of the Polish Society of Experimental Plant Biology. Communication in Plants: from Cell to Environment, Białystok, Poland, 12-15 September 2017

Book of Abstracts PL5.3 p.33

4219/A

SARNOWSKA E., ĆWIEK P., LESZCZYŃSKI M., RUSETSKA N., GOS A., SZYMAŃSKI M., LIGAJ M., CHRZAN A., GRATKOWSKA-ŻMUDA DOMINIKA M., ROLICKA A. T., BALCERAK A., JANCEWICZ I., MACECH-KLICKA E., ARAÚJO W. L., TOHGE T., SACHAROWSKI S. P., KUBALA S., STECIUK J., HUETTEL B., MAASSEN A., SZARKOWSKA J., KONDRAK P., FERNIE A. R., KONCZ C., SIEDLECKI J. A., SARNOWSKI T.J.

The SWI/SNF ATP-dependent chromatin remodeling complexes are involved in the control of metabolic processes in plants and human.

8th Conference of the Polish Society of Experimental Plant Biology. Communication in Plants: from Cell to Environment, Białystok, Poland, 12-15 September 2017

Book of Abstracts OP1.4 p.43

4220/A

RYMASZEWSKI W., VILE D., GRANIER C., HENNIG J.

Coupling high-throughput phenotyping and gene expression analyses to study the natural variation of morpho-physiological and molecular responses to long-term water deficit in *Arabidopsis thaliana*.

8th Conference of the Polish Society of Experimental Plant Biology. Communication in Plants: from Cell to Environment, Białystok, Poland, 12-15 September 2017

Book of Abstracts OP3.8 p.55

4221/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 binds to SWI/SNF chromatin remodeling complex and act together to regulate *Arabidopsis* heat stress response.

8th Conference of the Polish Society of Experimental Plant Biology. Communication in Plants: from Cell to Environment, Białystok, Poland, 12-15 September 2017

Book of Abstracts OP5.1 p.65

4222/A

LIRSKI M., KROTEŃ M.A., KOTLIŃSKI M., KOBLOWSKA M., JERZMANOWSKI A.

Linker histones act as powerful lock of heterochromatin activity in *Arabidopsis*.

8th Conference of the Polish Society of Experimental Plant Biology. Communication in Plants: from Cell to Environment, Białystok, Poland, 12-15 September 2017

Book of Abstracts OP5.3 p.67

4223/A

FIDLER J., GÓRA-SOCHACKA A., GRABOWSKA A., PRABUCKA B., WIĘSYK A., ZDUNEK-ZASTOCKA E.

Effect of after-ripening on abscisic acid content and its biosynthesis in triticale grains.

8th Conference of the Polish Society of Experimental Plant Biology. Communication in Plants: from Cell to Environment, Białystok, Poland, 12-15 September 2017

Book of Abstracts P1.3 p.78

4224/A

LICHOCKA M., RYMASZEWSKI W., MORGIEWICZ K., BARYMOW-FILONIUK I., SCHMELZER E., KRZYMOWSKA M., HENNIG J.

Annexin 5 affects reproductive development in *Arabidopsis*.

8th Conference of the Polish Society of Experimental Plant Biology. Communication in Plants: from Cell to Environment, Białystok, Poland, 12-15 September 2017

Book of Abstracts P1.12 p.87

4225/A

SOBIESZCZUK-NOWICKA E., KUBALA S., ŻMIENKO A., MAŁECKA A., LEGOCKA J.

Polyamines in dark-induced leaf senescence.

8th Conference of the Polish Society of Experimental Plant Biology. Communication in Plants: from Cell to Environment, Białystok, Poland, 12-15 September 2017

Book of Abstracts P1.19 p.94

4226/A

KULIK A., MAZUR R., SZTATELMAN O., GARSTKA M., DOBROWOLSKA G.

The SnRK2.10 kinase positively regulates resistance of *Arabidopsis thaliana* to drought and salt stress.

8th Conference of the Polish Society of Experimental Plant Biology. Communication in Plants: from Cell to Environment, Białystok, Poland, 12-15 September 2017

Book of Abstracts P3.31 p.133

4227/A

MASZKOWSKA J., KULIK A., DĘBSKI J., KISTOWSKI M., KLIMECKA M., BUCHOLC M., DADLEZ M., DOBROWOLSKA G.

Phosphorylation of dehydrins by SnRK2s regulates their interactions with phospholipids and subcellular localization. 8th Conference of the Polish Society of Experimental Plant Biology. Communication in Plants: from Cell to Environment, Białystok, Poland, 12-15 September 2017

Book of Abstracts P3.39 p.141

4228/A

SZTATELMAN O., KULIK A., DOBROWOLSKA G.

The effect of light on the activity of group I SNF1-related kinases 2.

8th Conference of the Polish Society of Experimental Plant Biology. Communication in Plants: from Cell to Environment, Białystok, Poland, 12-15 September 2017

Book of Abstracts P3.58 p.160

4229/A

KAMROWSKA D., ZEMBEK P., PAWŁOWSKI K., LICHOCKA M., HENNIG J., KRZYMOWSKA M.

Studies on HopBF1, a novel type three secretion effector from *Pseudomonas syringae*, that displays kinase activity.

8th Conference of the Polish Society of Experimental Plant Biology. Communication in Plants: from Cell to Environment, Białystok, Poland, 12-15 September 2017

Book of Abstracts P4.6 p.177

4230/A

KWIATKOWSKI JAKUB RYMASZEWSKI W., GISKA F., PIECHOCKI M., HOSER R., HENNIG J., KRZYMOWSKA M.

Investigation of molecular targets of *Pseudomonas syringae* HopQ1 effector.

8th Conference of the Polish Society of Experimental Plant Biology. Communication in Plants: from Cell to Environment, Białystok, Poland, 12-15 September 2017

Book of Abstracts P4.10 p.181

4231/A

ĆWIEK P., SARNOWSKA E., SIEDLECKI P., ARAÚJO W.L., TOHGE T., MAASSEN A., STECIUK J., 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.

8th Conference of the Polish Society of Experimental Plant Biology. Communication in Plants: from Cell to Environment, Białystok, Poland, 12-15 September 2017

Book of Abstracts P5.2 p.197

4232/A

KONDRAK P., SARNOWSKI T.J.

Identification on of interdependences between the ATP – dependent SWI/SNF-type chromatin remodeling complex and BRCA1 in *Arabidopsis thaliana*.

8th Conference of the Polish Society of Experimental Plant Biology. Communication in Plants: from Cell to Environment, Białystok, Poland, 12-15 September 2017

Book of Abstracts P5.6 p.201

4233/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*.

8th Conference of the Polish Society of Experimental Plant Biology. Communication in Plants: from Cell to Environment, Białystok, Poland, 12-15 September 2017

Book of Abstracts P5.7 p.202

4234/A

SACHAROWSKI S. P., KOGUT K., MAASSEN A., KONDRAK P., SARNOWSKA E., GRATKOWSKA D. M., KUBALA S., ARAÚJO W. L., TOHGE T., FERNIE A. R., KONCZ C., SARNOWSKI T. J.

The role of SWI/SNF-type chromatin remodeling complex in maintaining the energy homeostasis in *Arabidopsis thaliana* plants.

8th Conference of the Polish Society of Experimental Plant Biology. Communication in Plants: from Cell to Environment, Białystok, Poland, 12-15 September 2017

Book of Abstracts P5.9 p.204

4235/A

SARNOWSKA E., ĆWIEK P., SACHAROWSKI S. P., KUBALA S., STECIUK J., ZUGAJ D., MACECH-KLICKA E., HUETTEL B., CIEŚLA MONIKA KOGUT K., MAASSEN A., KONDRAK P., JANCEWICZ I., ROLICKA A. T., BUCIOR E., FRANZEN R., KLEPACZ A., DOMAGALSKA M., AMAR S., SIEDLECKI J. A., DAVIS S. J., SARNOWSKI T. J.

Nuclear function of *Arabidopsis* RCF family leucine-rich repeat receptor like kinases (LLR-RLKs).

8th Conference of the Polish Society of Experimental Plant Biology. Communication in Plants: from Cell to Environment, Białystok, Poland, 12-15 September 2017

Book of Abstracts P5.12 p.207

4236/A

RACHOWKA J., KONOPKA-POSTUPOLSKA D.

AtAnn1 in ROS metabolism.

8th Conference of the Polish Society of Experimental Plant Biology. Communication in Plants: from Cell to Environment, Białystok, Poland, 12-15 September 2017

Book of Abstracts P6.7 p.215

4237/A

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

Poa annua invasion on King George Island - one of the consequences of climate change in the Antarctic? International Conference: Impact of Climate Change on the Ranges of Species and Species Composition of Plant Communities, Chęciny, 24-26 January 2017

Abstracts BS

4238/A

CHWEDORZEWSKA K. J., ZNÓJ A.

Invasive alien species in polar regions.

Science in the Service of Nature - Focus on the Conservation Genetics and Combating Invasive Alien Species, Szczecin, 25-26 September 2017

Abstracts BS

4239/A

RODZEWICZ M., ZMARZ A., GŁOWACKI D., HAJDUK J., KORCZAK-ABSHIRE M., CHWEDORZEWSKA K. J., KIDAWA A.

Aerial monitoring and surveillance of polar areas - the MONICA project issue.

7th EASN International Conference on Innovation in European Aeronautics Research, Warsaw, Poland, 26-29 September 2017

Abstracts BS

4240/A

DĄBSKI M., ZMARZ A., PABJANEK P., KORCZAK-ABSHIRE M., KARSZNIA I., CHWEDORZEWSKA K. J.

Wykorzystanie bezzałogowego samolotu (UAV) do kartowania form peryglacjalnych na przykładzie Półwyspu Demay (Wyspa Króla Jerzego, Szetlandy Południowe).

XI Zjazd Geomorfologów Polskich, Warszawa, 13-15 września 2017

Abstracts BS

4241/A

ZMARZ A., RODZEWICZ M., KORCZAK-ABSHIRE M., CHWEDORZEWSKA K. J., DĄBSKI M., KARSZNIA I.

UAV Based Survey of the West Antarctic Environment.

UAS₄Enviro2017. Small Unmanned Aerial Systems for Environmental Research 5th Edition, Vila Real, Portugal, 28-30 June 2017

Abstract BS

4242/A

ZIĘCINA M., KRASZEWSKA E.

Nudix hydrolase PA5176 is linked to rhamnolipids production in *Pseudomonas aeruginosa*.

16th International Conference on Pseudomonas, Liverpool, England, 5-6 September 2017

Poster Abstract Book P42, p.43

4243/A

ZIĘCINA M., KRASZEWSKA E.

Nudix hydrolase PA5176 is linked to rhamnolipids production in *Pseudomonas aeruginosa*.

4th Workshop on Microbiology in Health Care and Environmental Protection MIKROBIOT 2017, Łódź, Poland, 19-21 September 2017

Advances in Microbiology (2017) 56(suppl 1) III 03, p.63

4244/A

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

The presence of extrachromosomal genes in the *Lactococcus lactis* IL594 strain determines significant adaptative and industrial potential of the strain.

4th Workshop on Microbiology in Health Care and Environmental Protection MIKROBIOT 2017, Łódź, Poland, 19-21 September 2017

Advances in Microbiology (2017) 56 (suppl 1) IV-O 6 p.84-85

4245/A

BORECZEK J., GAWOR J., IZAK D., BARDOWSKI J. K., GROMADKA R., KOWALCZYK M.

Bacterial diversity of traditional sourdough made from the wheat, spelt and rye wholemeal flour determined by culture-independent approach.

7th Congress of European Microbiologists FEMS, Valencia, Spain, 9-13 July 2017

Abstract Book FEMS7-2478

4246/A

KOWALCZYK M., BORECZEK J., ŻYLIŃSKA J., WOJTACHNIO K., GAWOR J., IZAK D., GROMADKA R., BARDOWSKI J. K.

Analiza bioróżnorodności w spontanicznych zakwasach piekarskich na bazie mąk razowych, żytnich i pszennych.

XLIII Sesja Naukowa Komitetu Nauk o Żywności i Żywieniu PAN: Żywność dla Przyszłości, Wrocław, 4-5 lipca 2017

Materiały konferencji naukowej str. 46

4247/A

BORECZEK J., ŻYLIŃSKA J., GAWOR J., IZAK D., BARDOWSKI J. K., GROMADKA R., KOWALCZYK M.

Identyfikacja różnorodności bakterii w spontanicznych zakwasach piekarskich na bazie mąk razowych, żytnich i pszennych.

XLIII Sesja Naukowa Komitetu Nauk o Żywności i Żywieniu PAN: Żywność dla Przyszłości, Wrocław, 4-5 lipca 2017

Materiały konferencji naukowej str. 185

4248/A

ŻYLIŃSKA J., BORECZEK J., GAWOR J., IZAK D., BARDOWSKI J. K., GROMADKA R., KOWALCZYK M.

Identyfikacja różnorodnych grzybów w spontanicznych zakwasach piekarskich na bazie mąk razowych, żytnich i pszennych.

XLIII Sesja Naukowa Komitetu Nauk o Żywności i Żywieniu PAN: Żywność dla Przyszłości, Wrocław, 4-5 lipca 2017

Materialy konferencji naukowej str. 203

4249/A

BORSUK E. M., WILIŃSKA A., CIEPIELAK M., TUDEK B., SPEINA E.

Lipid peroxidation can influence the phenotype of Fanconi anemia cells through direct inhibition of DNA damage signaling proteins.

6th US-EU Conference on Repair of Endogenous DNA Damage, Udine, Italy, 24-28 September 2017

Abstracts P1 p.25

4250/A

GHAHE S. S., KOPANIA K., MIELECKI D., TUDEK B.

Regulatory role of DNA repair proteins APE1, OGG1 in cell proliferation and apoptosis.

6th US-EU Conference on Repair of Endogenous DNA Damage, Udine, Italy, 24-28 September 2017

Abstracts P9 p.27

4251/A

PROROK P., BACONNAIS S., TAIPAKOVA S., AKISHEV Z., BISSENBAEV A. K., ISHCENKO A. A., LE CANN M., TUDEK B., SAPARBAEV M. K.

The role of human DNA repair protein APE1/Ref-1 in transcriptional regulation of genes involved in cancer development.

6th US-EU Conference on Repair of Endogenous DNA Damage, Udine, Italy, 24-28 September 2017

Abstracts P39 p.35

4252/A

CZERWIŃSKA J., ZARAKOWSKA E., TUPALSKA A., NIEDERNHOFER L., FOKSINSKI M., GACKOWSKI D., STARCZAK M., OLIŃSKI R., TUDEK B.

Epigenetic DNA modifications mark senescent cells in the wild-type and ERCC11-deficient cells/mouse tissue.

6th US-EU Conference on Repair of Endogenous DNA Damage, Udine, Italy, 24-28 September 2017

Abstracts P44 p. 36

4253/A

KOSICKI K., SHAHMORADI S., BAK M., FOGTMAN A., IWANICKA-NOWICKA R., KOBLOWSKA M. K., TUDEK B.

DNA damage response genes offer possible target for the therapy of cancer cells resistant to photodynamic therapy (PDT).

6th US-EU Conference on Repair of Endogenous DNA Damage, Udine, Italy, 24-28 September 2017

Abstracts P83 p.47

4254/A

KACZANOWSKI S., TUPALSKA AGNIESZKA TUDEK B., SZCZĘSNY R. J., SPEINA E.

Experimental evolution of "selfish" cancer cells.

Polish Evolutionary Conference, Toruń, 25-27 September 2017

Program and Abstract Book P-13 p.38

4255/A

MILINEVSKY G., DYKYY I., WATTERS G., HINKE J., SANTOS M., KORCZAK-ABSHIRE M., SOUTHWELL C., EMMERSON L., LYTVYNOV V., KHOETSKY P., VESELSKY M., UTEVSKY A., SHMYROV D., TELIPSKA M., PARNIKOZA I., LUTSENKO D., SAVITSKY O., GRYTSAI Z., SIMON A.
The CEMP camera/transmitter network for ecosystem study in Antarctica.

VIII International Antarctic Conference dedicated to the 25th anniversary of Ukraine's accession to the Antarctic Treaty, Kiev, Ukraine, 16-18 May 2017

Abstracts UDC 598.231 p.75

4256/A

BORECZEK J., GAWOR J., IZAK D., BARDOWSKI J. K., GROMADKA R., KOWALCZYK M.
Fungal diversity of traditional sourdough made from the wheat, spelt and rye wholemeal flour determined by culture-independent approach.

14th Symposium on Bacterial Genetics and Ecology: "Talking with the Neighbours", Aberdeen, Scotland, 4-8 June 2017

Programme P 113 p.124

4257/A

CIOK A., BUDZIK K., DECEWICZ P., GAWOR J., GRZESIAK J., ZDANOWSKI M. K., BARTOSIK D., DZIEWIT Ł.

Adaptive features provided by plasmids of arctic and antarctic *polaromonas* SPP.

14th Symposium on Bacterial Genetics and Ecology: "Talking with the Neighbours", Aberdeen, Scotland, 4-8 June 2017

Programme P 26 p.80

4258/A

BORECZEK J., ŻYLIŃSKA J., GAWOR J., DARIUSZ I., GROMADKA R., BARDOWSKI J. K., KOWALCZYK M.

Biodiversity of spontaneous sourdoughs made from the wheat, spelt and rye wholemeal flour.

12th International Symposium on Lactic Acid Bacteria, Egmond aan Zee, the Netherlands, 27-31 August 2017

Abstract Book AO40 p.31

4259/A

SKORUPIŃSKA-TUDEK K., PIECHOTA B., ZAREMBA A., BRETNER M., ŚWIEŻEWSKA E., CHOJNACKI T.

Polyisoprenoids in parental and hybrid species of *Sorbus*.

ICPM & PCWB & TERPNET, Dalian, China, 16-20 July 2017

Abstracts BS

4260/A

GAWARECKA K., JÓŹWIAK A., LIPKO A., MYRCHA M., SAGAMI H., OHYA N., SIWIŃSKA J., KORTE A., POZNAŃSKI J., SUROWIECKI P., SURMACZ L., IHNATOWICZ A., ŚWIEŻEWSKA E.
Complex profile of polyisoprenoids in *Arabidopsis* – structural and biochemical study.

ICPM & PCWB & TERPNET, Dalian, China, 16-20 July 2017

Abstracts BS

4261/A

SURMACZ L., SUROWIECKI P., SIEKIERSKA H., VAN GELDER K., REA K. A., VIRTÀ L. K. A., VATTÀ M., GAWARECKA K., WÓJCIK J., ŚWIEŻEWSKA E., AKHTAR T.A.

A bacterial-like plastidial polyprenols play important role in photosynthetic performance in *Arabidopsis thaliana*.

ICPM & PCWB & TERPNET, Dalian, China, 16-20 July 2017

Abstracts BS

4262/A

LIPKO A., ROHMER M., KANIA M., DANIKIEWICZ W., ŚWIEŻEWSKA E.

In planta metabolic labeling reveals contribution of the MVA and MEP pathway to the biosynthesis of polyisoprenoid alcohols in *A. thaliana*.

ICPM & PCWB & TERPNET, Dalian, China, 16-20 July 2017

Abstracts BS

4263/A

SUROWIECKI P., ŚWIEŻEWSKA E., SURMACZ L.

Involvement of LEW1 in regulation *Arabidopsis* CPTs during polyisoprenoid biosynthesis.

ICPM & PCWB & TERPNET, Dalian, China, 16-20 July 2017

Abstracts BS

4264/A

OWSIAN D., GRUCHOTA J., ARNAIZ O., SPERLING L., NOWAK J. K.

Contribution of Spt4 elongation factor to the regulation of sexual cycle in *Paramecium tetraurelia*.

Paramecium [epi]Genome Organization, Dynamics and Evolution, Nohfelden, Germany, 3-6 October 2017

Abstracts Book p.26

4265/A

GRUCHOTA J., MALISZEWSKA-OLEJNICZAK K., OWSIAN D., NOWAK J. K.

The composition of the RNA polymerase II elongation complex influences developmentally-specific non-coding RNA transcripts in *Paramecium tetraurelia*.

Paramecium [epi]Genome Organization, Dynamics and Evolution, Nohfelden, Germany, 3-6 October 2017

Abstracts Book p.51

4266/A

KORCZAK-ABSHIRE M., ZMARZ A., RODZEWICZ M., KARSZNIA I., KYCKO M.,

CHWEDORZEWSKA K. J.

Badania antarktycznych krylozależnych gatunków wskaźnikowych z wykorzystaniem metod teledetekcji.

I Konferencja Naukowa Polskich Badaczy Morza: Stan i Trendy Zmian w Morzach i Oceanach, Sopot, 19-20 października 2017

Książka abstraktów P.28

4267/A

DRABIŃSKA J., KRASZEWSKA E.

Is PA4841 Nudix hydrolase of *P.aeruginosa* important for the bacterial cell?

VII International Conference on Environmental, Industrial and Applied Microbiology, Madrid, Spain, 18-20 October 2017

Book of Abstracts p.326

4268/A

HRYNIEWIECKA E., ZEGARSKA J., ŻOCHOWSKA D., SAMBOROWSKA E., JAŻWIEC R.,

BOROWIEC A., KOSIERADZKI M., NAZAREWSKI S., DADLEZ M., PĄCZEK L.

Kidney graft function and survival are not associated with parameters of blood concentrations of tacrolimus metabolites MI and MIII.

18th Congress of the European Society for Organ Transplantation, Barcelona, Spain, 24-27 September 2017

Transplant International (2017) 30(suppl. 2) PLB104 p.563

4269/A

SARNOWSKA E., RUSETSKA N., SZYMAŃSKI M., JANCEWICZ I., CHMIELARCZYK M.,

KONOPIŃSKI R., LESZCZYŃSKI M., CHRZAN A., LIGAJ M., MAASSEN A., SARNOWSKI T. J.,

SIEDLECKI J. A.

Downregulation of BRCA1 protein in clear cell renal cellular carcinoma.

42nd ESMO Congress, Madrid, Spain, 8-12 September 2017

Annals of Oncology (2017) 25 (suppl. 5) 1720P p.601

4270/A

SZYMAŃSKI M., SARNOWSKA E., ORNOCH A., RUSETSKA N., ABRAMOWICZ S., CHRZAN A., LIGAJ M., MAASSEN A., SIEDLECKI J. A., SARNOWSKI T. J.

Loss of SWI/SNF chromatin remodelling complex is linked to advanced urinary bladder cancer.

42nd ESMO Congress, Madrid, Spain, 8-12 September 2017

Annals of Oncology (2017) 25 (suppl. 5) 1722P p.602

4271/A

SZUTKOWSKI K., PRZYSIECKA Ł., BAKANOVYCH I., JURGA S., SIKORSKA E., ZHUKOV I.

Cyclic iRGD cell-penetrating peptide: structural and cytotoxicity studies.

24th Polish Peptide Symposium, Jastrzębia Góra, Poland, 3-7 September 2017

Abstracts Book P102 p.158

4272/A

PŁONKA D., BAL W.

Model peptide of hepcidin is the strongest N-terminal Cu(II) binding site discovered so far.

24th Polish Peptide Symposium, Jastrzębia Góra, Poland, 3-7 September 2017

Abstracts Book P65 p.121

4273/A

BONNA A., FATALSKA A., PARACUELLOS P., ERHARD H., DADLEZ M., FARNDAL R. W.

HDX-MS studies of dynamic aspects of chondroadherin protein during the interaction with collagen-like-peptide.

24th Polish Peptide Symposium, Jastrzębia Góra, Poland, 3-7 September 2017

Abstracts Book OP24 p.47

4274/A

BAL W., BONNA A., BOSSAK K., DREW S.C., HAAS K. M., KOTUNIAK R., MITAL M., PŁONKA D., POZNAŃSKI J., PUSHIE J. M.

Xaa-His peptides – candidate cupric chaperones and metallo hormones.

24th Polish Peptide Symposium, Jastrzębia Góra, Poland, 3-7 September 2017

Abstracts Book OP16 p.39

4275/A

KOZAK M., GIELNIK M., TAUBE M., ZHUKOV I.

Low-resolution structure in solution of human prion protein PrP and the peptide designed on the N-terminal fragment of PrP protein.

24th Polish Peptide Symposium, Jastrzębia Góra, Poland, 3-7 September 2017

Abstracts Book L9 p.22

4276/A

JEDYNAK M., DOLEGA P., PODSIADŁA-BIAŁOSKÓRSKA M., CHROBOCZEK J., SZOŁAJSKA E.

Application of Adenovirus dodecahedron delivery vector as a new approach in overcoming drug resistance.

6th Central European Congress of Life Sciences EUROBIOTECH, Kraków, Poland, 11-14 September 2017

Programme and Abstracts Book P15&18.3 p.174

4277/A

BAL W., BONNA A., BOSSAK K., DREW S. C., HAAS K. M., KOTUNIAK R., MITAL M., PŁONKA D., POZNAŃSKI J., PUSHIE J. M.

Xaa-His peptides – candidate cupric chaperones and metallo hormones.

14th International Symposium on Applied Bioinorganic Chemistry, Toulouse, France, 7-10 June, 2017

Conference Book p.116

4278/A

CIACH M., MUSZEWSKA A., GÓRECKI P.

Detecting locus acquisition events in gene trees.

17th International Workshop on Algorithms in Bioinformatics WABI, Boston, USA, 21-23 August 2017

Leibniz International Proceedings in Informatics, LIPIcs (2017) 88: 5

4279/A

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

Evaluation of adenoviral dodecahedron *in vivo* tropism.

ICONAN - International Conference of Nanomedicine and Nanobiotechnology, Barcelona, Spain,

25-27 September 2017

Book of Abstracts p.150

4280/A

LEŚNIEWSKA E., BOGUTA M.

Stress conditions result in down-regulation of RNA polymerase III activity and degradation of its largest subunit by ubiquitine/proteasome system.

42nd FEBS Congress: From Molecules to Cells and Back, Jerusalem, Israel, 10-14 September 2017

FEBS Journal (2017) 284 (suppl.1) p.300

4281/A

ŁUKASIK A., BRZOZOWSKA I., ZIELENKIEWICZ U., ZIELENKIEWICZ P.

Evaluation of plant miRNAs abundance in human breast milk.

42nd FEBS Congress: From Molecules to Cells and Back, Jerusalem, Israel, 10-14 September 2017

FEBS Journal (2017) 284 (suppl.1) p.172-173

4282/A

CIEŚLA M., SKOWRONEK E., KĘPKA M., BOGUTA M.

A subunit of transcription factor TFIIC is controlled by PKA signaling pathway and thereby mediates regulation of RNA polymerase III transcription by carbon source.

42nd FEBS Congress: From Molecules to Cells and Back, Jerusalem, Israel, 10-14 September 2017

FEBS Journal (2017) 284 (suppl.1) p.207

4283/A

FRICKE T., TAMULAITIS G., SMALAKYTE D., PASTOR M., KOLANO A., SIKSNYS V., BOCHTLER M.

Gene targeting in zebrafish.

42nd FEBS Congress: From Molecules to Cells and Back, Jerusalem, Israel, 10-14 September 2017

FEBS Journal (2017) 284 (suppl.1) p.24

4284/A

ŻOŁĄDEK T., RZEPNIKOWSKA W., FLIS K., KAMIŃSKA J., GRYNBERG M., URBANEK A., AYSCOUGH K.

Amino acid substitution equivalent to human chorea-acanthocytosis I2771R in yeast Vps13 protein affects its binding to phosphatidylinositol 3-phosphate.

42nd FEBS Congress: From Molecules to Cells and Back, Jerusalem, Israel, 10-14 September 2017

FEBS Journal (2017) 284 (suppl.1) p.181

4285/A

GARBICZ D., MIELECKI D., PILŹYS T., MARCINKOWSKI M., DĘBSKI J., KRAWCZYK H., GRZESIUK E.

Evaluation of anti-cancer activity of new stilbene and methoxydibenzo[b, f]oxepin derivatives.

42nd FEBS Congress: From Molecules to Cells and Back, Jerusalem, Israel, 10-14 September 2017

FEBS Journal (2017) 284 (suppl.1) p.288

4286/A

PIASECKA A., CZAPIŃSKA H., SZCZEPANOWSKI R. H., VIELBERG M., REINER K., SCHMIDT M., REED S. H., GROLL M., BOCHTLER M.

Structural characterisation of a proteasome-like protein Anbu.

42nd FEBS Congress: From Molecules to Cells and Back, Jerusalem, Israel, 10-14 September 2017

FEBS Journal (2017) 284 (suppl.1) p.90-91

4287/A

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

Composition of recombinant *Lactococcus* bacteria ameliorate the symptoms of multiple sclerosis animal model.

22nd International Conference: Functional Foods and Chronic Diseases: Science and Practice, Boston, USA, 22-23 September 2017

Functional Foods and Chronic Diseases 2017, vol. 22. Ed. Martirosyan D.M., Zhou J.R. ISBN 978-1976154966

4288/A

ANTONIUK-MAJCHRZAK J., KRÓL K., SKONECZNY M., KURLANDZKA A., SKONECZNA A.

Saccharomyces cerevisiae cells lacking SWI6 gene are genetically unstable.

28th International Conference on Yeast Genetics and Molecular Biology, Prague, Czech Republic, 27 August - 1 September 2017

Book of Abstracts PS7-2 p.179-180

4289/A

SKONECZNA A., KRÓL K., SKONECZNY M., KAMIŃSKA J., KURLANDZKA A.

Uncovering Las17 secret service in nucleolus.

28th International Conference on Yeast Genetics and Molecular Biology, Prague, Czech Republic, 27 August - 1 September 2017

Book of Abstracts PS12-10 p.239-240, W7-8 P.83

4290/A

SOCZEWKA P., GRABIEC M., KAMIŃSKA J., ŻOŁĄDEK T.

RCN2 encoding the calcineurin regulator is a suppressor of vps13 mutations in yeast *Chorea-acanthocytosis* model.

28th International Conference on Yeast Genetics and Molecular Biology, Prague, Czech Republic, 27 August - 1 September 2017

Book of Abstracts PS12-5 p.235-236

4291/A

ŻOŁĄDEK T., RZEPNIKOWSKA W., FLIS K., KAMIŃSKA J., GRYNBERG M., URBANEK A., AYSCOUGH K.

Amino acid substitution equivalent to human chorea-acanthocytosis I2771R in yeast Vps13 protein affects its binding to phosphatidylinositol 3-phosphate.

28th International Conference on Yeast Genetics and Molecular Biology, Prague, Czech Republic, 27 August - 1 September 2017

Book of Abstracts PS12-2 p.233, W7-7 P.82-83

4292/A

SKONECZNY M., NATKAŃSKA U., SKONECZNA A.

Multiple stress-protection functions of DJ-1/ThiJ/PfpI family proteins: lessons from *Saccharomyces cerevisiae*.

28th International Conference on Yeast Genetics and Molecular Biology, Prague, Czech Republic, 27 August - 1 September 2017

Book of Abstracts PS11-5 p.226-227

4293/A

RYMER Ł., KEMPIŃSKI B., CHEŁSTOWSKA A., SKONECZNY M.

Peroxisomal import of *Saccharomyces cerevisiae* proteins Fox2p and Cta1p is not absolutely dependent on their PTS1 signal.

28th International Conference on Yeast Genetics and Molecular Biology, Prague, Czech Republic, 27 August - 1 September 2017

Book of Abstracts PS1-12 p.104-105

4294/A

KOTUNIAK R., BONNA A., BOSSAK K., PŁONKA D., SUSKI-GRABOWSKI C., BAL W.

The α -factor peptide of high and stable activity *via* improved synthesis and purification.

28th International Conference on Yeast Genetics and Molecular Biology, Prague, Czech Republic, 27 August - 1 September 2017

Book of Abstracts PS14-21 p.269

4295/A

ŻOŁĄDEK T.

Modelling of human Chorea-Acanthocytosis I2771R mutation in yeast Vps13 protein.

International Conference: Microbiology in the new Millennium: from Molecules to Communities, Kalkota, India, 27-29 October 2017

Proceedings p.46

4296/A

TARNOWSKI L., COLLADOS-RODRIGUEZ M., BRZYWCZY J., SIENKO M., NIEMIRO A., WAWRZYŃSKA A., SIRKO A.

Role of autophagy during sulfur limitation.

25th International Symposium of the Scientific Centre for Fertilizers: Significance of Sulfur in High-Input Cropping Systems, Groningen, The Netherlands, 5-8 September 2017

Abstracts p.44

4297/A

BARDOWSKI J. K.

Aktywne opakowania żywności - spojrzenie mikrobiologa.

Konferencja Zarządzanie Bezpieczeństwem i Jakością Żywności-9: Bezpieczne Opakowania dla Żywności, Zakopane, 15-17 październik 2017

Materiały konferencyjne str. 37-40

4298/A

FATAŁSKA A., DADLEZ M.

Studies of pro-centriole complex structure and dynamics using hydrogen-deuterium exchange monitored by mass spectrometry (HDX-MS).

Structural Mass Spectrometry Workshop, Rehovot, Israel, 3-8 May 2017

Abstracts BS

4299/A

DADLEZ M., KAUS-DROBEK M., WYSŁOUCH-CIESZYŃSKA A., PREMCHANDAR A., MÜCKE N., WEDIG T., HERRMANN H.

Monitoring of the filament assembly/disassembly processes of vimentin and its variants by HDex analysis targeted to three crucial protein regions.

1st International Conference on Hydrogen Deuterium Exchange Mass Spectrometry, Gothenburg, Sweden, 16-17 May 2017

Abstracts Book Poster 7, p.32

4300/A

PRZYGOŃSKA K., ZHUKOVA L., MISTARZ U.H., RAND K.D., DADLEZ M.

Gas-phase H/D exchange monitored by MS reveals a dense network of side-chain interactions stabilizing oligomers of Alzheimer's diseases Abeta peptide.

1st International Conference on Hydrogen Deuterium Exchange Mass Spectrometry, Gothenburg, Sweden, 16-17 May 2017

Abstracts Book Poster 8, p.33

4301/A

PREMCHANDAR A., MÜCKE N., WEDIG T., KAUS-DROBEK M., HERRMANN H., DADLEZ M.

Structural dynamics of the vimentin coiled-coil regions involved in filament assembly using hydrogen-deuterium exchange mass spectrometry.

1st International Conference on Hydrogen Deuterium Exchange Mass Spectrometry, Gothenburg, Sweden, 16-17 May 2017

Abstracts Book Poster 9, p.33-34

4302/A

FATALSKA A., GLOVER D.M., DADLEZ M.

Studies of pro-centriole complex structure and dynamics using hydrogen-deuterium exchange monitored by mass spectrometry (HDX-MS).

1st International Conference on Hydrogen Deuterium Exchange Mass Spectrometry, Gothenburg, Sweden, 16-17 May 2017

Abstracts Book Poster 26, p.44-45

4303/A

KULMA M., KACPRZYK-STOKOWIEC A., KWIATKOWSKA K., TRACZYK G., DADLEZ M.

Application of hydrogen-deuterium exchange mass spectrometry for the characterization of conformational dynamics in pefringolysin 0 at pre-pore state.

1st International Conference on Hydrogen Deuterium Exchange Mass Spectrometry, Gothenburg, Sweden, 16-17 May 2017

Abstracts Book Poster 32, p.48

4304/A

ANTONIUK-MAJCHRZAK J., KRÓL K., SKONECZNY M., KURLANDZKA A., SKONECZNA A.

Saccharomyces cerevisiae cells lacking *SWI6* gene are genetically unstable.

8th Central European Genome Stability Meeting, Budapest, Hungary, 29-30 September 2017

Abstracts, Poster

4305/A

SKONECZNA A., KRÓL K., SKONECZNY M., KAMIŃSKA J., KURLANDZKA A.

Uncovering Las17 secret service in nucleolus.

8th Central European Genome Stability Meeting, Budapest, Hungary, 29-30 September 2017

Abstracts, Poster

4306/A

SZIŁO J., BIALIK R.

The impact of the recession of glaciers on the relief and hydrological conditions on the western shore of Admiralty Bay (King George Island, Antarctica).

International Conference "Interdisciplinary Polar Studies in Poland" to Honor 60th Anniversary of the Polish Polar Station in Hornsund, Svalbard, Arctic and the 40th Anniversary of the Arctowski Polish Antarctic Station, South Shetland Islands, Warsaw, Poland, 17-19 November 2017

Book of Abstracts, Oral Presentation p.50

4307/A

SZOPÍŃSKA M., SZUMÍŃSKA D., BIALIK R., POTAPOWICZ J., POLKOWSKA Ź.

Markers of anthropogenic activities in fresh waters at periglacial environments (western shore of Admiralty Bay, King George Island, Antarctica).

International Conference “Interdisciplinary Polar Studies in Poland” to Honor 60th Anniversary of the Polish Polar Station in Hornsund, Svalbard, Arctic and the 40th Anniversary of the Arctowski Polish Antarctic Station, South Shetland Islands, Warsaw, Poland, 17-19 November 2017

Book of Abstracts Poster Presentation p.58

4308/A

ZWOLIŃSKI Z., BIALIK R., IGNATIUK D., JANIK K., KOCIUBA W., KOSEK K., KOSTRZEWSKI A., KOZAK K., KOZIOŁ K., KRAWCZYK W., LEHMANN-KONERA S., MAJCHROWSKA E., MARCINIĄK M., MAZUREK M., NAWROT A., PIECHOTA A., POLKOWSKA Ź., RACHLEWICZ G., RUMAN M., RYMER K., SITEK S., SOBOTA I., STACHNIK L., STACHNIAK K., SZOPÍŃSKA M., SZPIKOWSKA G., SZPIKOWSKI J., SZUMÍŃSKA D., SZYMCZAK E.

Differentiation and variability of fluvial transport in polish polar catchments in the age of changing climate.

International Conference “Interdisciplinary Polar Studies in Poland” to Honor 60th Anniversary of the Polish Polar Station in Hornsund, Svalbard, Arctic and the 40th Anniversary of the Arctowski Polish Antarctic Station, South Shetland Islands, Warsaw, Poland, 17-19 November 2017

Book of Abstracts, Poster Presentation, p.59-60

4309/A

ZNÓJ A., CHWEDORZEWSKA K. J., GRZESIAK J.

Rhizosphere microbiota of invasive and native flowering plants in Antarctica.

International Conference “Interdisciplinary Polar Studies in Poland” to Honor 60th Anniversary of the Polish Polar Station in Hornsund, Svalbard, Arctic and the 40th Anniversary of the Arctowski Polish Antarctic Station, South Shetland Islands, Warsaw, Poland, 17-19 November 2017

Book of Abstracts, Poster Presentation p.66

4310/A

ŁOBODA A. M., BIALIK R. J.

Can biomechanical properties affect plant adaptation for expansion and survival in polar areas?

International Conference “Interdisciplinary Polar Studies in Poland” to Honor 60th Anniversary of the Polish Polar Station in Hornsund, Svalbard, Arctic and the 40th Anniversary of the Arctowski Polish Antarctic Station, South Shetland Islands, Warsaw, Poland, 17-19 November 2017

Book of Abstracts, Poster Presentation, p.67

4311/A

ZMARZ A., RODZEWICZ M., STORVOLD R., KARLSEN S. R., KORCZAK-ABSHIRE M., KIDAWA A., DĄBSKI M., KARSZNIA I., KYCKO M., PABJANEK P., TOMASZEWSKI A., CHWEDORZEWSKA K. J. MONICA project 2014-2016 – UAV monitoring missions in Antarctica.

International Conference “Interdisciplinary Polar Studies in Poland” to Honor 60th Anniversary of the Polish Polar Station in Hornsund, Svalbard, Arctic and the 40th Anniversary of the Arctowski Polish Antarctic Station, South Shetland Islands, Warsaw, Poland, 17-19 November 2017

Book of Abstracts, Poster Presentation, p.69

4312/A

GIEŁWANOWSKA I., GÓRNIĄK D., ZNÓJ A., CHWEDORZEWSKA K. J.

Poa annua L. – most successful polar invader, new locality in Svalbard (arctic).

International Conference “Interdisciplinary Polar Studies in Poland” to Honor 60th Anniversary of the Polish Polar Station in Hornsund, Svalbard, Arctic and the 40th Anniversary of the Arctowski Polish Antarctic Station, South Shetland Islands, Warsaw, Poland, 17-19 November 2017

Book of Abstracts, Poster Presentation, p.72

4313/A

GRZESIAK J., ZDANOWSKI M.K.

40 years of microbiological investigations at the Arctowski Polish Antarctic Station.

International Conference "Interdisciplinary Polar Studies in Poland" to Honor 60th Anniversary of the Polish Polar Station in Hornsund, Svalbard, Arctic and the 40th Anniversary of the Arctowski Polish Antarctic Station, South Shetland Islands, Warsaw, Poland, 17-19 November 2017

Book of Abstracts, Poster Presentation, p.78

4314/A

ANDROSIUK P., JASTRZEBSKI J.P., PAUKSZTO Ł., OKORSKI A., PSZCZÓŁKOWSKA A.,
CHWEDORZEWSKA K. J., KOC J., GIEŁWANOWSKA I., GÓRECKI R. J.

Characterization of the complete chloroplast genome of *Colobanthus Apetalus* (Labill.) druce and comparisons with related species.

International Conference "Interdisciplinary Polar Studies in Poland" to Honor 60th Anniversary of the Polish Polar Station in Hornsund, Svalbard, Arctic and the 40th Anniversary of the Arctowski Polish Antarctic Station, South Shetland Islands, Warsaw, Poland, 17-19 November 2017

Book of Abstracts, Oral Presentation, p.101

4315/A

PLENZLER J., BIALIK R. J.

Environmental monitoring programme at Polish Antarctic Station „Arctowski”, King George Island, South Shetland, Antarctica.

International Conference "Interdisciplinary Polar Studies in Poland" to Honor 60th Anniversary of the Polish Polar Station in Hornsund, Svalbard, Arctic and the 40th Anniversary of the Arctowski Polish Antarctic Station, South Shetland Islands, Warsaw, Poland, 17-19 November 2017

Book of Abstracts, Poster Presentation, p.103

4316/A

SZUMIŃSKA D., SZOPIŃSKA M., BIALIK R., POLKOWSKA Ż., CHMIEL S.

Fresh water chemistry in the newly-formed periglacial environment at the western shore of Admiralty Bay (King George Island, maritime Antarctica).

International Conference "Interdisciplinary Polar Studies in Poland" to Honor 60th Anniversary of the Polish Polar Station in Hornsund, Svalbard, Arctic and the 40th Anniversary of the Arctowski Polish Antarctic Station, South Shetland Islands, Warsaw, Poland, 17-19 November 2017

Book of Abstracts, Poster Presentation, p.109

4317/A

KOC J., GIEŁWANOWSKA I., ANDROSIUK P., KELLMANN-SOPYŁA W., CHWEDORZEWSKA K. J.,
WASILEWSKI J.

Effect of sodium fluoride on seeds germination and seedlings growth of *Colobanthus apetalus* (Labill.) druce and *Colobanthus quitensis* (Kunth) Bartl.

International Conference "Interdisciplinary Polar Studies in Poland" to Honor 60th Anniversary of the Polish Polar Station in Hornsund, Svalbard, Arctic and the 40th Anniversary of the Arctowski Polish Antarctic Station, South Shetland Islands, Warsaw, Poland, 17-19 November 2017

Book of Abstracts, Poster Presentation, p.110

4318/A

PILŹYS T., KUKWA W., GARBICZ D., MARCINKOWSKI M., MIECZKOWSKI A., DYLEWSKA M.,
POZNAŃSKI J., PIWOWARSKI J., GRZESIAK E.

At least five out of nine ALKBH dioxygenases are overexpressed in head and neck cancer - a new field for anticancer therapy.

12th International Conference and 5th Asian Congress on Environmental Mutagens with the 33rd Annual Meeting of KSOT/KEMS, Incheon, Korea, 12-16 November 2017

Abstract Book YS02-6

4319/A

DYLEWSKA M., POZNAŃSKI J., MACIEJEWSKA A. M.

E.coli ALKB and its human homolog ALKBH3 dioxygenases effectively repaired acrolein adducts to adenine.
12th International Conference and 5th Asian Congress on Environmental Mutagens with the 33rd Annual Meeting of KSOT/KEMS, Incheon, Korea, 12-16 November 2017

Abstract Book OSO6-2

4320/A

FATALSKA A., DOMAŃSKI D., OŁĘDZKI J., GORYCA K., KOWALSKI K., BAKUŁA-ZALEWSKA E., ZALEWSKI K., MISIEK M., WRÓBLEWSKA A., RADZISZEWSKI J., BIDZIŃSKI M., KOWALIK A., KOWALEWSKA M.

Identification of protein markers of progression risk in patients with squamous cell vulvar carcinoma.
International Meeting of the European Society of Gynaecological Oncology (ESGO), Vienna, Austria, 4-7 November 2017

Abstracts BS

4321/A

JEDYNAK M., DOLEGA P. PODSIADŁA-BIAŁOSKÓRSKA M., SZURGOT I., CHROBOCZEK J., SZOŁAJSKA E.

Dodekahedron adenowirusa jako wektor do dostarczania leków do lekoopornych komórek nowotworowych.
Ogólnopolska Konferencja Biotechnologów i Mikrobiologów BioMillenium, Gdańsk 6 – 8 września 2017

Abstrakty II-P 20, str. 68

4322/A

McINTYRE J.

Posttranslational protein modifications in regulation of translesion DNA synthesis.

Belarusian-Polish-Lithuanian Seminar

Posttranslational Modification of Proteins: Mechanisms, Physiological and Pathogenetic Role of the A. Sniadecki's 250th anniversary in 2018, Grodno, the Republic of Belarus, 11-12 May 2017

Abstracts BS, Oral Presentation

4323/A

MUSZEWSKA A., STĘPNIEWSKA-DZIUBIŃSKA M. M., STECZKIEWICZ K., PAWŁOWSKA J., DZIEDZIC A., GINAŁSKI K.

Fungal lifestyle reflected in serine protease repertoire.

The Evolution Conference, Portland, USA, 23-27 June 2017

Abstracts BS

4324/A

PARK B., LOPEZ V. A., SREELATHA A., GRADOWSKI M., SERVAGE K., HENNIG J., TOMCHICK D. R., KRZYMOWSKA M., PAWŁOWSKI K., TAGLIABRACCI V. S.

Inactivation of HSP90 by a family of bacterial effector protein kinases.

9th Inhibitors of Protein Kinases Conference Challenges in Molecular Biology, Biophysics, and Biomedicine, Warsaw, Poland, 17-21 September 2017

Abstracts L7, p.4

4325/A

WINIEWSKA-SZAJEWSKA M., POZNAŃSKI J.

Protein kinase: a biomolecular cage for thermodynamics studies of a halogen bond.

9th Inhibitors of Protein Kinases Conference Challenges in Molecular Biology, Biophysics, and Biomedicine, Warsaw, Poland, 17-21 September 2017

Abstracts L44, p.22

4326/A

BAL W., BONNA A., BOSSAK K., DREW S., HAAS K. M., KOTUNIAK R., MITAL M., PŁONKA D., POZNAŃSKI J., PUSHIE J. M.

Xaa-His peptides – candidate cupric chaperones and metallohormones.

9th Inhibitors of Protein Kinases Conference Challenges in Molecular Biology, Biophysics, and Biomedicine, Warsaw, Poland, 17-21 September 2017

Abstracts L45, p.23

4327/A

DADLEZ M.

Protein structural dynamics – surprises from HDex.

9th Inhibitors of Protein Kinases Conference Challenges in Molecular Biology, Biophysics, and Biomedicine, Warsaw, Poland, 17-21 September 2017

Abstracts L47, p.24

4328/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., KONDRAK P., FERNIE A. R., KONCZ C., SIEDLECKI J. A., SARNOWSKI T. J.

The SWI/SNF ATP-dependent chromatin remodeling complexes are involved in the control of metabolic processes in plants and human.

9th Inhibitors of Protein Kinases Conference Challenges in Molecular Biology, Biophysics, and Biomedicine, Warsaw, Poland, 17-21 September 2017

Abstracts L48, p.24

4329/A

SZYMANIEC A., MIECZKOWSKA K., KASPEROWICZ S., POZNAŃSKI J.

Partial molar volume - a tool for quantification of solvophobic effect. A case of halogenated benzotriazoles.

9th Inhibitors of Protein Kinases Conference Challenges in Molecular Biology, Biophysics, and Biomedicine, Warsaw, Poland, 17-21 September 2017

Abstracts PO1, p.29-30

4330/A

BUGAJSKA E., WINIEWSKA-SZAJEWSKA M., POZNAŃSKI J.

Kinetics of ligand non-aggregates disintegration may affect its apparent inhibitory activity: ITC, MST and DLS studies on catalytic domain of human protein kinase CK2.

9th Inhibitors of Protein Kinases Conference Challenges in Molecular Biology, Biophysics, and Biomedicine, Warsaw, Poland, 17-21 September 2017

Abstracts PO2, p.30

4331/A

WINIEWSKA-SZAJEWSKA M., PŁONKA D., ZHUKOV I., POZNAŃSKI J.

Screening of short peptides as efficient ligands of protein kinase CK2 α .

9th Inhibitors of Protein Kinases Conference Challenges in Molecular Biology, Biophysics, and Biomedicine, Warsaw, Poland, 17-21 September 2017

Abstracts PO3, p.30-31

4332/A

HAREZA A., BAKUN M., KOŚCIELNY A., JAWORSKI J., DADLEZ M., PAWŁOWSKI K.

Dia1/C3orf58 influences secretory trafficking and phosphoproteome of human cells.

9th Inhibitors of Protein Kinases Conference Challenges in Molecular Biology, Biophysics, and Biomedicine, Warsaw, Poland, 17-21 September 2017

Abstracts PO7, p.33

4333/A

KONDRAK P., SARNOWSKI T. J.

Identification of interdependences between the ATP-dependent SWI/SNF-type chromatin remodeling complex and BRCA1 in *Arabidopsis thaliana*.

9th Inhibitors of Protein Kinases Conference Challenges in Molecular Biology, Biophysics, and Biomedicine, Warsaw, Poland, 17-21 September 2017

Abstracts P13, p.36-37

4334/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*.

9th Inhibitors of Protein Kinases Conference Challenges in Molecular Biology, Biophysics, and Biomedicine, Warsaw, Poland, 17-21 September 2017

Abstracts P14, p.37-38

4335/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.

9th Inhibitors of Protein Kinases Conference Challenges in Molecular Biology, Biophysics, and Biomedicine, Warsaw, Poland, 17-21 September 2017

Abstracts P15, p.38

4336/A

ĆWIEK P., SARNOWSKA E., SIEDLECKI P., ARAÚJO W.L., TOHGE T., BALCERAK A., MAASSEN 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.

9th Inhibitors of Protein Kinases Conference Challenges in Molecular Biology, Biophysics, and Biomedicine, Warsaw, Poland, 17-21 September 2017

Abstracts P16, p.38-39

4337/A

ZUGAJ D., BARTOSZ P., ALSEEKH S., FERNIE A. R., MIELECKI D., GRZESIUK E., SARNOWSKI T. J.

A. thaliana ALKBH10B dioxygenase plays an important role in ABA mediated stress response.

9th Inhibitors of Protein Kinases Conference Challenges in Molecular Biology, Biophysics, and Biomedicine, Warsaw, Poland, 17-21 September 2017

Abstracts P17, p.39

4338/A

SARNOWSKA E., RUSETSKA N., SZYMAŃSKI M., LESZCZYŃSKI M., JANCEWICZ I., CHMIELARCZYK M., KONOPÍŃSKI R., CHRZAN A., LIGAJ M., DEMKOW T., MAASSEN A., SARNOWSKI T. J., SIEDLECKI J. A.

Downregulation of BRCA1 protein in clear cell renal cellular carcinoma.

9th Inhibitors of Protein Kinases Conference Challenges in Molecular Biology, Biophysics, and Biomedicine, Warsaw, Poland, 17-21 September 2017

Abstracts P18, p.39-40

4339/A

SZYMAŃSKI M., SARNOWSKA E., ORNOCH A., RUSETSKA N., ABRAMOWICZ S., CHRZAN A., LIGAJ M., MAASSEN A., SIEDLECKI J. A., SARNOWSKI T. J.

Loss of SWI/SNF chromatin remodelling complex is linked to advanced urinary bladder cancer.

9th Inhibitors of Protein Kinases Conference Challenges in Molecular Biology, Biophysics, and Biomedicine, Warsaw, Poland, 17-21 September 2017

Abstracts P19, p.40-41

4340/A

SARNOWSKA E., SZYMAŃSKI M., ĆWIEK P., SKRODZKA M., LESZCZYŃSKI M., SZARKOWSKA J., CHRZAN A., STACHOWIAK M., STECIUK J., MAASSEN A., GALEK L., DEMKOW T., SIEDLECKI J. A., SARNOWSKI T. J.

Role of INI1 SWI/SNF complex subunit in development of clear cell renal cell carcinoma.

9th Inhibitors of Protein Kinases Conference Challenges in Molecular Biology, Biophysics, and Biomedicine, Warsaw, Poland, 17-21 September 2017

Abstracts P20, p.41

4341/A

SARNOWSKA E., ĆWIEK P., SACHAROWSKI S. P., KUBALA S., STECIUK J., ZUGAJ D., MACECH-KLICKA E., HUETTEL B., CIEŚLA MONIKA KOGUT K., MAASSEN A., KONDRAC P., JANCEWICZ I., ROLICKA A. T., BUCIOR E., FRANZEN R., KLEPACZ A., DOMAGALSKA M., AMAR S., SIEDLECKI J. A., DAVIS S. J., SARNOWSKI T. J.

Nuclear function of Arabidopsis RCF family leucine-rich repeat receptor like kinases (LLR-RLKs).

9th Inhibitors of Protein Kinases Conference Challenges in Molecular Biology, Biophysics, and Biomedicine, Warsaw, Poland, 17-21 September 2017

Abstracts P21, p.42

4342/A

SACHAROWSKI S. P., KOGUT K., MAASSEN A., KONDRAC P., SARNOWSKA E., GRATKOWSKA D. M., KUBALA S., ARAÚJO W. L., TOHGE T., FERNIE A. R., KONCZ C., SARNOWSKI T. J.

The role of SWI/SNF-type chromatin remodeling complex in maintaining the energy homeostasis in *Arabidopsis thaliana* plants.

9th Inhibitors of Protein Kinases Conference Challenges in Molecular Biology, Biophysics, and Biomedicine, Warsaw, Poland, 17-21 September 2017

Abstracts P22, p.42-43

4343/A

RAŻEW M., WARKOCKI Z., NOWAK E., NOWOTNY M.

Structure and function of the mitochondrial RNA degradosome mtEXO.

Biomolecules and Nanostructures 6, Podlesice, Poland, 10-14 May 2017

Europhysics Conference Abstracts, vol. 41E, ISBN 979-10-96389-06-3, ST-30 p.53

4344/A

BUGAJSKA E., WINIEWSKA M., POZNAŃSKI J.

Uncontrolled ligand aggregation affects ITC-derived thermodynamic parameters: binding of brominated benzotriazoles by the catalytic domain of human protein kinase CK2.

Biomolecules and Nanostructures 6, Podlesice, Poland, 10-14 May 2017

Europhysics Conference Abstracts, vol. 41E, ISBN 979-10-96389-06-3, P-3, p.70

4345/A

CIEPLAK-ROTOWSKA M., K., TARNOWSKI K., DADLEZ M., FABIAN M. R. SONENBERG N., NIEDŹWIECKA A.

Interactions and interplay of proteins involved in gene silencing.

Biomolecules and Nanostructures 6, Podlesice, Poland, 10-14 May 2017

Europhysics Conference Abstracts, vol. 41E, ISBN 979-10-96389-06-3, P-6, p.73

4346/A

KAMIŃSKA I., FRONC K., SIKORA B., KOWALIK P., MIKULSKI J., SAMOL P., FELCYN Z., WOJCIECHOWSKI T., MINIKAYEV R., ZALESZCZYK W., SZEWCZYK M., KONOPKA A., CISZAK K., PIĄTKOWSKI D., ZAJDEL K., FRONTCHAK-BANIEWICZ M., GRUZEŁ G., PAWLYTA M., PASZKOWICZ W., STĘPIEŃ P. P., ŁAPIŃSKI M., WILCZYŃSKI G., ELBAUM D.

Enhanced upconversion emission of Gd₂O₃:Er, Yb, Mo nanoparticles for biomedical imaging: role of Mo codoping.

Biomolecules and Nanostructures 6, Podlesice, Poland, 10-14 May 2017

Europhysics Conference Abstracts, vol. 41E, ISBN 979-10-96389-06-3, P-17, p.84

4347/A

KOWALIK P., FRONC K., MIKULSKI J., KAMIŃSKA I., BORODZIUK A., STEPIEŃ P. P., ET AL.
Opto-magnetic NaYF₄:Yb,Ln&Fe₃O₄@SiO₂ nanoparticles with surface modification - anti-cancer nanodimensional treatment.

Biomolecules and Nanostructures 6, Podlesice, Poland, 10-14 May 2017

Europhysics Conference Abstracts, vol. 41E, ISBN 979-10-96389-06-3, P-21, p.88

4348/A

CIEPLAK-ROTOWSKA M. K., TARNOWSKI K., RUBIN M., FABIAN M. R. SONENBERG N.,
DADLEZ M., NIEDŹWIECKA A.

Structural dynamics of the GW182 silencing domain - hydrogen-deuterium exchange fingerprint of RNA recognition motif (RRM).

Biomolecules and Nanostructures 6, Podlesice, Poland, 10-14 May 2017

Europhysics Conference Abstracts, vol. 41E, ISBN 979-10-96389-06-3, P-32, p.99

4349/A

SZYMANIEC A., MIECZKOWSKA K., POZNAŃSKI J.

Partial Molar Volume - indicator of hydrophobic interactions.

Biomolecules and Nanostructures 6, Podlesice, Poland, 10-14 May 2017

Europhysics Conference Abstracts, vol. 41E, ISBN 979-10-96389-06-3, P-43, p.109

4350/A

TYRAS M., GRZELA R., BAKUN M., DADLEZ M., DARŻYNKIEWICZ E.

Analysis of decapping complex components. Identification of molecular partners and exploration of intermolecular interactions between decapping machinery elements.

Biomolecules and Nanostructures 6, Podlesice, Poland, 10-14 May 2017

Europhysics Conference Abstracts, vol. 41E, ISBN 979-10-96389-06-3, P-45, p.111

4351/A

ZIUZIA-GRACZYK I., POZNAŃSKI J., DĄBROWSKA K., BĘBENEK A.

Studying the interactions between polymerase and primase within T4 replisome.

Biomolecules and Nanostructures 6, Podlesice, Poland, 10-14 May 2017

Europhysics Conference Abstracts, vol. 41E, ISBN 979-10-96389-06-3, P-53, p.119

4352/A

WALTER T., SIKORA A., ZIELENKIEWICZ U.

Metatranscriptomic analyses of hydrogen- and methane-generating microbial communities.

EMBO | EMBL Symposium: From Single to Multiomics, Heidelberg, Germany, 12-14 November 2017

Abstracts BS

4353/A

SPEINA E., BORSUK E., M., CIEPIELAK M., TUDEK B.

Lipid peroxidation can influence the phenotype of Fanconi anemia cells through direct inhibition of DNA damage signaling proteins.

12th International Conference and 5th Asian Congress on Environmental Mutagens with the 33rd Annual Meeting of KSOT/KEMS, Incheon, Korea, 12-16 November 2017

Abstract Book PO01-56

4354/A

MARCINKOWSKI M., PILŹYS T., GARBICZ D., PIWOWARSKI J., WINIEWSKA M., PRZYGOŃSKA K.,
TAUBE M., GIELNIK M., GRZESIUK E., POZNAŃSKI J.

Structural analysis of FTO dioxygenase and its interactors by biophysics techniques.

12th International Conference and 5th Asian Congress on Environmental Mutagens with the 33rd Annual Meeting of KSOT/KEMS, Incheon, Korea, 12-16 November 2017

Abstract Book OS04-8

4355/A

GARBICZ D., MIELECKI D., PILŹYS T., MARCINKOWSKI M., DĘBSKI J., KRAWCZYK H., GRZESIUK E.

Newly synthesized resveratrol derivatives as a potent anti-cancer compounds.

12th International Conference and 5th Asian Congress on Environmental Mutagens with the 33rd Annual Meeting of KSOT/KEMS, Incheon, Korea, 12-16 November 2017

Abstract Book PO01-18

4356/A

KAMIŃSKI M. J., KILISZEK M., MACIEJAK A., MICHALAK M., OPOLSKI G., MATLAK K., DOBRZYCKI S., GÓRA M., BURZYŃSKA B., MUSIAŁ W. J., KAMIŃSKI K. A.

A high-throughput approach to microRNA-driven gene regulation in myocardial infarction: is there a link with a heart failure?

21st International Congress of the Polish Cardiac Society, Katowice, Poland, 21-23 September 2017

Programme P 127

4357/A

GŁOWACKA A., BEDNAREK A., DĄBROWSKI K., GAWOR J., WOŹNICA W., HEJNOWICZ M. S., WEBER-DĄBROWSKA B., BARANIAK A., GNIADKOWSKI M., GROMADKA R., GÓRSKI A., ŁOBOCKA M.

Septimavirus genus bacteriophage vB_PaeS_PS9N - virion DNA structure and post-infection bacterial phenotypes.

22nd Biennial Evergreen International Phage Meeting, Olympia, USA, 6-11 August 2017

Abstract Book p.136

4358/A

ŁOBOCKA M.

Phage therapy perspectives in a view of novel findings.

18th Conference Molecular Biology in Diagnostics of Infectious Diseases and Biotechnology DIAGMOL , Warsaw, Poland, 25 November 2017

Proceedings, p.9

4359/A

BOCHEŃSKA K., MOSKOT M., SMOLIŃSKA E., JAKÓBKIEWICZ-BANECKA J., GABIG-CIMIŃSKA M.

Lysosomal action in the regulation of inflammatory processes on the example of psoriasis.

8th International Congress on Psoriasis Gene to Clinic, London, England, 30 November - 2 December 2017

British Journal of Dermatology (2017) 177(5): E260-E260

4360/A

SMOLIŃSKA E., MOSKOT M., BOCHEŃSKA K., LEWCZUK A., BRODNIWICZ-PROBA T., JAKÓBKIEWICZ-BANECKA J., GABIG-CIMIŃSKA M.

Pharmacogenomic signature of response to genistein therapy for psoriasis: effects of genistein *in vitro* and *in vivo* and its mechanism of action.

8th International Congress on Psoriasis Gene to Clinic, London, England, 30 November - 2 December 2017

British Journal of Dermatology (2017) 177(5): E304-E305

4361/A

GŁOWACKA A., ULATOWSKA M. I., ŁOBOCKA M.

Analysis of phage *tgl* gene encoding a new candidate for an antistaphylococcal agent.

6th Central European Congress of Life Sciences Eurobiotech, Kraków 11-14 September 2017

Program and Abstract Book L7.4 p.112

4362/A

GOZDEK A., BEDNAREK A., KOSAKOWSKI J., RÓŻYCKA A., SADOWY E., WEBER-DĄBROWSKA B., GÓRSKI A., ŁOBOCKA M.

Production of phage lytic enzyme of high anti-enterococcal activity in *Escherichia coli*.

6th Central European Congress of Life Sciences Eurobiotech, Kraków 11-14 September 2017

Program and Abstract Book P7.7, p.114

4363/A

GOZDEK A., BEDNAREK A., GŁOWACKA A., RÓŻYCKA A., GAWOR J., DARIUSZ I., DĄBROWSKI K., FILIPEK A., SADOWY E., GROMADKA R., WEBER-DĄBROWSKA B., GÓRSKI A., ŁOBOCKA M.

Characteristic of enterococcal bacteriophages produced in cells of improved phage propagation strains.

1st German Phage Symposium, Stuttgart Germany, 9-11 October 2017

Program and Abstract Book P55, p.106

4364/A

KANIAK-GOLIK A., KUBERSKA R., DZIERZBICKI P., ŚLEDZIEWSKA-GÓJSKA E.

The role of activation of Mec1/Rad53/Dun1 pathway in the control mitochondrial DNA stability in Rad27/FEN1 deficient in *Saccharomyces cerevisiae*.

Genes and Cancer Annual Meeting, Cambridge, England, 10-12 April 2017

Abstracts BS

4365/A

KANIAK-GOLIK A., KUBERSKA R., DZIERZBICKI P., ŚLEDZIEWSKA-GÓJSKA E.

Activation of Dun1 in response to nuclear DNA instability accounts for the increase in mitochondrial point mutations in Rad27/FEN1 deficient *S.cerevisiae*.

Central European Genome Stability Meeting, Budapest, Hungary, 29-30 September 2017

Abstracts BS

4366/A

DETMAN A., CHOJNACKA A., BŁASZCZYK M. SIKORA A.

Killer yeast inhibit hydrogen-yielding acidogenic step of anaerobic digestion of bio-waste, intermediate products and by-products of the sugar industry.

4th Annual Congress and Expo on Biofuels and Bioenergy, Dubai, United Arab Emirates, 27-28 April 2017

Journal of Fundamentals of Renewable Energy and Applications (2017) 7(3) suppl. p.44

4367/A

DETMAN A., MIELECKI D., BŁASZCZYK M. CHOJNACKA A., SIKORA A.

Element układanki beztlenowego rozkładu materii organicznej - utlenianie mleczanu na etapie octanogenezy.

III Kuźnia Młodych Talentów, Jabłonna, 27-30 września 2017

Abstrakty str.26

4368/A

MAJEWSKA M., ALABRUDZIŃSKA M., JONCZYK P., FIJAŁKOWSKA I. J.

Rola podjednostki PSF1 kompleksu GINS w utrzymaniu stabilności sekwencji powtarzających się w komórkach drożdży *S.cerevisiae*.

III Kuźnia Młodych Talentów, Jabłonna, 27-30 września 2017

Abstrakty str.37

4369/A

DETMAN A., SIKORA A.

Przemiany mleczanu w beztlenowym rozkładzie materii organicznej.

I Ogólnopolska Konferencja Naukowa: Biotechnologia - Energia Jutra, Lublin, 19-20 październik 2017

Abstrakty str.27

4370/A

SIKORA A.

Mikrobiologiczna produkcja wodoru i metanu.

I Ogólnopolska Konferencja Naukowa: Biotechnologia - Energia Jutra, Lublin, 19-20 październik 2017

Abstrakty str.30

4371/A

NIEDŹWIECKA K., TISI R., PENNA S., PŁOCHOCKA D., KUCHARCZYK R.

Two cancer cancer-related mutations in ATP synthase mitochondrial ATP6 gene impact the ATP synthase dimers formation during permeability transition.

12th International Meeting on Yeast Apoptosis, Bari, Italy, 14-18 May 2017

Abstracts BS

4372/A

PENNA S., NIEDŹWIECKA K., BELOTTI F., KUCHARCZYK R., TISI R.

Novel roles for ion transporters in cell death pathways in budding yeast.

12th International Meeting on Yeast Apoptosis, Bari, Italy, 14-18 May 2017

Abstracts BS

4373/A

GUTOWSKA-OWSIK D., DE LA SERNA J. B., FRITZSCHE M., PODOBAS E. I., LEEMING M., COLIN-YORK H., EGDELING C., OGG G.

Coordinated release of filaggrin from actin cages precipitates keratinocyte death during epidermal barrier formation.

British Society for Investigative Dermatology Annual Meeting, Manchester, England, 3-5 April 2017

British Journal of Dermatology (2017) 176(4) p.77-78

4374/A

McINTYRE J.

Posttranslational modifications of human DNA polymerase iota.

Central European Genome Stability Meeting, Budapest, Hungary, 29-30 September 2017

Abstracts BS, Oral Presentation

4375/A

LICHOCKA M., RYMASZEWSKI W., MORGIEWICZ K., BARYMOW-FILONIUK I., SCHMELZER E., KRZYMOWSKA M., HENNIG J.

Nucleus and plastid-targeted annexin 5 affects reproductive development in Arabidopsis.

Botanikertagung: Plant Research in a Changing World, Kiel, Germany, 17-21 September 2017

Abstracts BS

4376/A

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

Posttranslational PCNA modification influence intrachromosomal homologous recombination in yeast *Saccharomyces cerevisiae*.

8th Central European Genome Stability and Dynamics Meeting, Budapest, Hungary, 29-30 September 2017

Abstracts BS

4377/A

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

Posttranslational PCNA modification influence intrachromosomal homologous recombination in yeast *Saccharomyces cerevisiae*.

Fusion Conference: 2nd DNA Replication as a Source of DNA Damage: From Molecules to Human Health, Rome, Italy, 3-6 July 2017

Abstracts p.120-121

4378/A

SZWAJCAK E., FIJAŁKOWSKA I.J., SUSKI C.

Participation of 4-subunit Pol ζ complex in defective DNA replication.

Fusion Conference: 2nd DNA Replication as a Source of DNA Damage: From Molecules to Human Health, Rome, Italy, 3-6 July 2017

Abstracts p.160-161

4379/A

RACHOWKA J., KONOPKA-POSTUPOLSKA D.

A new player in plant redox homeostasis.

SEB Conference, Gothenburg, Sweden, 3-6 July 2017

Abstract Book PC1.48, p.20

4380/A

SZTATELMAN O., SITKIEWICZ E., DADLEZ M., DOBROWOLSKA G.

Stress activated kinases in the regulation of light induced chloroplast movements.

SEB Conference, Gothenburg, Sweden, 3-6 July 2017

Abstract Book PC1.28, p.14

4381/A

KULIK A., MAZUR R., SZTATELMAN O., GARSTKA M., DOBROWOLSKA G.

The role SnRK2 kinases in regulation of plant response to long term salt stress.

SEB Conference, Gothenburg, Sweden, 3-6 July 2017

Abstract Book PC7.29, p.63

4382/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 SWI/SNF ATP-dependent chromatin remodeling complexes are involved in the control of metabolic processes.

Perspektywy w Onkologii Molekularnej – II Zjazd Centrum Onkologii Instytutu im. Marii Skłodowskiej, Warszawa, 4-5 kwietnia 2017

Abstracts BS

4383/A

ORNOCH A., SZYMAŃSKI M., SARNOWSKA E., RUSETSKA N., ABRAMOWICZ S., CHRZAN A., DEMKOW T., SIEDLECKI J. A., MAASSEN A., SARNOWSKI T. J.

SWI/SNF complex in advanced urinary bladder cancer.

Perspektywy w Onkologii Molekularnej – II Zjazd Centrum Onkologii Instytutu im. Marii Skłodowskiej, Warszawa, 4-5 kwietnia 2017

Abstracts BS

4384/A

RACHOWKA J., KONOPKA-POSTUPOLSKA D.

Roślinne aneksyny - fakty i hipotezy.

VII Kopernikańskie Sympozjum Studentów Nauk Przyrodniczych, III Toruńskie Sympozjum Doktorantów Nauk Przyrodniczych, Toruń, 1-2 kwietnia 2017

Zeszyt Abstraktów str.49

4385/A

KULIK A., KRZYWIŃSKA E., MAZUR R., SZTATELMAN O., GARSTKA M., DOBROWOLSKA G.

The role of SnRK2.4 and SnRK2.10 kinases in plant response to long term salt stress.

Posttranslational Modification Networks Gordon Research Conference: Regulation Mechanisms of Proteins and Signaling Pathways in Humans, Animals and Plants, Hong Kong, China, 13-18 August 2017

Abstracts BS

4386/A

WYCISK K., KAUS-DROBEK M., OŻYHAR A.

Purification of Ultraspiracle protein from *Helicoverpa armigera* and its structural analysis.

19th International Union of Pure and Applied Biophysics (IUPAB) and 11th European Biophysical Societies' Association (EBSA) Congress, Edinburgh, England, 16-20 July 2017

European Biophysics Journal with Biophysics Letters (2017) 46(suppl.1) P-257, p.181

4387/A

SZTATELMAN O., GRZYB J., KOPEĆ K., PĘDZIWIATR M.

The nanoconstruction site at work - heterodimerizing helices as a tool to get nanocrystals together.

19th International Union of Pure and Applied Biophysics (IUPAB) and 11th European Biophysical Societies' Association (EBSA) Congress, Edinburgh, England, 16-20 July 2017

European Biophysics Journal with Biophysics Letters (2017) 46(suppl.1) P-853, p.337

4388/A

CIEPLAK-ROTOWSKA M., K., TARNOWSKI K., DADLEZ M., FABIAN M. R. SONENBERG N., NIEDŹWIECKA A.

Interplay of protein interactions involved in miRNA-mediated gene silencing, as revealed by HDX MS.

19th International Union of Pure and Applied Biophysics (IUPAB) and 11th European Biophysical Societies' Association (EBSA) Congress, Edinburgh, England, 16-20 July 2017

European Biophysics Journal with Biophysics Letters (2017) 46(suppl.1) P-878, p.344

4389/A

SZTATELMAN O., SITKIEWICZ E., DOBROWOLSKA G.

A role of SNF1-related kinases2 in the regulation of light induced chloroplast movements.

Posttranslational Modification Networks Gordon Research Conference: Regulation Mechanisms of Proteins and Signaling Pathways in Humans, Animals and Plants, Hong Kong, China, 13-18 August 2017

Abstracts BS

4390/A

ĆWIEK P., SARNOWSKA E., SIEDLECKI P., ARAÚJO W.L., TOHGE T., BALCERAK A., MACECH-KLICKA E., MAASSEN A., 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.

Perspektywy w Onkologii Molekularnej – II Zjazd Centrum Onkologii Instytutu im. Marii Skłodowskiej, Warszawa, 4-5 kwietnia 2017

Abstracts BS

4391/A

JANCEWICZ I., SARNOWSKA E., RUSETSKA N., GOS A., SARNOWSKI T. J., SIEDLECKI J. A.

SWI/SNF remodeling complex promotes triple negative breast cancer progression.

Perspektywy w Onkologii Molekularnej – II Zjazd Centrum Onkologii Instytutu im. Marii Skłodowskiej, Warszawa, 4-5 kwietnia 2017

Abstracts BS

4392/A

LESZCZYŃSKI M., SARNOWSKA E., RUSETSKA N., SIEDLECKI J. A., SARNOWSKI T. J.

Clear Cell Renal Carcinoma (ccRCC) is featured by the loss of SWI/SNF chromatin remodeling complex.

Perspektywy w Onkologii Molekularnej – II Zjazd Centrum Onkologii Instytutu im. Marii Skłodowskiej, Warszawa, 4-5 kwietnia 2017

Abstracts BS

4393/A

SZOSTAKOWSKA M., FABISIEWICZ A., TUDEK B., SZYMCZYK M., WALEWSKI J.

Wstępne wyniki analizy ekspresji SOX11 u pacjentów ze zdiagnozowanym chłoniakiem z komórek płaszczka. Perspektywy w Onkologii Molekularnej – II Zjazd Centrum Onkologii Instytutu im. Marii Skłodowskiej, Warszawa, 4-5 kwietnia 2017

Abstracts BS

4394/A

BADOWSKA K., FABISIEWICZ A., TUDEK B., SZYMCZYK M., WALEWSKI J.

Analiza poziomu choroby resztkowej w szpiku i krwi u pacjentów z chłoniakiem z komórek płaszczka za pomocą translokacji t(11;14)(q31;q32) metodą ilościowego PCR. Wyniki wstępne. Perspektywy w Onkologii Molekularnej – II Zjazd Centrum Onkologii Instytutu im. Marii Skłodowskiej, Warszawa, 4-5 kwietnia 2017

Abstracts BS

4395/A

MOSSAKOWSKA B., FABISIEWICZ A., SIEDLECKI J. A., TUDEK B., SHAHMORADI S.

Szlaki uczestniczące w oporności na terapię fotodynamiczną oraz jako potencjalny cel terapeutyczny. Perspektywy w Onkologii Molekularnej – II Zjazd Centrum Onkologii Instytutu im. Marii Skłodowskiej, Warszawa, 4-5 kwietnia 2017

Abstracts BS

4396/A

SZARKOWSKA J., SARNOWSKA E., RUSETSKA N., SARNOWSKI T. J., SIEDLECKI J. A.

Analiza funkcjonalna O-GlcNAc transferazy z kompleksem remodelującym chromatynę typu SWI/SNF w wybranych liniach komórkowych. Perspektywy w Onkologii Molekularnej – II Zjazd Centrum Onkologii Instytutu im. Marii Skłodowskiej, Warszawa, 4-5 kwietnia 2017

Abstracts BS

4397/A

MERCIER-BONIN M., FERNANDEZ N., RADZIWIŁŁ-BIEŃKOWSKA J. M., RINGOT-DESTREZ B., DUVIAU M-P., LAROUTE V., ROBERT V., DAVERAN-MINGOT M. L., LEONARD R., LE BOURGEOIS P., CHAPOT-CHARTIER M. P., ROBBE-MASSELOT C., COCAIGN-BOUSQUET M., OGIER-DENIS E., THOMAS M.

The mucus-targeted strategy of *Lactococcus lactis*: an array of opportunities of transient food-borne bacteria for a healthy gut?

12th International Symposium on Lactic Acid Bacteria, Egmond aan Zee, the Netherlands, 27-31 August 2017

Abstract Book D025 p.146

4398/A

MONNET V., FERNANDEZ N., WRZOSEK L., RADZIWIŁŁ-BIEŃKOWSKA J. M., RINGOT-DESTREZ B., DUVIAU M-P., NOORDINE M. L., LAROUTE V., ROBERT V., DAVERAN-MINGOT M.L., COCAIGN-BOUSQUET M., LEONARD R., ROBBE-MASSELOT C., RUL F., THOMAS M., OGIER-DENIS E., MERCIER-BONIN M.

Mucus-targeted potential of *Streptococcus thermophilus* in the gut: towards new probiotic effects?

12th International Symposium on Lactic Acid Bacteria, Egmond aan Zee, the Netherlands, 27-31 August 2017

Abstract Book D031 p.149

4399/A

GRZYB J., GRONT D., KOPEĆ K., PEŃDZIWIATR M., SZTATELMAN O.

A protein basket for a quantum dot.

19th International Union of Pure and Applied Biophysics (IUPAB) and 11th European Biophysical Societies' Association (EBSA) Congress, Edinburgh, England, 16-20 July 2017

European Biophysics Journal with Biophysics Letters (2017) 46(suppl.1) P-278 p.186

4400/A

TARCZEWSKA A., KOZŁOWSKA M., BYSTRANOWSKA D., JAKÓB M., TAUBE M., KOZAK M., CZARNOCKI-CIECIURA M., OŻYHAR A.

Drosophila nucleoplasmin-like FKBP39 forms a partly disordered homotetramer.

19th International Union of Pure and Applied Biophysics (IUPAB) and 11th European Biophysical Societies' Association (EBSA) Congress, Edinburgh, England, 16-20 July 2017

European Biophysics Journal with Biophysics Letters (2017) 46(suppl.1) P-244, p.177

ROZPRAWY HABILITACYJNE 2017

880/N

MACIEJEWSKA AGNIESZKA

Właściwości mutagenne i naprawa wybranych egzocyklicznych adduktów do zasad w DNA.

Mutagenic properties and repair of selected exocyclic adducts to DNA bases.

2017-12-05

Awarding of the degree of Doctor Habilitatus - December 5, 2017

ROZPRAWY DOKTORSKIE 2017

881/N

GRZESIAK JAKUB

Zmiany w mikrobiocenozach środowisk glacialnych i postglacialnych Arktyki i Antarktyki pod wpływem procesów ablacji i deglacjacji.

(Microbial community changes in Arctic and Antarctic glacial and postglacial environments caused by ablation and deglaciation processes.)

Presented January 10, 2017

Research done in the Department of Antarctic Biology IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisor: dr hab. Marek K. Zdanowski

[pol-ang]

882/N

MACHNICKA MAGDALENA ANNA

Charakterystyka szlaków potranskrypcyjnych modyfikacji RNA.

(Characterization of post-transcriptional RNA modification pathways.)

Presented January 17, 2017

Research done in the Laboratory of Bioinformatics and Protein Engineering, International Institute of Molecular and Cell Biology and IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Janusz M. Bujnicki

[pol-ang]

883/N

PREMCHANDAR AISWARYA

Badania strukturalne wybranych białek filamentów pośrednich oraz ich partnerów z użyciem wymiany wodoru-deuter monitorowanej spektrometrią mas.

(Structural studies of selected intermediate filament proteins and their interacting partners using hydrogen-deuterium exchange mass spectrometry.)

Presented January 17, 2017

Research done in the Department of Biophysics IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Michał Dadlez

[ang]

884/N

KRÓL KAMIL

Zaangażowanie transportu pęcherzykowego w ochronę przed stresem genotoksycznym i w utrzymywanie stabilnego genomu komórkowego diploidalnych drożdży *Saccharomyces cerevisiae*.

(Involvement of vesicular trafficking pathways in the protection against genotoxic stress and in the maintenance of stable genome of diploid yeast *Saccharomyces cerevisiae*.)

Presented January 19, 2017

Research done in the Laboratory of Mutagenesis and DNA Repair IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisor: dr hab. Adrianna Skoneczna

[pol]

885/N

RADZIWIŁŁ-BIEŃKOWSKA JOANNA MARIA

Identyfikacja czynników molekularnych odpowiedzialnych za adhezję *Lactococcus lactis* subsp. *cremoris* IBB477 do błony śluzowej przewodu pokarmowego.

(Identification of molecular factors involved in adhesion of *Lactococcus lactis* subsp. *cremoris* IBB477 to the intestinal mucosa.)

Presented January 31, 2017

Research done in the Department of Microbial Biochemistry IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Jacek Bardowski, dr hab. Muriel Mercier-Bonin, dr Magdalena Kowalczyk

[ang]

886/N

RICHTER MAGDALENA M.

Proteomiczna analiza strukturalna i funkcjonalna kompleksów białkowych wchodzących w skład kinetochoru.

(Structural and functional analysis of kinetochore protein complexes using proteomic approaches.)

Presented January 31, 2017

Research done in the Mass Spectrometry Laboratory IBB PAS and Genetics Department University of Cambridge.

Ph.D. Thesis Supervisor: prof dr hab. Michał Dadlez

[ang]

887/N

RUSZEL KAROL PAWEŁ

Udział specyficznych białek w naprawie etenowych adduktów zasad DNA.

(Contribution of specific proteins to repair of ethenoadducts of DNA bases.)

Presented March 14, 2017

Research done in the Department of Molecular Biology IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Jarosław Tomasz Kuśmierek

[pol]

888/N

WINIEWSKA-SZAJEWSKA MARIA

Oszacowanie wkładu wiązania halogenowego do energii swobodnej oddziaływania białko-ligand. Badania termodynamiczne wiązania halogenowanych benzotriazoli przez podjednostkę katalityczną kinazy CK2.

(Contribution of halogen bonding to protein- ligand interactions. Thermodynamic studies on binding of halogenated benzotriazoles to the catalytic subunit of protein kinase CK2.)

Presented March 28, 2017

Research done in the Department of Biophysics IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Jarosław Pozański

[pol]

889/N

FOGTMAN ANNA

Zmiany transkryptomu i modyfikacji histonów rdzeniowych we wczesnej fazie odpowiedzi na stres abiotyczny komórek *Arabidopsis thaliana* T87.

(Transcriptomic signatures and core histone modifications during early response to abiotic stress in *Arabidopsis* T87 cells.)

Presented April 6, 2017

Research done in the Laboratory of Microarray Analysis IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Marta Koblowska

[pol]

890/N

ŚMIETAŃSKI MIROSŁAW

Charakterystyka strukturalna ludzkiej metylotransferazy CMTr1 działającej na koniec 5' produktów syntezy polimerazy RNA II.

(Structural characteristics of human CMTr1 methyltransferase acting on the 5' end of RNA polymerase II synthesis products.)

Presented April 11, 2017

Research done in the Laboratory of Protein Structure and Laboratory of Bioinformatics and Protein Engineering International Institute of Molecular and Cell Biology in Warsaw and IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisor: dr hab. Marcin Nowotny

[pol]

891/N

PODOBAS EWA IZABELA

Oddziaływanie jonów niklu(II) na filagrynę, kluczowe białko w supresji alergii niklowej.

(Interactions of nickel(II) ions with filaggrin, a key protein suppressor in allergy to nickel.)

Presented April 20, 2017

Research done in the Department of Biophysics IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Wojciech Bal

[ang]

892/N

PALUSIŃSKA MAŁGORZATA

Transkrypcyjna kontrola ekspresji genu DOG1 będącego głównym regulatorem czasu spoczynkowego nasion u *Arabidopsis thaliana*.

(Transcriptional control of DOG1 gene – the key regulator of seed dormancy in *Arabidopsis thaliana*.)

Presented April 27, 2017

Research done in the Department of Protein Biosynthesis IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisors: prof. dr hab. Andrzej Jerzmanowski, dr Szymon Świeżewski

[pol-ang]

893/N

STACHYRA ANNA

Opracowanie szczepionki DNA przeciwko wirusowi grypy ptaków H5N1.

(Development of DNA vaccine against avian influenza virus H5N1.)

Presented May 9, 2017

Research done in the Department of Protein Biosynthesis IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisors: prof. dr hab. Agnieszka Sirko, dr Anna Góra-Sochacka

[pol-ang]

894/N

FEDAK HALINA

Regulacja stanu spoczynkowego nasion przez antysensowny transkrypt genu DOG1 u rzodkiewnika (*Arabidopsis thaliana*).

(Regulation of seed dormancy by DOG1 antisense transcript in *Arabidopsis thaliana*.)

Presented May 23, 2017

Research done in the Laboratory of Protein Biosynthesis IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisors: prof. dr hab. Andrzej Jerzmanowski, dr Szymon Świeżewski

[ang]

895/N

JAWORSKA ANNA

Badania komórkowych procesów zaangażowanych w chorobę Alzheimera: aktywności gamma sekretazy oraz utrzymywania homeostazy wapniowej.

(Investigation of cellular processes involved in Alzheimer's disease: gamma-secretase activity and calcium homeostasis maintenance.)

Presented May 30, 2017

Research done in the Laboratory of Neurodegeneration IIMCB and IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Jacek Kuźnicki

[ang]

896/N

STAWSKI ŁUKASZ

Uszkodzenie komórek śródbłónki w patogenezie twardziny układowej.

(The role of endothelial cell injury in the pathogenesis of systemic sclerosis.)

Presented June 6, 2017

Research done in Boston University and IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Maria Trojanowska

[ang]

897/N

ŁUKASIK ANNA

Zastosowanie roślinnych miRNA w leczeniu schorzeń u ludzi – badania *in silico*.

(Plant miRNA application in treatment of human diseases – *in silico* studies.)

Presented June 20, 2017

Research done in the Department of Bioinformatics IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Piotr Zielenkiewicz

[ang]

898/N

PANAGIOTOPOULOU HANNA

Analiza genetyczna jesiotra w związku z jego restytucją i hodowlą w Polsce.

(The genetic analysis of sturgeon in context of its restitution and aquaculture in Poland.)

Presented June 22, 2017

Research done in the Institute of Genetics and Biotechnology University of Warsaw and IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Piotr Węgleński

[pol]

899/N

BIERNACKA ANNA

Rozwój metody BLESS i jej zastosowanie do badania podwójnych pęknięć DNA w wybranych organizmach eukariotycznych.

(Development of BLESS method and its application to studying DNA double-strand breaks in selected eukaryotic organisms.)

Presented June 22, 2017

Research done in the Laboratory of Bioinformatics and Systems Biology CeNT University of Warsaw and IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisor: dr hab. Krzysztof Ginalski, dr Magdalena Skrzypczak

[pol]

900/N

DUDEK MARTA

Badanie oddziaływań antybiotyków aminoglikozydowych i syntetycznych oligonukleotydów z RNA metodami obliczeniowymi i doświadczalnymi.

(Exploring the interactions of aminoglycosides and synthetic oligonucleotides with RNA by computational and experimental methods.)

Presented September 5, 2017

Research done in the Centre of New Technologies University of Warsaw and IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisor: dr hab. Joanna Trylska, dr hab. med. Grzegorz Basak

[pol]

901/N

RZEPNIKOWSKA WERONIKA

Drożdże jako organizm modelowy do badania skutków mutacji w genie VPS13A powodujących ludzką chorobę genetyczną płasawico-akantocytozę.

(Yeast as a model organism to study the effects of *hVPS13A* mutations causing human genetic disorder chorea-acanthocytosis.)

Presented September 26, 2017

Research done in the Department of Genetics IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Teresa Żołądek

[ang]

902/N

WEZYNFELD NINA EWA

Badania białek związanych z układem odpornościowym człowieka jako celów molekularnych metalozależnej hydrolizy wiązania peptydowego.

(Studies on proteins involved in the immune response as molecular targets for metal-dependent hydrolysis.)

Presented September 28, 2017

Research done in the Department of Biophysics IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Wojciech Bal

[ang]

903/N

LIPKO AGATA

Biosynteza poliizoprenoidów u *Arabidopsis thaliana* – badania *in vivo*.

(*In vivo* studies on the biosynthesis of polyprenoids in *Arabidopsis thaliana*.)

Presented October 3, 2017

Research done in the Department of Lipid Biochemistry IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Ewa Świeżewska

[ang]

904/N

NIEWIADOMSKA MONIKA

Rola Alg13 N-acetylglukozaminył transferazy w patogenności *Candida albicans*.

(The role of Alg13 N-acetylglucosaminyl transferase in the expression of pathogenic features of *Candida albicans*.)

Presented October 17, 2017

Research done in the Laboratory of Fungal Glycobiology IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Joanna S. Kruszewska

[pol]

905/N

NATKAŃSKA URSZULA

Funkcja i lokalizacja wewnątrzkomórkowa Hsp31p, białka odpowiedzi na wiele stresów w drożdżach *Saccharomyces cerevisiae*.

(Function and intracellular localization of multistress response Hsp31p protein in yeast *Saccharomyces cerevisiae*.)

Presented October 17, 2017

Research done in the Laboratory of Genetics IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisor: dr hab. Marek Skoneczny

[pol]

906/N

MAGNUS MARCIN

Opracowanie narzędzi komputerowych do przewidywania struktury trzeciorzędowej RNA.

(Development of computational tools for RNA tertiary structure prediction.)

Presented 24 October, 2017

Research done in the Laboratory of Bioinformatics and Protein Engineering IIMCB and IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Janusz Bujnicki

[ang]

907/N

GRUCHOTA JULITA

Proces rearanzacji genomu *Paramecium tetraurelia*, jako model do badania udziału czynników elongacji transkrypcji w syntezie niekodujących RNA.

(Programmed genome rearrangement process in *Paramecium tetraurelia* as model to study involvement of transcription elongation factors in non-coding RNA synthesis.)

Presented November 7, 2017

Research done in the IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisors: prof. dr hab. Joanna Rytka, dr Jacek K. Nowak

[pol-ang]

908/N

BOROWIEC MARTA Z.

Badanie aktywności biologicznej rekombinowanych mutein Egzotoksyny A z *Pseudomonas aeruginosa*.

(Analysis of biological activities of recombinant Exotoxin A muteins from *Pseudomonas aeruginosa*.)

Presented November 28, 2017

Research done in the Centre of New Technologies UW and IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisors: dr hab. Krzysztof Ginalski, prof. dr hab. Jarosław Dastyk

[pol]

909/N

KOWALCZYK JUSTYNA

Identyfikacja i charakterystyka nowego regulatora genu *DOG1* u *Arabidopsis thaliana* oraz wpływu wyboru miejsca poliadenylacji mRNA *DOG1* na antysensowną transkrypcję w jego locus.

(Identification and characterisation of novel *DOG1* gene regulator in *Arabidopsis thaliana* and influence of polyadenylation site choice of *DOG1* mRNA on antisense transcription in its locus.)

Presented November 30, 2017

Research done in IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisors: prof. dr hab. Grażyna Dobrowolska, dr Szymon Świeżewski

[pol]

910/N

SAWICKA RÓŻA

Przeciwciała monoklonalne mAb6-9-1 i jego rekombinowana pochodna jako przykładowe narzędzia diagnostyczne wirusa grypy ptaków H5N1.

(Monoclonal antibody mAb6-9-1 and its recombinant derivative as examples of diagnostic tools against avian influenza virus H5N1.)

Presented December 12, 2017

Research done in IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisors: prof. dr hab. Agnieszka Sirko, dr Anna Góra-Sochacka

[pol-ang]

911/N

PRUSZKO MAGDALENA

Onkogenne właściwości zmutowanego TP53 w alternatywnym składaniu mRNA czynnika wzrostu śródbłónka naczyniowego A.

(Oncogenic activities of mutated TP53 in alternative splicing of vascular endothelial growth factor A.)

Presented December 12, 2017

Research done in IIMCB, Regina Elena National Cancer Institute and IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisors: prof. dr hab. Alicja Żylicz, dr hab. Giulia Fontemaggi

[ang]

912/N

OBSZAŃSKA KATARZYNA

Charakterystyka klinicznych szczepów paciorkowców z grupy anginosus przy użyciu klasycznych metod typowania oraz technik o wysokiej przepustowości.

(Characterization of *Streptococcus anginosus* group clinical strains using standard and high throughput typing methods.)

Presented December 14, 2017

Research done in the Department of Microbial Biochemistry IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisors: dr hab. Izabela Sitkiewicz, dr Izabela Kern-Zdanowicz

[ang]

913/N

SZCZEPANIAK KRZYSZTOF

Projektowanie sekwencji jako narzędzie w badaniach białek i kwasów nukleinowych.

(Sequence design as a tool for studying proteins and nucleic acids.)

Presented December 14, 2017

Research done in IIMCB and IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisors: prof. dr hab. Janusz M. Bujnicki, dr Stanisław Dunin-Horkawicz

[pol]

PRACE MAGISTERSKIE 2017

914/N

DANILECKA ALEKSANDRA

Współdziałanie białka HopQ1 z innymi czynnikami wirulencji u bakterii *Pseudomonas syringae* podczas rozwoju procesu infekcji roślin.

(Interaction of HopQ1 with other virulence factors in *Pseudomonas syringae* bacteria during development of the infection process in plants.)

Presented January 9, 2017

Research done in the Faculty of Chemistry Warsaw University of Technology and Laboratory of Plant Pathogenesis IBB PAS.

M.Sc. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Magdalena Rakowska-Boguta

915/N

NOWAKOWSKA ZOFIA

Charakterystyka na poziomie transkrypcji i translacji efektów mutacji genu *yugA* kodującego hipotetyczny regulator transkrypcji u *Lactococcus lactis* IL1403.

(Transcriptional and translational characterization of mutation of the *yugA* gene encoding a hypothetical transcriptional regulator from *Lactococcus lactis* IL1403.)

Presented January 13, 2017

Research done in the Faculty of Chemistry Warsaw University of Technology and IBB PAS.

M.Sc. Thesis Supervisors: dr Joanna Głowczyk-Zubek, dr Tamara Aleksandrak-Piekarczyk

916/N

SZOKA KAROLINA

Hydrolizat wysłodków buraczanych jako nowy substrat do produkcji wodoru i metanu.

(Sugar beet pulp hydrolysate as a new substrate for the production of hydrogen and methane.)

Presented June 14, 2017

Research done in the Faculty of Chemistry Warsaw University of Technology and IBB PAS.

M.Sc. Thesis Supervisor: dr Jolanta Mierzejewska, dr hab. Anna Sikora

917/N

PAMUŁA MAGDALENA

Wpływ C-końcowych delecji na funkcjonalność i stabilność roślinnego białka Rab Escort Protein – badania *in vivo* i *in vitro*.

(Effect of C-terminal deletions on functionality and stability of the plant protein Rab Escort Protein – *in vivo* and *in vitro* studies.)

Presented June 28, 2017

Research done in the Faculty of Chemistry Warsaw University of Technology and Department of Lipid Biochemistry IBB PAS

M.Sc. Thesis Supervisors: dr Patrycja Wińska, dr Małgorzata Gutkowska-Stronkowska

918/N

GRABIEC MARLENA

Wpływ nadekspresji genu *RCN2* na fenotypy mutantu *vps13Δ* drożdży *Saccharomyces cerevisiae* zaburzonego w transporcie białek.

(Influence of *RCN2* gene overexpression on *Saccharomyces cerevisiae vps13Δ* mutant phenotypes in protein trafficking.)

Presented July 11, 2017

Research done in the Faculty of Horticulture, Biotechnology and Landscape Architecture SGGW and Department of Genetics IBB PAS.

M.Sc. Thesis Supervisor: dr hab. Joanna Kamińska

919/N

SZCZYPKOWSKA ALEKSANDRA

Izolacja i charakterystyka bakteriofagów przeciwko szczepom *Staphylococcus aureus* o nietypowej wrażliwości na bakteriofagi.

(Isolation and characteristics of bacteriophages against *Staphylococcus aureus* with unusual sensitivity to bacteriophages.)

Presented July 25, 2017

Research done in the Faculty of Agriculture and Biology SGGW and IBB PAS.

M.Sc. Thesis Supervisor: dr hab. Małgorzata Łobocka

920/N

BARANOWSKA EMILIA

Charakterystyka roli białek Atp2 i Vma22 w regulacji biogenezy syntazy ATP u drożdży *Saccharomyces cerevisiae*.
(The role of Atp2 and Vma22 proteins in regulation of ATP synthase biogenesis in yeast *Saccharomyces cerevisiae*.)

Presented June 22, 2017

Research done in the Faculty of Chemistry Warsaw University of Technology and IBB PAS.

M.Sc. Thesis Supervisors: dr Jolanta Mierzejewska, dr hab. Róża Kucharczyk

921/N

SIEKIERSKA HANNA

Otrzymanie i charakterystyka roślin *Arabidopsis thaliana* z nadekspresją *cis*-prenylotransferazy 7 (*AtCPT7*).
(Generation and characterization of *Arabidopsis thaliana* plants overexpressing of *cis*-prenyltransferase 7 (*AtCPT7*).)

Presented October 4, 2017

Research done in the Faculty of Biology University of Warsaw and Department of Lipid Biochemistry IBB PAS.

M.Sc. Thesis Supervisors: dr hab. Bożena Szal and dr Liliana Surmacz

922/N

SKÓRZYŃSKI MARCIN

Wpływ wybranych lipidów na internalizację dodekahedronu do komórek linii HeLa.
(Effect of selected lipids on internalization of dodecahedron to HeLa line cells.)

Presented September 18, 2017

Research done in the Faculty of Agriculture and Biology SGGW and IBB PAS.

M.Sc. Thesis Supervisor: dr hab. Ewa Szolajska

923/N

DESZCZ BARTŁOMIEJ

Analiza funkcyjności systemów toksyna-antytoksyna obecnych w genomie *Acinetobacter lwoffii* ZS207.
(Analysis of toxin-antitoxin systems functionality present in the genome sequence of *Acinetobacter lwoffii* ZS207.)

Presented September 21, 2017

Research done in the Faculty of Agriculture and Biology SGGW and IBB PAS.

M.Sc. Thesis Supervisor: dr hab. Urszula Zielenkiewicz

924/N

RANA MEGHA M.

Wpływ niesprawnego transportu pęcherzykowego na formowanie się ognisk reperacyjnych białka Rad52 podczas stresu genotoksycznego w diploidalnych drożdżach *Saccharomyces cerevisiae*.

(Influence of vesicular trafficking deficiency on Rad52 foci formation during genotoxic stress in diploid *Saccharomyces cerevisiae*.)

Presented July 6, 2017

Research done in the Warsaw University of Technology and IBB PAS.

M.Sc. Thesis Supervisors: prof dr hab. Maria Bretner, dr hab. Adrianna Skoneczna

MISCELLANEA 2017

262/M

PASZEWSKI A.

Puszcza ma "urządzać się" sama.

Gazeta Wyborcza 2017 nr 125, s. 14

263/M

BIALIK R.

Widok z południa.

Academia (2017) 3(1): 12-16. Wydanie specjalne.

264/M

KOWALCZYK J., PALUSIŃSKA M., WRÓBLEWSKA-ŚWINIARSKA A., PIETRAS Z., SZEWC Ł.,
DOLATA J., JARMOŁOWSKI A., ŚWIEŻEWSKI S.

LETTER TO THE EDITOR Alternative polyadenylation of the sense transcript controls antisense
transcription of *DELAY OF GERMINATION 1* in *Arabidopsis*.

Molecular Plant (2017) 10(10): 1349-1352

DOI: 10.1016/j.molp.2017.07.011

IF 8.827

265/M

CHWEDORZEWSKA K. J., ZMARZ A., RODZEWICZ M., KORCZAK-ABSHIRE M., KARLSEN S. R.
Project MONICA: a novel approach to monitoring the impact of climate change on Antarctic ecosystems.

**Project MONICA: a novel approach to monitoring the impact of climate change on Antarctic
ecosystems.** Warszawa : Institute of Biochemistry and Biophysics PAS, 96 p., ISBN 978-83-917432-9-4

266/M

PASZEWSKI A.

Zasypywanie rowu.

Pauza Akademicka (2017) 400: 3

267/M

TYMOSZEWSKA A.

Kiedy antybiotyki przestaną działać.

Forum Akademickie (2017) 7-8: 88-90

268/M

McINTYRE J.

Posttranslational protein modifications in regulation of translesion DNA synthesis.

Biochemistry and Molecular Biology vol.1, Minsk 2017, ISBN 978-985-08-2212-3, p. 5-9

PUBLIKACJE NIEUWZGLĘDNIONE W SPRAWOZDANIU Z 2016 ROKU

260/M

WIERZCHOWSKI K. L.

140 lat pisma Kosmos.

Kosmos (2016) 65(2): 151-161

261/M

PASZEWSKI A.

Przyczyny orientacji homoseksualnej – co wnoszą do wiedzy badania nad bliźniakami.

Family Forum. Roczniki Instytutu Nauk o Rodzinie WT UO (2016) T.6: 31-43

261/1/M

BAŻLEKOWA-KARABAN M., CZUBATY A., GHAHE S.S., GIRSTUN A., ISHIKAWA T., IWANICKA-NOWICKA R., KOSICKI K., KOZŁOWSKI P., ORZECZOWSKA E.J., TRZCIŃSKA-DANIELEWICZ J., TUDEK B.

Mechanizmy nowotworzenia i nowoczesne terapie przeciwnowotworowe : skrypt do zajęć.

Mechanizmy nowotworzenia i nowoczesne terapie przeciwnowotworowe : skrypt do zajęć, Warszawa 2016. ISBN 978-83-7798-609-7

4175/A

CZARNECKA A. M., BIELECKA Z. F., BRODACZEWSKA K., MALISZEWSKA-OLEJNICZAK K., MALINOWSKA A., KRASOWSKI P., MATAK D., LIPIEC M., GRZESIUK E., PIWOWARSKI J., SZCZYLIK C.

Optimal 3D cell culture model of human renal carcinoma stem-like cells.

ASCB Annual Meeting, San Francisco, USA, 3-7 December 2016

Abstracts BS

4176/A

BIELECKA Z. F., BRODACZEWSKA K., MALISZEWSKA-OLEJNICZAK K., SZCZYLIK C., CZARNECKA A. M.

Laminin and poly-D-lysine pre-coating enables effective drug testing in renal cell carcinoma.

32nd Ernst Klenk Symposium in Molecular Medicine, Cologne, Germany, 8-10 December 2016

Abstracts BS

4177/A

PODOBAS E. I., GUTOWSKA-OWSIK D., BONNA A., OGG G., BAL W.

Ni(II) assisted hydrolysis of filaggrin protein.

European Academy of Allergy and Clinical Immunology Congress, Vienna, Austria, 11-15 June 2016

Allergy (2016) 71 (Special Issue S1, suppl. 102): 322

4178/A

JARRETT R., OGG G., 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.

Filaggrin inhibits house dust mite phospholipase generation of CD1a lipid antigens for recognition by T cells.

20th Anniversary Conference of the British-Skin-Foundation on Skin Deep - 20 Years of Research, London, England, 13 October 2016

British Journal of Dermatology (2016) 175 (supplement 2) p.50

4179/A

BUKSA K., LITWINEK D., KOWALCZYK M., NOWOTNA A., BORECZEK J., GAMBUS H.
The influence of polysaccharides on sugar, alcohol and organic acid profile in wholemeal bread obtained by spontaneous sourdough fermentation process.
12th International Conference on Polysaccharides-Glycoscience, Prague, Czech Republic, 19-21 October 2016

Abstract Book p.115-117

4180/A

ADAMCZYK M.A., SIEDLECKI P., KIERZEK A.M., PITRUSKA R.
S. cerevisiae maf1-Delta mutant with high RNA polymerase III activity *in silico*.
17th European Congress on Biotechnology, Kraków, Poland, 3-6 July 2016

New Biotechnology (2016) 33 (suppl) P30-2 P.187

4181/A

GOLEC P., ŻELECHOWSKA K., KARCZEWSKA-GOLEC J., KARCZEWSKI J., ŁOŚ M.,
KŁONKOWSKI A. M., WĘGRZYN G.
Phage-directed synthesis of photoluminescent zinc oxide nanoparticles under benign conditions.
17th European Congress on Biotechnology, Kraków, Poland, 3-6 July 2016

New Biotechnology (2016) 33 (suppl) P16-12 p.149-150

4182/A

GHAHE S. S., MAJCHRZAK B., KOPANIA K., CIUBA A., TUDEK B.
Resistance to photodynamic therapy in glioblastoma cancer cells.
24th Biennial Congress of the European Association for Cancer Research, Manchester, England, 9-12 July 2016

European Journal of Cancer (2016) 61 (supplement 1) p.141

4182/1/A

POLESZAK O., BERĘSEWICZ M., SITKIEWICZ E., DADLEZ M., MISICKA-KĘSIK A., FEDORCZYK B.,
ZABŁOCKA B.
The neuroprotective role of mitochondrial located PKC beta II in ischemia-reperfusion injury.
XXVIIth International Symposium on Cerebral Blood Flow, Metabolism and Function and XIIth International Conference on Quantification of Brain Function with PET, Vancouver, Canada, 27-30 June 2015

Journal of Cerebral Food and Metabolism (2016) 36: 323-324

4182/2/A

PUSZKO A., SOSNOWSKI P., PULKA-ZIACH K., LASKOWSKA A., MIECZKOWSKI A., PERRET G. Y.,
MISICKA A.
Antiangiogenic activity and plasma stability study of peptidomimetics containing unnatural proline analogs.
34th European Peptide Symposium and 8th International Peptide Symposium, Leipzig, Germany, 1-3 September 2016

Journal of Peptide Science (2016) suppl. 2: S191

4182/3/A

ŁOBODA A. M., PRZYBOROWSKI L., KARPIŃSKI M., BIALIK R.
Biomechanical tests of aquatic plant stems: techniques and methodology.
4th European Congress of the International Association of Hydroenvironment engineering and Research, IAHR 2016, Liege, Belgium, 27-29 July 2016

Conference Papers p.158-165

4182/4/A

LITWINEK D., GAMBUS H., NOWOTNA A., GAMBUS F., SABAT R., WYWROCKA-GURGUL A., ZIĘĆ G., SZARY-SWORST K., MAKAREWICZ M., KOWALCZYK M., BORECZEK J.

Jakość razowych chlebów pszennych i żytnich wypieczonych z udziałem zakwasów wyprodukowanych z tych samych mąk.

XII Konferencja Naukowa z cyklu Żywność XXI wieku, Kraków, 22-23 września 2016 r

Żywność a Innowacje. Komunikaty str. 85

4182/5/A

LITWINEK D., KOWALCZYK M., GAMBUS H., NOWOTNA A., BUKSA K., BORECZEK J.

Technologia pieczywa funkcjonalnego w oparciu o żur piekarski wzbogacony wyselekcjonowanymi bakteriami fermentacji mlekowej.

Konferencja naukowa: Nauka o Zbożach - Wczoraj, Dziś i Jutro, Poznań, 6-7 października 2016

Materialy konferencyjne str. 15

4182/6/A

LITWINEK D., GAMBUS H., NOWOTNA A., BUKSA K., ZIĘĆ G., SABAT R., WYWROCKA-GURGUL A., KOWALSKI S., KOWALCZYK M., BORECZEK J.

The influence of the kind of wholemeal flour on the chemical composition of sourdough bread.

43rd International Conference of SSCHE, Tatranské Matliare, Slovakia, 23-27 May 2016

Proceedings p.866

4182/7/A

BORECZEK J., ŻYLIŃSKA J., BOGDANOWICZ A., WOJTACHNIO K., BARDOWSKI J. K., KOWALCZYK M.

Biodiversity of traditional sourdoughs made from the wheat, spelt and rye wholemeal flour.

25th International ICFMH Conference – FoodMicro 2016, Dublin, Ireland, 19-22 July 2016

Abstracts Book BS

4182/8/A

GRABARCZYK M., MIECZKOWSKI A., PĄCZKOWSKI C., SZAKIEL A.

GC-MS analysis of triterpenoids occurring in leaves of *Dioscorea* spp.

10th International Symposium on Chromatography of Natural Products, Lublin, Poland, 6-9 June 2016

Book of Abstracts OP-8, p.52

4182/9/A

LEŚNIKOWSKI Z.J., ADAMSKA A., BIAŁEK-PIETRAS M., KILIAŃSKA Z. M., OLEJNICZAK A. B., MIECZKOWSKI A., PARADOWSKA E., STUDZIŃSKA M., ŻOŁNIERCZYK J.D.

Discovery of novel boron-cluster modified nucleosides with antiviral or anticancer activity.

XXII International Roundtable on Nucleosides, Nucleotides and Nucleic Acids, Paris, France, 18-22 June 2016

Abstract Book p.35-38

4182/10/A

PRZYGOŃSKA K., FITUCH K., SITKIEWICZ E., RAND K. D., DADLEZ M.

Gas-phase H/D exchange monitored by MS reveals a dense network of side-chain interactions stabilizing oligomers of Alzheimer's diseases Abeta peptide.

64th ASMS Conference on Mass Spectrometry and Allied Topics, San Antonio, USA, 5-9 June 2016

Abstracts BS

Informacje o działalności jednostki naukowej PAN w 2017 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. INFORMACJE ORGANIZACYJNE

I.1.

- Instytut Biochemii i Biofizyki Polskiej Akademii Nauk
- Kategoria A+, Decyzja nr 189/KAT/2017 z dnia 22.11.2017 r.
- ul. Pawińskiego 5A, 02-106 Warszawa, tel. 22 5922145, 22 5922142, secretariate@ibb.waw.pl, <http://www.ibb.waw.pl>

I.2. Dyrektor, przewodniczący Rady Naukowej (innego organu doradczego)

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.

Misja

Prowadzenie badań naukowych dla pogłębienia istniejącej i uzyskania nowej wiedzy o molekularnych podstawach budowy i funkcjonowania organizmów.

Uprawiane dyscypliny naukowe

Biochemia, biofizyka, bioinformatyka, biologia molekularna, genetyka molekularna, genomika, biotechnologia.

Realizowane główne kierunki badawcze

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 genomyczne 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 zaangażowanych w procesy replikacji DNA i transkrypcji, a także w naprawę i replikację uszkodzonych regionów DNA, ze szczególnym uwzględnieniem oksydacyjnych uszkodzeń DNA. W modelowych układach prokariotycznych badana jest wierność procesu replikacji na obydwu niciach DNA, wyjaśniany jest udział różnych polimeraz DNA w procesie replikacji DNA, a w układach eukariotycznych studiowane są funkcje białek niekatalitycznych wchodzących w skład holoenzymów oraz powiązania mutagenezy i naprawy DNA z procesami nowotworowymi. Analizowane są funkcje zarówno znanych, jak i nowo odkrytych 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	
180	6	-	161	-	-	13

publikacje 1 – ukazujące się w czasopismach recenzowanych, wyróżnionych przez Journal Citation Reports (JCR, lista A)

publikacje 2 – ukazujące się w czasopismach recenzowanych, wyróżnionych przez European Reference Index for the Humanities (ERIH, lista C)

publikacje 3 – ukazujące się w innych czasopismach recenzowanych, wymienionych w aktualnym wykazie czasopism punktowanych Ministra Nauki i Szkolnictwa Wyższego (lista B)

¹ Definicja - stosownie do kryteriów przyjętych w aktualnym rozporządzeniu MNiSW

II.2. Aktywność wydawnicza jednostki

II.2.1. Wydawnictwa własne jednostki w roku sprawozdawczym (liczbowo, dotyczy wydawnictw, które ukazały się w roku sprawozdawczym)

z tego										
ogółem wydane		wydawnictwa zwarte		wydawnictwa ciągłe					Pozostałe	
				w tym <i>czasopisma:</i> <i>drukowane</i>		<i>wyłącznie</i> w wersji <i>elektronicznej</i>	Inne			
							wydawnictwa ciągłe			
liczba tytułów	nakład w egz.	liczba tytułów	nakład w egz.	liczba tytułów	nakład w egz.	liczba tytułów	liczba tytułów	nakład w egz.	liczba tytułów	nakład w egz.
1	500	1	500	0	0	0	0	0	0	0

II.2.2. Czasopisma udostępniane na platformach cyfrowych (De Gruyter Open/Springer; PAN – Czytelnia Czasopism, Elektroniczna Biblioteka; inne platformy)

Liczba tytułów ogółem, w tym:

Tytuł czasopisma, nazwa platformy elektronicznej, na której zostało udostępnione czasopismo.

Nie było

II.3. Projekty, zadania badawcze realizowane w roku sprawozdawczym

Łączna liczba wszystkich projektów (II.3.1-II.3.3): 117

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) 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	2011-2017	510 000 zł	Narodowe Centrum Nauki
	2) Charakterystyka biochemiczna, strukturalna i funkcjonalna roślinnego kompleksu egzozomu, z wykorzystaniem <i>Arabidopsis thaliana</i> jako organizmu modelowego.	Dr hab. Rafał Tomecki	2011-2017	1 000 000 zł	Narodowe Centrum Nauki
	3) "Projektowalne" nukleazy - badania strukturalne, programowanie specyficzności i próby wykorzystania w inżynierii genomowej.	Prof. dr hab. Matthias Bochtler	2012-2017	2 500 000 zł	Narodowe Centrum Nauki
	4) Nowatorskie koncepcje regulacji transkrypcji tRNA.	Prof. dr hab. Magdalena Rakowska-Boguta	2016-2017	2 931 000 zł	Narodowe Centrum Nauki
	5) Nowe mechanizmy naprawy uszkodzeń alkilacyjnych DNA u bakterii śródowniskowych: <i>Shewanella oneidensis</i> i <i>Pseudomonas putida</i> .	Dr hab. Anna Sikora	2013-2017	508 685 zł	Narodowe Centrum Nauki

6) 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
7) 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
8) Rola aneksyn w wewnątrzkomórkowym krążeniu błon.	Dr Dorota Konopka-Postupolska	2013-2017	900 000 zł	Narodowe Centrum Nauki
9) 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
10) Analiza funkcjonalna wybranych genów poliwalentnego bakteriofaga gronkowcowego, w kontekście interakcji fag-bakteria w różnych środowiskach.	Mgr Aleksandra Głowacka	2013-2017	149 500 zł	Narodowe Centrum Nauki
11) Analiza funkcjonalna genów regulatorowych <i>Streptococcus anginosus</i> .	Mgr Katarzyna Obszańska	2013-2017	149 500 zł	Narodowe Centrum Nauki
12) 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
13) Molekularne podstawy rozwoju oporności na bakteriocyny u <i>Lactococcus lactis</i> .	Prof. dr hab. Jacek Bardowski	2013-2017	626 600 zł	Narodowe Centrum Nauki
14) Badania nad topogenezą białek PTS3: nowa droga importu białek do peroksysomów.	Dr hab. Marek Skoneczny	2013-2017	632 320 zł	Narodowe Centrum Nauki
15) Transpozony w genomach pierwszych grzybów lądowych (Zygomycota).	Dr Anna Muszewska	2013-2017	499 800 zł	Narodowe Centrum Nauki
16) 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
17) Wiroid – niekodujący replikon RNA regulujący ekspresję genomu gospodarza.	Dr Anna Góra-Sochacka	2014-2018	639 960 zł	Narodowe Centrum Nauki
18) 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

19) Dodekahedron adenowirusa – poliwalencyjny, białkowy biodegradowalny wektor dostarczenia wewnątrzkomórkowego.	Dr hab. Ewa Szołajska	2014-2017	813 112 zł	Narodowe Centrum Nauki
20) <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
21) Badanie funkcji ZmCPK11 i jej najbliższych homologów u <i>Arabidopsis thaliana</i> w stresach abiotycznych.	Dr Jadwiga Szczepielniak	2014-2018	490 030 zł	Narodowe Centrum Nauki
22) Regulacja mitozy u <i>Drosophila melanogaster</i> – analiza proteomiczna.	Prof. dr hab. Michał Dadlez	2014-2017	945 880 zł	Narodowe Centrum Nauki
23) 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
24) Analiza funkcji kompleksów remodelujących chromatynę typu SWI/SNF w kontroli procesów metabolicznych.	Dr hab. Tomasz Sarnowski	2014-2017	990 040 zł	Narodowe Centrum Nauki
25) 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
26) Naturalna zmienność efektoru 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
27) Integracja sygnałów stresowych w roślinach: światło a percepcja stresu osmotycznego.	Dr Olga Sztatelman	2014-2017	612 000 zł	Narodowe Centrum Nauki
28) 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
29) Oddziaływanie jonów niklu (II) na filagrynę, kluczowe białko w supresji alergii niklowej.	Mgr Ewa Podobas	2014-2017	112 576 zł	Narodowe Centrum Nauki
30) Rozwój i zastosowanie narzędzia bioinformatycznego do oceny jakości modeli struktur RNA.	Mgr Marcin Magnus	2014-2017	98 540 zł	Narodowe Centrum Nauki
31) Multidyscyplinarne kompleksowe badania degradacji i kontroli jakości mitochondrialnego RNA.	Dr Roman Szczęsny	2014-2019	3 000 880 zł	Narodowe Centrum Nauki
32) Ewolucyjne podejście do badania genomów.	Dr hab. Szymon Kaczanowski	2015-2018	677 760 zł	Narodowe Centrum Nauki

33) Ocena ekspresji krążących mikroRNA w patogenezie pozawąłowej niewydolności mięśnia sercowego.	Mgr Agata Maciejak	2015-2017	100 000 zł	Narodowe Centrum Nauki
34) Regulacja fotosyntezy i wzrostu u <i>Arabidopsis thaliana</i> podczas stresu solnego.	Mgr Anna Kulik	2015-2018	722 415 zł	Narodowe Centrum Nauki
35) 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
36) Identyfikacja nowych elementów i ścieżek degradacji ludzkiego RNA mitochondrialnego za pomocą wysokoprzepustowych przeszukiwań biblioteką siRNA pokrywającą cały genom.	Dr Roman Szczesny	2015-2018	898 638 zł	Narodowe Centrum Nauki
37) 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
38) 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
39) Wyznaczanie dokładnej struktury kompleksu (kompleksów) peptydu AB1-16 z jonami Pd(II) przy pomocy magnetycznego rezonansu jądrowego (NMR) oraz innych technik spektroskopowych.	Mgr Mariusz Mital	2015-2018	99 960 zł	Narodowe Centrum Nauki
40) 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
41) 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
42) Strukturalne konsekwencje oligomeryzacji lizeiny – toksyny wiążącej sfingomielinę traw lipidowych.	Dr Magdalena Kulma	2015-2018	711 620 zł	Narodowe Centrum Nauki
43) Peptydy Abeta 4-x jako odporne na leki chelatujące cząsteczki wiążące miedź, promujące tworzenie oligomerów amylidowych	Prof. dr hab. Wojciech Bal	2015-2018	621 400 zł	Narodowe Centrum Nauki
44) Dynamika subkomórkowa efektora HopQ1 – efektora trzeciego systemu sekrecji z <i>Pseudomonas syringae</i> .	Dr hab. Magdalena Krzymowska	2015-2018	1 105 024 zł	Narodowe Centrum Nauki

45) 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 infekcje PVY.	Prof. dr hab. Jacek Hennig	2015-2018	1 378 670 zł	Narodowe Centrum Nauki
46) Rola proteasomalnej degradacji białek w regulacji odpowiedzi roślin na stres niedoboru siarki.	Dr Anna Wawrzyńska	2015-2018	594 340 zł	Narodowe Centrum Nauki
47) 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
48) Poszukiwana, poszukiwany – jak powstają glicynoprenole u Arabidopsis i dlaczego?	Mgr inż. Katarzyna Gawarecka	2015-2017	100 000 zł	Narodowe Centrum Nauki
49) 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
50) 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
51) Badanie mechanizmów biorących udział w syntezie niekodujących transkryptów.	Dr Jacek Nowak	2016-2019	1 205 200 zł	Narodowe Centrum Nauki
52) LEW1 jako białkowy partner cis-prenylotransferaz w procesie biosyntezy poliizoprenoidów u Arabidopsis.	Mgr Przemysław Surowiecki	2015-2018	150 000 zł	Narodowe Centrum Nauki
53) Analiza zależności funkcjonalnej pomiędzy kompleksami remodelującymi chromatynę typu SWI/SNF i splicingiem pre-mRNA u Arabidopsis	Dr Szymon Kubala	2015-2018	612 000 zł	Narodowe Centrum Nauki
54) Udział kinaz SNF1-related typu 2 (SnRK2) w odpowiedzi roślin na stres środowiskowy.	Mgr Katarzyna Szymańska	2015-2017	81 796 zł	Narodowe Centrum Nauki
55) Badania białek związanych z układem odpornościowym człowieka jako celów molekularnych metalozależnej hydrolizy wiązania peptydowego.	Mgr inż. Nina Wezynfeld	2015-2017	90 192 zł	Narodowe Centrum Nauki
56) 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
57) Charakterystyka funkcjonalna kompleksów przebudowujących chromatynę typu SWI/SNF zawierających podjednostkę SWP73A lub SWP73B u Arabidopsis.	Mgr inż. Sebastian Sacharowski	2016-2019	150 000 zł	Narodowe Centrum Nauki

58) 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
59) Regulacja posttranslacyjnej modyfikacji ludzkiej polimerazy iota.	Dr Justyna McIntyre	2016-2019	703 800 zł	Narodowe Centrum Nauki
60) Nie-katakityczne domeny DRM2, metylotransferazy DNA kierowanej przez RNA.	Dr Humberto Fernandez	2016-2019	907 200 zł	Narodowe Centrum Nauki
61) 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
62) Nowe podejście w projektowaniu inhibitorów bisubstratowych.	Mgr inż. Maria Winiewska	2016-2019	150 000 zł	Narodowe Centrum Nauki
63) 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
64) Mechanizmy inkorporacji i usuwania rybonukleotydów w komórkach <i>E. coli</i> .	Dr Karolina Makiela-Dzbeńska	2016-2019	549 360 zł	Narodowe Centrum Nauki
65) Szczegółowa analiza potencjalnych regulatorów transkrypcji z proteomu <i>Pseudomonas aeruginosa</i> zależnych od ParA/ParB z wykorzystaniem narzędzi biologii systemów.	Dr Aneta Bartosik	2016-2021	1 518 680 zł	Narodowe Centrum Nauki
66) 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
67) Regulacja polimerazy III RNA w makrofagach.	Dr Damian Graczyk	2016-2019	776 000 zł	Narodowe Centrum Nauki
68) 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
69) 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
70) Hydrofobowa solwatacja halogenowych ligandów. Pomiary termodynamiczne umożliwiające określenie energii swobodnej wiązania halogenowego.	Prof. dr hab. Jarosław Poznański	2016-2019	998 100 zł	Narodowe Centrum Nauki

71) Poszukiwanie aktywowanego przez aneksynę 1 mechanizmu molekularnego ochrony chloroplastów przed stresem oksydacyjnym w <i>Arabidopsis thaliana</i> .	Dr Dorota Konopka-Postupolska	2016-2019	1 213 200 zł	Narodowe Centrum Nauki
72) 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
73) Rola kompleksów przebudowujących chromatynę typu SWI/SNF zawierających podjednostki SWP73A i SWP73B w kontroli podstawowych procesów regulacyjnych u <i>Arabidopsis thaliana</i> .	Mgr inż. Sebastian Sacharowski	2016-2017	64 676 zł	Narodowe Centrum Nauki
74) 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
75) Zmiany w profilu transkryptomycznym i proteomicznym oraz elementach historii życia <i>Daphnia</i> w odpowiedzi na związki alkilujące zanieczyszczające środowisko.	Prof. dr hab. Elżbieta Grzesiuk	2017-2020	1 059 740 zł	Narodowe Centrum Nauki
76) Czy oddziaływania z albuminą są istotne dla metalozależnej toksyczności peptydów beta-amuloidowych.	Mgr inż. Ewelina Stefaniak	2017-2020	150 000 zł	Narodowe Centrum Nauki
77) Badanie roli i biosyntezy poliprenoli typu bakteryjnego w komórkach eukariotycznych.	Dr Liliana Surmacz	2017-2020	900 000 zł	Narodowe Centrum Nauki
78) Czy mikrobioty ryzosfer antarktycznych roślin kwiatowych zwiększają ich odporność?	Mgr Anna Znój	2017-2020	148 800 zł	Narodowe Centrum Nauki
79) Zależny od białek Rab transport pęcherzykowy i równowaga biosyntezy steroli – gdzie szukać połączenia?	Dr Małgorzata Gutkowska-Stronkowska	2017-2020	432 800 zł	Narodowe Centrum Nauki
80) Nowe powiązania funkcjonalne w komórce eukariotycznej: transport pęcherzykowy strażnikiem stabilności genetycznej.	Dr hab. Adrianna Skoneczna	2017-2020	1 069 400 zł	Narodowe Centrum Nauki
81) Rola wzajemnego wpływu potranslacyjnych modyfikacji cystein i wiązania jonów metali na konformacyjną i funkcjonalną plastyczność ludzkich białek S100A8 i S100A9 – biomarkerów wrodzonej odporności i nowotworzenia.	Dr Aleksandra Wyslouch-Cieszyńska	2017-2020	1 033 600 zł	Narodowe Centrum Nauki
82) Mechanizmy onkogenezy związanej z mutacjami w DIS3.	Prof. dr hab. Andrzej Dziembowski	2017-2022	3 490 750 zł	Narodowe Centrum Nauki
83) Rola białka Cdc45 w utrzymaniu stabilności genomu w komórkach drożdży <i>Saccharomyces cerevisiae</i> .	Mgr Milena Denkiewicz-Kruk	2017-2020	150 000 zł	Narodowe Centrum Nauki
84) Promutagenne działanie pseudoubikwitynazy Mms2 w komórkach drożdży <i>S. cerevisiae</i> .	Mgr Krawczyk Michał	2017-2020	149 900 zł	Narodowe Centrum Nauki

85) Rola małych peptydów w transporcie miedzi w organizmie człowieka – oddziaływania z albuminą.	Prof. dr hab. Wojciech Bal	2017-2020	1 561 000 zł	Narodowe Centrum Nauki
86) Ustalenie trójwymiarowych struktur RNA przy pomocy metod doświadczalnych i obliczeniowych.	Dr Ahsta Ashta	2017-2018	115 676 zł	Narodowe Centrum Nauki
87) Poznanie mechanizmu funkcjonowania mitochondrialnej syntazy ATP poprzez badanie fenotypów mutacji patologicznych w mitochondrialnym DNA na modeli drożdżowym.	Dr hab. Róża Kucharczyk	2017-2020	1 061 800 zł	Narodowe Centrum Nauki
88) Badania funkcjonalne ludzkich i wirusowych metylotransferaz związanych z biosyntezą 5' końca mRNA.	Mgr inż. Diana Toczyłowska	2017-2018	115 676 zł	Narodowe Centrum Nauki
89) Identyfikacja molekularnego mechanizmu regulacji ekspresji wybranych genów związanych z kontrolą przekazywania sygnału u <i>Arabidopsis thaliana</i> .	Dr Anna Maassen	2017-2018	49 999 zł	Narodowe Centrum Nauki
90) Rola kinaz SnRK2 w regulacji alternatywnego splicingu pre-mRNA i biogenezie miRNA w odpowiedzi roślin na zasolenie.	Prof. dr hab. Grażyna Dobrowolska	2017-2020	1 631 250 zł	Narodowe Centrum Nauki
91) Molekularny mechanizm kontroli tempa elongacji PolII przez splicing.	Dr Szymon Świeżewski	2017-2020	1 520 900 zł	Narodowe Centrum Nauki
92) Znaczenie nietypowych miejsc wiązania ATP przez białko Chl12 na stymulację enzymu chelatazy magnezowej u zielenic <i>Chlamydomonas reinhardtii</i> .	Dr Artur Sawicki	2017-2020	39 600 zł	Narodowe Centrum Nauki
93) Polihydroksykwaszy zimnolubnych bakterii z regionów polarnych – rola w adaptacji bakterii do warunków stresowych i potencjał biotechnologiczny.	Dr Jakub Grzesiak	2017-2020	647 116 zł	Narodowe Centrum Nauki

II.3.2. Projekty finansowane lub dofinansowane ze środków Narodowego Centrum Badań i Rozwoju;

Projekt w ramach	Tytuł projektu	Kierownik projektu	Okres realizacji (rok) od-do	Przyznane środki	Instytucja finansująca
II.3.2	1) Toward structural characterization of novel mechanism of inhibition of SnRK2s activity by calcium sensor (SCS) in plants.	Prof. dr hab. Grażyna Dobrowolska	2013-2017	2 789 558 zł	Narodowe Centrum Badań i Rozwoju
	2) Role of the FTO dioxygenase in development of obesity – multidisciplinary study on selected model systems.	Prof. dr hab. Elżbieta Grzesiuk	2013-2017	3 918 470 zł	Narodowe Centrum Badań i Rozwoju

3) A novel approach to monitoring the impact of climate change on Antarctic ecosystems.	Dr hab. Katarzyna Chwedorzewska	2013-2017	3 959 099 zł	Narodowe Centrum Badań i Rozwoju
4) 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
5) 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
6) 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
7) 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
8) Wykrywanie zagrożenia nagłą śmiercią łóeczkową.	Dr Paweł Szczęsny	2015-2018	1 199 750 zł	Narodowe Centrum Badań i Rozwoju
9) 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
10) 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	2016-2019	2 544 270 zł	Narodowe Centrum Badań i Rozwoju
11) Zastosowanie nowych metod rozpoznawania i leczenia padaczki oraz zaburzeń neurorozwojowych u dzieci w oparciu o model kliniczny i komórkowy padaczki zależnej od szlaku mTOR.	Prof. dr hab. Michał Dadlez	2017-2020	3 928 980 zł	Narodowe Centrum Badań i Rozwoju

II.3.3. Pozostałe projekty:

Projekt w ramach	Tytuł projektu	Kierownik projektu	Okres realizacji (rok) od-do	Przyznane środki	Instytucja finansująca
II.3.3	1) 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
	2) 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
	3) Mobilność Plus	Mgr Dawid Główny	2016-2017	168 000 zł	Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego
	4) Mitochondrialna syntaza ATP.	Dr Róża Kucharczyk	2016-2017		Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego
	5) 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
	6) Doktorat wdrożeniowy	Mgr Rafał Jastrząb	2017-2021	170 520 zł	Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego
	7) Posttranscriptional regulation of gene expression in metazoans.	Prof. dr hab. Andrzej Dziembowski	2015-2017	29 400 zł	Fundacja na rzecz Nauki Polskiej
	8) Control of tRNA biogenesis.	Prof. dr hab. Magdalena Rakowska-Boguta	2015-2017	47 250 zł	Fundacja na rzecz Nauki Polskiej
	9) 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
	10) Antisense transcription requirement for plant external environment sensing.	Dr Szymon Świeżewski	2017-2020	3 500 000 zł	Fundacja na rzecz Nauki Polskiej
	11) Mass Spectrometry of Biopharmaceuticals - improved methodologies for qualitative and structural characterization of drugs, proteinaceous drug targets and diagnostic molecules.	Prof. dr hab. Michał Dadlez	2017-2020	3 499 706 zł	Fundacja na rzecz Nauki Polskiej

12) 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
13) 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

II.3.4. Zadania badawcze realizowane w ramach działalności statutowej – 55

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).

Arabidopsis SWI/SNF chromatin remodeling complex binds both promoters and terminators to regulate gene expression.

Archacki R, Yatusovich, Buszewicz D, Krzyczmonik K, Patryn J, Iwanicka-Nowicka R, Biecek P, Wilczynski B, Kobłowska M, Jerzmanowski A, Swiezewski S.
Nucleic Acids Res. 2017 Apr 7;45(6):3116-3129.

Pokazaliśmy że kompleks remodelujący nukleosomy SWI/SNF wiąże się nie tylko do promotorów, ale też do terminatorów licznych genów.

Pokazaliśmy że geny związane przez SWI/SNF na 5' i 3' końcach są regulowane tak samo. Związane przez SWI/SNF terminatory nie tylko wykazują wiele cech promotorów (H3K4me3, elementy TATA) ale rzeczywiście wykazują aktywność promotorów. Nasza praca opisuje nie znany dotychczas sposób regulacji ekspresji genów poprzez związany na 3' końcach genów kompleks SWI/SNF.

The Non-Canonical Poly(A) Polymerase FAM46C Acts as an Onco-Suppressor in Multiple Myeloma.

Seweryn Mroczek, Justyna Chlebowska, Tomasz M Kuliński, Olga Gewartowska, Jakub Gruchota, Dominik Cysewski, Vladyslava Liudkovska, Ewa Borsuk, Dominika Nowis, Andrzej Dziembowski

Nature Communications 8, Article number: 619 (2017), doi:10.1038/s41467-017-00578-5

FAM46C jest jednym z najczęściej zmutowanych genów u pacjentów chorych na szpiczaka mnogiego, nieuleczalnego nowotworu powstającego z limfocytów B. Badacze wykazali, że FAM46C koduje cytoplazmatyczną nie-kanoniczną poli(A) polimerazę, która stymuluje ekspresję genów, których produkty podobnie jak przeciwciała przechodzą przez siateczkę endoplazmatyczną. W komórkach szpiczaków aktywność FAM46C prowadzi to zwiększonego stresu siateczki i śmierci komórek nowotworowych.

- 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 było

- 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).

Transkryptomiczne biomarkery do stratyfikacji indywidualnego ryzyka rozwoju pozawałowej niewydolności serca

Ciężkie zawały serca typu STEMI w około 30 % kończą się rozwinieniem ciężkiej niewydolności serca. Klasyczne czynniki ryzyka (m.in. wielkość zawału, cukrzyca) tylko częściowo tłumaczą, dlaczego w pewnej grupie pacjentów dochodzi do rozwoju niewydolności. W ramach projektu TANGO (TANGO1/266456/NCBR/2015) opracowujemy test oparty na biomarkerach transkryptomicznych umożliwiający diagnostykę i/lub określenie ryzyka rozwoju niewydolności pozawałowej dla danego pacjenta.

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
Uzyskane patenty							
1	P.408351	2014-05-27	224636	Sposób wytwarzania warstwy elektroaktywnej na powierzchni elektrody złotej, biocujnik zawierający elektrodę i jego zastosowanie.	Zagórski-Ostoja Włodzimierz; Malecka Kamila Dorota; Radecki Jerzy; Radecka Hanna; Dehaen Wim; Sirko Agnieszka	- Instytut Biochemii i Biofizyki PAN; - Instytut Rozrodu Zwierząt i Badań Żywności PAN	Polska
2	P.405125	2013-08-23	226431	Cząsteczka miR172 pochodzenia roślinnego lub jej syntetyczny ekwiwalent, sposób zmniejszenia proliferacji limfocytów B oraz zastosowanie cząsteczki mi172.	Łukasik Anna; Zielenkiewicz Piotr; Szwejkowska-Kulińska Zofia; Pączek Leszek	- Instytut Biochemii i Biofizyki PAN; - Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu	Polska
3	P-392772	2011-10-27	US9,534,229	A plant homolog to autophagy protein p62.	Zientara-RytterKatarzyna; Moniuszko Grzegorz; Wawrzyńska Anna; Łukomska Jolanta; Sirko Agnieszka	Instytut Biochemii i Biofizyki PAN	USA
4	US14/414,486 EP2872156 (A1) (nr zgłoszenia w Polsce 399961)	2013-07-13 2015-05-20	US9678063 EP2872156	Method of evaluating the therapeutic efficacy of bacteriophages.	Łobocka Małgorzata; Głowacka Aleksandra; Dąbrowski Kamil; Hejnowicz Monika; Gozdek Agnieszka; Weber-Dąbrowska Beata; Górski Andrzej; Empel Joanna; Hryniewicz Waleria; Kwiatek Magdalena; Parasion Sylwia; Gryko Romuald	- Instytut Biochemii i Biofizyki PAN; Instytut Immunologii i Terapii Doświadczalnej PAN; - Narodowy Instytut Leków; - Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie; - Wojskowy Instytut Higieny i Epidemiologii	USA

5	P. 407163	2014-02-12	228091	Zestaw biomarkerów transkryptomicznych do zastosowania w stratyfikacji indywidualnego ryzyka rozwoju pozawałowej niewydolności serca, sposób diagnozowania ryzyka wystąpienia u pacjenta pozawałowej niewydolności serca i zastosowanie biomarkerów do diagnostyki <i>in vitro</i> .	Burzyńska Beata; Góra Monika; Maciejak Agata; Tułacz Dorota; Kiliszek Marek; Michalak Marcin; Opolski Grzegorz; Matlak Krzysztof; Dobrzycki Sławomir	- Instytut Biochemii i Biofizyki PAN; Warszawski Uniwersytet Medyczny; - Uniwersytet Medyczny w Białymstoku	Polska
6	386238	2008-10-07	228280	Nowe asymetrycznie podstawione pochodne 1,4,7- triazacyklononanu, sposób ich wytwarzania, ich zastosowanie.	Sobieściak Tomasz Daniel	Instytut Biochemii i Biofizyki PAN	Polska
Wnioski patentowe							
1	P.422982	2017-09-26		Antygen uniwersalny, uniwersalna szczepionka przeciwko grypie, układ do wytwarzania szczepionki, sposób wytwarzania antygenu i zastosowanie antygenu do wytwarzania szczepionki uniwersalnej przeciwko grypie.	Kopera Edyta; Szewczyk Bogusław; Uranowska Karolina	- Instytut Biochemii i Biofizyki PAN; - Uniwersytet Gdański	Polska
2	P-423299	2017-10-30		Sposób oczyszczania środowiska zanieczyszczonego estrami siarkowymi, nowe szczepy bakteryjne, nowe białka, konstrukt kwasu nukleinowego, wektor, komórka gospodarz, sposób wytwarzania szczepów bakteryjnych i nowych białek, kompozycja ich zastosowania oraz sposób bioremediacji środowiska.	Furmańczyk Ewa; Kamiński Michał; Sobczak Adam; Lipiński Leszek	Instytut Biochemii i Biofizyki PAN	Polska
	EP 3 185 893 (ze zgłoszeń P-409298 P-410063	2017-07-05		Use of cationic derivatives of polyphenols PTAI in production of immunomodulating substances.	Góra-Sochacka Anna; Stachyra Anna; Sirko Agnieszka; Zagórski-Ostoja Włodzimierz; Radkiewicz Patrycja; Gwarecka Katarzyna; Chojnacki Tadeusz; Skorupińska-Tudek Karolina; Kula-Świeżewska Ewa; Rak Monika; Madeja Zbigniew; Masnyk Marek; Chmielewski Marek; Ochalek Anna	- Instytut Biochemii i Biofizyki PAN; - Uniwersytet Jagielloński; - Instytut Chemii Organicznej PAN	EU

- wykaz zgłoszeń i uzyskanych praw ochronnych na wzory użytkowe

Nie dotyczy

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)

Nie było

- doktora habilitowanego (imię i nazwisko pracownika, tytuł pracy habilitacyjnej, dziedzina i zakres nadanego stopnia naukowego)

Imię i nazwisko	Tytuł pracy habilitacyjnej	Dziedzina i zakres nadanego stopnia naukowego
Agnieszka Maciejewska	Określenie właściwości mutagennych i naprawa wybranych egzocyklicznych adduktów do zasad DNA.	dziedzina nauk biologicznych, dyscyplina biologia

- doktora (imię, nazwisko pracownika, tytuł pracy doktorskiej, dziedzina i zakres nadanego stopnia naukowego)

L.p.	Imię i nazwisko	Tytuł pracy doktorskiej	Dziedzina i zakres nadanego stopnia naukowego
1.	Maria Winiewska-Szajewska	Oszacowanie wkładu wiązania halogenowego do energii swobodnej oddziaływania białko-ligand. Badania termodynamiczne wiązania halogenowanych benzotriazoli przez podjednostkę katalityczną kinazy CK2.	dziedzina - nauki biologiczne dyscyplina - biofizyka
2.	Małgorzata Palusińska	Transkrypcyjna kontrola ekspresji genu DOG1 będącego głównym regulatorem czasu spoczynkowego nasion u <i>Arabidopsis thaliana</i> .	dziedzina - nauki biologiczne dyscyplina - biochemia
3.	Anna Beata Stachyra	Opracowanie szczepionki DNA przeciwko wirusowi grypy ptaków H5N1.	dziedzina - nauki biologiczne dyscyplina - biologia
4.	Halina Fedak	Regulacja stanu spoczynkowego nasion przez antysensowny transkrypt genu DOG1 u rzodkiewnika (<i>Arabidopsis thaliana</i>).	dziedzina - nauki biologiczne dyscyplina - biochemia

5.	Julita Gruchota	Proces rearanżacji genomu <i>Paramecium tetraurelia</i> , jako model do badania udziału czynników elongacji transkrypcji w syntezie niekodujących RNA.	dziedzina - nauki biologiczne dyscyplina - biochemia
----	-----------------	--	---

II.6.2. Wykaz tytułów i stopni naukowych nadanych przez jednostkę w roku sprawozdawczym innym osobom (niezatrudnionym w jednostce):

- doktora habilitowanego - 0
- doktora

L.p.	Imię i nazwisko	Tytuł pracy doktorskiej	Dziedzina i zakres nadanego stopnia naukowego
1.	Magdalena Anna Machnicka	Charakterystyka szlaków potranskrypcyjnych modyfikacji RNA.	dziedzina - nauki biologiczne dyscyplina - biochemia
2.	Mirosław Śmietański	Charakterystyka strukturalna ludzkiej metylotransferazy CMTr1 działającej na koniec 5' produktów syntezy polimerazy RNA II.	dziedzina - nauki biologiczne dyscyplina - biochemia
3.	Anna Jaworska	Badania komórkowych procesów zaangażowanych w chorobę Alzheimera: aktywności gamma sekretazy oraz utrzymywania homeostazy wapniowej.	dziedzina - nauki biologiczne dyscyplina - biologia
4.	Łukasz Stawski	Uszkodzenie komórek śródbłónka w patogenezie twardziny układowej.	dziedzina - nauki biologiczne dyscyplina - biologia
5.	Hanna Panagiotopoulou	Analiza genetyczna jesiotra w związku z jego restytucją i hodowlą w Polsce	dziedzina - nauki biologiczne dyscyplina - biologia
6.	Anna Biernacka	Rozwój metody BLESS i jej zastosowanie do badania podwójnych pęknięć DNA w wybranych organizmach eukariotycznych.	dziedzina - nauki biologiczne dyscyplina - biologia
7.	Marta Dudek	Badanie oddziaływań antybiotyków aminoglikozydowych i syntetycznych oligonukleotydów z RNA metodami obliczeniowymi i doświadczalnymi.	dziedzina - nauki biologiczne dyscyplina - biochemia
8.	Marcin Magnus	Opracowanie narzędzi komputerowych do przewidywania struktury trzeciorzędowej RNA.	dziedzina - nauki biologiczne dyscyplina - biochemia
9.	Marta Borowiec	Badanie aktywności biologicznej rekombinowanych mutein Egzotoksyny A z <i>Pseudomonas aeruginosa</i> .	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		
90	51	20	13	0	0	0	0		
Liczba uczestników studiów doktoranckich ogółem						w tym: przyjęci w roku sprawozdawczym			
K		M		K		M		115	52
90		51		20		13			

Blizsze informacje o doktorantach niebędących obywatelami polskimi, zwanymi dalej „cudzoziemcami”

Liczba cudzoziemców ogółem		w tym: przyjęci w roku sprawozdawczym	
13		6	
Kraj pochodzenia	Liczba cudzoziemców	Kraj pochodzenia	Liczba cudzoziemców
1) Chiny	1) 1	1) Chiny 2) Hiszpania 3) Indie 4) Włochy	1) 1
2) Hiszpania	2) 2		2) 2
3) Indie	3) 6		3) 2
4) Litwa	4) 1		4) 1
5) Portugalia	5) 1		
6) Ukraina	6) 1		
7) Włochy	7) 1		

II.6.3.1. Wykaz uzyskanych doktoratów w ramach studiów doktoranckich pod kierunkiem promotora z jednostki PAN:

L.p.	Imię i nazwisko	Tytuł pracy doktorskiej	Dziedzina i zakres nadanego stopnia naukowego
1.	Agata Maciejak	Zmiany transkryptomiczne w rozwoju pozawałowej niewydolności mięśnia sercowego.	dziedzina - nauki biologiczne dyscyplina - biochemia
2.	Katarzyna Kalisiak	Analiza funkcjonalna ludzkiego kompleksu egzozomu.	dziedzina - nauki biologiczne dyscyplina - biochemia
3.	Anna Łabno	Rola wybranych egzo- i endorybonukleaz w regulacji metabolizmu RNA w komórkach ludzkich.	dziedzina - nauki biologiczne dyscyplina - biochemia

4.	Jakub Grzesiak	Zmiany w mikrobiocenozach środowisk glacialnych i postglacialnych Arktyki i Antarktyki pod wpływem procesów ablacji i deglacjacji.	dziedzina - nauki biologiczne dyscyplina - biologia
5.	Aiswarya Premchandar	Structural studies of selected Intermediate Filament proteins and their interacting partners using Hydrogen-Deuterium Exchange Mass Spectrometry.	dziedzina - nauki biologiczne dyscyplina - biofizyka
6.	Kamil Król	Zaangażowanie transportu pęcherzykowego w ochronę przed stresem genotoksycznym i w utrzymywanie stabilnego genomu komórkowego diploidalnych drożdży <i>Saccharomyces cerevisiae</i> .	dziedzina - nauki biologiczne dyscyplina - biologia
7.	Joanna Radziwiłł-Bieńkowska	Identyfikacja czynników molekularnych odpowiedzialnych za adhezję <i>Lactococcus lactis</i> subsp. <i>cremoris</i> IBB477 do błony śluzowej przewodu pokarmowego.	dziedzina - nauki biologiczne dyscyplina - biochemia
8.	Magdalena Richter	Proteomiczna analiza strukturalna i funkcjonalna kompleksów białkowych wchodzących w skład kinetochoru.	dziedzina - nauki biologiczne dyscyplina - biochemia
9.	Karol Ruszel	Udział specyficznych białek w naprawie etenowych adduktów zasad DNA.	dziedzina - nauki biologiczne dyscyplina - biochemia
10.	Anna Fogtman	Zmiany transkryptomu i modyfikacji histonów rdzeniowych we wczesnej fazie odpowiedzi na stres abiotyczny komórek <i>Arabidopsis thaliana</i> T87.	dziedzina - nauki biologiczne dyscyplina - biologia
11.	Ewa Podobas	Oddziaływanie jonów niklu(II) na filagrynę, kluczowe białko w supresji alergii niklowej.	dziedzina - nauki biologiczne dyscyplina - biochemia
12.	Anna Łukasik	Zastosowanie roślinnych miRNA w leczeniu schorzeń u ludzi - badania <i>in silico</i> .	dziedzina - nauki biologiczne dyscyplina - biologia
13.	Weronika Rzepnikowska	Drożdże jako organizm modelowy do badania skutków mutacji w genie VPS13A powodujących ludzką chorobę genetyczną płasawico-akantocytozę.	dziedzina - nauki biologiczne dyscyplina - biochemia
14.	Nina Wezynfeld	Badania białek związanych z układem odpornościowym człowieka jako celów molekularnych metalozależnej hydrolizy wiązania peptydowego.	dziedzina - nauki biologiczne dyscyplina - biofizyka
15.	Agata Lipko	Biosynteza poliizoprenoidów u <i>Arabidopsis thaliana</i> - badania <i>in vivo</i> .	dziedzina - nauki biologiczne dyscyplina - biochemia
16.	Monika Niewiadomska	Rola Alg13 N-acetylglukozaminy transferazy w patogenności <i>Candida albicans</i> .	dziedzina - nauki biologiczne dyscyplina - biochemia
17.	Urszula Natkańska	Funkcja i lokalizacja wewnątrzkomórkowa Hsp31p, białka odpowiedzi na wiele stresów w drożdżach <i>Saccharomyces cerevisiae</i> .	dziedzina - nauki biologiczne dyscyplina - biochemia
18.	Justyna Kowalczyk	Identyfikacja i charakterystyka nowego regulatora genu DOG1 u <i>Arabidopsis thaliana</i> oraz wpływu wyboru miejsca poliadenylacji mRNA DOG1 na antysensowną transkrypcję w jego locus.	dziedzina - nauki biologiczne dyscyplina - biochemia

II.6.4. Udział pracowników jednostki w różnych formach kształcenia podoktorskiego w instytucjach zagranicznych (studia, staże, stypendia, inne, ukończone w roku sprawozdawczym). Dotyczy osób, które będąc pracownikami jednostki, uczestniczyły w tych formach kształcenia.

Krótki opis: imię i nazwisko pracownika; zagraniczny ośrodek naukowy; forma kształcenia; okres kształcenia, rok od-do; wybrane uzyskane najważniejsze rezultaty badawcze (ew. publikacje).

Imię i nazwisko pracownika	Zagraniczny ośrodek naukowy	Forma kształcenia	Okres kształcenia, rok od-do	Wybrane uzyskane najważniejsze rezultaty badawcze (ew. publikacje)
Marta Grech-Baran	The Sainsbury Laboratory, Norwich, UK	staż	01.07.-27.08. 2017	Izolacja genów warunkujących odporność ziemniaka jadalnego (<i>S. tuberosum</i>) na infekcje patogenne
Leszek Tarnowski	Université catholique de Louvain	staż	14-24/11/2017	Potwierdzenie oddziaływania białek NBR1 i RPS6 w systemie BiFC

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
101	24	12	12

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	29	16
a) w uczelniach wyższych	29	9
b) w innych instytucjach	0	7
2. za granicą	1	4

Wykaz krajowych i/lub zagranicznych ośrodków naukowych, w których pracownicy jednostki prowadzili działalność dydaktyczną w roku sprawozdawczym.

1. Uniwersytet Warszawski
2. Politechnika Warszawska
3. Szkoła Wyższa Gospodarstwa Wyższego
4. Zespół Szkół Ponadgimnazjalnych w Sompólnie
5. Uniwersytet Strasbourg, Francja

II.8. Współpraca z zagranicą

II.8.1. Umowy i porozumienia o współpracy naukowej zawarte przez jednostkę z partnerem zagranicznym

Liczba ogółem: 15

z tego:

Kraj	Partner	Nazwa dokumentu	Okres obowiązywania
Australia	Prof. Andreas Hofmann, Griffith University	NCN grant Harmonia, 2012/06/M/NZ3/00156	2013-2017
Belgia	Dr Henri Batoko, Université Catholique de Louvain Louvain-la-Neuve	Polish-Belgian joint research project for years 2016-2018 under the agreement on scientific cooperation between the Polish Academy of Sciences and the Belgian National Funds for Scientific Research (Frs-Fnrs): Regulatory mechanisms of selective autophagy in plants	2016-2018
EU	161 członków z 66 instytucji	Cost FA1208 Pathogen-Informed Strategies for Sustainable Broad-Spectrum Crop Resistance	19/04/2013-18/04/2017
Francja	Prof. Elena Bidnenko, Prof. Philippe Langella, INRA, MICALIS Institute	Porozumienie PAN/INRA	2017
Francja	Institute for Integrative Biology of the Cell (I2BC), CNRS, CEA, Université Paris Sud	GDRE "Paramecium Genome Dynamics and Evolution"	2014-2017
Hiszpania	Prof. Baltasar Mayo, IPLA-CSIC, Instituto de Productos Lacteos	porozumienie PAN/CSIC	od 2007 r.
Niemcy	Prof. Frantisek Balkuska, Universitat Bonn	NCN grant Harmonia, 2012/06/M/NZ3/00156	2013-2017
Niemcy	Prof. Dorothee Satiger, Bielefeld University	NCN grant Opus 2016/23/B/NZ3/03182	2017-2020
Niemcy	Ruhr-Universitat Bochum	list intencyjny	od 2013, bezterminowo
Norwegia	Prof. Dzung B.Diep, Norwegian University of Life Science, Dept. of Chemistry, Biotechnol., and Food Science	Projekt NCN „Harmonia” 2013/08/M/NZ9/01025	2013-08-28 - 2018-08-27

Norwegia	Prof. Richard A. Engh, UiT The Arctic University of Norway, Department of Chemistry, The Norwegian Structural Biology Centre	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
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	2013-2017
Norwegia	Prof. Arnie 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	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
Włochy	Uniwersytet Padwa	COST NGP-NET	2015-2019

II.8.2. Zagraniczne instytucje naukowe, z którymi jednostka współpracuje w sposób ciągły bez zawartego porozumienia – 79

II.8.3. Tematy realizowane we współpracy z zagranicą – 28

II.8.4. Uzyskane rezultaty współpracy:

- 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).

Molecular basis for inner kinetochore configuration through RWD domain-peptide interactions.

Zespół prof. dr hab. Michała Dadleza

Praca dotyczyła analizy strukturalnej elementów kompleksu kinetochoru drożdży, wspomaganej wdrożoną w naszym laboratorium metodyką pomiarów wymiany proton-deuter (HDX). Kinetochor to niezwykle złożony zwornikowy kompleks białkowy łączący chromosom z siecią mikrotubul. Określono przy pomocy HDX miejsca oddziaływania partnerów subkompleksu COMA, umożliwiając m. in. uzyskanie struktury motywu wiążącego białko Okp1 do dimeru białek Ctf19-Mcm21. Praca przybliży zrozumienie maszynarii molekularnej pośredniczącej w segregacji chromosomów i segregacji chromatyd.

A meiosis-specific Spt5 homolog involved in non-coding transcription.

dr Jacek K. Nowak

Białko Spt5 jest powszechnie występującym w organizmach żywych, niezbędnym do życia regulatorem transkrypcji. Tworzy kompleks z polimerazą RNA II, gdzie jest zaangażowany w etap elongacji transkrypcji oraz różne procesy współtowarzyszące. W *Paramecium tetraurelia*, orzęsku charakteryzującym się dualizmem jądrowym, zostały zidentyfikowane dwa paralogi kodujące czynnik Spt5: *SPT5v* o konstytutywnym profilu ekspresji oraz *SPT5m*, który jest wyrażany specyficznie w trakcie procesu płciowego. Wspólnie z grupą L. Sperling z I2BC w Gif-sur-Yvette we Francji, w ramach międzynarodowego konsorcjum GDRI, weryfikowaliśmy hipotezę o udziale Spt5m w syntezie niekodujących RNA, niezbędnych do epigenetycznej regulacji procesów rozwojowych w *Paramecium*. Stwierdziliśmy, iż Spt5m jest odpowiedzialny za ekspresję całego genomu generatywnego, manifestującą się powstaniem krótkich niekodujących scnRNA. Co więcej, wyciszenie genu *SPT5m* na drodze RNAi blokuje wszystkie rozwojowo zaplanowane usuwanie sekwencji transpozonowych i pochodzących od nich sekwencji IES. W dalszej perspektywie wyniki uzyskane w ramach tej pracy otwierają możliwości dla badań nad czynnikiem Spt5 jako regulatorem powstawania niekodujących RNA.

II.9. Międzynarodowe centra naukowe (działające w strukturze jednostki)

II.9.1. Dane organizacyjne:

- nazwa centrum/rok założenia/ dyrektor/przewodniczący Rady Naukowej.

II.9.2. Działalność naukowa:

- łączna liczba opublikowanych prac;
- wybrane wyniki działalności naukowej (krótki opis 2 wybranych wyników, na każdy opis – maks. 500 znaków ze spacjami).

II.9.3. Działalność dydaktyczna:

- krótki opis działalności dydaktycznej.

II.9.4. Pozostałe informacje, wynikające ze specyfiki działania centrum (krótki opis).

II.10. Upowszechnianie i promocja osiągnięć naukowych

II.10.1. Konferencje naukowe (debaty, dyskusje, inne formy spotkań naukowych) organizowane/ współorganizowane przez jednostkę,

Liczba ogółem: 4

z tego:

Nazwa konferencji miejsce, data	Organizator, współorganizatorzy	Rodzaj konferencji		Liczba wystąpień
		krajowa	międzynarod.	
Symposium "Nonotechnology w biologii i medycynie"	Instytut Biochemii i Biofizyki PAN Polskie Towarzystwo Biochemiczne, Oddział Warszawski; Polskie Towarzystwo Biologii Komórki Oddział Warszawski	X		1
International Conference "Interdisciplinary Polar Studies in Poland", 17th-19th November 2017, Warsaw, Poland	Komitet Badań Polarnych przy Prezydium PAN Centrum Studiów Polarnych Instytut Biochemii i Biofizyki PAN Instytut Geofizyki PAN		X	12

9th Inhibitors of Protein Kinases Conference joined with the second meeting "Challenges in Molecular Biology, Biophysics, and Biomedicine", 17th-21st of September, 2017, Warsaw, Poland	Institute of Biochemistry and Biophysics Polish Academy of Sciences and University of Warsaw, Faculty of Physics, University of Warsaw		X	13
„Arktyka i Antarktyka – badania polarne w świetle zmieniających się warunków klimatycznych”	Instytut Biochemii i Biofizyki PAN; Polskie Towarzystwo Biochemiczne, Oddział Warszawski; Polskie Towarzystwo Biologii Komórki Oddział Warszawski	X		2

W tabeli: liczba wystąpień – łączna liczba wszystkich rodzajów wystąpień konferencyjnych przedstawionych przez pracowników jednostki.

II.10.2. Udział jednostki w przedsięwzięciach promujących i popularyzujących wyniki badań naukowych (np. festiwale i pikniki naukowe, wystawy i targi, w tym targi książki, artystyczne, inne): nazwa i miejsce imprezy, ewentualne wyróżnienia związane z udziałem jednostki w tej imprezie (krótki opis).

Festiwal Nauki 2017

Bakterie mlekowe w naszym otoczeniu – pokaz

Wszyscy na co dzień stykamy się z ogromną liczbą bakterii. Podczas spotkania z nami dowiesz się, jakie bakterie pomagają ulepszać żywność i które produkty z Twojej lodówki dzięki nim powstają.

mgr inż. Jakub Boreczek, mgr inż. Magdalena Chmielewska-Jeznach, mgr inż. Katarzyna Kosiorek

Gen – jak go ugryźć? – warsztaty

Uczestnicy warsztatów zapoznają się z pracą w laboratorium badawczym oraz niektórymi metodami biologii molekularnej. Przeprowadzą eksperyment z wykorzystaniem trawienia enzymami restrykcyjnymi.

mgr inż. Olga Wojnowska, mgr Aneta Jurkiewicz, mgr Marta Płonka, mgr Ewa Leśniewska, dr Damian Graczyk

Kolorowy świat bakterii – pokaz, warsztaty, zwiedzanie laboratorium

Na warsztatach uczestnicy zapoznają się z pracą w laboratorium, przeprowadzą eksperyment z wykorzystaniem enzymu produkowanego przez bakterie, wyhodują, wybarwią i zobaczą bakterie pod mikroskopem.

dr Aneta Bartosik, mgr Karolina Kotecka, mgr Ewa Lewicka, mgr Monika Mitura, mgr Magdalena Modrzejewska

Czym są plazmidy i jaką rolę odgrywają u bakterii? – pokaz

Czym są plazmidy? Jaką rolę odgrywają u bakterii te cząsteczki DNA? Dlaczego bakterie stają się niewrażliwe na antybiotyki i co mają plazmidy z tym wspólnego?

Dr Iza Kern-Zdanowicz

Jak „zobaczyć” geny plazmidowe u bakterii mlekowych? – warsztaty, zwiedzanie laboratorium

Podczas spotkania pokażemy, jak można wykryć obecność bakterii mlekowych i obejrzymy ich komórki. Dowiemy się także, co i w jaki sposób „mówią” nam o sobie bakterie mlekowe.

mgr inż. Magdalena Chmielewska-Jeznach, A Różga, mgr Katarzyna Kosiorek, mgr Przemysław Sałański, mgr. Jakub Boreczek, Joanna Radziwiłł-Bieńkowska, A Grylak-Mielnicka, Magdalena Kowalczyk

II.11. Działalność zaplecza naukowego jednostki, o charakterze ogólnoodrędkowym, w tym:

II.11.1. Muzea, wystawy, kolekcje specjalne i eksponaty, banki zasobów m.in. genetycznych, i in. w strukturze jednostki

- eksponaty, kolekcje – działy, grupy – krótki opis nabytków w roku sprawozdawczym
- udostępnianie zbiorów kolekcji i zasobów (rodzaj zadań i usług specjalistycznych – krótki opis).

II.11.2. Laboratoria, stacje diagnostyczne, obserwatoria, prace terapeutyczne, itp.

- zadania, usługi, świadczenia (rodzaj zadań, usług i świadczeń – krótki opis);
- uzyskane certyfikaty za wdrożenia systemów jakości, międzynarodowych, przyjętych w UE (opis);
- uzyskane akredytacje Polskiego Centrum Akredytacji lub równorzędnego, systemy jakości (opis).

Nie było

II.12. Nagrody i wyróżnienia naukowe uzyskane przez pracowników jednostki w roku sprawozdawczym

II.12.1. Nagrody krajowe i zagraniczne przyznane za działalność naukową

nazwa-rodzaj nagrody/za co przyznana/przez kogo/komu

(m.in. Prezydenta RP, Prezesa Rady Ministrów, nagrody PAN, nagrody akademii nauk i instytucji równorzędných, nagrody resortowe, uczelni wyższych, fundacji, towarzystw, instytucji oraz osób działających na rzecz nauki, nagrody przyznawane przez jednostkę).

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
Nagroda Prezesa Rady Ministrów za działalność naukową, naukowo-techniczną lub artystyczną za 2016 r., a przyznana w 2017 r.	Za rozprawę doktorską pt.: "Molekularne mechanizmy działania flawonoidów na procesy komórkowe zachodzące w ludzkich fibroblastach"	Prezes Rady Ministrów RP	dr Marta Moskot

Nagroda Wydziału II PAN	Za cykl prac pt.: „Rola rybonukleaz w regulacji degradacji, obróbki kontroli jakości RNA w jądrze i cytoplazmie komórek ludzkich”	Komisja Nagród Wydziału II PAN	prof. dr. hab. Andrzej Dziembowski, dr. hab. Rafał Tomecki, dr Anna Łabno, dr Katarzyna Kalisiak, dr Teresa Szczepińska, lek. med. Tomasz Kuliński
Nagroda Wydziału II PAN	Za cykl prac pt.: „Mechanizm biosyntezy i biologiczna rola poliizopropenoidów u eukariontów”	Komisja Nagród Wydziału II PAN	prof. dr. hab. Ewa Kula-Świeżewska
Nagroda NCN V edycja	Za badania nad wykazaniem funkcji lncRNA w regulacji kluczowych etapów rozwoju roślin – kiełkowania i kwitnienia.	NCN	dr Szymon Świeżewski
Nagroda zespołowa pierwszego stopnia za osiągnięcia dydaktyczne	Za monografię pt.: „Hipercholesterolemie i dyslipidemie, Mechanizmy, diagnostyka i leczenie”.	Rektor Warszawskiego Uniwersytetu Medycznego	dr hab. Beata Burzyńska mgr Agata Leszczyńska
I nagroda za najlepszą pracę przeglądową w latach 2015-2016	Za pracę pt.: „Genetic instability in budding and fission yeast-sources and mechanisms” FEMS Microbiol.Rev. (2015) 39: 917-967	Instytut Biochemii i Biofizyki PAN	dr hab. Adrianna Skoneczna
Wyróżnienie	Za pracę pt.: “The role of SWI/SNF chromatin remodeling complexes in hormone crosstalk”, Trends in Plant Science (2016) 21(7): 594-608.	Rada Naukowa IBB PAN	mgr Sacharowski S. P., mgr Ćwiek P., dr hab. Sarnowski T. J.
Zakwalifikowanie się do uczestnictwa w Kuźni Młodych Talentów Akademii Młodych Uczonych PAN 2017	Za badania pt.: „Element układanki beztlenowego rozkładu materii organicznej – utlenianie mleczanu na etapie octanogenezy”.	Akademia Młodych Uczonych PAN	mgr inż. Anna Detman
Nagroda Fundacji James’a Beard’a	Za pracę zbiorową pod redakcją Catherine Donnelly, 2016, The Oxford Companion to Cheese, Encyklopedia, New York: Oxford University Press, ISBN: 9780199330881, 2017	Fundacji James’a Beard’a	dr Magdalena Kowalczyk

Nagroda konferencyjna	Za najlepsze doniesienie plakatu	6 th US-EU Conference on Repair of Endogenous DNA Damage, Udine, Italy, 24-28 September 2017	mgr Konrad Kosicki
Nagroda 'Best poster'	Za plakat pt.: „Downregulation of BRCA1 protein in clear cell renal cellular carcinoma”	European Society for Medical Oncology	E. Sarnowska, N. Rusetska, M. Szymanski, I. Jancewicz, M. Chmielarczyk R. Konopinski, M. Leszczynski, A. Chrzan, M. Ligaj, A. Maassen, T.J. Sarnowski, J. Siedlecki
Nagroda „Outstanding poster”	Za plakat pt.: „Nuclear function of Arabidopsis RCF family leucine-rich repeat receptor like kinases (LLR-RLKs)”	Scientific committee 8th Conference of the Polish Society of Experimental Plant Biology	Elżbieta Sarnowska, Paweł Ćwiek, Sebastian Sacharowski, Szymon Kubala, Jarosław Steciuk, Dorota L. Zugaj, Ewelina Macech-Klicka, Bruno Huett el, Monika Ciesla, Klaudia Kogut, Anna Maassen, Paulina Kondrak, Iga Jancewicz, Anna T. Rolicka, Ernest Bucior, Rainer Franzen, Anna Klepacz, Małgorzata A. Domagalska, Samija Amar, Janusz A. Siedlecki, Seth J. Davis, Tomasz J. Sarnowski
Nagroda „Najlepszy plakat”	Za plakat pt.: „Construction of innovative platform based on Arabidopsis, human cell lines, mice and chemoinformatics modelling for identification of drugs targeting metabolome-related human diseases”.	Komitet Naukowy konferencji Perspektywy w Onkologii Molekularnej – II Zjazd Centrum Onkologii Instytutu im. Marii Skłodowskiej	Ćwiek P., Sarnowska E., Siedlecki P., Araújo W.L., Tohge T., Balcerak A., Maassen A., Macech-Klicka E., Koncz C., Fernie A.R., Siedlecki J.A., Sarnowski T.J.
„Best Presentation Award”	Za prezentację ustną p.t.: „ <i>E. coli</i> AlkB and its human homolog ALKBH3 dioxygenases effectively repaired acrolein adducts to adenine”.	The 12th International Conference & 5th Asian Congress on Environmental Mutagens with the 33th Annual Meeting of KSOT/KEMS	mgr Małgorzata Dylewska
Stypendium dla najlepszych doktorantów na rok 2017/18	-	Komisja stypendialna ds. Doktorantów IBB PAN	mgr Małgorzata Dylewska

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 naukowci							pozostali pracownicy
	razem	profesorowie zwyczajni	w tym czł. PAN	profesorowie nadzwyczajni	profesorowie wizytujący	adiunkci	asystenci	
247	119	31	2	11	0	35	42	155

III.2. Zatrudnienie średnioroczne w przeliczeniu na pełne etaty*:

Liczba ogółem/w tym naukowych.

260,08/ 110,24

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):

- 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):

- 1) nauki o Ziemi - 3
- 2) nauki biologiczne - 120
- 3) nauki ekonomiczne - 5
- 4) nauki farmakologiczne - 1
- 5) nauki medyczne - 1
- 6) nauki przyrodnicze - 2
- 7) nauki rolnicze - 2
- 8) nauki techniczne - 1

*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

IBB PAN znajduje się na liście jednostek naukowych gotowych do utworzenia **Centrum Doskonałości Naukowej Dioscuri** – inicjatywa Towarzystwa Maxa Plancka (MPG), niezależnej niemieckiej instytucji naukowo-badawczej, mająca na celu utworzenie Centrów Doskonałości Naukowej w Europie Środkowej i Wschodniej.

IV.2. Przynależność jednostki do centrów PAN (definicja centrum stosownie do przepisów obowiązującej ustawy o Polskiej Akademii Nauk)

Nazwa/data powołania centrum PAN /specjalność naukowa/ jednostki naukowe tworzące centrum

IV.3. Przynależność jednostki do sieci naukowych (definicja sieci naukowej stosownie do przepisów obowiązującej ustawy o zasadach finansowania nauki):

Liczba ogółem: 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: 5

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, - Universite de Geneve, - Uniwersytet Warszawski
5.	Biocentrum Ochota	28.12.2007	biologia, medycyna, bioinżynieria	- Instytut Biochemii i Biofizyki PAN, - Instytut Biocybernetyki i Inżynierii Biomedycznej PAN, - Instytut Biologii Doświadczalnej PAN, - Instytut Medycyny Doświadczalnej i Klinicznej PAN, - Instytut Podstawowych Problemów techniki PAN, - Międzynarodowy Instytut Biologii Molekularnej i Komórkowej.

IV.5. Udział jednostki w pracach innych form zrzeszeń powołanych dla potrzeb wspólnych przedsięwzięć naukowych lub prac rozwojowych (centra naukowe uczelni wyższych, centra naukowo-przemysłowe instytutów badawczych, inne)¹

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)

¹ Definicja centrum naukowego uczelni oraz centrum naukowo-przemysłowego instytutu badawczego - stosownie do przepisów obowiązujących ustaw – odpowiednio – o szkolnictwie wyższym, o instytutach badawczych

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
----	-----------------------------	------------	---	--