

**INSTYTUT BIOCHEMII I BIOFIZYKI
Polskiej Akademii Nauk**

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

***SPRAWOZDANIE Z DZIAŁALNOŚCI
za 2018 rok***

SPIS TREŚCI

Informacja o Instytucie	A
Sprawozdanie merytoryczne	I
Tematy otwarte w roku 2018	
Temat nr 75: Biomechaniczne właściwości roślin wodnych i antarktycznych.	
dr hab. R. Bialik, prof. IBB PAN	I.1
Temat nr 76: Molekularne mechanizmy regulacji czasu spoczynkowego nasion.	
dr hab. S. Świeżewski, prof. IBB PAN	I.1
Tematy zamknięte w roku 2018	
Temat nr 5: Regulacja ekspresji genowej, synteza i struktura białek.	
Temat nr 5.1: Terminalne białko wirusa ziemniaka Y.	
dr hab. E. Szołajska	I.3
Temat nr 20.3: Genetyczna kontrola szlaków metabolizmu siarkowego u grzybów.	
prof. dr hab. A. Paszewski	I.3
Temat nr 30: Analiza mutantów typu SUV3 u <i>Saccharomyces cerevisiae</i>.	
prof. dr hab. P. Stępień	I.4
Temat nr 32.2: Działalność Zespołu Biomedycyny Molekularnej (IBD PAN, IBB PAN, MIBMiK).	
Białka opiekuńcze w transformacji nowotworowej.	
prof. dr hab. M. Żylicz	I.4
Temat nr 39: Badanie polimorfizmu mitochondrialnego DNA w populacji polskiej.	
prof. dr hab. E. Bartnik	I.5
Temat nr 57: Mechanizmy wierności replikacji DNA.	
dr hab. A. Bębenek	I.7
Tematy kontynuowane w roku 2018	
Temat nr 5: Regulacja ekspresji genowej, synteza i struktura białek.	
Temat nr 5.3: Dodekahedron adenowirusowy – wektor transferu wewnątrzkomórkowego.	
dr hab. E. Szołajska	I.8
Temat nr 6: Sekwencjonowanie genomów wybranych szczepów wiroidów i wirusów roślinnych oraz ich detekcja.	
Temat nr 6.1: Molekularne podstawy infekcji wiroidowej.	
dr A. Góra-Sochacka	I.9
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.9
Temat nr 18: Molekularne regulacje syntezy glikokoniugatów w komórkach drożdży.	
prof. dr hab. G. Palamarczyk	I.11
Temat nr 18.1: Genetyczna modyfikacja grzybów i ich znaczenie w procesach biotechnologii i biokontroli.	
prof. dr hab. J. Kruszewska	I.11
Temat nr 20: Genetyka i biologia molekularna grzybów.	
Temat nr 20.1: Regulacja transkrypcji tRNA u drożdży <i>S. cerevisiae</i>.	
prof. dr hab. M. Rakowska-Boguta	I.13
Temat nr 20.2: Genetyczna regulacja metabolizmu w drożdżach <i>S. cerevisiae</i>.	
dr hab. R. Kucharczyk, prof. IBB PAN	I.14
Temat nr 20.5: Mechanizmy transportu białek u drożdży <i>Saccharomyces cerevisiae</i>.	
prof. dr hab. T. Żołądek	I.15
Temat nr 25: Odpowiedzi komórek bakteryjnych i komórek drożdży na uszkodzenia DNA	
Temat nr 25.1: Regulacja wierności replikacji DNA w komórkach bakteryjnych i drożdżowych.	
prof. dr hab. I. Fijałkowska	I.16
Temat nr 25.2: Mechanizmy odpowiedzi komórek <i>Saccharomyces cerevisiae</i> na uszkodzenia DNA.	
dr hab. A. Kaniak-Golik	I.17

Temat nr 25.3: Koordynacja procesów naprawy DNA w komórkach eukariotycznych.	
prof. dr hab. E. Śledziewska-Gójska	I.18
Temat nr 27: Analiza funkcjonalna genów wybranych plazmidów pochodzących z bakterii o znaczeniu klinicznym.	
dr I. Kern-Zdanowicz	I.19
Temat nr 28: Chemiczne podstawy mutagenyzy i reperacja adduktów cyklicznych.	
prof. dr hab. J. Kuśmierek	I.20
Temat nr 29: Analiza molekularna genów kodujących enzymy katabolizmu argininy u <i>Aspergillus</i>.	
prof. dr hab. P. Węgleński	I.21
Temat nr 31: Szkoła Biologii Molekularnej, Studium Doktoranckie przy IBB PAN.	
prof. dr hab. E. Kula-Świeżewska	I.22
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, prof. IBB PAN.....	I.23
Temat nr 33: Mechanizmy aktywnej segregacji niskopiętowego plazmidu P1 do komórek potomnych w czasie podziału komórkowego.	
dr hab. M. Łobocka, prof. IBB PAN	I.24
Temat nr 34: Udział struktur chromatynowych w regulacji transkrypcji genów.	
prof. dr hab. A. Jerzmanowski	I.25
Temat nr 35: Ekspresja genów kodujących białka o znaczeniu terapeutycznym w roślinach.	
prof. dr hab. A. Sirko	I.26
Temat nr 36: Metody informatyczne w biologii molekularnej.	
prof. dr hab. P. Zielenkiewicz	I.27
Temat nr 37: Mechanizmy kontrolujące proces patogenezy komórek roślinnych.	
prof. dr hab. J. Hennig	I.28
Temat nr 41: Oksydacyjne uszkodzenia DNA.	
prof. dr hab. B. Tudek	I.28
Temat nr 42: Mutacje indukowane i adaptacyjne.	
prof. dr hab. E. Grzesiuk	I.29
Temat nr 43: Biologia plazmidu RK2 z grupy IncP <i>Escherichia coli</i>.	
prof. dr hab. G. Jagura-Burdzy	I.31
Temat nr 47: Modelowanie struktury i funkcji białek.	
prof. dr hab. P. Zielenkiewicz	I.32
Temat nr 48: Badania wczesnych etapów związania i agregacji białek.	
prof. dr hab. M. Dadlez	I.33
Temat nr 49: Metabolizm cukrów u bakterii mlekowych.	
prof. dr hab. J. Bardowski	I.34
Temat nr 50: Przewodzenie sygnału stresu osmotycznego w roślinach.	
prof. dr hab. G. Dobrowolska	I.35
Temat nr 51: Strukturalne i funkcjonalne konsekwencje modyfikacji potranslacyjnych białek.	
dr A. Wysłouch-Cieszyńska	I.36
Temat nr 52: Analiza wybranych genów metabolizmu komórkowego <i>Arabidopsis thaliana</i>.	
dr hab. E. Kraszevska	I.36
Temat nr 54: Mechanizmy molekularne działania jonów metali czynnych biologicznie.	
prof. dr hab. W. Bal	I.36
Temat nr 55: Analiza genetyczna podstaw wybranych chorób dziedzicznych.	
dr hab. B. Burzyńska, prof. IBB PAN	I.38
Temat nr 56: Genomika <i>Paramecium tetraurelia</i>.	
dr R. Gromadka	I.39
Temat nr 58: Identyfikacja i charakterystyka mikroorganizmów potencjalnie użytecznych w bioremediacji.	
dr hab. U. Zielenkiewicz	I.40
Temat nr 60: Mechanizmy podziałów komórkowych.	
dr hab. A. Kurlandzka, prof. IBB PAN	I.41

Temat nr 61: Dynamika transkryptomu w normie i stresie.	
dr hab. M. Koblowska	I.41
Temat nr 63: Dodekahedron adenowirusa jako platforma szczepionkowa.	
dr hab. E. Szołajska	I.42
Temat nr 64: Posttranslacyjne modyfikacje białek jako mechanizm regulacji szlaków przekazywania sygnału.	
dr hab. M. Krzymowska, prof. IBB PAN	I.43
Temat nr 65: Modelowanie mechanizmów aktywności biologicznej na podstawie danych strukturalnych.	
prof. dr hab. J. Poznański	I.43
Temat nr 66: Metodyka sekwencjonowań genomowych.	
dr R. Gromadka	I.44
Temat nr 67: Metabolizm siarki w roślinach.	
prof. dr hab. A. Sirko	I.46
Temat nr 68: Metabolizm mitochondrialnych RNA u <i>S. cerevisiae</i>.	
prof. dr hab. P. Golik	I.46
Temat nr 69: Metabolizm RNA u Eucaryota.	
prof. dr hab. A. Dziembowski	I.47
Temat nr 70: Biologia strukturalna białek służących jako narzędzie modyfikacji genetycznych.	
prof. dr hab. M. Bochtler	I.48
Temat nr 71: Stres środowiskowy jako źródło niestabilności genetycznej.	
dr hab. A. Skoneczna, prof. IBB PAN	I.49
Temat nr 72: Genomika funkcjonalna odpowiedzi komórek eukariotycznych na stresy środowiskowe.	
dr hab. M. Skoneczny	I.50
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. M. Zdanowski	I.51
Temat nr 74: Udział chromatyny w kontroli podstawowych procesów regulatorowych u Eukariota.	
dr hab. T. Sarnowski, prof. IBB PAN	I.53
Sprawozdanie merytoryczne z prowadzonych na Polskiej Stacji Antarktycznej im. H. Arctowskiego monitoringu środowiskowych za rok 2018	
dr inż. M. Korczak-Abshire	I.54
Pracownia Analiz Mikromacierzy	
dr hab. M. Koblowska	I.55
Serwis Bakoluwirusa	
dr hab. E. Szołajska	I.55
Pracownia Hodowli Komórkowych	
dr hab. E. Szołajska	I.56
Pracownia Sekwencjonowania DNA i Syntezy Oligonukleotydów	
dr R. Gromadka	I.56
Laboratorium Analiz Modyfikacji Genetycznych	
prof. dr hab. B. Tudek	I.60
Środowiskowe Laboratorium Spektrometrii Mas	
prof. dr hab. M. Dadlez	I.61
Pracownia Mikroskopii Konfokalnej i Fluorescencyjnej	
dr M. Lichocka, dr A. Anielska-Mazur	I.62
Kolekcja Szczepów IBB PAN „COLIBB”	
dr K. Makiela-Dzbeńska	I.63
Lista seminariów IBB PAN	I.64
Lista publikacji	II
Artykuły	II.67
Abstrakty	II.97
Rozprawy habilitacyjne	II.120
Rozprawy doktorskie	II.122

Prace magisterskie	II.127
Miscellanea	II.129
Publikacje nieuwzględnione w sprawozdaniu 2015-2017	II.130
Informacje o działalności jednostki naukowej PAN w 2018 r.	III
Podstawowe dane	III.132
Publikacje naukowe jednostki, które ukazały się drukiem (liczbowo)	III.135
Aktywność wydawnicza jednostki	III.135
Projekty, zadania badawcze realizowane w roku sprawozdawczym	III.136
Zadania badawcze realizowane w ramach działalności statutowej	III.143
Wyniki prac badawczych	III.144
Działalność jednostki o charakterze innowacyjnym, aplikacyjnym	III.145
Kształcenie i rozwój kadry naukowej	III.149
Współpraca z zagranicą	III.156
Międzynarodowe centra naukowe (działające w strukturze jednostki)	III.157
Upowszechnianie i promocja osiągnięć naukowych	III.157
Działalność zaplecza naukowego o charakterze ogólnoodrodowiskowym	III.159
Nagrody, wyróżnienia naukowe uzyskane przez pracowników PAN w roku sprawozdawczym	III.160
Zatrudnienie	III.162
Inne formy zrzeszenia jednostek naukowych PAN	III.164

Informacja o Instytucie 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 2018 r.:

Przyznane dotacje:	wpływy w roku 2018
Działalność statutowa	36 313 479,14
w tym:	
<i>Dotacja podmiotowa</i>	<i>28 551 900,00</i>
<i>Pomoc materialna dla doktorantów</i>	<i>62 779,14</i>
<i>Dotacja podmiotowa - SPUB Zintegrowane laboratorium wielkoskalowych analiz genów i białek (2016-2018)</i>	<i>1 157 200,00</i>
<i>Dotacja podmiotowa - SPUB Polska Stacja Antarktyczna im. H. Arctowskiego (2016-2018)</i>	<i>6 541 600,00</i>
Dotacje celowe	3 454 513,68
<i>Dotacja celowa dla młodych naukowców</i>	<i>700 000,00</i>
<i>ARCTOWSKI - PolarPOL - Polskie Multidyscyplinarne Laboratorium Badań Polarnych w Antarktyce (ogółem przyznano 87 949 000,00 zł; 2018-2023)</i>	<i>1 667 402,41</i>
<i>PolarPOL - Polskie Multidyscyplinarne Laboratorium Badań Polarnych. Etap II: "Unikatowe Antarktyczne Laboratorium Terenowe Arctowski" (ogółem przyznano 3 989 000,00 zł; 2018-2019)</i>	<i>1 041 601,27</i>
<i>Modernizacja systemu zasilania budynków Instytutu Biochemii i Biofizyki Polskiej Akademii Nauk w energię elektryczną (ogółem przyznano 1 130 000,00 zł; 2018-2019)</i>	<i>45 510,00</i>
Projekty badawcze: NCN, NCBiR, MNiSW, FNP, i inne	19 814 276,08
w tym:	
<i>Projekty badawcze NCN</i>	<i>17 107 713,97</i>
<i>Fundusze strukturalne (FNP)</i>	<i>95 179,61</i>
<i>Projekty badawcze MNiSW</i>	<i>533 942,50</i>
<i>Projekty badawcze NCBiR</i>	<i>1 745 600,00</i>
<i>Stypendia - MNiSW</i>	<i>301 840,00</i>
<i>Subwencje</i>	<i>30 000,00</i>
Inne	8 926 049,41
w tym:	
<i>Wsparcie kosztów utrzymania infrastruktury badawczej - PANDA-NCBiR</i>	<i>647 964,37</i>
<i>Prawa do wynalazku</i>	<i>607 563,17</i>
<i>Działalność gospodarcza</i>	<i>1 544 549,83</i>
<i>Sprzedaż usług naukowych</i>	<i>3 794 500,67</i>
<i>Konferencje i HORIZON</i>	<i>282 724,04</i>
<i>Przychody finansowe</i>	<i>572 682,03</i>
<i>Refundacje z PAN</i>	<i>32 901,80</i>
<i>Pozostałe</i>	<i>1 443 163,50</i>
ŁĄCZNIE:	68 508 318,31

Publikacje pracowników IBB PAN, które ukazały się w roku 2018:

Liczba ogółem	Monografie ¹ (lub rozdziały)	Podr. akadem. ¹ (lub rozdziały)	Publikacje w czasopismach recenzowanych			pozostałe publ. nauk.
			publikacje 1	publikacje 2	publikacje 3	
214	7	0	191	0	6	10

Sprawozdanie merytoryczne
z działalności statutowej
za 2018 rok

Tematy otwarte w roku 2018

Temat nr 75: Biomechaniczne właściwości roślin wodnych i antarktycznych.

Zespół: dr hab. Robert Bialik, prof. IBB PAN

Cel badania:

Celem badań była ocena zdolności do reagowania na siły zginania i rozciągania następujących makrolitów: *Elodea canadensis* Michx., *Potamogeton pectinatus* L., *Potamogeton crispus* L., *Myriophyllum spicatum* L., oraz *Ceratophyllum demersum* L.

Opis realizowanych prac:

Przeprowadzono serię testów biomechanicznych na wybranych makrofitach występujących powszechnie w wodach polskich oraz dokonano statystycznej analizy otrzymanych wyników. Przygotowano oprogramowanie w programach R oraz Matlab. Ponadto zaproponowano prosty model zależności sił zginania od sił oporu działających na zakorzenioną roślinę wodną.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Udowodniono, że wykonywanie testów biomechanicznych roślin wodnych w warunkach na sucho prowadzi do błędnej interpretacji wyników, sugerując re-analizę lub ponowną interpretację wyników osiągniętych dotychczas na świecie.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Wyniki badań opublikowano w czasopiśmie naukowym oraz weszły w skład pracy doktorskiej Anny Łobody, realizowanej w Instytucie Geofizyki PAN pod opieką dr hab. Roberta Bialika.

Publikacje:

5563, 5587, 5611, 5674, 5709, 5714

Temat nr 76: Molekularne mechanizmy regulacji czasu spoczynkowego nasion.

Zespół: dr hab. Szymon Świeżewski, prof. IBB PAN, dr Ruslan Yatusevich, dr Lien Brzeźniak, dr Krzysztof Kokoszka, dr Sebastian Sacharowski, dr Michał Krzysztoń, doktoranci: mgr Grzegorz Brzyżek, mgr Ce Wang, mgr Ferran Sanchez, mgr Aleksandra Kmera, mgr Miguel Coelho, studenci: Tomasz Kalinowski, Katarzyna Jędrzejewska, Emilia Cepowska, Małgorzata Dobrzańska, Paulina Brodacka

Cel badania:

Celem badań jest poznanie na poziomie molekularnym mechanizmów kontroli czasu spoczynkowego nasion u roślin.

Opis realizowanych prac:

Spoczynek nasion to ważna cecha wielu nasion umożliwiającą im niekiełkowanie pomimo sprzyjających warunków zewnętrznych. Umożliwia to nasionom przeczekanie krótkotrwałych okresów sprzyjającej pogody w oczekiwaniu na właściwy moment kiełkowania. Spoczynek nasion jest ważną cechą użytkową, gdyż zbyt silny powoduje nierównomierne kiełkowanie nasion po wysiewie a zbyt słaby może doprowadzić do porostu nasion. Spoczynek nasion jest intensywnie badany od wielu lat jednak jego molekularne podstawy pozostają nie do końca poznane.

Celem badań jest poznanie molekularnych podstaw ustanawiania i kontroli spoczynku nasion u roślin. W tym celu wykorzystujemy narzędzia zarówno biologii molekularnej jak i genetyki roślin opisując mechanizmy pozwalające roślinom dopasować głębokość spoczynku nasion do panujących warunków.

W ramach prowadzonych badań, przy zastosowaniu metody Mapping by Sequencing, zidentyfikowano nowe mutanty kontrolujące poziom antysensownego transkryptu na genie *DOG1*. Zostały one nazwane HADES (High *DOG1* Antisense). Badania pokazały, że kodują one grupę białek biorących udział w naprawie DNA. Dalsza analiza przy użyciu metod biologii molekularnej pokazała, że charakteryzują się one podwyższonym poziomem wszystkich sprawdzonych antysensownych transkryptów. Sugeruje to,

że badania doprowadziły do odkrycia nowej ścieżki kontroli antysensownych transkryptów u *Arabidopsis thaliana* poprzez białka znane dotychczas ze swej roli w naprawie DNA. Dodatkowo, prowadzone w 2018 roku, we współpracy z naukowcami z innych ośrodków, badania pozwoliły też opisać sposób regulacji alternatywnego splicingu przez światło u roślin. Pokazano między innymi zmiany profilu obecności DNA zależnej polimerazy RNA II na wybranych genach pod wpływem światła co sugeruje kontrolę tempa elongacji transkrypcji.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Analiza mutantów HADES sugeruje udział ścieżki naprawy DNA w supresji poziomu antysensownych transkryptów u roślin.

Światło kontroluje alternatywny splicing u roślin poprzez kontrolę tempa elongacji transkrypcji.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Wyniki badań zostały przyjęte do druku i ukażą się w styczniu 2019 roku.

Tematy zamknięte w roku 2018

Temat zamknięty 31.12.2018 r.

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 onkogeny, czynnika inicjacji translacji eIF4E oraz ocena ich efektu cytotoksycznego w komórkach linii nowotworowych i w zwierzęcych modelach nowotworów.

Opis realizowanych prac:

Nasze wcześniejsze badania wykazały, że białko VPg wirusa ziemniaka Y (ang. Potato Virus Y, PVY) wprowadzone do ludzkich komórek nowotworowych oddziałuje z czynnikiem inicjacji translacji eIF4E, unieruchamiając go w cytoplazmie, przy jednoczesnym zmniejszeniu jądrowej puli czynnika. W konsekwencji zostaje zakłócona proonkogenna rola eIF4E, co prowadzi do zatrzymania wzrostu i śmierci komórek nowotworowych w hodowli *in vitro*. Równolegle scharakteryzowaliśmy na białku VPg obszar odpowiedzialny za oddziaływanie z eIF4E i zidentyfikowaliśmy pochodzący z niego peptyd VPg5 oddziałujący z ludzkim eIF4E silniej niż białko pełnej długości. Z zamiarem dostarczenia do wnętrza komórek, w celu zbadania aktywności, zaprojektowaliśmy fuzyjny peptyd, w którym do VPg5 dołączono 9 reszt aminokwasowych pochodzących z białka TAT wirusa HIV (TATVPg5). Potencjał penetracyjny peptydu fuzyjnego potwierdziliśmy przy użyciu mikroskopii konfokalnej. Kontrolą negatywną w badaniu efektu dostarczenia TATVPg5, które przeprowadziliśmy w hodowlach komórek raka okrężnicy *HCT116*, był zmutowany wariant peptydu niezdolny do interakcji z czynnikiem eIF4E. Efekt cytotoksyczny wywołany przez wprowadzenie do komórek peptydu był 15 krotnie słabszy w porównaniu z obserwowanym dla białka VPg. Użycie peptydu nie spowodowało również, zmiany proporcji w ilościach eIF4E w cytoplazmie i w jądrze komórkowym, analogicznej do towarzyszącej wprowadzeniu białka pełnej długości.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Użycie peptydu VPg5 w fuzyi z peptydem pochodzącym z białka TAT wirusa HIV, stworzyło możliwość oceny działania peptydu w hodowli komórek nowotworowych. Testy cytotoksyczności wykazały niską aktywność peptydu w porównaniu z cytotoksycznością wywoływaną przez białko VPg pełnej długości.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Wyniki zostaną wykorzystane w publikacji naukowej.

Temat zamknięty 31.12.2018 r.

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. We współpracy z Agnieszką Maciejewską (Zakład Biologii Molekularnej IBB PAN) rozdzielono za pomocą metody HPLC metabolity wtórne wytwarzane w grzybniach *Aspergillus nidulans*. Używając standardów oraz przez porównanie z danymi literaturowymi udało się zidentyfikować kilka metabolitów wtórnych w grzybniach *Aspergillus nidulans* (aspartecyna,

sterygmatozystyna, emericellina, shamiksanton i epishamiksanton). Zbadano akumulację zidentyfikowanych metabolitów wtórnych w mutantach *metR1* w porównaniu do szczepu dzikiego.

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.

Publikacje:

5724

Temat zamknięty 31.12.2018 r.

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

Zespół: prof. dr hab. Piotr P. Stępień

Cel badania:

Ustalenie roli białka GRSF1 współpracującego z helikazą SUV3.

Opis realizowanych prac:

Po oczyszczeniu degradosomu mitochondrialnego uzyskano wyniki świadczące o współuczestniczeniu się białka GRSF1. Dodatkowo, potwierdzono ten wynik za pomocą techniki BiFC. Wyciszenie genu GRSF1 skutkowało akumulacją niedegradowanych transkryptów z nici L mitochondrialnego DNA, w tym nowych krótkich transkryptów. Badania z zastosowaniem rekonstrukcji *in vitro* białek SUV3, PNPazy i GRSF1 wykazały, że GRSF1 wspomaga degradację RNA zawierających kwadrupleksy G4.

Opracowano metodę jednoetapowej syntezy nanocząstek zawierających jony erbu i itru w strukturach opartych na jądrach gadolinianu-molibdenianu.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Ustalono rolę białka GRSF1 w degradacji antysensownych mitochondrialnych RNA zawierających kwadrupleksy G4.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Uzyskane wyniki zostały opublikowane w prestiżowych czasopismach naukowych.

Publikacje:

5570, 5637, 5719

Temat zamknięty 31.12.2018 r.

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

Zespół: prof. dr hab. Maciej Żylicz

Cel badania:

Supresorowa i onkogenna rola białek szoku cieplnego w nowotworach.

Opis realizowanych prac:

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. Zaprojektowana sygnatura ma wartość prognostyczną i wskazuje na antagonistyczne

działanie genów HSPA2, DNAJC20 w stosunku do HSP90AA1, CCT1, CCT2 w rozwoju raka piersi. Geny HSPA2 i DNAJC20 zdają się negatywnie regulować proces nowotworowy, podczas gdy geny HSP90AA1, CCT1 i CCT2 współtowarzyszą rozwojowi raka piersi i są niekorzystnymi czynnikami prognostycznymi.

W toku dalszej analizy zbadano związek pomiędzy ekspresją sześciu powyższych genów związanych z przeżywalnością pacjentów z rakiem piersi oraz z innymi typami nowotworów. Do analizy użyto programu PRECOG. Badaniu poddano 26 różnych typów nowotworów. Okazało się, że negatywna lub pozytywna regulacja procesu nowotworowego przez wyselekcjonowane geny zależy od typu nowotworu. Wykazano, że wysoka ekspresja danego genu może być czynnikiem zarówno sprzyjającym jak i niekorzystnym dla pacjentów, w zależności od typu nowotworu, w którym występuje.

Wykorzystując linie komórkowe raka piersi z różnym statusem genu *TP53* i z wyciszonymi odpowiednio sześcioma genami HSP zbadano chemiowrażliwość komórek na doksorubicynę, ich przeżywalność, proliferację a także migrację i inwazyjność.

Opis najważniejszych osiągnięć:

1. Zaprojektowano sygnaturę genów kodujących białka szoku termicznego jako marker prognostyczny pacjentów z rakiem piersi.
2. Wykazano, że pozytywna lub negatywna rola genów HSP zależy od typu nowotworu.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Prezentacja wyników na zjazdach międzynarodowych oraz w publikacjach.

Publikacja:

5557

Temat zamknięty 31.12.2018 r.

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

Zespół: prof. dr hab. Ewa Bartnik

Cel badania:

Badanie haplogrup i wariantów mtDNA 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. otyłości. 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 otyłością (BMI >30) i 115 osób z dopasowanej grupy kontrolnej (BMI w zakresie normy, tj. 18,5-24,99). Rozkład haplogrup mtDNA przedstawiono w tabeli poniżej.

Tabela 1. Rozkład haplogrup mtDNA w grupie pacjentów z otyłością i grupie kontrolnej.

Haplogrupa mtDNA	Otyłość (n=100)	Grupa kontrolna (n=115)
C	0%	1%
D	1%	2%
H	37%	37%
HV	1%	2%
I	2%	1%
J	13%	6%
K	6%	5%
N	2%	0%
R	0%	2%
T	14%	7%
U	12%	26%
V	6%	7%

W	3%	3%
X	3%	2%
Klaster haplogrup		
HV	44%	46%
JT	27%	13%
KU	18%	31%
IWX	8%	5%

Analiza statystyczna rozkładu haplogrup mtDNA wykazała, że haplogrupa U występuje istotnie rzadziej w badanej grupie pacjentów (12%) niż w grupie kontrolnej (26%) ($p=0,009$, $OR=0,39$, 95% CI 0,19-0,80). Klaster filogenetycznie pokrewnych haplogrup JT występował natomiast istotnie częściej u osób otyłych (27%) niż u osób zdrowych (13%) ($p=0,010$, $OR=2,47$, 95% CI 1,23-4,96).

Ponadto, zidentyfikowano 10 wariantów mtDNA, które powiązano ze zmniejszonym lub zwiększonym ryzykiem rozwoju otyłości (tabela 2). Sześć wariantów mtDNA, o niższej częstości występowania wśród otyłych pacjentów, m.152T>C, m.3197T>C, m.9477G>A, m.13617T>C, m.14793A>G, m.16270C>T, określało przynależność do haplogrupy U, potwierdzając wcześniej opisaną asocjację. Pozostałe zmiany były identyfikowane częściej w grupie otyłych osób niż w grupie kontrolnej. Trzy spośród nich były markerami klastra haplogrup JT, co jest zgodne z wcześniej uzyskanym wynikiem.

Tabela 2. Analiza asocjacji wariantów mtDNA w grupie pacjentów z otyłością i grupie kontrolnej.

Wariant mtDNA	Locus	Obszar/Efekt	Częstość w grupie pacjentów z otyłością	Częstość w grupie kontrolnej	P-wartość	OR	95% CI
m.143G>A	MT-CR	niekodujący	6%	0%	0,009	15,89	0,88-285,68
m.152T>C	MT-CR	niekodujący	11%	27%	0,003	0,34	0,16-0,71
m.3197T>C	MT-RNR2	rRNA	5%	19%	0,002	0,22	0,08-0,61
m.9477G>A	MT-CO3	p.Val91Ile	5%	19%	0,002	0,22	0,08-0,61
m.11251A>G	MT-ND4	p.Leu164=	27%	13%	0,015	0,41	0,20-0,82
m.13617T>C	MT-ND5	p.Ile427=	5%	19%	0,002	0,22	0,08-0,61
m.14793A>G	MT-CYB	p.His16Arg	2%	10%	0,013	5,71	1,25-26,16
m.15452C>A	MT-CYB	p.Leu236Ile	27%	13%	0,015	2,47	1,23-4,96
m.16126T>C	MT-CR	niekodujący	28%	14%	0,012	2,41	1,21-4,77
m.16270C>T	MT-CR	niekodujący	6%	17%	0,012	3,30	1,27-8,58

Opis najważniejszych osiągnięć:

Zakończono analizę mtDNA dla 100 pacjentów z otyłością i 115 osób z dopasowanej grupy kontrolnej. Zidentyfikowano warianty mtDNA, określono haplogrupę mitochondrialną oraz przeprowadzono analizę statystyczną. Otrzymane wyniki sugerują, że haplogrupa U może pełnić rolę ochronną, a JT być czynnikiem ryzyka w rozwoju otyłości w polskiej populacji.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Wyniki badań zostaną wykorzystane w publikacjach naukowych.

Piotrowska-Nowak A., Elson J.L., Sobczyk-Kopciół A., Piwońska A., Puch-Walczak A., Drygas W., Płoski R., Bartnik E., Tońska K. (2018) New mtDNA association model, MutPred variant load, suggests

individuals with multiple mildly deleterious mtDNA variants are more likely to suffer from atherosclerosis. *Front Genet* doi: 10.3389/fgene.2018.00702

Publikacje:

5559, 5561, 4410/A, 278/M, 282/M

Temat zamknięty 31.07.2018

Temat nr 57: Mechanizmy wierności replikacji DNA.

Zespół: dr hab. Anna Bębenek

Cel badania:

Badania oddziaływań polimerazy DNA faga RB69 gp43 i prymazy gp61.

Opis realizowanych prac:

Kontynuowano badania oddziaływania pomiędzy białkami polimerazy RB69 i prymazy faga T4 w obecności jednoniciowego DNA (58-mer) oraz rybonukleotydu pppACUCA (komplementarnego do sekwencji TGAGT w oligo DNA) metodą ultrawierowania oraz za pomocą metody Sec-MALS.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Poprzednio pokazano za pomocą metody MST, że obecność ssDNA i oligo RNA w sposób znaczący zwiększa siłę wiązania polimerazy i prymazy. Wynik ten został potwierdzony w czasie ultrawierowania jak również przy zastosowaniu Sec-MALS. Takie oddziaływanie po raz pierwszy zostało pokazane dla białek replisomu faga T4.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

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

Publikacje:

5676

Tematy kontynuowane w roku 2018

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

Temat nr 5.3: Dodekahedron adenowirusowy – wektor transferu wewnątrzkomórkowego.

Zespół: dr hab. Ewa Szołajska, 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 2018 roku kontynuowaliśmy badania nad możliwością użycia dodekahedronu jako wektora dostarczającego chemioterapeutyki do komórek nowotworowych nadprodukujących transportery błonowe, P-glikoproteiny warunkujące oporność wielolekową. Analizy przeprowadzane były w modelu lekoopornych komórek mięsaka macicy MES-SA Dx5. Słuszność wyboru linii komórkowej potwierdzono wykazując obecność na powierzchni komórek integryn $\alpha\beta3$ oraz $\alpha\beta5$, wykorzystywanych przez Dd jako receptory podczas endocytozy. Przy zastosowaniu analizy konfokalnej wykazano, że traktowanie komórek lekoopornych MES-SA Dx5 koniugatem dodekahedronu z doksorubicyną (DdDOX) skutkuje akumulacją leku w jądrze komórkowym, czego nie obserwowano w przypadku traktowania tych komórek lekiem w wolnej formie. W konsekwencji koniugat DdDOX wykazywał znacznie wyższą toksyczność w stosunku do komórek lekoopornych w porównaniu z wolną DOX, osiągając wartość IC₅₀ przy 5-krotnie niższym stężeniu leku.

Wcześniejsze badania oddziaływania Dd z potencjalnymi partnerami lipidowymi, wykonane w układzie imitującym naturalną organizację błon biologicznych, wykazały specyficzne oddziaływanie VLP z anionowym lipidem, fosfatydyloseryną (PS). Dalsze analizy z wykorzystaniem spektrometrii mas umożliwiły zidentyfikowanie w strukturze Dd motywów zawierających aminokwasy zasadowe, które są zaangażowane w oddziaływanie z PS. Konkretnie z ujemnie naładowaną grupą karboksylową lipidu, na co wskazują wyniki eksperymentów z zastosowaniem powierzchniowego rezonansu plazmonowego oraz dodatkowo fakt, że obecność grupy karboksylowej odróżnia PS od innych ujemnie naładowanych fosfolipidów, dla których nie obserwowaliśmy specyficznego oddziaływania z Dd.

Powinowactwo Dd do PS może mieć istotne implikacje w kontekście wykorzystania VLP jako nośnika leków, ponieważ fosfolipid ten jest ekspozycyjny na powierzchni żywych komórek nowotworowych oraz komórek endotelialnych naczyń krwionośnych guza. W celu potwierdzenia znaczenia oddziaływania VLP z PS w modelu komórkowym, przeprowadzone zostały eksperymenty na linii komórkowej ludzkiego gwiaździka U-251. Wykazały one korelację pomiędzy blokowaniem PS i obniżeniem poziomu internalizacji Dd, co wskazuje na bezpośrednie oddziaływanie VLP z PS podczas endocytozy. Podsumowując, otrzymane wyniki wykazały przydatność Dd jako wektora do dostarczania leku do komórek nowotworowych wykazujących lekooporność oraz charakteryzujących się obecnością PS na ich powierzchni.

Opis najważniejszych osiągnięć:

1. Wykazanie możliwości pokonania bariery lekooporności uwarunkowanej nadprodukcją P-glikoproteiny, dzięki zastosowaniu dodekahedronu jako nośnika leku.
2. Wykazanie korelacji pomiędzy wydajnością endocytozy Dd i ilością PS ekspozycyjnej na powierzchni komórek nowotworowych.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Wyniki badań zostały opublikowane w dwóch artykułach naukowych, są również podstawą przygotowywanej dysertacji doktorskiej.

Publikacje:

5627, 5677, 4469/A

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

Temat nr 6.1: Molekularne podstawy infekcji wiroidowej.

Zespół: dr Anna Góra-Sochacka, mgr Aneta Więsyk

Cel badania:

Analiza zmian transkryptomycznych w korzeniach pomidora w odpowiedzi na infekcję łagodnym i ostrym szczepem wiroida wrzecionowatości bulw ziemniaka (PSTVd).

Opis realizowanych prac:

Przeprowadzono analizę zmian transkryptomycznych w korzeniach *Solanum lycopersicum* odmiany 'Rutgers' w przebiegu łagodnej i ostrej infekcji PSTVd techniką mikromacierzy (Affymetrix). Zmiany badano w trzech punktach czasowych: (1) po 17. dniach od inokulacji, etap pojawiania się pierwszych symptomów chorobowych w części nadziemnej rośliny, (2) po 24. dniach, pełny rozwój symptomów, (3) po 49. dniach, objawy widoczne na korzeniach. Dodatkowo zmiany w ekspresji genów po 17. dniach od zainfekowania badano metodą RNA-Seq. Sporządzono listy genów o zmienionym poziomie ekspresji dla każdego szczepu na określonym etapie rozwoju symptomów. Wykonano analizę funkcjonalną i wzbogacenia określonych kategorii GO (ang. enrichment analysis). Porównano dane otrzymane dla transkryptomu korzeni zainfekowanych łagodnym i ostrym szczepem wiroida. Uzyskane wyniki zweryfikowano metodą ilościowego PCR w czasie rzeczywistym. Oznaczono poziom lignin w korzeniach zainfekowanych łagodnym i ostrym szczepem PSTVd w dwóch punktach czasowych: 24 i 49 dni po inokulacji.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Zidentyfikowano i porównano grupy genów o zmienionej ekspresji na poszczególnych etapach rozwoju infekcji typu łagodnego i ostrego w korzeniach pomidora. Zmiany dotyczyły głównie genów związanych z odpowiedzią na stres biotyczny i abiotyczny, budową ściany komórkowej, biosyntezą i regulacją transkrypcji. Wykazano zwiększenie poziomu lignin w ścianie komórkowej w korzeniach zainfekowanych wiroidem w porównaniu z rośliną kontrolną (niezakażona). Zmiany te skorelowane są ze zmianami profilu ekspresji genów związanych z biosyntezą lignin.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Wyniki zostaną wykorzystane w publikacjach naukowych.

Publikacje:

5596, 5601, 4460/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 hab. Liliana Surmacz, dr Daniel Buszewicz, dr Małgorzata Gutkowska-Stronkowska, dr Marta Hoffman-Sommer, dr Agata Lipko, dr Karolina Skorupińska-Tudek, dr Konrad Zdanowski, mgr Agnieszka Onyśk, mgr Przemysław Surowiecki, mgr Marta Zajbt-Łucznińska, magistranci: inż. Emilia Chojak (UW), inż. Veena Ramesh (PW); inżynieranci: Joanna Jasińska (PW)

Cel badań:

Realizowano następujące kierunki badań:

1. molekularna i funkcjonalna charakterystyka *cis*-prenylotransferazy 7 (CPT7) u pomidora;
2. transkrypcyjna regulacja biosyntezy poliizoprenoidów;
3. oddziaływanie *cis*-prenylotransferaz i homologów białka NGBR u roślin;
4. rola poliprenoli typu bakteryjnego u eukariontów;
5. wpływ poliizoprenoidów na właściwości lipidowych błon modelowych;
6. Rab-zależny transport pęcherzykowy a regulacja biosyntezy fitosteroli;
7. rola składników kompleksu TRAPP w metabolizmie komórki roślinnej;
8. badania mechanizmów biosyntezy poliizoprenoidów u roślin.

Opis realizowanych prac:

Scharakteryzowano *cis*-prenylotransferazę katalizującą syntezę średniej długości poliprenoli u pomidora – wykazano, że poliprenole te wpływają na dynamikę błon chloroplastów – wyniki opublikowano we współpracy z grupą dr. A. Akhtar, Guelph University. Metodami biofizycznymi (FLIM, FTIR) wykazano modulujący wpływ poliprenoli na błony modelowe (wsp. prof. Wiesław Gruszecki, UMCS). Przeanalizowano wpływ poliprenoli na sprawność fotosyntetyczną oraz ultrastrukturę chloroplastów u *Arabidopsis* (wsp. prof. Maciej Garstka i prof. Agnieszka Mostowska, Wydział Biologii, UW). Wykazano rolę czynników transkrypcyjnych z rodziny HSFA1 w regulacji szlaków biosyntezy poliprenoli.

Wykazano, że rekombinowana CPT7 ulega fosforylacji w teście *in vitro* z użyciem kinaz z grupy SnRK2.

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. Stwierdzono ko-lokalizację CPT4 z homologami białka REF (Rubber Elongation Factor), które jest uważane za trzeciego potencjalnego partnera w kompleksie niezbędnym dla biosyntezy poliprenoli u roślin.

Podjęto próbę wyciszenia ekspresji CPT3 – enzymu odpowiedzialnego za syntezę głównej rodziny dolicholi u *Arabidopsis*.

Porównano profile krótkołańcuchowych poliprenoli występujących w komórkach ssaków (wątroba szczura, świni).

Analizując widma HPLC/ESI-MS poliizoprenoidów metabolicznie znakowanych w modelu *in planta*, wykazano, że prekursorzy syntezy poliprenoli pochodzą ze szlaku MEP, a dolicholi – z obu szlaków MEP i MVA, metodami statystycznymi opracowano ilościowo wyniki tych oznaczeń, manuskrypt w przygotowaniu.

Sklonowano geny kodujące wybrane składniki kompleksu **T**ransport **P**rotein **P**article u *Arabidopsis*.

Wykazano podwyższenie zawartości dolicholi i obniżenie zawartości prenoli w warunkach zahamowania transportu pęcherzykowego (mutanty rzodkiewnika), zidentyfikowano także związki o szkieletie sterolowym nienotowane wcześniej u *Arabidopsis* (wsp. dr. Spólnik, IChO PAN oraz dr. Pączkowski, UW). Wykazano znaczne podwyższenie poziomu ekspresji genów ze szlaku MVA a obniżenie tych ze szlaku MEP w roślinach *rgtb1*. We współpracy z dr Rojek, UG i dr Lichocką, IBB PAN wykazano, że w roślinach *rgtb1* zahamowanie rozwoju gametofitu żeńskiego jest związane z nieprawidłową lokalizacją pęcherzyków z RabA1 transportujących białka PIN1, co prowadzi do nagromadzenia auksyn w zalążku (manuskrypt w przygotowaniu).

Opublikowano wyniki analizy strukturalnej (metoda solid-state NMR) peptydowego antybiotyku nizyny (ang. nisin) w błonie komórkowej bakterii *Micrococcus flavus* – pokazała ona występowanie funkcjonalnych domen w cząsteczce antybiotyku (wsp. dr Eefjan Breukink, Utrecht University).

Opublikowano pracę w której wykazano, że sole prenyloamoniowe prenoli podnoszą efektywność candesartanu – leku o właściwościach przeciwnadciśnieniowych (hipotensyjnych, wsp. prof. Elżbieta Kompanowska-Jezińska, IMDiK PAN). W pracy przeglądowej podsumowano dane literaturowe dot. badań nad poliizoprenoidami (wsp. prof. Hiroshi Sagami, Tohoku University, Sendai). Kontynuowano działalność Kolekcji Poliprenoli – udostępniono preparaty poliizoprenoidowe kilkunastu grupom badawczym.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Wykazano, że (i) poliprenole modulują dynamikę błon chloroplastów; (ii) zaburzenia w prenylacji białek Rab(A1) skutkują zmienionym rozmieszczeniem auksyn i zaburzeniami w rozwoju wegetatywnym i generatywnym *Arabidopsis*.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Publikacja w przygotowaniu.

Publikacje:

5593, 5613, 5682, 5701, 4453/A, 4454/A, 4514/A, 959/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

Cel badania:

Pokazano zależność pomiędzy procesem syntezy dolicholu a morfogenezą *Candida* polegającą na przejściu z formy drożdżowej, w formę strzępkową.

Badano:

1. funkcję białka kodowanego przez orf 19.368 2. poprzez ekspresję orf w wybranych mutantach *Saccharomyces cerevisiae*.
2. rolę potencjalnego białka Cwh8 (orf 19. 368 2) w przebiegu morfogenezy i towarzyszące temu procesowi zmiany biochemiczne i morfologiczne w komórkach *Candida albicans*.

Ad 1

Mutanty drożdży *S. cerevisiae* z ograniczoną aktywnością cis-prenylo transferazy (*delta rer2*), poddano transformacji wektorem niosącym orf 19.368 2 *C. albicans*. Mutanty *delta rer2*, wykazujące podwyższoną wrażliwość na czynniki zewnętrzne interkalujące do ściany komórkowej, po transformacji orf 19.368 2, odzyskiwały wrażliwość podobną do komórek kontrolnych.

Analiza bazy danych *C. albicans* wykazywała 41% podobieństwa orf 19.368 2 do genu *CWH8* *S. cerevisiae*, kodującego białko związane ze ścianą komórkową pochodną kotwicy GPI, opisane w literaturze jako fosfataza dwufosfo dolicholu.

Ad 2

1. Otrzymano mutanty *C.albicans* z delecją jednej i obu kopii genu *CWH8* (orf 19.368 2). W mutantach zbadano transkrypcję (qPCR) genów kodujących białka o aktywności cis prenylotransferazy (*Rer2*; *Nus1*; *Srt1*). Stwierdzono, że delecja genu *CWH8* powoduje wielokrotne obniżenie transkrypcji genów *RER2* i *NUS1* i podobnego rzędu podwyższenie transkrypcji *SRT1*.
2. W mutantach *cwh8* zbadano zawartość dolicholu oraz długość jego szkieletu węglowodorowego. Stwierdzono, że mutanty z delecją obu kopii genu syntetyzują ok. dwukrotnie więcej dolicholu niż próba kontrolna. Szkielet węglowodorowy ma jednak tę samą długość (C80) co dolichole próby kontrolnej.
3. Stwierdzono, że „nadmiar” dolicholu jest wykorzystywany do O-glikozylacji ale delecja *CWH8*, wyraźnie ogranicza N-glikozylację białek.
4. Stwierdzono, że mutanty *cwh8* mają zmienioną budowę ściany komórkowej oraz podwyższoną wrażliwość na czynniki zewnętrzne, ponadto ograniczoną zdolność adhezji i związane z tym tworzenie form opornych na leki (biofilmów). A także ograniczoną zdolność do tworzenia strzępek, form morfologicznych zwiększających możliwość kolonizacji komórek gospodarza.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Pokazano możliwości wykorzystania białka ściany komórkowej *Candida*, Cwh8, jako potencjalnego celu dla leków przeciwrzybiczych.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Publikacja w przygotowaniu.

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, dr Anna Janik, doktoranci: mgr Elżbieta Gryz, mgr Sebastian Graczyk, magistrantka Marta Ajchler, prof. dr hab. Grażyna Palamarczyk (emerytka)

Cel badania:

1. Badanie wpływu struktury dolicholi na fizyko-chemiczne właściwości modelowych błon lipidowych metodą różnicowej kalorymetrii skaningowej (DSC) i anizotropii fluorescencji

(wsp. prof. Kazimierza Strzałka i dr Małgorzata Jemioła-Rzemińska UJ, prof. Ewa Świeżewska, IBB PAN).

2. Sporządzenie modelu 3D syntazy dolichylo-fosfo-mannozy w powiązaniu z różną strukturą dolicholu (wsp. prof. Ginalski i dr Steczkiewicz CeNT, UW, dr Anna Muszewska, IBB PAN).
3. Dalsza charakterystyka mutantu YIL102cA *Saccharomyces cerevisiae*.
4. Ustalenie funkcji genu *dfg10* w *Trichoderma*.
5. Poszukiwanie grzybów i konstruowanie mieszanek grzybowych do deodoryzacji odpadu komunalnego. Wzbogacanie kolekcji grzybów naszej Pracowni.
6. Ustalenie roli potencjalnych syntaz terpenowych u *Trichoderma atroviride* nieprodukującej trichotecenów (wsp. dr Jacek Lenart, IMD PAN; prof. Santiago Gutierrez, Univeridad de Leon, Leon, Spain).

Opis realizowanych prac:

Ad 1

Do badań skonstruowano modelowe błony PC i PE z różną ilością wielonasasyconych dolicholi z *Trichoderma* i jednonasasyconych dolicholi z *S. cerevisiae*. Oceniono w jaki sposób obecne w błonach modelowych dolichole modyfikują przejścia fazowe lipidów.

Natomiast podejście fluorescencyjne w zastosowaniu znaczników fluorescencyjnych lokujących się w różnych rejonach dwuwarstwy lipidowej i pomiar anizotropii fluorescencji tych znaczników w obecności różnych dolicholi, pozwoliło wnioskować w jaki sposób struktura dolicholi wpływa na uporządkowanie (płynność) błon.

Ad 2

Model 3D syntazy DPM wykonano bazując na modelu dla syntazy z *Pyrococcus furiosus*. Stwierdzono brak motywu ¹⁸²FK u syntaz z większości grzybów strzępkowych i obecność tego motywu u *S. cerevisiae*. Modelowanie wykazało, że motyw ten jest istotny podczas przyłączania dolicholu. Jego brak może osłabiać to wiązanie.

Ad 3

Transformacja mutantu *S. cerevisiae* $\Delta yil102cA$ genem *dpm2* z *Trichoderma* pozwoliła na odwrócenie letalnej mutacji. Mutant został także retransformowany genem *YIL102cA* w wersji długiej i krótkiej. Charakterystyka biochemiczna mutantów wykazała, że białko Dpm2Tr częściowo zastępuje YIL102cAp ale aktywność enzymów potencjalnie zależnych od YIL102cAp jest niższa w obecności Dpm2Tr.

Ad 4

Delecja genu *dfg10* kodującego prawdopodobnie saturazę poliprenolową w *Trichoderma* spowodowała pojawienie się wielonasasyconych prenoli.

Ad 5

Wykonano badania wstępne dla ograniczonej liczby grzybów z kolekcji Pracowni pod kątem deodoryzacji odpadu komunalnego.

Ad 6

Stwierdzono obecność trzech genów kodujących potencjalne syntazy terpenowe. Ekspresja tych genów jest podwyższona w szczepie *T. atroviride* o podwyższonej aktywności biokontrolnej.

Opis najważniejszych osiągnięć:

1. Wielonasasycone dolichole z *Trichoderma* znacząco zaburzały przejścia fazowe w błonach PC czego nie obserwowano dla dolicholi drożdżowych. Dolichole z *Trichoderma* modyfikowały także kształt krzywej przejścia fazowego w błonach PE.
2. Dolichole drożdżowe upłynniały błonę PC w fazie żelowej a *Trichoderma* w fazie ciekłokrystalicznej. Dwa typy dolicholi inaczej wpływały na destabilizację błon modelowych, ale zależy to także od składu błon.
3. Model 3D syntazy DPM z drożdży i *Trichoderma* pokazał, że wiązanie dolicholu przez enzym z *Trichoderma* może być słabsze.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Zgłoszenie patentowe P.428092 „Kompozycja szczepów grzybowych i sposób dezodoryzacji odpadów komunalnych”.

Publikacje:

5541, 5724, 4451/A, 4452/A, 4453/A, 4454/A

Temat nr 20: Genetyka i biologia molekularna grzybów.**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 Marta Płonka, mgr Izabella Rudzińska

Cel badania:

Rola modyfikacji postranslacyjnych podjednostek polimerazy III RNA w regulacji transkrypcji tRNA.

Opis realizowanych prac:

Fosforylacja i ubikwitynacja C-terminalnej domeny (CTD) największej podjednostki katalitycznej polimerazy II RNA, Rpb1, należą do podstawowych mechanizmów regulacji transkrypcji mRNA. Analogicznych mechanizmów nie opisano dla polimerazy III RNA (Pol III). C160, największa podjednostka Pol III wykazuje homologię do Rpb1, lecz pozbawiona jest charakterystycznej domeny CTD. Badania skoncentrowano na potencjalnej ubikwitynacji C160 sugerowanej przez dostępne w literaturze wyniki globalnych analiz proteomicznych. Sformułowano, zatem hipotezę, że poziom białka C160 jest regulowany przez ubikwitynację i kontrolowaną degradację. W badaniach eksperymentalnych *in vivo* zaobserwowano obniżony poziom podjednostki C160 w warunkach stresu, powodujących represję transkrypcji tRNA. Określono kinetykę spadku poziomu białka C160 po traktowaniu rapamycyną, hydroksymocznikiem, kwasem mykofenolowym (MPA) oraz po przeniesieniu komórek drożdży z warunków optymalnych do pożywki z niefermentowalnym źródłem węgla (stres metaboliczny). Równolegle badano aktywność Pol III poprzez oszacowanie ilości nowo syntetyzowanych tRNA. Stwierdzono, że spadek poziomu pierwotnych transkryptów różnych tRNA o 50% następuje już po kilku minutach stresu metabolicznego lub po dodaniu MPA. W tych samych warunkach degradacja C160 następowała zdecydowanie wolniej, spadek ilości białka o 50% obserwowano po godzinnej lub nawet dłuższej inkubacji drożdży w warunkach stresu. Badano także zmianę asocjacji C160 z chromatyną pod wpływem stresu. Stwierdzono, że tempo wpływu stresu metabolicznego na dysocjację Pol III z genów tRNA jest zdecydowanie szybsze niż rozpad białka C160. Przypuszczalnie degradacja C160 w warunkach stresu następuje po uwolnieniu kompleksu Pol III z chromatyny. Wykazano w sposób bezpośredni, że białko C160 ulega ubikwitynacji; oczyszczono formy ubikwitynowane C160, które na żelu tworzyły charakterystyczną drabinkę. Pokazano także, że degradacja białka C160 jest spowolniona w mutancie z zaburzoną biogenezą proteasomów oraz w obecności inhibitora aktywności proteasomów. Udowodniono w ten sposób, że w warunkach stresu prowadzącego do zahamowania transkrypcji tRNA następuje ubikwitynacja i proteasomalna degradacja białka C160.

Niezależnie badano potencjalną rolę fosforylacji i ubikwitynacji podjednostki AC19 w regulacji aktywności polimerazy III RNA. Nie wykryto ufosforylowanych form AC19 lecz stwierdzono degradację tej podjednostki w warunkach głodu pokarmowego. W celu sprawdzenia, czy za spadek poziomu AC19 odpowiada ubikwitynacja i degradacja w proteasomie, użyto odpowiednich mutantów drożdży. Nie otrzymano jednak jednoznacznych wyników. Stwierdzono natomiast interesujący związek poziomu ekspresji AC19 z procesem autofagii.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Wykazano kontrolowaną degradację polimerazy III RNA w warunkach represji transkrypcji; największa podjednostka katalityczna polimerazy III RNA ulega ubikwitynacji w odpowiedzi na stres i jest degradowana w proteasomach. Proces ten jest następstwem, a nie przyczyną, represji transkrypcji z udziałem polimerazy III RNA.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Większą część wyników opisano w artykule „Repression of yeast RNA polymerase III by stress leads to ubiquitylation and proteasomal degradation of its largest subunit, C160” opublikowanym w BBA – Gene Regulatory Mechanisms. Wyniki dotyczące podjednostki Pol III C160 weszły w skład pracy doktorskiej Ewy Leśniewskiej.

Publikacje:

5581, 5686, 4535/A, 4552/A, 4554/A, 276/M

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. IBB PAN, prof. dr hab. Joanna Rytka, dr Katarzyna Niedźwiecka, doktoranci: mgr Krystyna Bińko, mgr Natalia Skoczeń, mgr Sylwia Pilch, mgr Emilia Baranowska

Cel badania:

1. Badanie na modelu drożdżowym podłoża chorób neurodegeneracyjnych na poziomie molekularnym i biochemicznym, spowodowanych mutacjami w mitochondrialnym genie *ATP6*, kodującym podjednostkę 6 syntazy ATP.
2. Konstrukcja i analiza biochemiczna mutantów w genie *ATP8* *Saccharomyces cerevisiae*, obejmująca również wybrane mutacje patologiczne, w celu zbadania funkcji podjednostki 8 syntazy ATP.
3. Funkcjonalna analiza mitochondrialnego białka Fmp40 o nieznannej aktywności biologicznej w drożdżach *S. cerevisiae*.

Opis realizowanych prac:**Ad 1**

Mutageniza *in vitro* i integracja w genom mitochondrialny drożdży sekwencji genu *ATP6* kodujących podjednostkę 6 z podstawieniami aminokwasowymi. Analiza genetyczna otrzymanych szczepów. Analiza strukturalna wybranych dwóch podstawień aminokwasowych w białku Atp6 oraz podstawień aminokwasowych znoszących efekty tychże (supresorowych) w oparciu o strukturę domeny błonowej syntazy ATP o rozdzielczości 3,6 Å.

Ad 2

Mutageniza *in vitro* i integracja w genom mitochondrialny drożdży sekwencji genu *ATP8* kodujących podjednostkę 8 z podstawieniami aminokwasowymi, m. in. związanymi z chorobami. Analiza oddychania mitochondrialnego i poziomu syntezy ATP oraz stabilności struktury enzymu w sześciu mutantach.

Ad 3

Analiza fenotypowa szczepu *fmp40Δ*. Konstrukcja różnych wersji genu *FMP40* w plazmidach. Zbadanie lokalizacji białka Fmp40. Poszukiwanie fenotypu szczepu *fmp40Δ*, zbadanie zależności fenotypu od wybranych białek oraz wykazanie, że jest on zależny od aktywności białka Fmp40. Zbadanie aktywności katalaz rozkładających nadtlenek wodoru w tym szczepie w różnych warunkach wzrostu i stresu.

Opis najważniejszych osiągnięć:**Ad 1**

Otrzymano siedem, z jedenastu zaplanowanych, szczepów niosących mutacje w mitochondrialnym genie *ATP6*. Opisano mechanizm patologiczny dwóch mutacji w genie *ATP6* nie tylko na poziomie biochemicznym ale przede wszystkim molekularnym.

Ad 2

Każda z sześciu badanych mutacji w *ATP8* prowadzi do obniżenia oddychania mitochondrialnego oraz syntezy ATP w różnym stopniu od 25 do 65% aktywności w szczepie typu dzikiego, przy czym trzy

mutacje obniżają te aktywności w sposób znaczący, co przejawia się fenotypowo spowolnieniem lub brakiem wzrostu na pożywce oddechowej. Podjednostka 8, choć nie bierze bezpośredniego udziału w transporcie protonów przez domenę F_O enzymu, ma zatem bardzo duże znaczenie dla efektywności działania enzymu.

Ad 3

Odkryto, we współpracy z prof. V. Tagliabracci, strukturę selenobiałek O (SelO, Fmp40 u drożdży). Udowodniono, że białka te mają aktywność amylazy. Znalezione fenotyp nadwrażliwości szczepu z delecją SelO na nadtlenek wodoru, zależny od proteazy, aktywnej w procesie programowanej śmierci komórki drożdży – Yca1. Wskazano funkcję biologiczną SelO, jaką jest regulacja poziomu globalnej glutationylacji białek poprzez ampylację białek z rodziny glutaredoksyn w warunkach stresu oksydacyjnego. Białko Fmp40 jest istotne również dla regulacji odpowiedzi komórki w stresie cieplnym, między innymi poprzez regulację aktywności katalazy Cta1.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Wyniki badań są częściowo już opublikowane oraz zaprezentowane były w formie posterów na dwóch konferencjach międzynarodowych dotyczących bioenergetyki i/lub ogólnie mitochondriów: EBEC i GRC Mitochondria & Chloroplasts. Ponadto wyniki weszły w skład pracy doktorskiej Katarzyny Niedźwieckiej, oraz wejdą w skład prac doktorskich odpowiednio Natalii Skoczeń, Emilii Baranowskiej i Sylwii Pilch.

Publikacje:

5538, 5577, 5591, 5608, 5619, 5690, 5716, 5987, 4515/A, 4516/A, 4517/A, 281/M, 942/N

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 (do 21.11.2018), doktoranci: mgr Piotr Soczewka, mgr Damian Kołakowski

Cel badania:

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

Opis realizowanych prac:

Płasawica-akantocytoza (ChAc, ang. *chorea-akanthocytoza*) jest rzadką chorobą neurodegeneracyjną związaną z mutacjami w genie *VPS13A*. Mechanizm patogenyzy ChAc nie jest znany. W badaniach użyto nowego fenotypu, nadwrażliwości komórek mutantu *vps13Δ* na obecność w pożywce substancji powodującej stres, do selekcji wielokopijnych supresorów. Zidentyfikowano fragment genu *MYO3*, kodującego N-końcowy fragment miozyny, białka cytoszkieletu aktynowego biorącego udział w endocytozie. Białko Myo3-N posiada domenę motoryczną i łącznik. Łącznik zawiera motywy IQ, które wiążą negatywny regulator kalmodulinę. Podstawienie reszt aminokwasowych, które zaburzało wiązanie Myo3-N z kalmoduliną znosiły też supresję *vps13Δ*. Produkcja Myo3-N obniżała aktywność kalcyneuryny, fosfatazy białek regulowanej przez kalmodulinę, i poprawiała niektóre inne zaburzenia w komórce. Sformułowano propozycję, że Myo3-N działa poprzez sekwestrację kalmoduliny, obniżenie aktywności kalcyneuryny i aktywację Myo3, które poza rolą w endocytozie i organizacji cytoszkieletu aktynowego, pełni też funkcję w miejscach kontaktu błony komórkowej i siateczki śródplazmatycznej. Te wyniki wskazują na funkcjonalne połączenie białka Vps13 z przekazywaniem sygnału wapniowego, jako potencjalny cel w terapii ChAc.

Przeszukano bibliotekę związków chemicznych dopuszczonych do użycia u ludzi i zidentyfikowano siedem takich, które odwracały fenotyp braku wzrostu mutantu *vps13Δ* w warunkach stresu. Ponieważ jeden z nich był pochodzenia roślinnego, zbadano też ekstrakty roślinne i inne podobne naturalnie występujące związki; część z nich wykazywała aktywność supresorową. Zbadano też wpływ zidentyfikowanych leków na organizację cytoszkieletu aktynowego, transport białek do wakuoli

i ucieczkę mitochondrialnego DNA w *vps13Δ* i niektóre z nich poprawiały funkcjonowanie tych procesów.

Vps13-GFP jest znajdowane w różnych miejscach kontaktu błon pomiędzy organellami. Zbadano lokalizację Vps13-GFP w różnych warunkach i stwierdzono, że lokalizacja ta jest zmieniona pod wpływem stresu.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Używając szczepu *vps13Δ* jako modelu płasawicy-akantocytozy, pokazano, że jego wzrost w warunkach stresowych może być przywrócony, między innymi, przez obniżenie aktywności kalcyneuryny i aktywację miozyny na skutek działania supresorów genetycznych lub chemicznych.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Wyniki badań zaprezentowano na konferencjach, są podstawą pracy przyjętej do publikacji oraz weszły w skład pracy magisterskiej Magdaleny Paczkowskiej. Będą też wchodzić w skład prac doktorskich Piotra Soczewki i Damiana Kołakowskiego.

Publikacje:

4407/A, 4408/A, 4412/A, 4413/A, 4414/A, 4415/A, 4429/A, 4513/A, 280/M, 967/N

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

Temat nr 25.1: Regulacja wierności replikacji DNA w komórkach bakteryjnych i drożdżowych.

Zespół: prof. dr hab. Iwona Fijałkowska, prof. dr hab. Piotr Jonczyk, dr Karolina Makiela-Dzbeńska, dr Michał Dmowski, doktorantki: mgr Milena Denkiewicz-Kruk, mgr Małgorzata Jędrychowska, mgr Ewa Sz wajczak (do 30.IX.2018), mgr Krystian Łazowski, mgr Magdalena Komorowska (od 1.X.2018)

Cel badania:

1. Wykorzystując chromosomalny system do badania wierności replikacji na obydwu niciach DNA oraz mutanta w bramce sterycznej Polimerazy V DNA (Pol V_Y11A), wykazującego zwiększoną częstość inkorporacji rybonukleotydów w trakcie syntezy DNA kontynuowano prace mające na celu wyjaśnienie mechanizmów usuwania monofosforanów rybonukleotydów (rNMP) z DNA w komórkach *Escherichia coli*. Badano udział ścieżek naprawy rybonukleotydów (RER) na obydwu niciach DNA oraz dodatkowych mechanizmów naprawy DNA w usuwaniu rybonukleotydów. W szczególności analizowano rolę RNazy HI oraz aktywności korektorskiej głównej replikazy Pol III w usuwaniu błędów Pol V_Y11A. W szczepach z aktywną RNazą HII, RNaza HI nie wpływa istotnie na poziom mutagenезy zależnej od Pol V_Y11A. W szczepach z nieaktywną RNazą HII, RNaza HI uczestniczy w usuwaniu rybonukleotydów na obydwu niciach DNA, przy czym wykazuje silniejszy efekt na nici opóźnionej. Wykazano również, że aktywność 3'→5' egzonukleolityczna Pol III odgrywa istotną rolę w kontroli poziomu mutagenезy zależnej od mutanta Pol V_Y11A, w szczególności na nici opóźnionej.
2. Rozpoczęto prace w celu określenia roli białka Cdc45, wchodzącego w skład kompleksu helikazy CMG, w utrzymaniu stabilności genomu w komórkach drożdży *Saccharomyces cerevisiae*. Wiadomo, że Cdc45 jest niezbędne do życia komórek *S. cerevisiae*, ale jego rola w procesie replikacji DNA jest właściwie nieznana. Do badań użyto serii temperaturo-wrażliwych mutantów w *CDC45* otrzymanych w ramach współpracy od prof. Hiroyuki Arakiego (NIG – Japonia). Analiza poziomu mutagenезy spontanicznej w szczepach zawierających różne zmutowane allele *cdc45* wykazała ważną rolę białka Cdc45 w utrzymaniu stabilności materiału genetycznego w drożdżach.
3. Badano rolę kompleksu GINS w kontroli wierności replikacji DNA. W szczepach niosących temperaturo-wrażliwą mutację *psf1-100* wykazano ślizganie się polimerazy DNA epsilon (Pol ε) oraz zwiększony dostęp mutagennej polimerazy zeta DNA (Pol ξ) zarówno w fazie S jak i G2 cyklu komórkowego. Analiza mechanizmu powstawania mutacji wskazuje na powstawania przerw podczas replikacji w fazie S, które są następnie wypełniane na drodze rekombinacji przy udziale mutagennej Pol ξ podczas fazy G2.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Zaburzenie oddziaływań wewnątrz kompleksu CMG-Pol ϵ powoduje zwiększoną niestabilność genomu zarówno na skutek ślizgania się Pol ϵ , zwiększonego udziału mutagennej Pol ξ jak i zwiększonej rekombinacji w fazie G2.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

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

Publikacje:

5594, 5600, 5667, 4485/A, 4488/A, 4490A, 4497/A, 4504/A, 4505/A, 4528/A, 4531/A, 4532/A, 4557/A, 4559/A, 4560/A, 4561/A, 948/N

Temat nr 25.2: Mechanizmy kontrolujące stabilność genomu mitochondrialnego.

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

Cel badania:

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

Opis realizowanych prac:

1. Rozpoczęto badania mające na celu wyjaśnienie jak aktywacja szlaku transdukcji sygnału o uszkodzeniu DNA jądrowego regulowanego przez kinazy Mec1/Tel1, a następnie kinazy Rad53 oraz Dun1 (szlak DDR), wpływa na stabilność mtDNA. Wcześniej pokazano, że znaczna część mutacji punktowych w mtDNA szczepów pozbawionych nukleazy Rad27 powstaje w wyniku zależnego od Dun1 podwyższenia poziomu dNTP po aktywacji w/w ścieżki sygnałowej. Z drugiej strony, wiadomo z literatury, jak również z wcześniejszych eksperymentów, że aktywacja ścieżki Mec1/Tel1 prowadzi również do podwyższenia poziomu mtDNA w porównaniu z jądrowym DNA przez nieznaną mechanizm, który będzie przedmiotem badań. Weryfikowana będzie hipoteza, że apikalne kinazy Mec1 i Tel1 mogą bezpośrednio modyfikować białka mitochondrialne. Ta propozycja sformułowana została w oparciu o dwie przesłanki: 1) obie kinazy były wykrywane w mitoproteomie w badaniach wysoko-przepustowych oraz 2) wśród białek mitochondrialnych lub białek regulacyjnie związanych z mitochondriami są takie (około 40 białek), które posiadają motywy aminokwasowe analogiczne do znanych miejsc fosforylowanych przez te kinazy (tj. odpowiednio zgrupowanych miejsc SQ/TQ). W celu sprawdzenia za pomocą frakcjonowania, czy Mec1 i Tel1 są zlokalizowane w mitochondriach drożdży, dołączono wewnętrzne epitopy do obu białek. Zespół obecnie przeprowadza testy sprawdzające funkcjonalność zmienionych kinaz. Wytypowano również zestaw potencjalnych mitochondrialnych białek-substratów kinaz Mec1/Tel1 (Msh1, Mhr1, Mic19, Pam17, Zim17 oraz Mip1) i dołączono do tych białek kilka alternatywnych C-końcowych epitopów. Wyznakowane, funkcjonalne białka będzie można wykryć w testach fosforylacji tych białek przez Mec1/Tel1 przy użyciu specyficznego przeciwciała. W drugiej części naszych badań, konstruowano szczepy do sprawdzenia, czy inne fenotypy szczepów *rad27Δ* związane z mtDNA i wynikające całkowicie lub częściowo z aktywacji ścieżki DDR (takie jak: zwiększona stabilność powtórzeń mikrosatelitarnych w mtDNA, zmniejszony poziom rekombinacji homologicznej oraz podniesiony poziom mtDNA w komórkach) zależą od aktywności kinazy Dun1, tak jak w przypadku mutacji punktowych w mtDNA. Wstępne wyniki w szczepie do badania stabilności mitochondrialnych powtórzeń mikrosatelitarnych wskazały, że w tym przypadku, inaczej niż dla w/w fenotypu mutatora mitochondrialnego, delecja *DUN1* nie znosi fenotypu *rad27Δ*, co sugeruje, że aktywacja szlaku Mec1/Tel1 może wpływać na procesy utrzymania mtDNA poprzez wiele mechanizmów.
2. Zbadano zależność fenotypu mutatora mitochondrialnego w mutancie *rad27Δ* od aktywności dodatkowych polimeraz mitochondrialnych, polimeraz TLS: Rev3, Rev1 i Rad30. Tylko dla polimerazy Rev3 stwierdziliśmy częściowy udział w podwyższeniu liczby mutacji mitochondrialnych w tym mutancie. Eksperymenty sprawdzające, czy ta zależność jest

specyficzna dla *rad27Δ* czy występuje też dla innych szczepów z konstytutywną aktywacją ścieżki DDR, są w trakcie przeprowadzania.

3. Kontynuowano badanie regulacji mitochondrialnej lokalizacji konserwowanej nukleazy Nuc1 w komórkach drożdży. Skonstruowano szczep, w którym zmienione białko Nuc1 gromadzi się tylko w mitochondrialnej IMS, ale nie jest wykrywane w matriks mitochondrialnej. Prowadzone są eksperymenty, które mają zbadać funkcjonalność tak zmienionej nukleazy pod względem funkcji mitochondrialnej i funkcji jądrowej. Przeprowadzane są również eksperymenty ukierunkowanej mutagenazy konserwowanych cystein w Nuc1, sprawdzając hipotezę, że import tego białka do matriks zależy od redukcji tych cystein w IMS na ścieżce Mia40.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Konstrukcja szczepów do sprawdzenia lokalizacji kinaz Mec1 i Tel1 w mitochondriach drożdży oraz szczepów do testowania bezpośredniej fosforylacji białek mitochondrialnych przez te kinazy.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Uzyskane wyniki zostały przedstawione w komunikatach zjazdowych oraz będą wykorzystane w przygotowywanej publikacji naukowej. Stanowią część 2 prac doktorskich, 1 pracy inżynierskiej zakończonej w 2018 oraz 1 pracy habilitacyjnej z 2018.

Publikacje:

4465/A, 4466/A, 4495/A, 4504/A, 4505/A, 4529/A

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

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

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

Cel badania:

Celem badań jest identyfikacja procesów kontrolujących stabilność genetyczną komórek. W szczególności badane są mechanizmy regulacji 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 minionym roku kontynuowano prace nad rolą cyklu komórkowego w regulacji poziomu Pol eta, flagowego przedstawiciela polimeraz tej grupy, którego brak w komórkach ludzkich odpowiada za predyspozycję rakową XP-V. Badania prowadzone na modelowych komórkach drożdży, pokazały uprzednio, że zarówno poziom mRNA jak i białka tej polimerazy jest indukowany w fazie S cyklu komórkowego po działaniu promieniowania UV i hydroksymocznika sugerując, że stres replikacyjny zwiększa potencjał syntezy poprzez uszkodzenia DNA w fazie S. Dalsze badania tej odpowiedzi wykazały, że poziom Pol eta w fazie S, po działaniu UV, w dużej mierze zależy od dawki napromieniowania i przy naświetleniu komórek wchodzących w fazę S podwyższoną dawką UV, 80J/m² (która skutkuje wzrostem mRNA Pol eta), poziom białka tej polimerazy utrzymuje się na niskim poziomie, charakterystycznym dla fazy G1 co sugeruje, że wobec masywnego uszkodzenia DNA funkcjonowanie TLS w fazie S jest limitowane. Co ciekawe, stwierdzono także, że komórkowy poziom drugiej drożdżowej polimerazy DNA z rodziny Y, Rev1, jest regulowany w cyklu komórkowym w zależności od rodzaju i dawki czynnika uszkadzającego DNA, bardzo podobnie jak polimeraza eta. Wynik ten pokazuje, że niezależnie od różnic funkcjonalnych pomiędzy Pol eta i Rev1, w warunkach stresowych obowiązuje wspólny schemat regulacji komórkowego poziomu polimeraz z rodziny Y.

Kontynuowano analizę mechanizmów kontrolujących funkcjonowanie ludzkiej polimerazy iota (Pol iota) ortologa Pol eta, którego defekt wiązany jest ze zwiększeniem częstości nowotworów mezenchymatycznych. Uprzednie badania wykazały, że ta najbardziej mutagenna i zarazem najmniej poznana z polimeraz TLS, jest acetylowana *in vivo* w odpowiedzi na działanie czynników alkilacyjnych typu SN2 i w mniejszym stopniu przez działanie czynników oksydacyjnych. Uprzednio stwierdzono

także, że ta modyfikacja jest zależna od acetyltransferazy p300. Prowadzone obecnie badania potwierdziły zdolność p300 do acetylacji Pol iota *in vitro*. Stwierdzono równocześnie, że w procesie acetylacji Pol iota p300 może być zastępowana przez obecny w komórkach ludzkich ortolog, białko CBP. Badania wykazały także, że traktowanie komórek czynnikami alkilującymi zwiększa komórkowy poziom p300/CBP co częściowo tłumaczy zwiększoną acetylację Pol iota w odpowiedzi na te czynniki. Stwierdzono wreszcie, że odkryta przez nas acetylacja polimerazy w odpowiedzi na MMS i DMS jest odpowiedzią specyficzną tylko dla Pol iota i nie dotyczy ani ortologa tej polimerazy- Pol eta, ani innych polimeraz rodziny Y.

Kontynuowano także badania pro-mutagennej funkcji pseudo-koniugazy ubikwitynowej Mms2, znanej wcześniej z udziału w bezbłędnej drodze tolerancji uszkodzeń DNA. Ponieważ stwierdzono zależność tej aktywności od polimerazy zeta (Pol zeta) i ubikwitynacji PCNA, sprawdzono czy nadprodukcja Mms2 prowadzi do zwiększonego poziomu ubikwitynacji PCNA, co z kolei zwiększałoby rekrutację Pol zeta do kompleksu replikacyjnego. Wyniki nie potwierdziły tej ewentualności. Stwierdzono też, że nadprodukcja Mms2 nie powoduje perturbacji syntezy DNA manifestującej się zwiększeniem ilości jednoniciowego DNA. Z drugiej strony analiza aktywności Rad5 zaangażowanych w badany efekt mutatorowy wykazała, że w powstawaniu mutacji zaangażowana jest N-terminalna domena Rad5, odpowiedzialna za oddziaływanie z Rev1.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Komórkowa zawartość polimeraz DNA rodziny Y (Pol eta i Rev1) podlega wspólnej regulacji w cyklu komórkowym, zarówno w warunkach kontrolnych jak i w warunkach stresu genotoksycznego, niezależnie od różnic funkcjonalnych pomiędzy tymi enzymami.

Publikacje:

5731, 4484/A, 4491/A, 4493/A, 4494/A, 4499/A, 4503/A, 4511/A, 4527/A, 4530/A, 4551/A, 938/N

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

Zespół: dr Izabela Kern-Zdanowicz

Cel badania:

Analiza ekspresji genów systemu koniugacyjnego plazmidu pCTX-M3, z rodziny IncM. Uprzednio wykazano, że *orf35* (położony w rejonie wiodącym plazmidu) i *orf36* (położony w rejonie *tra*, unikalny dla plazmidów z rodzin IncL i IncM) pełnią funkcję regulacyjną rejonu *tra* systemu koniugacyjnego plazmidu pCTX-M3.

Prowadzone prace miały na celu:

1. poszukiwanie promotora położonego powyżej genu *traH*, w końcowej części genu *nikB*, gdyż zaobserwowano, że delecja *orf36*, powoduje wzrost poziomu transkrypcji genów operonu *tra*, począwszy od trzeciego genu, *traH*. Wzrost poziomu transkrypcji wynosił 50-80× dla *traH*, a dla kolejnych genów z przekroju operonu *tra*: ok. 25× dla *pri* i *traN*, ok 10× dla *traU* i *traX* oraz ok. 3× dla *excA*, ostatniego genu operonu *tra*;
2. mapowanie miejsca startu transkrypcji w operonie *tra*, a także weryfikacja *in vitro* oddziaływań Orf35 z relaksosomem pCTX-M3 czyli z relaksazą NikB i z NikA, białkiem pomocniczym relaksazy;
3. ustalenie warunków komplementacji delekcji genów *orf35* i *orf36* plazmidu pCTX-M3;
4. modyfikacja szczepu S14, poprzez usunięcie genu *cat* i delecję drugiego regulatora – *orf36*, skonstruowanego uprzednio szczepu pomocniczy do mobilizacji plazmidów. Szczep S14 ma wprowadzone do chromosomu geny *tra*_{pCTX-M3} i *trb*_{pCTX-M3} i pozbawiony jest genu *orf35* (Δ *orf35*, *orf46::cat*);
5. określenie spektrum biorcy w koniugacji, z zastosowaniem skonstruowanych, wysokowydajnych szczepów S25 i S26, pochodnych S14.

Opis realizowanych prac:

1. Sklonowano region leżący powyżej genu *traH* w wektorze kodującym bezpromotorowy gen *lacZ*. Zmierzona aktywność promotorowa tego regionu wynosi 250 jednostek Millera. Kontynuowano

- próby uzyskania nadprodukcji białka Orf36. Próby te nie powiodły się mimo sklonowania różnych wariantów *orf36*, zastosowania szczepów BL21(DE3) i C43, i różnych warunków hodowli.
2. Trwa mapowanie startu transkrypcji metodą ARF-TSS (adaptor-and radioactivity-free identification of TSSs). Nie udało się dotąd uzyskać ilości białka NikB, które umożliwiłyby badania *in vitro*.
 3. Ustalono warunki, w których dochodzi do komplementacji mutacji *orf35* i *orf36*. Zaobserwowano, że nadprodukcja *orf36* w komórkach dawcy w czasie koniugacji, prowadzi do zahamowania mobilizacji plazmidów.
 4. Skonstruowano szczepy pochodne S14: S25(Δ *orf35*, *orf36::cat*, Δ *orf46*) i S26 (Δ *orf35*, Δ *orf36*, Δ *orf46*). Mobilizacja plazmidów z zastosowaniem tych szczepów jako szczepów pomocniczych do mobilizacji plazmidów niosących *oriT_{pCTX-M3}* zachodzi ok. 100× wydajniej niż z zastosowaniem S14 jako dawcy.
 5. Stosując szczepy S25 lub S26 w koniugacjach międzygatunkowych uzyskano transkoniuganty, gdy biorcą były szczepy *Bacillus subtilis* i *Lactococcus lactis*. W przypadku *B. subtilis* lepszym biorcą okazał się szczep zdolny do tworzenia biofilmu.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Wykazano obecność dodatkowego promotora przed genem *traH*. Skonstruowano ulepszone szczepy pomocnicze do mobilizacji plazmidów, szczepy S25 i S26. Wykazano, że spektrum biorców w koniugacji plazmidu pCTX-M3 jest szersze, niż uważano poprzednio i obejmuje przedstawicieli *Firmicutes*.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Uzyskane wyniki stanowią części obronionych prac, jednej inżynierskiej i jednej magisterskiej, będą składały się na 1 publikację naukową i 1-2 prace inżynierskie.

Publikacje:

5667, 5684, 598/N, 4563/A

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

Zespół: prof. dr hab. Jarosław Kuśmierek, dr hab. 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 *Escherichia 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:

Naprawa HPA i HPC przez glikozylazę AlkA in vitro. 25-nukleotydowe oligomery ssDNA modyfikowano akroleiną dla uzyskania w ich składzie badanych uszkodzeń, następnie poddawano reakcji z AlkA, trawiono do deoksynukleozydów i rozdzielano metodą HPLC. Zanik pików reprezentujących modyfikowane nukleozydy wskazuje, że glikozylaza AlkA wycina HPA i HPC z dsDNA.

Rearanżacja α HPA do γ HPA i jej naprawa przez AlkB. W reakcji dA z akroleiną powstaje α dHPA, która w środowisku zasadowym spontanicznie ulega reakcji Dimrotha przekształcając się w γ dHPA. Stwierdziliśmy, że takiej rearanżacji podlega również HPA w postaci trójfosforanu i występująca w oligomerach DNA. α HPA i γ HPA mogą występować w postaci stereoizomerów R i S. Z naszych wcześniejszych badań wiadomo, że dioksygenaza AlkB bardzo wydajnie naprawia izomery R α HPA, a słabiej izomery S. Mimo stosowania różnych warunków reakcji i nadmiaru enzymu nie stwierdziliśmy aktywności naprawczej AlkB wobec γ HPA.

Modelowanie struktury dioksygenazy AlkB i weryfikacja potencjalnej aktywności naprawczej AlkB wobec γ HPA in silico. Modelowanie struktury centrum aktywnego AlkB wykazało, że izomer S γ HPA może zostać prawidłowo związany w centrum aktywnym AlkB, podczas gdy izomer R stanowi przeszkodę steryczną. Nasze wcześniejsze modelowania wykazały, izomer S α HPA może zostać związany w centrum aktywnym AlkB dopiero po tranzycji *anti-syn* wokół wiązania glikozydowego. Wydaje się więc, że jedną z przyczyn braku aktywności AlkB wobec γ HPA może być niemożność kompensacji zawał sterycznych przez tranzycję *anti-syn* w taki sposób, aby możliwy był kontakt pierścienia adduktu z centrum redox (Fe) enzymu. (wsp. prof. J. Poznański Zakład Biofizyki, IBB PAN).

Nowe inhibitory dioksygenaz ALKBH. We współpracy z prof. W. Niedźwiedziem (IRC Londyn), prof. E. Grzesiuk i dr. A. Mieczkowskim (IBB PAN) rozpoczęto badania przeżywalności rakowych linii komórkowych z nadekspresją ALKBH oraz mutantów delecyjnych wybranych genów *alkbh* po traktowaniu potencjalnymi inhibitorami.

Hydrofobowość pochodnych benzotriazoli. Hydrofobowość jedno-, dwu-, trój- lub czteropodstawionych chloro- i bromopochodnych benzotriazoli badano metodą RP-HPLC przy różnych wartościach pH. Różnice w uzyskanych czasach retencji korelują z wynikami innych metod, aczkolwiek należy zaznaczyć, że metodami chromatograficznymi można uzyskać wyniki szybciej, niż np. poprzez pomiary współczynników podziału między fazą wodną i niewodną (LogP) (wsp. prof. J. Poznański Zakład Biofizyki, IBB PAN).

Testowanie nowatorskich aplikacji posturograficznych wykorzystujących technologie wirtualnej rzeczywistości. Badania służyły ocenie posturograficznych sesji szkoleniowych, które docelowo mają być precyzyjnie dostosowane do indywidualnych potrzeb pacjentów z deficytami/dysfunkcjami nerwowo-mięśniowymi w rehabilitacji motorycznej (wsp. dr Beata Sokołowska, IMDiK PAN).

Opis najważniejszych osiągnięć:

1. Potwierdzenie *in vitro*, że HPA i HPC są nowymi substratami glikozylazy AlkA.
2. 1,N⁶- γ -hydroksypropanoadenina (γ HPA) nie jest substratem dioksygenazy AlkB.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Uzyskane wyniki zostaną wykorzystane w przygotowywanych publikacjach naukowych.

Publikacje:

4405/A, 4473/A, 4482/A, 4483/A, 4492/A, 4496/A, 4501/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 oraz regulacji węglowo-azotowej u *Aspergillus nidulans*. W ramach tych prac wykonano analizę transkryptomyczną szczepu dzikiego hodowanego w różnych warunkach węglowo-azotowych, zbadano wpływ delekcji genu regulatorowego *areB* na ekspresję innych czynników regulatorowych, zbadano lokalizację białka AreB w komórce. Wykonano porównania transkryptomów mutantów *kaeA* i szczepu dzikiego.

Prześledzono przebieg ewolucji jelenia szlachetnego w Europie wschodniej, głównie na materiałach paleontologicznych pochodzących z Półwyspu Krymskiego. W przygotowaniu znajduje się kolejna publikacja z tego zakresu.

Wykonano analizę genetyczną populacji jesiota ostronosego z Polski, Zachodniej Europy i Kanady. Wykazano, że najbliższą genetycznie populacją do tej, która wymarła w latach 50. w Polsce jest populacja z rzeki St. John w Kanadzie. Wyniki prac przekazano ośrodkowi zarybieniowemu jesiota w Kuźniczkach.

Opis najważniejszych osiągnięć:

1. Opracowanie modelu regulacji ekspresji genów *Aspergillus nidulans* przez białko AreB w zależności od różnych warunków węglowo-azotowych.
2. Wykazanie, że źródłem materiału zarybieniowego dla restytucji populacji jesiotra w Polsce może być populacja jesiotra z rzeki St John w Kanadzie.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Uzyskane wyniki zostaną wykorzystane w publikacjach naukowych i w praktyce hodowlanej w przypadku jesiotrów.

Temat nr 31: Studia doktoranckie.

Zespół: prof. dr hab. Ewa Świeżewska (Kierownik Studiów),

prof. dr hab. Piotr Jonczyk (Dyrektor do Spraw Naukowych IBB PAN), prof. dr hab. Monika Hryniewicz

Na studiach doktoranckich (SD) w IBB PAN w okresie sprawozdawczym zarejestrowano 145 osób, w tym doktorantów, którzy realizują projekty doktorskie w IBB PAN – 105 osób, w Międzynarodowym Instytucie Biologii Molekularnej i Komórkowej (MIBMiK) – 28 osób, w Centrum Nowych Technologii Uniwersytetu Warszawskiego – 10 osób, w Narodowym Instytucie Leków – 1 osoba oraz w Instytucie Podstaw Informatyki – 1 osoba.

W 2018 r. na studia doktoranckie przyjęto 33 osoby (jedna osoba nie podjęła studiów doktoranckich), z czego 9 osób w wyniku trójstopniowego egzaminu wstępnego, do którego przystąpiło 17 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 24 osoby zostały przyjęte w ramach rekrutacji do projektów badawczych realizowanych w IBB PAN.

W 2018 roku 27. doktorantom został nadany stopień naukowy doktora.

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

1. Cykl wykładów pt.: „Biologia molekularna eukariontów – nowe odkrycia i trendy badawcze” w okresie 08.01-12.02.2018 odbyło się sześć dwugodzinnych wykładów) – prowadzący: prof. Marek Tchórzewski, prof. Teresa Żołądek, prof. Agnieszka Sirko, dr hab. Joanna Kamińska, prof. Grażyna Dobrowolska, dr Małgorzata Gutkowska-Stronkowska)
2. Cykl wykładów pt.: „Applied Molecular Biology” – prowadzący: dr Magdalena Kowalczyk, prof. Jacek Bardowski, dr Agnieszka Szczepankowska, dr hab. Róża Kucharczyk, prof. Barbara Tudek, dr hab. Magdalena Krzymowska, prof. Jacek Hennig, dr Jan Gawor, prof. Mirosław Tyrka, dr hab. Beata Burzyńska, dr hab. Małgorzata Łobocka
3. Cykl wykładów pt.: „Biophysics for Biologists (B4B)” (w okresie 08.10-17.12.2018 odbyło się dziewięć wykładów) – prowadzący: prof. Andrzej Dziembowski, prof. Jarosław Poznański, prof. Wojciech Bał, prof. Jacek Waluk, dr Tomasz Frączyk, dr hab. Krzysztof Skowronek, prof. Matthias Bochtler, dr Konrad Zdanowski
4. Warsztaty kształcące umiejętności dodatkowe (w okresie od 26.10.2018 do 22.02.2019) – prowadzący Beata Dominika Kawczyńska

Doktoranci mieli również możliwość uczestniczenia w cyklach wykładów organizowanych w innych instytutach i uczelniach. Każdy doktorant, w porozumieniu z promotorem, miał możliwość wybrania zajęć, które dotyczyły realizowanych przez niego prac lub które w sposób szczególnie go zainteresowały.

14 czerwca 2018 r. odbyło się II Sympozjum Sprawozdawcze SBM IBB PAN. Sympozjum zorganizowane przez Samorząd Doktorantów SBM odbyło się w siedzibie IBB PAN w Dziekanowie Leśnym. W II Sympozjum uczestniczyło 54. doktorantów, przedstawiono 12 wykładów i 42 postery.

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

ocenione pozytywnie zatem wszystkim doktorantom przyznano stypendia doktoranckie na kolejny rok studiów doktoranckich.

Doktoranci są współautorami 55 pełnych prac naukowych oraz 101 komunikatów lub plakatów przedstawionych na zjazdach krajowych i zagranicznych. 19 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. Laureatów mini-grantów obowiązuje przedstawienie sprawozdania merytorycznego i finansowego, które oceniane jest przez ekspertów. 23 doktorantów uzyskało dodatkowe finansowanie umożliwiające udział w konferencjach naukowych (wysokość finansowania to 4,5 lub 6 tys. zł, odpowiednio dla konferencji organizowanych w Europie lub poza Europą). W 2018 roku 1 doktorant otrzymał projekt PRELUDIUM, 3 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: dr hab. Magdalena Gabig-Cimińska, prof. IBB PAN, dr hab. Alicja Węgrzyn, prof. IBB PAN, dr Marta Moskot

Cel badania:

1. Ocena zmian lizosomalnych w komercyjnej linii komórkowej ludzkich keratynocytów skórnych HaCaT oraz materiale odpacjenckim: związek z łuszczycą.
2. Ustalenie roli *orf60a* i *orf61* w regulacji rozwoju bakteriofagów lambdoidalnych, poszukiwanie nowych związków hamujących rozwój bakteriofagów kodujących toksyny Shiga oraz izolacja i charakterystyka bakteriofagów zakażających różne serowary *Salmonella*.
3. Określenie udziału dimetylosulfotlenku (DMSO) w modulacji ekspresji genów i metabolizmu glikozoaminoglikanów w zaburzeniach przechowywania lizosomalnego na przykładzie mukopolisacharydozy (MPS).

Opis realizowanych prac:

Ad 1

Dla osiągnięcia niniejszego celu, w pierwszej kolejności wykonano prace z udziałem modelowej linii HaCaT aktywowanej łuszczycowo, przeprowadzając w kolejnym etapie pilotażowe badania z użyciem materiału skórno pacjentów z łuszczycą (zarówno z miejsc niezmienionych, jak i zmienionych łuszczycowo). Dla obydwu układów eksperymentalnych, ocena ilościowa kwaśnych organelli, w tym lizosomów, badania przepuszczalności i utrzymania wewnątrzkomórkowego (lizosomalno-cytosolowego) gradientu pH oraz ewaluacja ultrastruktur lizosomalnych za pomocą obrazowania mikroskopowego (Lysotracker Red DN-99, fluorescent-labelled specific LAMP1 antibodies, acridine orange (AO), a także TEM) wykazały, iż dochodzi zarówno do obniżenia liczebności kwaśnych struktur pęcherzykowatych, jak i dojadrowej translokacji endogennego czynnika transkrypcyjnego EB (TFEB) w „psoriasis-like” HaCaT w stosunku do nieaktywowanej łuszczycowo kontroli keratynocytów, przy zachowaniu jednocześnie integralności błony tych struktur. Wizualizacja immunohistochemiczna LAMP1 pozwoliła z kolei stwierdzić istotny statystycznie wzrost sygnału LAMP1, a zatem zwiększenie ilości lizosomów w łuszczycowo zmienionej skórze w odniesieniu do łuszczycowo niezmienionej u 6 spośród 7 pacjentów (vs 4 osób z grupy kontrolnej – zdrowi). Analizy ekspresji wybranej grupy 17 genów (tj. genów rodziny MITF, genów kodujących marker lizosomalny i czynniki kontrolujące proces biogenezy lizosomalnej oraz genów zaangażowanych w szlak przemian ceramidów i sfingolipidów) wykazały deregulację ich aktywności zarówno w „psoriasis-like” HaCaT, jak i łuszczycowo zmienionej skórze.

Ad 2

Przeprowadzono doświadczenia umożliwiające określenie roli *orf60a* i *orf61* w regulacji rozwoju bakteriofagów lamdoidalnych. Skonstruowano mutanty fagowe unieczynnijające powyższe *orf*, co umożliwiło stwierdzenie, że *orf60a* i *orf61* biorą udział w decyzji „liza czy lizogenizacja” oraz w indukcji profaga. Zweryfikowano skuteczność nowo zsyntetyzowanych związków, wykazujących

aktywności antyoksydacyjne, w hamowaniu rozwoju bakteriofagów kodujących toksyny Shiga. Wyizolowano 20 bakteriofagów infekujących różne serowary *Salmonella*. Przeprowadzono ich charakterystykę morfologiczną, biochemiczną, fizjologiczną i molekularną. Skonstruowano koktajle fagowe i sprawdzono ich skuteczność w niszczeniu hodowli bakterii oraz wytwarzanych przez nie biofilmów.

Ad 3

W świetle niepewności dotyczącej potencjalnego wpływu DMSO na metabolizm glikozoaminoglikanów (GAG), patologicznie akumulowanych w MPSs, w niniejszej pracy podjęto próbę zbadania i rozwiązania problemu natury modulacji poziomu GAG przez DMSO, rozpuszczalnik izoflawonu genisteiny stosowany wcześniej przez naszą grupę w leczeniu MPS. W toku prac stwierdziliśmy działanie cytotoksyczne DMSO na ludzkie fibroblasty w stężeniach powyżej 3%. Wyniki wykazały ponadto potencjalną rolę DMSO w regulacji procesów biologicznych na poziomie transkrypcji, a następnie wykazały umiarkowany wpływ rozpuszczalnika na syntezę GAG. Najefektywniejsza inhibicja syntezy GAG – zwykle o kilkanaście procent – zachodziła bowiem przy stężeniu DMSO powyżej 0.5%. Co ciekawe, widoczne były zmiany w ultrastrukturze lizosomalnej komórek po traktowaniu ich DMSO.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Ad 1

Uzyskanie wstępnych wyników potwierdzających rolę mechanizmu molekularnego kontrolującego proteolityczny system lizosomalny w łuszczycy, co więcej jego związek z występowaniem parametrów charakterystycznych dla autozapalenia.

Ad 2

Określenie roli *orf60a* i *orf61* w regulacji rozwoju bakteriofagów lambdoidalnych; izolacja i charakterystyka 20 fagów zakażających różne serowary *Salmonella*.

Ad 3

Przeprowadzone eksperymenty pozwoliły pozyskać wiedzę, która posłużyła poznaniu mechanizmu działania DMSO na szlak syntezy glikozoaminoglikanów.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Wyniki zostaną opublikowane oraz zaprezentowane na zjazdach i konferencjach.

Publikacje:

5533, 5534, 5550, 5635, 5566

Temat nr 33: Bakteriofagi o szerokim zakresie gospodarzy – interakcje fag bakteria w rozwoju litycznym oraz podczas lizogenii w formie plazmidu-profaga i profaga zintegrowanego z chromosomem.

Zespół: dr hab. Małgorzata Łobocka, prof. IBB PAN, dr Aleksandra Głowacka, doktorantki: mgr Agnieszka Bednarek, mgr Aleksandra Woltyńska

Cel badania:

Poznanie mechanizmów decydujących o szerokim zakresie gospodarzy wybranych bakteriofagów, w tym zarówno bakteriofagów obligatoryjnie wirulentnych jak i bakteriofagów łagodnych.

Opis realizowanych prac:

W ramach przeprowadzonych badań z wykorzystaniem łagodnego bakteriofaga P1 jako jednego z modeli badawczych wprowadzono do genomu P1 dodatkowe mutacje w genach zidentyfikowanych poprzednio lub postulowanych jako odpowiedzialne za lizę komórek bakterii podczas uwalniania faga. Badano wpływ mutacji inaktywujących pojedyncze geny lub po dwa z wybranych genów w różnych kombinacjach, na efektywność i kinetykę lizy komórek różnych bakteryjnych gospodarzy po indukcji rozwoju litycznego P1. Opracowano metodę wizualizacji procesu lizy. Wykazano, że obraz lizy komórek z P1 różni się od obrazu lizy komórek z fagiem lambda, a różne funkcje lityczne P1 pełnią różną rolę

w lizie komórek różnych gospodarzy faga. Zapoczątkowano badania nad ustaleniem roli wybranych systemów odpowiedzi na stres w komórkach *Escherichia coli* w obronie przed infekcją fagową, ze szczególnym uwzględnieniem udziału bakteryjnej ampylazy YdiU w tym procesie. W poszukiwaniu mechanizmów odpowiedzialnych za szerokie spektrum gospodarzy obligatoryjnie litycznych fagów gronkowcowych podrodziny *Twortvirinae* analizowano genomy tych fagów oraz proteom wybranego przedstawiciela, a także profile infekcyjności różnych przedstawicieli *Twortvirinae* wobec szczepów zróżnicowanej kolekcji *Staphylococcus aureus*. Chociaż nie wykryto w żadnym z genomów miejsc cięcia dla określonych, typowych dla *S. aureus* restryktaz systemów restrykcji-modyfikacji (R-M) typu II, wykryto liczne miejsca rozpoznawane przez systemy R-M typu I charakterystyczne dla szczepów *S. aureus* reprezentujących różne kompleksy klonalne, co wskazuje na inną strategię obrony przed systemami R-M typu I niż unikanie miejsc restrykcyjnych. Zidentyfikowano geny, które mogłyby potencjalnie kodować systemy antyrestrykcji fagów podrodziny *Twortvirinae* oraz geny kodujące białka potencjalnie zaangażowane w omijanie innych bakteryjnych systemów obrony przed bakteriofagami. Kilka z nich sklonowano w skonstruowanym wcześniej wektorze. W równoległych badaniach nad różnym taksonomicznie poliwalentnym bakteriofagiem gronkowcowym vB_SauP_phiAGO1.3 należącym do rodzaju *Rosenblumvirus* rodziny *Podoviridae*, wykazano wysoki stopień korelacji pomiędzy zdolnością phiAGO1.3 do infekcji szczepów *S. aureus* reprezentujących różne kompleksy klonalne, a brakiem w genomie phiAGO1.3 miejsc o sekwencji rozpoznawanej przez systemy R-M typu I kodowane przez szczepy tych kompleksów. Ujawniono, że ten mechanizm unikania restrykcji jest wspólny dla wszystkich fagów gronkowcowych rodzaju *Rosenblumvirus*. Zidentyfikowano ponadto geny potencjalnie kodujące białka antyrestrykcyjne tych bakteriofagów.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Identyfikacja głównej strategii unikania systemów restrykcji modyfikacji typu I przez fagi gronkowcowe rodzaju *Rosenblumvirus*. Ustalenie sensu biologicznego kodowania przez bakteriofaga P1 i bakteriofagi pokrewne o szerokim spektrum gospodarzy, rozbudowanego zestawu białek o funkcjach litycznych.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Wyniki będą mogły być wykorzystane jako predyktor infekcyjności poszczególnych bakteriofagów gronkowcowych rodzaju *Rosenblumvirus* dla szczepów gronkowca złocistego będących sprawcami zakażeń.

Publikacje:

5553, 5585, 5590, 5609, 5643, 5663, 5690, 4547/A, 4548/A, 4549/A, 960/N, 275/N

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

Zespół: prof. dr hab. Andrzej Jerzmanowski, dr Rafał Archacki, mgr Małgorzata Marczak, mgr Maciej Lirski (doktorant), mgr Katarzyna Sosnowska

Cel badania:

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

Opis realizowanych prac:

Kontynuowano badania funkcji biologicznych uniwersalnego składnika chromatyny, histonu H1, w przebiegu procesów wzrostowych i adaptacyjnych u roślin oraz badania nad udziałem kompleksu remodelującego chromatynę SWI/SNF zawierającego podjednostkę BRM w sterowaniu i koordynacji specyficznych dla roślin procesów zależnych od hormonów.

Opis najważniejszych osiągnięć:

W odniesieniu do funkcji histonu H1 w *Arabidopsis* stwierdzono, że:

1. obecność H1 jest konieczna dla powstawania chromocentów, lecz zbędna dla wyciszania transkrypcyjnego transpozonów i peryferyjnej lokalizacji heterochromatyny w jądrze;
2. w euchromatynie H1 reguluje gęstość nukleosomów, a także mobilność i regularną dystrybucję mikrodomen chromatynowych;

3. efekt usunięcia H1 wpływa na wzór rozmieszczenia znaczników epigenetycznych, lecz tylko w umiarkowany sposób na transkrypcję;
4. brak H1 zakłóca kluczowe przejścia rozwojowe, takie jak inicjacja korzeni bocznych, wytwarzania korzeni włośnikowych i rozmieszczenie aparatów szparkowych oraz kwitnienie i regulację stanu spoczynku nasion.

Powyższe dane wskazują, że warianty H1 pełnią w chromatynie rolę czynników architektonicznych niezbędnych do utrzymywania jej nano- i mikroorganizacji, działają poniżej procesów regulujących transkrypcję i współuczestniczą w epigenetycznych przemianach w chromatynie podczas kluczowych przejść rozwojowych rośliny.

W odniesieniu do kompleksów remodelujących SWI/SNF wykazano, że:

1. mutacje punktowe w kieszeni katalitycznej podjednostki ATPazowej kompleksu (BRM) mają charakter dominujący i powodują szereg zmian fenotypowych w roślinach;
2. trzy białka zawierające bromodomenę (BRD) wchodzi w skład kompleksu SWI/SNF poprzez oddziaływanie z jego podjednostkami rdzeniowymi;
3. mutacje w podjednostkach BRM i BRD kompleksu SWI/SNF powodują nadwrażliwość na stresy abiotyczne oraz zakłócają działanie hormonów z grupy giberelin w modulowaniu odpowiedzi roślin na stres;
4. mutacje w podjednostkach BRD oraz delecja bromodomeny w podjednostce BRM dają synergistyczny efekt fenotypowy.

Powyższe dane wskazują, że zarówno domena katalityczna podjednostki ATPazowej, jak i bromodomeny zlokalizowane w różnych podjednostkach pełnią kluczowe i niezbędne funkcje dla działania kompleksu SWI/SNF.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Wyniki badań zostaną opisane w publikacjach naukowych.

Publikacja:

4569/A

Temat nr 35: Szczepionki DNA oraz białka o znaczeniu terapeutycznym.

Zespół: prof. dr hab. Agnieszka Sirko, dr Anna Góra-Sochacka, doktorantka: mgr Barbara Kalenik

Cel badania:

1. Analiza skuteczności immunizacji kur oraz myszy różnymi wariantami szczepionek DNA kodujących hemaglutyninę wirusa grypy.
2. Porównanie zmian transkryptomycznych w śledzionach kur po immunizacji szczepionką DNA i szczepionką podjednostkową zawierającą rekombinowane białko HA.

Opis realizowanych prac:

Badania dotyczyły głównie oceny skuteczności immunizacji kur i myszy plazmidami ekspresyjnymi (szczepionkami DNA) kodującymi różne warianty hemaglutyniny wirusa grypy. Odpowiedź immunologiczną typu humoralnego badano metodą ELISA.

Analizowano również profil zmian transkryptomycznych w śledzionach kur po 13 dniach od podania drugiej dawki szczepionki. Kury były immunizowane według schematu: (1) grupa pierwsza: dwie dawki szczepionki DNA; (2) grupa druga: dwie dawki szczepionki podjednostkowej rekombinowanej; (3) jedna dawka szczepionki DNA i jedna dawka szczepionki rekombinowanej, (4) grupa kontrolna. We wszystkich grupach dawkę przypominającą podano po 14 dniach.

Największe zmiany profilu ekspresji genów zaobserwowano w grupie pierwszej i drugiej. Geny o najbardziej zmienionym poziomie ekspresji kodują białka związane z ziarnistościami leukocytów. Wśród nich na szczególną uwagę zasługują geny kodujące β -defensyny.

Opis najważniejszych osiągnięć:

We wszystkich grupach szczepionych kur zaobserwowano zmieniony poziom ekspresji genów kodujących białka biorące udział w odpowiedzi prozapalnej i przeciwzapalnej. Identyfikacja genów o zmienionym poziomie ekspresji.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Wyniki badań zostały oraz zostaną wykorzystane w publikacjach naukowych.

Publikacje:

5560, 5638

Temar nr 36: Metody informatyczne w biologii molekularnej

Zespół: prof. dr hab. Piotr Zielenkiewicz (1/2), dr hab. Szymon Kaczanowski, dr hab. Anna Muszewska, mgr Małgorzata Habich, mgr Agnieszka Gromadka, mgr Dariusz Izak

Cel badania:

Zastosowanie metod modelowania molekularnego do przewidywania struktury i funkcji biopolimerów.

Opis realizowanych prac:

Zunifikowano roczniki statystyczne śmiertelności z bazy danych CDC, a następnie przeanalizowano je pod kątem czynników ryzyka śmierci łóżeczkowej. Opracowano statystycznie wyniki doświadczeń na świniach, dorosłych ludziach oraz dzieciach w związku z toczącymi się badaniami nad przyczyną śmierci łóżeczkowej. Zaproponowano dokładniejszy model zaburzeń dystrybucji fosforanów w organizmie ludzkim.

Zrealizowano statystyczną analizę danych w projekcie „Analiza wybranych procesów wpływających na architekturę genomów i skład proteomów u grzybów” (dr hab. Anna Muszewska). Wyniki zostały opisane w publikacji „Transposable elements contribute to fungal genes and impact fungal lifestyle” (w recenzji).

Przeprowadzono analizę ekspresji oraz alternatywnego splicingu genów, ich czynników regulatorowych oraz wpływu na zmianę profilu transkryptomycznego tkanki tłuszczowej około-wieńcowej pacjentów z chorobą niedokrwienną serca.

Przeprowadzono analizę ekspresji oraz alternatywnego splicingu genów, ich czynników regulatorowych oraz wpływu na zmianę profilu transkryptomycznego w ramach badań nad rolą białka naprawy APE1 / Ref-1 w regulacji transkrypcji genów w komórkach chłoniaka z limfocytów B leczonych terapią fotodynamiczną.

Wykonano analizę bioróżnorodności mikroorganizmów na historycznych i współczesnych dekoracjach z jedwabnego weluru z Muzeum Pałacu Króla Jana III w Wilanowie (współpraca z Zakładem Biochemii Drobnoustrojów).

Rozwijano m.in. pakiety prwlr (<https://dizak.github.io/prwlr/>) i mothulity (<https://dizak.github.io/mothulity/>), które zostały opublikowane w oficjalnym repozytorium pakietów języka Python – PyPI (pypi.org). Oddano do użytku serwis internetowy mothulity (mothulity.ibb.waw.pl, dostępny tylko wewnątrz infrastruktury sieciowej IBB PAN).

Kontynuowano badanie endosymbiotycznego pochodzenia apoptozy metodami teoretycznymi i bioinformatycznymi. Wysłunięto hipotezy dotyczące wpływu historii ewolucyjnej apoptozy na metabolizm obecnie żyjących organizmów. Rozpoczęto także analizę użyteczności prawdopodobieństwa opisanego przy pomocy entropii w biologii strukturalnej.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Wyniki badań zostały oraz zostaną wykorzystane w publikacjach naukowych.

Publikacje:

5619, 5652, 5717, 4487/A, 4474/A

Temat nr 37: Mechanizmy kontrolujące proces patogenezy komórek roślinnych.

Zespół: prof. dr hab. Jacek Hennig, dr Marta Grech-Baran, dr Małgorzata Lichocka, dr Karolina Morgiewicz, mgr Izabela Barymow-Filoniuk

Cel badania:

Prowadzono badania mające na celu charakterystykę białka receptorowego $Ry_{sto}(c630)$ należącego do rodziny TIR-NB-LRR, warunkujący odporność typu krańcowego (ang. Extreme Resistance, ER) na infekcję wirusem Y ziemniaka (PVY). Ponadto, kontynuowano badania udziału białka Aneksyny-5 z *Arabidopsis thaliana* w procesie rozwoju plastydów w organach generatywnych roślin.

Opis realizowanych prac:

Przeprowadzona analiza *in silico* wykazała, że mRNA dla Ry_{sto} może podlegać alternatywnej po-transkrypcyjnej obróbce (ang. alternative splicing). Dłuższa forma powstaje ze złożenia 5 eksonów (3777 nt) i jest wydłużona o 459 nt w części 3' sekwencji kodującej.

Z wykorzystaniem jako modelu roślin transgeniczných (ziemniaka i tytoniu) analizowano funkcję cDNA genu Ry_{sto} w formie krótkiej (3777 nt) lub wydłużonej o 459 nt. Stwierdzono, że jedynie dłuższa forma (4236 nt) genu Ry_{sto} koduje funkcjonalne białko receptorowe warunkujące odporność typu ER na infekcję PVY.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Wyizolowano i scharakteryzowano produkt genu Ry_{sto} , 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, o numerze 070294.0112 i tytule „Potyvirus Resistance Genes and Methods of Use”, zgłoszonego do U.S. Patent and Trademark Office. Gen Ry_{sto} został włączony do Światowego Programu Hodowlanego Ziemniaka, koordynowanego przez International Potato Center w Limie, Peru.

Publikacje:

5642, 5671, 4447/A, 4518/A, 4519/A, 936/N

Temat nr 41: Oksydacyjne uszkodzenia DNA.

Zespół: prof. dr hab. Barbara Tudek, dr hab. Elżbieta Speina, mgr Jolanta Czerwińska, mgr Ewelina Borsuk, dr Konrad Kosicki (UW), mgr Somayeh Shahmoradi Ghahe (doktorant UW), mgr Milena Bażlekowa (doktorant UW)

Cel badania:

Ogólnym celem badań jest poznanie roli białek naprawy DNA, szczególnie systemu naprawy przez wycinanie zasad oraz systemu Odpowiedzi na Uszkodzenia DNA (ang. DNA Damage Responce, DDR), a także peroksydacji lipidów (LPO) w procesie nowotworzenia i w terapii.

Opis realizowanych prac:

Badano modulowanie przez produkty LPO aktywności ludzkich kinaz białkowych zaangażowanych w DDR, CHK1 i CHK2. Wyniki wcześniejszych eksperymentów pokazały, że kinazy białkowe CHK1 i CHK2 ulegały hamowaniu przez 4-hydroksynonenal (HNE), co znalazło odzwierciedlenie w obniżeniu jej zdolności do fosforylacji substratu. Obecnie, zidentyfikowane zostały miejsca przyłączenia adduktów HNE do białek CHK1 i CHK2 za pomocą LC-MS/MS. Zbadano wpływ modyfikacji HNE na kinetykę wiązania ATP przez kinazy CHK1 i CHK2 za pomocą termoforezy mikroskalowej (*microscale thermophoresis*, MST).

Badano także wpływ polimorfizmów genów BER, endonukleazy miejsc pozbawionych zasady, APE1, glikozylazy 8-oksoguaniny, OGG1 oraz polimerazy poli(ADP-rybozy) 1, PARP1 na transkrypcję genów odpowiedzialnych za proliferację (*c-MYC*, receptor sterydowy α) oraz apoptozę (*BCL2*). Sklonowane formy polimorficzne zostały wprowadzone do komórek HeLa z odpowiednio wyciszonymi genami systemu BER, a metodą qPCR został określony poziom mRNA regulowanych przez nie genów.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Miejsca przyłączenia adduktów HNE do ludzkich białek CHK1 i CHK2 zidentyfikowano w kilku resztach lizyn, cystein i histydyn. W celu określenia strukturalnych i funkcjonalnych skutków addycji HNE do zidentyfikowanych aminokwasów przeprowadzono symulację modelowania molekularnego. Na podstawie dostępnych danych PDB, skonstruowano modele obu kinaz. Według uzyskanego modelu CHK2 dodanie HNE do cys231 i/lub lys235 (w rejonie wiązania ATP) uniemożliwia wiązanie ATP (ADP) do CHK2. Reszta HNE, która modyfikuje cys231 i/lub lys235 zajmuje miejsce wiązania ATP, a tym samym zakłóca prawidłowe funkcjonowanie enzymu. Dane kinetyczne z oznaczeń techniką MST potwierdziły wyniki uzyskane z modelowania *in silico* i wykazały, że kinaza CHK2 po modyfikacji HNE przestaje wiązać ATP. Podsumowując, w odpowiedzi na produkty LPO może dochodzić do rozregulowania systemu DDR. Modyfikacja kinaz CHK1, CHK2 przez produkty LPO w stężeniach mogących wywołać stany patologiczne silnie wpływa na aktywność katalityczną CHK2 oraz wskazuje na funkcjonalne znaczenie tych modyfikacji.

Zbadano także wpływ polimorfizmu trzech enzymów systemu BER, APE1 Asp148Glu, OGG1 Ser326Cys i PARP1 Val762Ala, z których wszystkie zwiększają ryzyko powstania nowotworów człowieka, na transkrypcję genów kodujących wybrane białka sygnalizacyjne. Okazało się, że APE1 silnie stymuluje transkrypcję *c-MYC*, ale polimorfizm Asp148Glu nie reguluje dalej poziomu mRNA genu *c-MYC*. Natomiast obecność wariantu APE1 Asp148Glu w nietraktowanych komórkach stymuluje transkrypcję genów *BCL2* i receptora estrogenowego. Zaobserwowano także skrócenie czasu podziału komórek w obecności wariantu polimorficznego APE1, co mogłoby sugerować większe prawdopodobieństwo powstawania mutacji i aktywacji ścieżek pro-proliferacyjnych w komórkach niosących polimorfizm APE1 Asp148Glu.

W obecności polimorficznego wariantu PARP1, Val762Ala zaobserwowano indukcję cykliny D1, genu *BCL2*, genu *c-MYC* i receptora estrogenowego. Wstępne wyniki badań nad polimorfizmem OGG1, Ser326Cys sugerują, że forma podstawowa enzymu stymuluje transkrypcję *c-MYC*, ale wariant polimorficzny hamuje transkrypcję *c-MYC* w nietraktowanych komórkach ludzkich. Tak więc obecność polimorfizmów w genach naprawy systemu BER prowadzi nie tylko do obniżenia naprawy uszkodzeń DNA, ale także może powodować zmiany w transkrypcji prowadzące do wzmożenia proliferacji komórkowej i wzrostu ich potencjału mutagennego/karcinogennego.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

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

Publikacje:

5540, 5544, 5546, 5562, 5572, 5599, 5618, 5633, 4416/A, 4417/A, 4423/A, 4425/A, 4486/A, 4487/A, 4500/A, 4502/A

Temat nr 42: Mutacje indukowane i adaptacyjne.

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

Cel badania:

Zespół realizował następujące cele badawcze:

1. ekspresja białek ALKBH w nowotworach głowy i szyi (HNSCC) – poszukiwanie inhibitorów tych białek wśród pochodnych antrachinonów;
2. ocena właściwości antynowotworowych nowych pochodnych stilbenów i oksepin;
3. analiza wyników sekwencjonowania NGS transkryptomów bakterii *Pseudomonas putida* KT2440 i *Shewanella oneidensis* MR-1 traktowanych czynnikami alkilującymi: MNNG, MMS, cisplatyną.
4. Wpływ zanieczyszczenia środowiska wodnego związkami alkilacyjnymi na historię życia i proteom skorupiaków z rodzaju *Daphnia*;
5. transformacja mleczanu i octanu do maślanu w wyniku symbiotycznych relacji pomiędzy różnymi grupami bakterii w bioreaktorach fermentacji wodorowych;
6. rozkład lignin w warunkach beztlenowych w wyniku aktywności bakterii.

Opis realizowanych prac:

Ad 1

Przebadano ekspresję wszystkich dziewięciu białek ALKBH w 41 próbkach raka HNSCC. Stosując metodę Western blot i immunofluorescencję wykazano odpowiednio, nadekspresję siedmiu białek oraz ich lokalizację, jądrową bądź cytoplazmatyczną. Wśród pochodnych emodyny znaleziono najefektywniej działające jako inhibitory AlkB, ALKBH3 i FTO.

Ad 2

Spośród czterech pochodnych oksepiny i sześciu stilbenów (współpraca z Wydziałem Chemii Organicznej PW) wyselekcjonowano jedną oksepinę i dwa stilbeny o potencjalnej aktywności przeciwnowotworowej w stosunku do ludzkich nowotworowych linii komórkowych.

Ad 3

Wykonano analizę jakościową surowych danych, filtrowanie odczytów niespełniających zadanych kryteriów, rybodeplecja *in silico*, aligment do odpowiedniego poziomu.

Ad 4

Wykazano wpływ spotykanych w środowisku wodnym stężeń alkilacyjnych czynników antynowotworowych (cyklofosfamid i cisplatyna) na *Daphnia pulex* i *Daphnia pulicaria*, na trzech poziomach: populacyjnym (tempo wzrostu populacji r), osobniczym (wzrost, ilość jaj) i molekularnym (proteom).

Ad 5

Potwierdzono eksperymentalnie zdolność bakterii ciemnej fermentacji do transformacji mleczanu i octanu do maślanu. Zaproponowano przybliżony schemat ścieżki metabolicznej tej transformacji u *Clostridium butyricum* uwzględniający udział mechanizmu bifurkacji elektronów.

Ad 6

Degradacja lignin zachodzi w warunkach beztlenowych, w środowisku kwaśnym w wyniku aktywności bakterii. W literaturze najczęściej opisuje się rozkład lignin w wyniku aktywności grzybów w warunkach tlenowych.

Opis najważniejszych osiągnięć:

1. Wykazano nadekspresję siedmiu z dziewięciu homologów AlkB (ALKBH1,2,3,4,5,8 i FTO) w nowotworach głowy i szyi (HNSCC).
2. U osobników z rodzaju *Daphnia* odkryto zmiany populacyjne, osobnicze i na poziomie ekspresji białek pod wpływem farmaceutyków antynowotworowych zanieczyszczających naturalne środowisko wodne.
3. Transformacja mleczanu i octanu do maślanu opisana dla bakterii przewodu pokarmowego zachodzi również na etapie acydogenezy, beztlenowego rozkładu materii organicznej.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

1. Odkrycie nadekspresji białek ALKBH w nowotworach HNSCC oraz znalezienie ich inhibitorów otwiera nową opcję dla diagnostyki i terapii antynowotworowej (zgłoszenie patentowe P.419848).
2. Określenie wpływu zanieczyszczeń środowiska wodnego farmaceutykami, odpadami działalności człowieka, na skorupiaki *Daphnia* – ważny element łańcucha troficznego, wskazuje na konieczność lepszego zabezpieczenia naturalnych środowisk wodnych przed tego typu skażeniami.
3. Poznanie beztlenowego rozkładu materii organicznej na poziomie molekularnym jest bardzo istotne z punktu widzenia produkcji biopaliw gazowych – odnawialnego źródła energii.

Publikacje:

5579, 5584, 5589, 5620, 5632, 5654, 5658, 4405/A, 4418/A, 4473/A, 4481/A, 4482/A, 4483/A, 4492/A, 4498/A, 4501/A, 4461/A, 4462/A, 4468/A, 4483/A, 4555/A, 4556/A, 4568/A

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

Zespół: prof. dr hab. Grażyna Jagura-Burdzy, dr hab. Aneta Bartosik, dr Adam Kawałek, 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:

Zakończono analizę segregacyjną plazmidu testowego zawierającego moduł stabilizacyjny plazmidu o szerokim spektrum gospodarzy RA3 (IncU) i wariantów delecyjnych tego modułu w *E. coli*, *Pseudomonas putida*, *Aeromonas hydrophila*, *Ralstonia eutropha* i *Paracoccus aminovorans*, przedstawicieli trzech gatunków gamma-, i po jednym odpowiednio beta- i alfa-proteobakterii. Analiza ta wykazała gatunkowo-specyficzną zróżnicowaną ekspresję poszczególnych genów modułu stabilizacyjnego oraz rolę produktów poszczególnych genów: *kfrA*, *kfrC*, *klcA* i *orf02*. Skonstruowano mutanty delecyjne plazmidu RA3 pozbawione jednej z tych czterech ramek odczytu i przeanalizowano ich stabilność w różnych gospodarzach. Wykazano, że brak miozyny-podobnych białek alfa-helikalnych KfrA i KfrC wpływa negatywnie na stabilność plazmidu RA3 w *P. putida*, *A. hydrophila* i *P. aminovorans*, ale nie w *E. coli* czy *R. eutropha*, podczas gdy brak KlcA (białko antyrestrykcyjne) destabilizuje plazmid we wszystkich badanych gatunkach z wyjątkiem *E. coli*.

Przeszukanie skonstruowanej biblioteki genomowej *E. coli* w wektorze systemu dwuhybrydowego BACTH pozwoliło wskazać kilka białek błonowych jako potencjalnych partnerów KfrC. Najciekawsze wyniki uzyskano poszukując partnerów KfrC w proteomie RA3. Silne oddziaływania między KfrC a koniugacyjnym białkiem łącznikowym VirD4 wskazują na korelację procesu aktywnej partycji i procesu koniugacji, co może odgrywać istotną rolę w stabilizacji plazmidu RA3 w *E. coli*.

W drugim kierunku naszych badań odkryliśmy nowe, licznie występujące w genomie *P. aeruginosa* miejsca wiązania ParB, co pozwoliło zakwalifikować białko partycyjne do grupy białek NAP (Nucleoid Associated Proteins) i zaproponować hipotezę o istotnej roli ParB w topologii genomu bakteryjnego. Ustaliliśmy sekwencję genomu szczepu laboratoryjnego PAO1161 *P. aeruginosa*. Prowadzone są badania nad 6 regulatorami transkrypcji zależnymi od ParB. Zdefiniowano regulony białek PA1196, PA2121, PA2577, PA3027, PA3458 oraz PA3973 w *P. aeruginosa* wykorzystując analizy RNA-seq. Trwa weryfikacja uzyskanych wyników z wykorzystaniem analiz fenotypowych, *in vitro*, *in vivo*, qPCR oraz ChIP.

Opis najważniejszych osiągnięć:

1. Wykazano gatunkowo-specyficzne funkcje poszczególnych produktów modułu stabilizacyjnego plazmidu RA3 w testowanych gospodarzach. Odkryto korelację między procesem partycji i koniugacji plazmidu RA3.
2. Wykazano, że białko ParB w *P. aeruginosa* pełni funkcje NAP, co pozwoliło postawić hipotezę o roli białka partycyjnego ParB w determinowaniu topologii chromosomu bakteryjnego, której testowanie rozpoczynamy w ramach nowego projektu.
3. Zdefiniowano regulony 6 regulatorów transkrypcji w *P. aeruginosa*. Biorą one udział w regulacji ekspresji genów zaangażowanych w metabolizm związków węgla takich jak arginina (PA1196), glutamina (PA3458), glicerol (PA3027) czy sekrecji (PA2577).

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Uzyskane wyniki badań są podstawą publikacji naukowej (druga jest wysłana do recenzji). Wyniki zostały przedstawione w formie 3 posterów na międzynarodowych konferencjach naukowych.

Publikacje:

5605, 4533/A, 4534/A, 4477/A, 957/N, 961/N, 962/N, 965/N

Temat nr 47: Modelowanie struktury i funkcji białek

Zespół: prof. dr hab. Piotr Zielenkiewicz (1/2), dr hab. Piotr Pawłowski, dr Dorota Niedziałek, dr Paweł Siedlecki, dr Norbert Odolczyk, mgr Marta Stępniewska-Dziubińska

Cel badania:

Zastosowanie metod modelowania molekularnego do przewidywania struktury i funkcji biopolimerów.

Opis realizowanych prac:

Opracowano głęboką w pełni konwolucyjną sieć neuronową typu enkoder-dekoder przewidującą miejsca wiążące na powierzchni białek na podstawie ich struktury 3D.

Zrealizowano statystyczną analizę danych w projekcie „Analiza wybranych procesów wpływających na architekturę genomów i skład proteomów u grzybów”.

Prowadzono badania nad mechanizmem rozpoznawania peptydoglikanu przez domenę SH3b lizostafiny metodami Dynamiki Molekularnej.

Zaproponowano liniową procedurę estymacji składu aminokwasowego LUCA wykorzystującą bazy danych zawierające skład aminokwasowy *Nasuia deltocephalinicola*, *Candidatus Carsonella ruddii* oraz *Nanoarchaeum equitans*.

Na podstawie przygotowanego modelu kompleksu białka $\Delta F508$ -CFTR (domeny NBD1) oraz fosfolipazy A2 z jadu grzechotnika (*Crotalus durissus terrificus*) [J Mol Biol. 2016 Jul 17;428(14):2898-915] przeanalizowano interfejs oddziaływań i na tej podstawie metodami *in silico* zaproponowano serię peptydów wiążących się na powierzchni domeny NBD1. Peptydy te mają zdolność do aktywacji białka $\Delta F508$ -CFTR, co potencjalnie może przyczynić się do opracowania nowego mechanizmu interwencji farmakologicznej u osób chorych na mukowiscydozę. Wiązanie peptydów sprawdzono za pomocą testów biofizycznych, a aktywność została potwierdzona w hodowlach komórkowych ekspresujących białko $\Delta F508$ -CFTR. Otrzymane wyniki są w trakcie opracowywania pod kątem publikacji naukowych oraz kolejnych zgłoszeń patentowych. Część eksperymentalna została wykonana we Francji (Institut Pasteur, Unité Récepteurs-Canaux, CNRS, UMR 3571) przy współpracy z prof. Grażyną Faure.

Rozwijano metodologię wykorzystującą uczenie maszynowe (nadzorowane i nienadzorowane) do przewidywania właściwości związków niskocząsteczkowych oraz celów biologicznych. Kontynuowano współpracę z dr Pedro J. Ballesterem (CNRS, Marsylia) nad poszerzeniem zakresu danych wykorzystywanych do uczenia. Rozpoczęto pracę nad wykorzystaniem opracowanej sieci neuronowej do zastosowania w problemie oceny powinowactwa peptydów i peptydomimetyków.

Kontynuowano współpracę z WUM nad białkami z rodziny PRDX.

Kontynuowano współpracę z Wydziałem Biologii UW w ramach anotacji funkcjonalnej genomu Prototheca.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Wyniki badań zostały oraz zostaną wykorzystane w publikacjach naukowych.

Publikacje:

5702, 4467/A

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

Zespół: prof. dr hab. Michał Dadlez, dr Magdalena Kaus-Drobek, dr Aleksander Moysa, mgr Kaja Przygońska

Cel badania:

Temat poświęcony jest badaniom własności strukturalnych białkowych układów o tendencjach agregacyjnych. Zespół stosuje wachlarz technik spektrometrii mas i in. do badania cech strukturalnych różnych układów białkowych, trudnych w analizie ze względu na tendencje oligomeryzacyjne lub zawartość dynamicznych, natywnie nieustrukturuowanych regionów. Udaje się w ten sposób uzyskać informację o takich własnościach struktur oligomerów jak przekrój czynny na zderzenia czy stabilność sieci wiązań wodorowych stabilizujących struktury. Metody te stosowane są do badań różnych układów agregujących takich jak peptyd A β , związany z chorobą Alzheimera, białka filamentu pośredniego (IF), białka kompleksu czynników elongacji translacji hEF1B, błonowe toksyny bakteryjne, receptor RAGE, czy inne trudne w badaniach strukturalnych układy, jak przeciwciała terapeutyczne czy białka natywnie nieustrukturuwane. 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.

Opis realizowanych prac:

Rozszerzono obszar dotyczący badania wpływu końca N peptydu Abeta, którego obecność różni amyloidogenną formę Abeta od nieamyloidogennego, krótszego, ale też endogennego, peptydu p3, na struktury oligomeryczne. Wpływ ten, wykazano w toku prac w latach poprzednich zakończonych publikacją, która ukazała się w roku 2018 (5660). 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 antyrównoległej do struktury równoległej, w której rola regionu końca N polega na stabilizacji form przejściowych. Dlatego też wykonaliśmy badania serii mutantów A2T, A2V, H6A, H13A, H14A, co pokazało bardzo silną zależność równowag oligomeryzacyjnych od zmian pojedynczych reszt. W obszarach innych układów białkowych wykonaliśmy mapowanie oddziaływań w obrębie oligo-kompleksu czynników elongacji translacji hEF1B. Określony został tryb oligomeryzacji natywnie nieustrukturuwanego białka *Helicoverpa armigera* Ultraspiracle (5672) i własności strukturalne natywnie nieustrukturuwanej domeny wyciszającej GW182 białka zaangażowanego z zależne od mikro-RNA wyciszanie genów (5554) oraz zależnej od cynku egzopeptydazy hDPPIII z rodziny M49 (5595).

Opis najważniejszych osiągnięć:

Wykazanie silnego wpływu pojedynczych naładowanych aminokwasów końca N peptydu Abeta na równowagi oligomeryczne.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Uzyskane rezultaty wejdą w skład publikacji.

Publikacje:

5554, 5595, 5672, 5660, 4498/A, 4546/A, 4545/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 Anna Koryszewska-Bagińska, dr Magdalena Kowalczyk, dr Joanna Radziwiłł-Bieńkowska, dr Agnieszka Szczepankowska, doktoranci: mgr Jakub Boreczek, mgr Magdalena Chmielewska-Jeznach, mgr Katarzyna Kosiorek (Izdebska), mgr Agnieszka Różga, mgr Przemysław Szański, mgr Aleksandra Tymoszevska

Cel badania:

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

Opis realizowanych prac:

Wielokierunkowe badania prowadzone nad bakteriami mlekowymi pozwoliły wykazać, że:

1. bakteriocyny GarABC, wytwarzane przez szczep *Lactococcus garvieae* mają wąski zakres przeciwbakteryjnej aktywności i oddziałują z wrażliwymi komórkami bakteryjnymi za pośrednictwem systemu Man-PTS;
2. plazmidowo-kodowane białka pilusa SpaCBA, pochodzące z *Lactobacillus paracasei* IBB3423, uczestniczą w adhezji komórek bakteryjnych do powierzchni biotycznych i abiotycznych;
3. sekwencje genomowe 8 fagów typu 936 i 10 fagów typu c2, aktywnych wobec komórek bakterii *Lactococcus lactis*, prezentują wysoki stopień zakonserwowania wewnątrz każdego z typów;
4. w genomach fagów typu 936 występować może różna liczba genów w regionie genów wczesnych oraz charakterystyczne geny kodujące HNH endonukleazę lub białko TpeX;
5. tzw. regiony replikacyjne położone w genomach fagowych w regionie genów wczesnych zawierają jedno (fagi typu 936) lub dwa bądź trzy (fagi c2) białka replikacyjne;
6. nano-cząstki TiO_2 stosowane w przemyśle spożywczym jako dodatek do żywności (E171 w UE) mogą oddziaływać zarówno z komensalnymi bakteriami występującymi w przewodzie pokarmowym jak również z bakteriami dostarczonymi z żywnością, powodując zmiany morfologiczne i ultrastrukturalne niektórych komórek bakterii.

Opis najważniejszych osiągnięć:

1. Bakteriocyny GarABC, wytwarzane przez szczep *Lactococcus garvieae* mają wąski zakres przeciwbakteryjnej aktywności i oddziałują z wrażliwymi komórkami bakteryjnymi za pośrednictwem systemu Man-PTS.
2. Białka pilusa SpaCBA, kodowane w plazmidzie w komórkach szczepu *Lactobacillus paracasei* IBB3423, uczestniczą w adhezji komórek bakteryjnych do powierzchni biotycznych i abiotycznych.
3. Sekwencje genomowe 8 fagów typu 936 i 10 fagów typu c2, aktywnych wobec komórek bakterii *Lactococcus lactis*, prezentują wysoki stopień zakonserwowania wewnątrz każdego z typów.
4. Regiony replikacyjne położone w genomach fagowych w regionie genów wczesnych zawierają jedno (fagi typu 936) lub dwa bądź trzy (fagi c2) białka replikacyjne.
5. Stosowane szeroko w przemyśle spożywczym nano-cząstki TiO_2 mogą oddziaływać zarówno z komensalnymi bakteriami występującymi w przewodzie pokarmowym jak również z bakteriami dostarczonymi z żywnością.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Badania poszerzają dotychczasową wiedzę na temat biologii komórki u bakterii fermentacji mlekowej (LAB). Badania nad bakteriofagami rozszerzają wiedzę na temat biologii i rozwoju bakteriofagów *Lactococcus*, których zjadliwość stanowi istotny problem w przemyśle mleczarskim. Udzielono 10-letnią licencję na użycie naszego szczepu bakterii mlekowych w preparacie probiotycznym stosowanym w chowie zwierząt. Udzielono licencję na użycie naszego szczepu bakterii mlekowych do stworzenia preparatu do codziennej pielęgnacji skóry „HigoSkinNatural”. W Urzędzie patentowym RP złożono zgłoszenie patentowe p.t.: „Bakteryjna kultura starterowa do pieczywa orkiszowego, zakwas ją zawierający, sposób wytwarzania pieczywa i zastosowanie bakteryjnej kultury starterowej lub zakwasu do wytwarzania pieczywa”. Nie należy również zapomnieć o efektach edukacyjnych prowadzonych

badan, które dostarczają przykładów w omawianiu zagadnień biologicznych w procesach edukacji studentów szkół wyższych.

Publikacje:

5598, 5636, 5651, 5659, 5700, 4430/A, 4444/A, 4448/A, 4450/A, 4470/A, 4471/A, 4512/A, 4570/A, 277/M

Temat nr 50: Przewodzenie sygnału stresu osmotycznego w roślinach.

Zespół: prof. dr hab. Grażyna Dobrowolska, prof. dr hab. Grażyna Muszyńska (1/3 etatu), dr hab. Dorota Konopka-Postupolska, dr Maria Bucholc, dr Anna Kulik, dr Lidia Polkowska-Kowalczyk, dr Jadwiga Szczegielniak, dr Olga Sztatelman, dr Katarzyna Szymańska, dr Umesh Tanwar, mgr Justyna Maszkowska, doktoranci: mgr Julia Rachowka, mgr Adrian Kasztelan, magistranci: Anna Czajkowska, Kaper Mańk, Daniel Szelągowski

Cel badania:

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

Opis realizowanych prac:

1. Wykazano, że kinaza SnRK2.10 w odpowiedzi na stres zasolenia reguluje wydajność fotosyntezy poprzez regulację fotosystemu II (PSII). Kinaza stabilizuje białka rdzeniowe PSII (D1 i D2). Ponadto wpływa na poziom fosforylacji białka antenowego LHCB2, co wskazuje, że SnRK2.10 bierze udział w rearanżacji kompleksów antenowych w odpowiedzi rośliny na stres zasolenia. Zidentyfikowano szereg genów związanych ze starzeniem (*Senescence Associated Genes, SAG*), których ekspresja regulowana była przez kinazy SnRK2.4 oraz SnRK2.10 w warunkach stresu solnego oraz zidentyfikowano kilka białek fosforylowanych przez kinazy SnRK2 niezależne od ABA w odpowiedzi rośliny na stres zasolenia, m.in. białka wiążące RNA. Wykonano mapowanie miejsc fosforylacji *in vivo* białek THRUMIN1 i PMI1 w różnych warunkach świetlnych z wykorzystaniem roślin wykazujących nadekspresję białek fuzyjnych z YFP. Wstępne wyniki wykazały, że białko PMI1, podobnie jak białko wiążące wapń SCS, oddziałuje z kinazami SnRK2 i jest regulatorem ich aktywności.
2. Analiza mutantów rzodkiewnika *cpk4*, *cpk11* (mutanty typu „functional knockout”) i mutantu podwójnego *cpk4 cpk11* wykazała, że w odpowiedzi na stres zasolenia kinaza AtCPK4 i w mniejszym stopniu AtCPK11 pozytywnie regulują ekspresję genów z rodziny *CBF* oraz genów *ZAT6*, *ZAT10* i *HKT1*. Wcześniejsze wyniki analizy transkryptomicznej transgenicznych roślin rzodkiewnika z wprowadzonym cDNA *ZmCPK11* kukurydzy, wykazały, że geny *CBF* oraz *ZAT6*, *ZAT10* i *HKT1* są podobnie regulowane przez kinazę *ZmCPK11*. Analiza filogenetyczna oraz powyższe wyniki sugerują, że AtCPK4 i AtCPK11 są prawdopodobnie ortologami *ZmCPK11* z kukurydzy. W okresie sprawozdawczym przeprowadzono analizę transkryptomiczną rodziny 23 kinaz CDPK u ziemniaka (*Solanum tuberosum*) w odpowiedzi na stresy abiotyczne – suszę i zasolenie. Stwierdzono znaczny wzrost ekspresji *StCDPK2/4/5/11/12/15/17/23* w korzeniach ziemniaka: w odpowiedzi na oba stresy.
3. Wykazano oddziaływanie pomiędzy wybranymi aneksynami. We współpracy z partnerem zagranicznym zbadano wpływ aneksyn na podatność roślin na żerowanie szkodników. Przeprowadzono głębokie sekwencjonowanie mRNA linii podwójnych mutantów roślin *flu/Δann1* w warunkach stresu świetlnego.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Wykazano, że kinaza SnRK2.10 reguluje wydajność fotosyntezy poprzez stabilizację białek rdzeniowych PSII (D1 i D2) oraz rearanżację kompleksów antenowych w odpowiedzi rzodkiewnika na stres zasolenia.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Uzyskane wyniki mają charakter poznawczy, poszerzają naszą wiedzę na temat odpowiedzi roślin na stresy abiotyczne. W przyszłości mogą zostać wykorzystane do uzyskania roślin użytkowych o zwiększonej odporności na niekorzystne warunki środowiska.

Publikacje:

5532, 5543, 5558, 5575, 4464/A, 4480/A, 4566/A, 946/N

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

Zespół: dr Aleksandra Wyślouch-Cieszyńska, mgr Magdalena Polakowska

Cel badania:

Ustalenie roli redoksowych modyfikacji grup tiolowych cystein w regulacji aktywności ważnych ludzkich białek związanych z procesami pierwotnej odpowiedzi immunologicznej i nowotworzenia.

Planowane efekty naukowe i praktyczne:

Poznanie molekularnych mechanizmów regulacji ścieżek przekazywania sygnału w komórkach, wykorzystującego odwracalne tworzenie wielu proteoform białka poprzez modyfikację łańcuchów bocznych cystein, oligomeryzację oraz wiązanie kationów metali.

Stworzenie fundamentów dla opracowania nowych metod diagnostycznych wykorzystujących różne proteoformy białka jako biomarkery stanów zapalnych i procesów nowotworzenia.

Opis realizowanych prac:

Opracowano wydajne metody uzyskiwania selektywnie S-nitrozylowanych oraz S-glutationylowanych białek będących przedmiotem badań. Za pomocą wielu metod analizy białek wykorzystujących chromatografię, spektrometrię mas, UV-vis, fluorescencję prowadzone są eksperymenty porównujące właściwości białek przed i po modyfikacjach, w szczególności wiązanie przez nie kationów metali. Jedną z ważnych metod badań jest porównywanie dla różnych proteoform zmian szybkości wymiany protonów na deuter za pomocą spektrometrii mas (HDex-MS).

Opis najważniejszych osiągnięć:

Dla natywnych sekwencji badanych białek zawierających niezmutowane reszty cysteiny uzyskano dane pokazujące zmiany dynamiki strukturalnej pod wpływem oligomeryzacji, wiązania jonów metali i modyfikacji grup tiolowych.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Wyniki badań zmierzają do lepszego zrozumienia na poziomie molekularnym sposobów regulacji aktywności ludzkich białek – biomarkerów chorób zapalnych i nowotworowych – poprzez tworzenie labilnych proteoform.

Badania zmierzają do zaproponowania nowych metod diagnostycznych poprzez oznaczanie względnych ilości proteoform tego samego białka o różnej aktywności biologicznej.

Publikacje:

4544/A, 4545/A

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

Zespół: dr hab. Elżbieta Kraszewska, prof. IBB PAN, dr Marta Modzelan, doktoranci: mgr Joanna Drabińska, mgr Mateusz Zięcina

Cel badania:

Ustalenie biologicznej funkcji białek białek Nudix oraz białek cysQ i PA2504 z *Pseudomonas aeruginosa*.

Opis realizowanych prac:

Kontynuowano badania biologicznych funkcji białek Nudix z *P. aeruginosa* poprzez szczegółową analizę fenotypową mutantów pozbawionych poszczególnych białek. Zaobserwowano zwiększoną odporność na antybiotyki mutantów PA4400, PA5176, PA3754 oraz PA3470 oraz znacząco osłabiony ruch typu swarming u mutantów PA4400 oraz PA5176.

Interesującym wynikiem uzyskanym wcześniej w trakcie badania białka PA0336-Nudix hydrolazy RNA było ustalenie, że hydrolaza ta tworzy kompleksy z białkiem o nie ustalonej funkcji PA2504, które może także wiązać się z negatywnym regulatorem exotoksyny A (białkiem PtxS). Za pomocą bakteryjnego systemu dwuhybrydowego oraz chromatografii typu MALS ustalono, że PA2504 tworzy homodimery oraz, że do wiązania się z partnerami potrzebna jest obecność obu domen białka PA2504 tj. domeny HTH oraz domeny wiążącej ligand.

Ustalono także, że gen *cysQ*, który sąsiaduje z genem *nudix* PA5176 stanowi z tym genem pojedynczą jednostkę transkrypcyjną. Nie wykazano jednak, że białka *cysQ* oraz PA5176 tworzą kompleksy. Wiadomo, że w komórkach *Escherichia coli* *cysQ*, jest zaangażowane w regulację syntezy cysteiny. Ustalono, że chociaż *cysQ* *P. aeruginosa* komplementuje mutację *cysQ* w *E. coli* to w komórkach *P. aeruginosa* pełni prawdopodobnie inną funkcję ponieważ w przeciwieństwie do mutantu *cysQ* *E. coli* mutant *P. aeruginosa* nie wymaga do swojego wzrostu cysteiny.

Opis najważniejszych osiągnięć:

1. Ustalenie, że mutanty *nudix* PA4400, PA5176, PA3754 oraz PA3470 charakteryzuje zwiększona odporność na antybiotyki.
2. Ustalenie, że PA2504 tworzy dimery oraz, że do jego interakcji z partnerami konieczna jest obecność obu domen.
3. Obserwacja, że pomimo dużego podobieństwa strukturalnego białko *cysQ* *P. aeruginosa* pełni prawdopodobnie w komórkach tych bakterii inną funkcję niż jego odpowiednik w komórkach *E. coli*.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Uzyskane wyniki dotyczące białka Nudix PA3470 były podstawą obronionej pracy magisterskiej.

Publikacje:

4477/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 Magdalena Kulma, 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, dr Mariusz Mital, mgr Tomasz Żurawik, mgr Ewelina Stefaniak, mgr Radosław Kotuniak, mgr Krzysztof Strzałkowski, 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 rolą w toksykologii i zastosowaniami (5664). Kontynuowano badania eksperymentalne i teoretyczne oddziaływań jonów Cu(II) z peptydami biologicznymi z rodziny Aβ, modelami peptydowymi receptora hCtrl, peptydami krwi (GHTD, hepcydyna) i albuminą, współpracując z partnerami zagranicznymi i krajowymi (5551, 5624, 5646, 5708, 5723, 5725, 5729). Dr Mariusz Mital obronił rozprawę doktorską w tej tematyce (944/N). W dziedzinie fizjologii molekularnej cynku opublikowano artykuł na temat modulacji fluorescencji sensora FluoZin-3 przez metabolity komórkowe (5666). Dr E. Podobas

we współpracy z grupą prof. Grahama Ogga (Oxford University) przedstawiła nowy model procesu kornifikacji keratynocytów uwzględniający udział aktyny podczas ich różnicowania poprzez formowanie granul filagrynowych i kontrolowane uwalnianie funkcjonalnych domen filagryny (5578). Dr hab. M. Grynberg ze współpracownikami zbadał dystrybucję sekwencji pentapeptydowych w znanych sekwencjach białek, wykazując znaczną nadreprezentację niektórych z nich (5689), wziął także udział w badaniach możliwości transferu genu białka z rodziny HopQ od bakterii do mchu (5634), a także w publikacji opisującej genom i proteom stonki ziemniaczanej (5545). Dr A. Mieczkowski we współpracy z grupami krajowymi opublikował dwa artykuły z dziedziny syntezy organicznej i badań właściwości przeciwnowotworowej pochodnych nukleozydów i benzodiazepin (5544, 5584), dwa artykuły z dziedziny syntezy związków fosfoheterocyklicznych i pochodnych benzimidazolu (5546, 5555), był współautorem rozdziału w książce na temat zastosowania klasterów boru w medycynie (5612) i jednego krajowego zgłoszenia patentowego. Dr I. Zhukov opublikował jeden artykuł z dziedziny badań NMR właściwości agregacyjnych surfaktantów (5720). Dr K. Drabikowski we współpracy z grupą prof. Michała Dadleza (IBB PAN) opublikował globalną analizę SUMOylacji białek w nicieniu *Caenorhabditis elegans* w warunkach normalnych i przy różnych typach stresów komórkowych (5547). Dr M. Kulma była promotorem pomocniczym doktoratu Aleksandry Kacprzyk-Stokowiec (935/N, promotor prof. M. Dadlez).

Opis najważniejszych osiągnięć:

Wykazanie, że N-końcowa sekwencja importera komórkowego miedzi hCtrl ma zdolność pobierania jonu Cu(II) od albuminy (5551, 5723), odkrycie przez dr. hab. M. Grynberga i współpracowników istnienia uprzywilejowanych sekwencji pentapeptydowych.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Odkrycie nowych peptydów bakteriobójczych z 2017 r. jest w trakcie komercjalizacji.

Publikacje:

5544, 5545, 5546, 5547, 5551, 5555, 5578, 5584, 5612, 5624, 5634, 5646, 5564, 5666, 5689, 5708, 5720, 5723, 5725, 5729, 944/N

Temat nr 55: Analiza genetyczna podstaw wybranych chorób dziedzicznych.

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

Cel badania:

1. Badania markerów molekularnych (mRNA), umożliwiających wczesną identyfikację pacjentów szczególnie zagrożonych pozawałową niewydolnością serca.
2. Identyfikacja miRNA skorelowanych z wysokim ryzykiem występowania migotania przedsionków, częstoskurczów komorowych oraz niepożądanych zdarzeń sercowo-naczyniowych.
3. Badania genetycznych uwarunkowań anemii hemolitycznych, ze szczególnym uwzględnieniem wrodzonej stomatocytozy.

Opis realizowanych prac:

Ad 1

Podjęto decyzję o zmianie metody pomiaru poziomu ekspresji wybranych transkryptów z metody qPCR na ddPCR (droplet Digital PCR), ponieważ metoda ddPCR daje możliwość oznaczenia absolutnej kwantyfikacji nawet pojedynczej cząsteczki, bez konieczności odniesienia do krzywych standardowych. Do testu zostało wybranych 7 transkryptów istotnie różnicujących pacjentów z rozwojem niewydolności serca po przebytym zawałe, od pacjentów u których nie doszło do tego procesu. Została przeprowadzona analiza bioinformatyczna danych – tworzenie klasyfikatorów oraz scoringów metodami regresji logistycznej, lasso regression oraz drzew decyzyjnych. Opracowano algorytm uwzględniający poziomy ekspresji wybranych transkryptów oraz wybrane parametry kliniczne.

Ad 2

Zebrano próbki surowicy krwi od 100 pacjentów z migotaniem serca oraz od 20 pacjentów z grupy kontrolnej. Próbki pochodzące od wybranych pacjentów zostały poddane sekwencjonowaniu nowej generacji (NGS). Wybrano różnicujące miRNA do dalszych badań.

Ad 3

U 4 rodzin wykryto dotąd nie notowane mutacje w genie PIEZO1, odpowiedzialne za wystąpienie stomatocytozy wrodzonej. Analiza bioinformatyczna potwierdziła patogenność nowo wykrytych mutacji.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Opracowano algorytm umożliwiający stratyfikację pacjentów zagrożonych pozawałową niewydolnością serca. Otrzymane wyniki wykazały większą czułość, specyficzność oraz wskaźniki predykcyjne naszego testu w porównaniu do standardowego testu opartego na NT-proBNP, stosowanego jako marker prognostyczny rozwoju pozawałowej niewydolności serca.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Wyniki zostały wykorzystane w patencie RP i patencie europejskim oraz publikacji.

Publikacje:

5626, 4506/A, 4509/A

Temat nr 56: Genomika *Paramecium tetraurelia*.

Zespół: dr Robert Gromadka, dr Jacek Nowak, dr Julita Gruchota, doktorant: mgr Dawid Owsian

Cel badania:

Głównym celem badań jest poznanie mechanizmów związanych z syntezą niekodujących transkryptów przy wykorzystaniu orzęska *Paramecium tetraurelia* jako organizmu modelowego. Weryfikowana jest hipoteza, iż aktywowane podczas procesów płciowych czynniki regulujące transkrypcję mogą brać udział w zainicjowaniu niekodującej transkrypcji na skalę całego genomu. W ramach projektu analizowana jest funkcja czynników potencjalnie odpowiedzialnych za modulowanie działania kompleksu polimerazy RNA II w stronę syntezy niekodujących transkryptów. Badany jest udział czynników elongacji transkrypcji (TFIIS, Spt5 i Spt4) w zależnej od niekodujących RNA regulacji rearanżacji DNA w *Paramecium*.

Paramecium tetraurelia (pot. pantofelek) jest jednokomórkowym organizmem eukariotycznym charakteryzującym się obecnością dwóch rodzajów jąder w obrębie cytoplazmy. Podczas każdego cyklu płciowego maczyne jądro somatyczne – makronukleus jest degradowany, a nowy makronukleus powstaje z jądra generatywnego – mikronukleusa. W czasie rozwoju nowego makronukleusa genom mikronuklearny podlega złożonym rearanżacjom, których wzór jest dziedziczony epigenetycznie pomiędzy starym i nowym makronukleusem: następuje usunięcie elementów wielokopijnych (m.in. transpozonów i minisatelitów) oraz precyzyjne wycięcie krótkich, jednokopijnych, nie kodujących sekwencji IES (ang. Internal Eliminated Sequence). Maczyne dziedziczenie wzoru eliminacji wymaga porównywania DNA zawartego w nowopowstającym makronukleusie z DNA ze starego makronukleusa. Zgodnie z postulowanym modelem w porównaniu genomów bierze udział szereg czynników związanych ze szlakiem interferencji RNA. W procesie tym uczestniczą różne klasy niekodujących RNA: krótkie, charakterystyczne dla procesów płciowych skaningowe RNA (scnRNA) pochodzące z mikronukleusa oraz dłuższe, niekodujące transkrypty syntetyzowane w maczynym makronukleusie oraz nowym makronukleusie.

Opis realizowanych prac:

Kontynuowano analizę funkcjonalną białek homologicznych do czynników elongacyjnych Spt4 i Spt5. Wykonano globalną analizę eliminacji wszystkich sekwencji IES podczas dezaktywacji genów SPT4ma/SPT4mb/SPT4va. Wykorzystano w tym celu sekwencjonowanie wysokoprzepustowe (Illumina) DNA wyizolowanego z oczyszczonych nowych makronukleusów pochodzących z komórek poddanych wyciszaniu. Stwierdzono, iż wycinanie blisko 7 tysięcy (15%) sekwencji IES jest zaburzone, wykazano także wpływ na eliminacje sekwencji repetytywnych (min. transpozonów).

Ponadto wykonano izolację białek wchodzących w kompleks ze specyficznym dla mikronukleusów białkiem Spt5m wyznakowanym epitopem FLAG. Analiza przy wykorzystaniu spektrometrii mas wykazała, że białko to występuje w kompleksie zarówno z białkami Spt4ma/mb jak i Spt4va. Stwierdzono ponadto, iż kompleks Spt4-Spt5 związany jest z polimerazą RNA II – pośród białek wiążących się do Spt5m i Spt4mb zidentyfikowano niemal wszystkie podjednostki polimerazy II. Jest to pierwszy bezpośredni dowód na istnienie kompleksu polimerazy specyficznego dla jądra generatywnego, który jest zaangażowany w syntezę niekodujących RNA.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Odkrycie wpływu białek Spt4 na rearanżacje genomu *P. tetraurelia*. Potwierdzenie istnienia kompleksu Spt4-Spt5 powiązanego z polimerazą RNA II, który jest odpowiedzialny za syntezę RNA w jądrze generatywnym podczas mejozy.

Publikacje:

4472/A

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

Zespół: dr hab. Urszula Zielenkiewicz, dr Anna Muszewska, mgr Joanna Klim, mgr Tomasz Walter, mgr Małgorzata Zielińska, magistrantka inż. Katarzyna Grzelak

Cel badania:

Głównym celem prowadzonych badań pozostaje izolowanie, charakterystyka oraz poznanie właściwości szczepów mikroorganizmów, konsorcjów mikroorganizmów oraz grzybów z różnych środowisk.

Poszukiwane są także alternatywne do antybiotyków terapie przeciwbakteryjne w oparciu o wymodelowane cząsteczki znoszące interakcje białko-białko, z użyciem jako modelu kompleksu Epsilon-Zeta systemu toksyna-antytoksyna *Streptococcus pyogenes*.

Opis realizowanych prac:

Dla skompletowania charakterystyki środowiskowego szczepu *Acinetobacter lwoffii* ZS207 sprawdzono szczegółowo zdolności szczepu do przeżycia a także powstawanie tzw. komórek „persistence” w warunkach stresu wywołanego wysokim stężeniem metali, osmotycznym lub obecnością antybiotyków. Na podstawie wszystkich dotychczas uzyskanych wyników opracowano manuskrypt pracy pt. „Plasmidome of *Acinetobacter lwoffii* ZS207 – environmental arsenic resistant strain”.

W ramach poszukiwania alternatywnych terapii antybiotykooporności bakterii, spośród ok. 100 cząsteczek o najlepszych parametrach kompetycji z ligandem w przesiewowych testach polaryzacji fluorescencji, wytypowano do dalszych badań 10 związków. Zsyntetyzowano zmodyfikowaną cząsteczkę tetra-karboksy pirydyny (na bazie dostępnej komercyjnie cząsteczki wcześniej wytypowanej w teście zaburzenia interakcji białko-Epsilon-ligand) i sprawdzono jej aktywność wobec komórek bakterii *Escherichia coli* i *Bacillus subtilis*.

Kontynuując badania mikrobiot środowiskowych dokonano metagenomicznej analizy bioróżnorodności węgla brunatnego (lignitu i ksyliku z kopalni odkrywkowej Konin) oraz kilku prób gleb rolniczych.

Przeprowadzono również analizy meta-traskryptomiczne mikroorganizmów bytujących w historycznych oraz współczesnych kopiach tkanin jedwabnych dekoracji muzeum Pałacu w Wilanowie.

W roku 2018 opublikowane zostały także wyniki adnotacji genomu stonki ziemniaczanej. Ukazał się również artykuł wykazujący, że częstość występowania pentapeptydów w sekwencjach z bazy NR NCBI odbiega od oczekiwanej i wskazuje na działanie selekcji.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Wykazano nieoczekiwanie szybką kolonizację nowych tkanin dekoracyjnych przez mikroorganizmy bytujące w pomieszczeniach muzeum Pałacu w Wilanowie.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Uzyskane wyniki zostały w części przedstawione w publikacjach naukowych, pracy inżynierskiej oraz rozprawie habilitacyjnej dr Anny Muszewskiej.

Publikacje:

5541, 5542, 5545, 5548, 5607, 5616, 5617, 5619, 5623, 5680, 5689, 5691, 5692, 4562/A, 4467/A, 4474/A

Temat nr 60: Mechanizmy podziałów komórkowych.

Zespół: dr hab. Anna Kurlandzka, prof. IBB PAN

Cel badania:

Badania były prowadzone we współpracy z dr hab. Adrianną Skoneczną (IBB PAN) i dotyczyły podstaw niestabilności genetycznej wywołanej brakiem białka Swi6 *Saccharomyces cerevisiae*. Białko to jest zaangażowane w kontrolę transkrypcyjną fazy G1/S cyklu komórkowego.

Opis realizowanych prac:

Skoncentrowano się na wyjaśnieniu kwestii żywotności komórek *swi6Δ* i stwierdzono, że gen *SWI6* należy do klasy genów niezbędnych do życia drożdży (ang. essential gene), jednak jego brak prowadzi do bardzo szybkiej rearanżacji genomu, w wyniku czego w części komórek dochodzi do kompensacji defektu.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Brak białka Swi6 powoduje niestabilność genetyczną, która w końcowym efekcie sprzyja przeżyciu części komórek dzięki szybkiej supresji defektów. Zasadniczym mechanizmem supresji jest nadprodukcja Rad51, rekombinazy zaangażowanej w naprawę pęknięć DNA na drodze rekombinacji homologicznej.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Wyniki wykorzystano w publikacji.

Publikacje:

5731, 4484/A

Temat nr 61: Dynamika transkryptomu w normie i stresie.

Zespół: dr hab. Marta Kobłowska, dr Roksana Iwanicka-Nowicka

Cel badania:

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

Opis realizowanych prac:

Kontynuacja prac związanych z ustaleniem funkcji odpowiedzi nukleosomowej u *Arabidopsis thaliana* w stresie zasolenia: badanie acetylacji lizyny 16 histonu H4 oraz identyfikacja kompleksu białkowego oddziałującego z fosfo-acetylowanym histonem H3 podstawowym elementem odpowiedzi nukleosomowej. Porównanie zmian transkryptomicznych zachodzących pod wpływem stresu chłodu ze stresem zasolenia.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Wykazano, że dynamiczne zmiany poziomu H4K16Ac w odpowiedzi na stres zasolenia zachodzą nie tylko w komórkach T87 *Arabidopsis* hodowanych w zawieszynie ale także w całych roślinach. Podobnie jak w komórkach T87 zmiany te są przejściowe, w pierwszych minutach poziom acetylacji lizyny 16 histonu H4 (H4K16) dynamicznie rośnie by po niedługim czasie powrócić do stanu początkowego. Analiza Chip-seq pokazała, że zmiany acetylacji H4K16 obejmują duże obszary genomu. Ustalono także, że obszary chromatyny genów, których transkrypcja podlega szybkim zmianom w odpowiedzi na zasolenie mają wyjściowy (jeszcze przed zadziałaniem bodźca) wysoki poziom acetylacji H4K16 w stosunku do genów nie podlegających regulacji po zadziałaniu stresu.

Zidentyfikowano kompleks białkowy prawdopodobny interaktor fosfo-acetylowanego histonu H3, złożony z białek zaangażowanych w proces splicingu, część podjednostek kompleksu jest konserwowana ewolucyjnie.

Badania transkryptomiczne pozwoliły na identyfikację uniwersalnych genów zaangażowanych zarówno w odpowiedź na stres chłodu jak i stres zasolenia. Przeprowadzono analizy funkcjonalne genów regulowanych w odpowiedzi na oba stresy, wytypowano geny do dalszych analiz.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Otrzymane wyniki zostaną wykorzystane w przygotowywanej publikacji.

Temat nr 63: Dodekahedron adenowirusa jako platforma szczepionkowa.

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

Cel badania:

Celem badania jest potwierdzenie przydatności cząstki wirusopodobnej (VLP) – dodekahedronu adenowirusowego (Dd) jako platformy dostarczającej antygeny w donosowej szczepionce przeciw pneumokokom. Oczekujemy, że dzięki odpowiedniemu doborowi antygenów oraz wykorzystaniu potencjału Dd jako nośnika antygenów i jednocześnie adiuwantu, preparat szczepionkowy zaindukuje wydajną immunologiczną odpowiedź komórkową i humoralną zapewniającą ochronę przed miejscowymi oraz inwazyjnym infekcjami *Streptococcus pneumoniae*.

Opis realizowanych prac:

Badania realizujemy we współpracy z zespołem prof. Cyryla Grandjean (Uniwersytet w Nant, Francja). W konstruowanej szczepionce jako antygeny wykorzystujemy fragmenty kapsydowego polisacharydu oraz białka powierzchniowego *S. pneumoniae* – adhezyny A (PsaA). Syntetyczny tetrasacharyd odpowiadający fragmentowi polisacharydu otoczkowego, który został zidentyfikowany jako najmniejszy oligosacharyd zdolny do wzbudzania produkcji swoistych *przeciwciał opsonizacyjnych*, przyłączono kowalencyjnie do powierzchni Dd przy użyciu aldehydu glutarowego. Opracowana procedura retikulacji chemicznej umożliwi kontrolowane przyłączenie określonej ilości antygenu do VLP. Otrzymaliśmy koniugat, w którym Dd niesie 360 cząsteczek oligosacharydu. Natomiast antygen białkowy – epitop białka PspA odpowiedzialnego za adhezję i wirulencję *S. pneumoniae* włączono bezpośrednio do struktury VLP na drodze manipulacji genetycznej. Sekwencję kodującą epitop PsaA wprowadzono do pętli zmiennej lub na N-końcu białka podstawy pentonu, z którego zbudowany jest Dd. Wariant Dd z epitopem PsaA wbudowanym do pętli zmiennej, który jest otrzymywany z większą wydajnością, będzie wykorzystywany do przygotowania koniugatu z syntetycznym tetrasacharydem.

Zastosowana strategia włączania epitopu do struktury Dd, oraz kontrolowana koniugacja tetrasacharydu umożliwiają otrzymywanie preparatów szczepionkowych dostarczających każdorazowo taką samą liczbę cząsteczek antygenów.

Równolegle opracowano procedurę liofilizacji, pozwalającą na przechowywanie preparatów Dd w temperaturze do 37°C.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Opracowanie metody wydajnego przyłączania syntetycznego tetrasacharydu do powierzchni Dd bez zaburzenia struktury VLP.

Otrzymanie dodekahedronów niosący wbudowany epitop pochodzący z powierzchniowego białka *S. pneumoniae*.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Wyniki zostaną wykorzystane w publikacji naukowej.

Publikacje:

966/N

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

Zespół: dr hab. Magdalena Krzymowska, prof. IBB PAN, dr Magdalena Górecka, dr Patrycja Zembek, mgr Marcin Piechocki, doktoranci: mgr Bartosz Baranowski, mgr inż. Jakub Kwiatkowski, mgr Dominika Kamrowska

Cel badania:

Zbadanie tła ewolucyjnego HopQ1 z *Pseudomonas syringae* oraz wpływu naturalnej zmienności tego efektora na właściwości wirulentne bakterii.

Opis realizowanych prac:

HopQ1 i białka homologiczne są czynnikami wirulencji produkowanymi przez różne fitopatogenne bakterie. Ich obecność wspomaga wzrost bakterii w tkankach roślin wrażliwych. Jednak wiele gatunków roślin z rodzaju *Nicotiana* posiada specyficzny receptor Roq1, który rozpoznaje tę grupę białek i uruchamia reakcje obronne roślin. Wcześniejsze badania wskazywały, że *Pseudomonas syringae*, w przeciwieństwie do bakterii z rodzaju *Xanthomonas* i *Ralstonia*, dopiero niedawno uzyskał ten efekt. Odzwierciedleniem tego jest m.in. bardzo niewielkie zróżnicowanie sekwencji HopQ1 wśród znanych szczepów. Badania, prowadzone przez nas w okresie sprawozdawczym ujawniły, że nawet pojedyncze różnice w sekwencji aminokwasowej mają kolosalny wpływ na właściwości tego efektora. Obecność seryny w pozycji 87 i leucyny w pozycji 91 warunkuje podatność HopQ1 na proteolityczne cięcie a w konsekwencji powoduje, że bakterie niosące ten wariant efektora unikają rozpoznania przez rośliny odporne i szybciej namnażają się. Kolejna strategia *P. syringae*, pozwalająca na uniknięcie rozpoznania przez receptor Roq1 opiera się na maskowaniu obecności HopQ1 przez efektor HopR1. Także skuteczność działania tego mechanizmu uzależniona jest od zmienności w obrębie sekwencji HopQ1. Analizy bioinformatyczne ujawniły, że białka homologiczne do HopQ1 stanowią odrębną podjednostkę nadrodziny hydrolaz nukleozydów. Występują one w bakteriach, glonach, grzybach oraz kilku gatunkach mchów i prawdopodobnie kilkukrotnie niezależnie wyewoluowały. Homolog HopQ1 z mchu *Physcomitrella patens*, wyposażony sztucznie w peptyd umożliwiający transport przez system sekrecyjny bakterii, potęguje namnażanie bakterii w roślinach wrażliwych, ale co ciekawe jest również rozpoznawany przez Roq1, co prowadzi do zahamowania wzrostu bakterii w roślinach odpornych.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Obecność miejsca cięcia w obrębie HopQ1 redukuje rozpoznanie efektora przez receptor obecny w roślinach odpornych, co osłabia ich odpowiedź obronną.

Białka podobne do efektora HopQ1 są rozpowszechnione wśród bakterii, grzybów i glonów a homolog HopQ1 z mchu *P. patens* jest funkcjonalnym odpowiednikiem efektora.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Analiza ewolucyjna i funkcjonalna HopQ1 prowadzi do wyjaśnienia sposobu działania bakteryjnych efektorów, co przyczynia się nie tylko do zrozumienia mechanizmów patogenazy ale też dostarcza informacji o działaniu białek homologicznych w niespokrewnionych organizmach.

Publikacje:

5634, 5642, 4519/A

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

Zespół: prof. dr hab. Jarosław Poznański, dr Kinga Mieczkowska (do 30 XI 2018), dr Maria Winiewska-Szajewska (do VI 2018), doktoranci: mgr Ewa Bugajska, mgr Anna Szymaniec, mgr Sławomir Kasperowicz

Cel badania:

Celem realizacji tematu jest udoskonalenie procedur umożliwiających ustalanie 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 typy oddziaływań lub ich kombinacje, które tłumaczą obserwowany efekt.

Opis realizowanych prac:

1. Analiza wpływu atomów halogenu na oddziaływanie halogenowanych ligandów z białkami: określenie względnego wkładu termodynamicznego związanego z utworzeniem wiązania halogenowego w relacji do innych efektów związanych z wprowadzeniem elektroujemnego atomu do cząsteczki liganda. Opracowana została nowa metoda umożliwiająca zastosowanie pomiarów gęstości roztworów do określenia udziału oddziaływań hydrofobowych do energii swobodnej odpowiadającej utworzeniu kompleksu białko-ligand (4456/A). Rozwinięte zostały także metody interpretacji pomiarów DSF ułatwiające analizę oddziaływania białko-ligand w przypadku kontrolowanej zmiany oddziaływujących centrów (4458/A, 4459/A). W trakcie analizy jest kilkanaście milionów struktur niskocząsteczkowych, których wyniki mogą zmienić obraz oddziaływania atomów halogenowca z pobliskimi grupami funkcyjnymi (w przygotowaniu).
2. Powiązanie przyczyn obserwowanych mutacji genetycznych z wpływem zmiany sekwencji docelowego białka na jego strukturę oraz funkcję biologiczną. We współpracy z grupą kierowaną przez prof. Jerzego Bala z Instytutu Matki i Dziecka udało się dla białka MED12 opisać prawdopodobny mechanizm molekularny prowadzący do obserwowanych efektów biologicznych (5685).
3. 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 białek *in vitro*, w szczególności metody wydajnego testowania potencjalnych substratów (4473/A, 4482/A, 4483/A, 4492/A, 4496/A, 4498/A, 4501/A).
4. Rozwój metod modelowania przez homologię w kierunku strukturalnej interpretacji danych uzyskanych za pomocą metody HDX-MS. Szczególnie ważne wydaje się modelowanie procesów samoorganizacji wyższych form oligometrycznych peptydu Aβ (5660).

Opis najważniejszych osiągnięć:

1. Krytyczna analiza pomiarów densymetrycznych, chromatograficznych oraz termodynamicznych dowodzi, że zaproponowana metoda umożliwiająca niemal bezpośredni pomiar oddziaływań hydrofobowych znajdzie zastosowanie w podejściu typu „drug-design” (publikacja w recenzji).
2. Prowadzone niezależne badania doprowadziły do stworzenia i zaproponowania metodyki szacowania preferencji ewolucyjnych w kierunku lokalnych sekwencji aminokwasowych (5689).

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Uzyskane wyniki znalazły się (bądź znajdą się) w publikacjach naukowych.

Publikacje:

5537, 5642, 5660, 5685, 5689, 4456/A, 4458/A, 4459/A, 4473/A, 4482/A, 4483/A, 4492/A, 4496/A, 4498/A, 4501/A

Temat nr 66: Metodyka sekwencjonowań genomowych.

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

Cel badania:

1. Poznanie sekwencji genomów bakterii *Streptococcus pneumoniae* w celu scharakteryzowania inwazyjnego serotypu 19A w Polsce.
2. Uzyskanie kompletnych genomów drożdży pochodzących z octu winnego (Aceto Balsamico di Modena).

3. Określenie składu gatunkowego mykobioty ludzkiej skóry u pacjentów z atopowym zapaleniem skóry.
4. Uzyskanie kompletnego genomu bakterii z gatunku *Staphylococcus aureus* celem otrzymania kompletnych sekwencji VNTR.
5. Opracowanie strategii sekwencjonowania ludzkich genomów mitochondrialnych za pomocą technologii Oxford Nanopore i uzyskanie sekwencji do badań porównawczych.
6. Sekwencjonowanie genomów polskiej rodziny z wykorzystaniem aparatu Oxford Nanopore MinION w celu określenia wariantów strukturalnych w badanych genomach.

Opis realizowanych prac:

Rozpoczęto prace nad określeniem składu gatunkowego mykobioty ludzkiej skóry w materiale klinicznym w ramach realizacji projektu „Charakterystyka mykobioty skóry osób zdrowych oraz pacjentów z atopowym zapaleniem skóry”.

Uzyskano 10 kompletnych genomów plazmidowych w ramach kontynuacji projektu „Beta-laktamazy – geny oporności i ich lokalizacja w genomach szczepów środowiskowych”.

Zoptymalizowano procedurę izolacji długich łańcuchów DNA oraz z powodzeniem zsekwencjonowano dwa genomy drożdży wyizolowane z octu winnego za pomocą sekwenatora MinION.

Zsekwencjonowano dwa ludzkie genomy z zastosowaniem technologii Oxford Nanopore w ramach realizacji projektu „Identyfikacja wariantów strukturalnych w genomie ludzkim przy użyciu długich fragmentów z sekwencjonowania następnej generacji, w oparciu o technologię Oxford Nanopore” realizowanego w ramach współpracy z CeNT UW.

Ponadto, z wykorzystaniem aparatu MiSeq firmy Illumina, wykonano sekwencjonowanie totalnego DNA z 31 szczepów bakterii z rodzaju *Streptococcus pneumoniae*, *Staphylococcus aureus* a także *Acinetobacter lwoffii*. Wykonano sekwencjonowanie 4 próbek metagenomicznych pobranych z reaktorów wodorowych i metanowych, 24 próbek mykobioty skóry pobranego od pacjentów, a także 8 genomów mutantów drożdży *Saccharomyces cerevisiae*. Dla każdej próbki bakteryjnego DNA uzyskano około 0,5 miliona 2x300 nukleotydowych odczytów (metoda Paired End-Illumina), czyli średnio 400 Mb par zasad na próbkę. Uzyskano łącznie 12 GB par zasad. Pozwoliło to na złożenie pełnych genomów jak również obecnych w komórkach plazmidów.

Uzyskano 14 kompletnych sekwencji genomów mitochondrialnych człowieka dzięki rozwijanej technologii bezpośredniego sekwencjonowania nici DNA z wykorzystaniem sekwenatora MinION.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Uzyskano dwa wysokiej jakości złożenia genomów drożdży wyizolowanych z octu winnego. Otrzymano jeden kompletny genom bakterii *Staphylococcus aureus* 80 oraz dwie sekwencje genomów bakteriofagów z *Pseudomonas* sp. Zoptymalizowano metodykę sekwencjonowania III generacji z wykorzystaniem technologii Oxford Nanopore co pozwoliło na uzyskanie map wariantów strukturalnych dla dwóch ludzkich genomów z co najmniej 7-krotnym pokryciem sekwencji długimi odczytami.

Zaprojektowano, i z powodzeniem wdrożono strategię sekwencjonowania ludzkich genomów mitochondrialnych z wykorzystaniem aparatu MinION.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Opracowanie metodyki izolacji a także sekwencjonowania materiału genetycznego z ludzkiej skóry pozwoli na określenie składu mykobioty skóry u pacjentów z atopowym zapaleniem skóry.

Zastosowanie technologii sekwencjonowania III generacji (Oxford Nanopore) do szybkiego poznania sekwencji genomów mitochondrialnych człowieka ze śladów biologicznych pozwoli na usprawnienie badań genetycznych w aplikacjach kryminalistycznych.

Publikacje:

5558, 5609, 5622, 5705, 4435/A, 4443/A, 4444/A

Temat nr 67: Metabolizm siarki w roślinach.

Zespół: prof. dr hab. Agnieszka Sirko, dr Anna Wawrzyńska (urlop macierzyński od 19.04.2018 do 31.12.2018), dr Leszek Tarnowski, mgr Anna Niemiro (doktorantka), dr Marzena Sieńko (od 1.09.2018), dr Jerzy Brzywczy (od 1.09.2018)

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:

Prowadzono prace nad analizą transkryptomiczną korzeni i pędów roślin nadprodukcujących AtNBR1 (NBR1-OX). Wyniki tej analizy zostały opracowane i zamieszczone w bazie danych GO. W roślinach zawierających konstytutywnie podwyższony poziom NBR1 stwierdziliśmy aktywację szlaku sygnalizacji ABA, przypuszczalnie ograniczenie biogenezy rybosomów. Rośliny NBR1-OX charakteryzują się zwiększoną liczbą autofagosomów oraz nadwrażliwością na inhibitory TOR w czasie głodzenia. Wyniki analiz sugerują, że NBR1 bierze udział w modulacji szlaku transdukcji sygnału kinazy TOR. Wyizolowano oraz przeanalizowano białkowe interakcje NBR1 z liści i korzeni w warunkach optymalnych oraz w czasie niedoboru siarki. Wyniki są w trakcie opracowania. Zastosowano metodę CRISPR/Cas9 do uzyskania serii mutantów delecyjnych (KO), pozbawionych białka NBR1. Aktualnie prowadzona jest stabilizacja i weryfikacja uzyskanych linii nbr1 KO.

Podobne analizy prowadzono także z białkami LSU1-4. Zidentyfikowano szereg nowych białek oddziałujących z LSU1-4, zweryfikowano oddziaływanie wybranych białek metodami BiFC i Y2H. Zaprojektowano strategię uzyskania serii mutantów delecyjnych w genach LSU1-4 oraz skutecznie przeprowadzono pierwsze etapy tj. uzyskano pierwszą serię mutantów lsu1&3, lsu1, lsu2&4. Trwają prace nad stabilizacją linii, krzyżowaniem mutantów i uzyskaniem wielokrotnych linii delecyjnych.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Zaobserwowanie możliwości modulacji roślinnego szlaku sygnalizacyjnego TOR przez NBR1.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Wyniki prezentowano na dwóch konferencjach naukowych oraz zostaną wykorzystane w publikacjach, których manuskrypty są aktualnie przygotowywane.

Publikacje:

5571, 4428/A, 4567/A

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

Zespół: prof. dr hab. Paweł Golik

Cel badania:

Celem badań jest poznanie 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 analizy transkryptomiczne w mutantach *Candida albicans* pozbawionych funkcji głównego kompleksu odpowiadającego za degradację RNA w mitochondriach – mtEXO. W innym wątku badań, także wykorzystując transkryptomiczne analizy RNA-seq badano wpływ defektów mitochondrialnych oraz delecji genów kodujących czynniki transkrypcyjne Rtg1 i Rtg3 na ekspresję genomu tego gatunku drożdży.

Opis najważniejszych osiągnięć:

1. Wykazano, że zależna od kompleksu mtEXO degradacja RNA jest głównym czynnikiem kształtującym ekspresję genomu mitochondrialnego. Defekt mtEXO skutkuje pojawieniem się transkryptów z obszarów kodujących oraz niekodujących, obejmujących całość mtDNA. Sugeruje

to, że degradacja RNA zależna od mtEXO odpowiada za usuwanie transkryptów niekodujących i ustalenie ostatecznej formy transkryptów kodujących. Różnice poziomu RNA dojrzałych transkryptów w mutantach z defektem mtEXO są znacznie mniejsze, niż w szczepie dzikim, co wykazuje, że degradacja RNA jest istotnym mechanizmem regulacji poziomu ekspresji genów u drożdży.

2. Wykazano, że czynniki transkrypcyjne Rtg1 i Rtg3 odpowiadają za indukcję ekspresji alternatywnej oksydazy (AOX2) w odpowiedzi na defekty fosforylacji oksydacyjnej u *C. albicans*.
3. Za pomocą analiz genetycznych uzyskanych metodą mutagenyzy ukierunkowanej mutantów *S. cerevisiae* potwierdzono hipotezy dotyczące miejsc oddziaływania między składnikami kompleksu mtEXO: Suv3p i Dss1p.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Wyniki analiz genetycznych kompleksu mtEXO u *S. cerevisiae* weszły w skład publikacji (Razew i wsp. 2018).

Publikacje:

5549

Temat nr 69: Matabolizm RNA u Eucaryota.

Zespół: prof. dr hab. Andrzej Dziembowski, dr hab. Rafał Tomecki, dr Roman Szczęsny, dr Bartek Tarkowski, mgr Anna Maksymiuk, mgr Monika Olejnik, mgr Katarzyna Kowalska, doktoranci: 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 Duryś, mgr Joanna Jabłońska, mgr Kamil Kobylecki

Cel badania:

Podstawowym celem badań prowadzonych w ramach tematu jest zrozumienie mechanizmów post-transkrypcyjnej 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 egzozomu:

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

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

Analiza Rybonukleazy DIS3L:

Kontynuowano analizy myszy z delecją DIS3L, która jest embrioletalna na wczesnym etapie rozwoju zarodkowego. Zostały jednak wyprowadzone linie embrionalnych komórek macierzystych pozbawiane DIS3L i analizy transkryptomowe wykazały interesujące zmiany w profilu ekspresji mRNA.

Degradacja RNA w mitochondriach:

Kontynuowano analizę mechanizmów degradacji mitochondrialnego RNA u ludzi. Zakończono analizy, które wykazały, 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, odkryto, że dwuniciowe RNA akumulowane w mitochondriach prowadzi to indukcji odpowiedzi immunologicznej (publikacja w prestiżowym czasopiśmie Nature). 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. Zakończono molekularne analizy, które pozwoliły zaproponować mechanizm, w którym RNA zawierające G-quadrupleksy są rozpoznawane i degradowane w ludzkich mitochondriach (publikacja w czasopiśmie Nature Communications).

Analiza niekanonicznych poli(A) polimeraz z rodziny FAM46:

Wykazano, specyficzną dla zwierząt, rodzinę poli(A) polimeraz FAM46. Badana jest ich funkcja przy wykorzystaniu, jako modeli, linii komórkowych szpiczaków mnogich, nicienia *C. elegans* oraz myszy. Wykorzystując technologię CRISPR/Cas9 skonstruowano myszy zawierające mutacje we wszystkich genach z rodziny FAM46. Zidentyfikowano szereg bardzo interesujących fenotypów, które są w tej chwili intensywnie badane.

Analiza poli(U) polimeraz:

Zakończono analizy roli ludzkich poli(U) polimeraz TUT4 i TUT7 w restrykcji działania retrotranspozonów Line-1 (publikacja w prestiżowym czasopiśmie Cell).

Analizy Metagenomiczne:

Kontynuowano również analizy metagenomiczne gleb antropogenicznych. Badania zaowocowały kilkoma publikacjami.

Opis najważniejszych osiągnięć:

1. Odkrycie roli dwuniciowego RNA akumulowanego w mitochondriach w regulacji odpowiedzi immunologicznej.
2. Odkrycie roli TUT4 i TUT7 w restrykcji retrotranspozonów LINE-1.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Wyniki badań zostaną wykorzystane w publikacjach naukowych.

Publikacje:

5549, 5552, 5580, 5588, 5615, 5637, 5652, 5656, 5670, 5672, 5673, 5711, 5712, 5719, 5721, 5733, 5734, 4520/A, 4521/A, 4522/A, 4558/A

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

Zespół: prof. dr hab. Mattias Bochler, dr Humberto Fernandes, mgr Michał Pastor, mgr Marlena Kisiała

Cel badania:

Planowano scharakteryzowanie endonukleazy o nietypowych własnościach lub znaczeniu biotechnologicznym. Skoncentrowano się na enzymach przecinających w ściśle określonych miejscach hybrydy RNA/DNA oraz takich, które przecinają jedynie modyfikowane DNA. Ponadto prowadzono badania endonukleaz CRISPR hydrolizujących RNA, które mogłyby być używane w zastępstwie morfolinowych pochodnych kwasów nukleinowych do ukierunkowanej degradacji RNA w organizmach, w których technologia RNAi nie jest wystarczająco skuteczna.

Opis realizowanych prac:

Określono strukturę endonukleazy AvaII zdolnej do hydrolizy hybryd RNA/DNA. Opublikowano strukturę endonukleazy TagI, prototypowego enzymu z grupy endonukleaz SRA-HNH. Wykazano również skuteczność kompleksów Csm w ukierunkowanej degradacji RNA w organizmach *Danio rerio* (w stosunku do transkryptów matczynych).

Opis najważniejszych osiągnięć:

Struktura krystaliczna enzymu *AvaII* oraz wyniki analizy bioinformatycznej wykazały, że enzymy przecinające hybrydy RNA/DNA wiążą dwuniciowe DNA w konformacji A (A-DNA). Dzięki strukturze endonukleazy SRA-HNH poznano dwudomenową architekturę tych białek, która zapewnia swoistość w stosunku do modyfikowanego DNA. Endonukleazy CRISPR Csm zostały z sukcesem zastosowane do ukierunkowanej degradacji transkryptów matczynych.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Endonukleazy Csm mogą znaleźć zastosowanie jako alternatywa dla pochodnych morfolinowych. Złożony został wniosek patentowy opisujący wykorzystanie badań do tego celu wraz ze współpracownikami zespołu z Uniwersytetu w Wilnie.

Publikacje:

5565

Temat nr 71: Stres środowiskowy jako źródło niestabilności genetycznej.

Zespół: dr hab. Adrianna Skoneczna, prof. IBB PAN, dr Kamil Król, mgr Justyna Antoniuk-Majchrzak, mgr Anna Długajczyk, Tuguldur Enkhbaatar (magistrant)

Cel badania:

Szczepy drożdżowe pozbawione genu *SWI6* są niestabilne genetycznie, gromadzą nietypowe struktury DNA, a ich genom ulega licznym rearanżacjom. Metodą CGH (ang. comparative genome hybridization) wykazaliśmy, że rearanżacje te są losowe u haploidów *swi6Δ*, ale u diploidów *swi6Δ/swi6Δ* chromosom V jest zduplikowany. Przypuszczalnie chromosom V zawiera geny suprymujące defekty delekcji genu *SWI6*. Celem przeprowadzonych badań było sprawdzenie, które z genów obecnych na chromosomie V poprawiają żywotność komórek *swi6Δ* i łagodzą fenotypy związane z niestabilnością genetyczną?

Opis realizowanych prac:

Na chromosomie V kodowane są dwa geny, *PAB1* i *SWI4*, znane wcześniej jako wielokopijne supresory *swi6Δ* odwracające defekty transkrypcyjne związane z brakiem tego genu (*Swi6* jest czynnikiem transkrypcyjnym). Badania wykazały, że ekspresja genów *PAB1* i *SWI4* z plazmidu częściowo odwraca także fenotypy niestabilności genetycznej tych szczepów, m.in. ich wrażliwość na związki genotoksyczne, a w przypadku nadekspresji *SWI4* również anomalie zawartości DNA genomowego. Ponieważ jednak na chromosomie V znajduje się również kilka genów kodujących białka zaangażowane w procesy istotne dla zachowania stabilności genetycznej, a wśród nich *RAD51*, gen kodujący rekombinazę zaangażowaną w naprawę pęknięć DNA na drodze rekombinacji homologicznej, sprawdziliśmy również efekt nadprodukcji tego genu na fenotypy związane z niestabilnością genetyczną komórek *swi6Δ*. Stwierdzono, że nadekspresja *RAD51* z plazmidu zmniejsza wrażliwość szczepu *swi6Δ* na czynniki genotoksyczne. Co więcej, zwiększona ekspresja *RAD51* jest warunkiem koniecznym do przeżycia komórek pozbawionych *SWI6*. Jak wykazano, w mutantach *swi6Δ* poziom białka Rad51 jest kilkukrotnie podwyższony. Umożliwia to efektywną naprawę często powstających w tych szczepach pęknięć DNA i zwiększa żywotność komórek. Jednak wysoki poziom Rad51 w komórce prowadzi do nadmiernego używania ścieżek naprawy pęknięć DNA na drodze rekombinacji nieuprawnionej, co prowadzi do licznych rearanżacji DNA, a w rezultacie do destabilizacji genomu. Zatem, podwyższony poziom Rad51 w szczepach pozbawionych *Swi6* jest równocześnie warunkiem koniecznym do przeżycia tych komórek jak i przyczyną ich niestabilności genetycznej.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Wykazanie, że przyczyną niestabilności genetycznej mutantów *swi6Δ* są powstające podczas zaburzonej replikacji pęknięcia DNA, które w wyniku naprawy na drodze rekombinacji nieuprawnionej prowadzą do rearanżacji chromosomalnych.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Stworzenie modelu opisującego w jaki sposób zaburzenia replikacji może doprowadzić do rearanżacyjnych zmian w genomie, będzie pomocne dla innych naukowców badających mechanizmy niestabilności genetycznej. Nie jest wykluczone, że podobne zależności obowiązują w komórkach ludzkich i mogą tłumaczyć fenotypy obserwowane w aneuploidalnych komórkach nowotworowych.

Publikacje:

5592, 5645, 5698, 5699, 5731, 4484/A, 4489/A, 4510/A

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

Zespół: dr hab. Marek Skoneczny, dr Urszula Natkańska (do sierpnia 2018), dr Anna Chelstowska, mgr Łukasz Rymer, mgr Błażej Kempniński

Cel badania:

1. Analiza roli i lokalizacji wewnątrzkomórkowej Hsp31p, białka odpowiedzi na stres o aktywności glioksalazy 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**

Poprzednio ustalono, że Hsp31p, białko drożdży *S. cerevisiae* chroniące przed stresami środowiskowymi, jest zlokalizowane w periplazmie. Jednak w przeciwieństwie do wielu innych białek periplazmatycznych wydzielanych drogą klasyczną za pośrednictwem transportu pęcherzykowego, Hsp31p nie posiada rozpoznawalnego sygnału kierującego do periplazmy. Nie jest to niczym wyjątkowym, gdyż znaczna część białek periplazmatycznych takiego sygnału nie posiada i są one wydzielane w sposób nieklasyczny, przy czym te nieklasyczne drogi sekrecji są bardzo słabo poznane. W minionym roku podjęto próbę identyfikacji reszt aminokwasowych polipeptydu Hsp31p, które są istotne dla jego sekrecji. Zastosowano w tym celu mutagenezę losową i testy fenotypowe wrażliwości komórek wyrażających zmutowane wersje Hsp31p na stres obecności w pożywce metyloglioksalu – toksycznego produktu ubocznego glikolizy, który jest substratem dla aktywności enzymatycznej Hsp31p. Wstępnie wybrane klon zostały następnie zbadane pod względem lokalizacji Hsp31p przy pomocy frakcjonowania komórek połączonego z techniką Western blot. Udało się uzyskać klon o pożądanym fenotypie niezdolności Hsp31p do sekrecji, zidentyfikowano reszty aminokwasowe Hsp31p, które w tych klonach uległy podstawieniu i ustalono lokalizację tych reszt na modelu trójwymiarowym białka Hsp31p. Wynik ten jednoznacznie wskazuje na to, że sekrecja Hsp31p jest procesem specyficznym. Jest również ważnym etapem na drodze do dalszych, planowanych przez nas badań mających na celu identyfikację innych czynników białkowych odpowiedzialnych za sekrecję zarówno Hsp31p jak i innych białek wydzielanych do periplazmy drogą nieklasyczną. Poszerzy to naszą wiedzę na temat nieklasycznych mechanizmów sekrecji białek w drożdżach *S. cerevisiae*.

Ad 2

Istnieją dwa dobrze poznane szlaki importu białek do peroksysomów, zależne od receptorowych peroksyn Pex5p i Pex7p i od sekwencji sygnałowych, odpowiednio PTS1 i PTS2 (ang. peroxisomal targeting signal), obecnych w białkach matrix peroksysomów. Jednak, jak poprzednio ustalono, import niektórych białek peroksysomalnych jest całkowicie lub częściowo niezależny od funkcjonalności tych szlaków i zgromadzone zostały dowody na istnienie jeszcze jednej, dotąd niecharakteryzowanej drogi importu. Receptorem dla niej jest N-końcowa część peroksyny Pex5p. Jednym z białek importowanych wyłącznie tą drogą jest oksydaza acylo-CoA (AOx), która nie posiada ani PTS1 i PTS2. Poprzednio zidentyfikowano reszty aminokwasowe w polipeptydzie AOx istotne dla jej importu do peroksysomów. Obecnie analizowany jest ilościowo import zmutowanych wariantów AOx metodą frakcjonowania komórek połączoną z techniką Western blot. Analiza ta będzie kontynuowana.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Najważniejszym osiągnięciem było uzyskanie mutantów Hsp31p niepodlegających sekrecji do periplazmy. Wynik ten oznacza, że sekrecja tego białka jest procesem specyficznym, co otwiera drogę do dalszych badań nad nieklasycznymi mechanizmami sekrecji w drożdżach *S. cerevisiae*.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Wyniki badań zostaną opisane w publikacjach naukowych oraz zaprezentowane na konferencjach naukowych.

Publikacje:

5645, 5669, 5679, 5698, 5699, 5731, 4484/A, 4489/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 ociepleniem 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*. Przeprowadzono również analizy środowiska edaficznego obszaru objętego ekspansją obcego gatunku. Przeanalizowano zmienność genetyczną rodzimego dla Antarktyki gatunku *Colobanthus quitensis* w granicach jego naturalnego zasięgu. Rozpoczęto badania taksonomiczne gatunków z rodzaju *Colobanthus*. Mikrobiota ryzosfery roślin rodzimych dla Antarktyki (*Deshampsia antarctica*, *C. quitensis*) została wstępnie zbadana. Wykazano, że różni się od mikrobioty występującej w ryzosferze rośliny obcej dla Antarktyki (*Poa annua*) i zależy od gatunku rośliny oraz rodzaju siedliska, na jakim występują, zwłaszcza od właściwości chemicznych i fizycznych gleb.

Kontynuowano badania zasięgów występowania, liczebności 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.

Zweryfikowano metodę analizy obrazów pozyskanych z wykorzystaniem automatycznych fotopułapek naziemnych w celu określenia fenologii i sukcesu lęgowego trzech gatunków pingwinów *Pygoscelis*. Badania prowadzone we współpracy międzynarodowej umożliwiły śledzenie trendów w populacjach rozmieszczonych wzdłuż Półwyspu Antarktycznego. Kontynuowano analizę zasięgu występowania oraz zachowania lęgowego osobników *Aptenodytes patagonicus*, gatunku nierodzimego dla Wyspy Króla Jerzego, Szetlandy Południowe. Kontynuowano analizy wybranych aspektów behawioralnych populacji *Arctocephalus gazella* w monitorowanych obszarach chronionych. Gatunek ten jest ważnym konsumentem kryła antarktycznego.

Wykorzystano zdjęcia lotnicze uzyskane podczas lotu BVLOS (Beyond Visual Line of Sight) do analizy zbiorowisk zwierząt, szaty roślinnej oraz analizy geomorfologicznej Wyspy Pingwiniej (Antarktyka).

Opis najważniejszych osiągnięć:

Zsekwencjonowano chloroplastowy genom *Colobanthus appetalus* i porównano go z chloroplastowym genomem *C. quitensis*. Przeprowadzono analizę genetyczną populacji *C. quitensis* w granicach jego naturalnego zasięgu.

Opracowano metodę analizy obrazów pozyskanych z wykorzystaniem automatycznych fotopułapek naziemnych do badań fenologii i sukcesu lęgowego populacji trzech gatunków pingwinów *Pygoscelis*. Na podstawie zdjęć lotniczych uzyskanych podczas lotu BVLOS wykonano pierwszy w Antarktyce tak szczegółowy opis form geomorfologicznych, rozmieszczenia i liczebności zbiorowisk zwierząt oraz rozmieszczenia zbiorowisk roślinnych. Zastosowanie bezzałogowych samolotów do pozyskania danych w znacznym stopniu poszerzyło obszar badawczy.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Wyniki badań nad liczebnością i rozmieszczeniem populacji ssaków i ptaków morskich, tzw. gatunków wskaźnikowych zasilily międzynarodową bazę danych „Komisji ds. Zachowania 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:

5539, 5606, 5614, 5650, 5655, 5665, 5706, 5732, 5738, 4426/A, 4427/A, 4436/A, 4437/A, 4441/A, 4442/A, 4443/A, 4445/A, 4446/A, 4463/A

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 Zdanowski, dr Jakub Grzesiak, mgr Małgorzata Rogala

Cel badania:

1. Fizjologiczne i genetyczne badania przesiewowe izolatów z kolekcji zimnolubnych izolatów IBB PAN pod kątem produkcji materiałów zapasowych – polihydroksykwasów.
2. Izolacja zespołów bakterii bytujących na zewnątrz i wewnątrz porostów antarktycznych z rodzaju *Usnea* i *Ramalina*.

Opis realizowanych prac:

1. Przebadano 250 izolatów bakteryjnych pod kątem produkcji polihydroksykwasów (PHA) amplifikując techniką PCR fragment genu syntazy polihydroksyalkanianowej stosując specyficzne startery. Opracowano i zastosowano nową technikę do detekcji granul PHA obejmującą: namnażanie, głodzenie (głód azotowy), barwienie i precyzyjny odczyt fluorescencji (aparat Varioskan) badanych zimnolubnych szczepów.
2. Zoptymalizowano odzysk komórek bakteryjnych z plech porostów z rodzaju *Ramalina* i *Usnea* oraz metody mikroskopowe w oparciu o stosowane dotąd techniki, najnowsze doniesienia literaturowe i własne doświadczenia. Odzysk komórek obejmował ustalenie liczebności jednostek tworzących kolonie na podłożach mikrobiologicznych (R2A i jego modyfikacje) oraz całkowitą liczebność w preparatach mikroskopowych po barwieniu fluorochromami DAPI i SYBR.

Opis najważniejszych osiągnięć:

1. Dzięki zoptymalizowanej metodzie detekcji granul PHA udało się ustalić, iż ponad połowa (56%) z przebadanych szczepów ma zdolność do produkcji tzw. bioplastików. Detekcja metodą PCR ujawniła, iż jedynie 1/3 izolatów ma do tego predyspozycje.
2. Wzbogacenie pożywek agarowych o wybrane alkohole cukrowe pozwoliło na podniesienie liczebności obserwowanych jednostek tworzących kolonie o ok. 20%. Użycie łagodnych surfaktantów, sonikacja i wirowanie pozwoliło oddzielić komórki bakterii od plechy porostu i wydajne zliczanie ich w mikroskopie epifluorescencyjnym.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Uzyskane dane zostaną wykorzystane w publikacjach w czasopismach recenzowanych, jako podwaliny pod dalsze prace badawcze, badania wstępne do projektów oraz w pracach laboratoryjno-terenowych na Stacji im. Arctowskiego w Antarktyce. Nowo uzyskane szczepy bakterii i dodatkowe informacje o już zdeponowanych uzupełnią Kolekcję Szczepów IBB PAN.

Publikacje:

5622, 5631

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

Zespół: dr hab. Tomasz Sarnowski, prof. IBB PAN dr Szymon Kubala, dr Anna Maassen, dr Sebastian Sacharowski, mgr inż. Paweł Ćwiek, mgr Dorota Zugaj, mgr inż. Paulina Kondrak, mgr inż. Jarosław Steciuk, Paweł Kowalewski, Piotr Bartosz, Joanna Kosior

Cel badania:

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

Opis realizowanych prac:

Przeanalizowana została funkcja głównych maszynerii związanych z przebudową chromatyny w kontroli procesów związanych z regulacją metabolizmu, transkrypcyjnej kontroli ekspresji genów, splicingu i procesowaniem mRNA, etc. z wykorzystaniem roślin i ludzkich linii komórkowych – dwóch wartościowych układów modelowych. Wstępnie określony został wpływ zaburzeń maszynerii kontrolujących strukturę chromatyny na oddziaływania dalekiego zasięgu w chromatynie, splicing, inicjację transkrypcji itp. a także wpływ inaktywacji kompleksów SWI/SNF na rozwój i progresję różnego typu nowotworów m.in. raka gruczołowo-torbielowatego ślinianek.

Opis najważniejszych osiągnięć:

1. Określono, że zaburzenie funkcjonalności kompleksów remodelujących chromatynę typu SWI/SNF ma istotny wpływ na rozwój i oporność na chemioterapię gruczołowo-torbielowatego raka ślinianek – praca pt. „Advanced adenoid cystic carcinoma (ACC) is featured by SWI/SNF chromatin remodeling complex aberrations” przyjęta do druku w czasopiśmie Journal of Cancer Research and Clinical Oncology (opublikowana online 31 października 2018 r.).
2. Wykazano, że wiązanie kompleksów remodelujących chromatynę do sekwencji docelowych zależy od funkcjonalności białek partnerskich kompleksu.
3. Zidentyfikowano zależny od czynników środowiskowych mechanizm regulacji ekspresji genów przez kompleksu typu SWI/SNF.
4. Oceniono wpływ kompleksów SWI/SNF na alternatywny splicing i kontrolę struktur wyższego rzędu w chromatynie.

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 ponadpodstawowych oraz zajęć ze studentami biologii i dziedzin pokrewnych SGGW.

Publikacje:

5681, 4420/A, 4421/A, 4422/A, 4423/A, 4424/A, 4536/A, 4537/A, 4538/A, 4539/A, 4540/A, 4541/A, 4542/A, 4543/A, 4550/A, 4564/A, 4565/A, 939/N

Sprawozdanie merytoryczne z prowadzonych na Polskiej Stacji Antarktycznej im. H. Arctowskiego monitoringów środowiskowych za rok 2018

Zespół: dr hab. Robert Bialik, prof. PAN, dr Joanna Plenzler, dr Marta Potocka, dr Anna Kidawa, mgr Kornelia Wójcik, mgr Michał Dziembowski, mgr Maria Osińska

Cel badania:

Określenia warunków klimatycznych, środowiskowych oraz wpływu antropogenicznego na okolice Polskiej Stacji Antarktycznej im. H. Arctowskiego.

Opis realizowanych prac:

1. Monitoring meteorologiczny.
2. Monitoring hydrologiczny Zachodniego Brzegu Zatoki Admiralicji.
3. Monitoring geochemiczny środowiska antarktycznego oraz zmienność funkcjonalna w obrębie biotycznych elementów środowiska Zatoki Admiralicji w Polskiej Stacji Antarktycznej im. H. Arctowskiego.
4. Monitoring gatunków obcych na Wyspie Króla Jerzego.
5. Monitoring oceanograficzny w Zatoce Admiralicji.
6. Monitoring glaciologiczny.

Opis najważniejszych osiągnięć:

1. Opisano występowanie obcego gatunku *Trichocera maculipennis* (Diptera).
2. Określono wpływ wytapiania lodowców Ekologii oraz Baranowskiego na formowanie koryt potoków występujących na ich przedpolach.
3. Określono skład chemiczny wód glacialnych, wypływających z lodowców położonych na Zachodnim Brzegu Zatoki Admiralicji.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Wyniki badań zostały opublikowane w czasopismach naukowych oraz weszły w skład pracy doktorskiej Joanny Sziło, realizowanej w Instytucie Geofizyki PAN pod opieką dr. hab. Roberta Bialika. Ponadto, są wykorzystywane jako tło dla realizacji projektów naukowych prowadzonych na terenie Polskiej Stacji Antarktycznej im. H. Arctowskiego.

Publikacje:

5531, 5582, 5662, 5696, 4434/A, 4438/A, 4439/A, 4440/A

Pracownia Analiz Mikromacierzy

Zespół: dr hab. Marta Kobłowska, dr Roksana Iwanicka-Nowicka, dr hab. Beata Burzyńska, dr Monika Góra

W 2018 roku w Pracowni Analiz Mikromacierzy przeprowadzono eksperymenty z użyciem technologii mikromacierzy i analiz PCR oraz wykonano szereg analiz bioinformatycznych wcześniej uzyskanych danych.

Lista Naukowców IBB PAN współpracujących z Pracownią:

1. Dr Anna Góra – Przeprowadzenie analizy bioinformatycznej danych RNA-seq.
2. Prof. dr hab. Piotr Zielenkiewicz – analiza bioinformatyczna uzyskanych w poprzednim roku danych z mikromacierzy typu Human Transcriptome 2.0 (HTA).
3. Prof. dr hab. Barbara Tudek – wykonanie 12 mikromacierzy typu Human Gene Type 2.1 ST oraz analiza bioinformatyczna danych z 2018 roku oraz wyników uzyskanych w poprzednich latach.
4. Dr Rafał Archacki – wykonanie 32 mikromacierzy typu Arabidopsis Gene1.1ST.
5. Dr hab. Urszula Zielenkiewicz – analizy jakościowe 48 prób RNA.

Pracownia Analiz Mikromacierzy wykonała zlecenia otrzymane z następujących jednostek badawczych i firm:

1. Uniwersytet Medyczny w Łodzi – Wykonanie analizy mikromacierzowej 8 prób RNA przy użyciu mikromacierzy Mouse Gene 2.1 ST Array strip wraz z analizą bioinformatyczną.
2. Instytut Biologii Doświadczalnej im. M. Nenckiego PAN – immunoprecypitacja chromatyny.
3. Firma Clematis – wykonanie analizy obecności wirusa z rodziny *Tombus viridae* w 40 roślinach rodzaju Clematis.

W ramach współpracy naukowej Zespół Pracowni Analiz Mikromacierzy wykonał eksperymenty z zastosowaniem technologii mikromacierzy. Przeprowadzono także odpowiednie analizy bioinformatyczne uzyskanych w pracowni danych.

Naukowcy, z którymi Pracownia współpracowała naukowo w 2018 r.:

1. Dr hab. Anna Bielak – Instytut Biologii Doświadczalnej im. M. Nenckiego PAN.
2. Dr hab. Renata Matlakowska – Wydział Biologii, Uniwersytetu Warszawskiego.
3. Dr Marta Nieckarz – Wydział Biologii, Uniwersytetu Warszawskiego.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Uzyskane wyniki zostaną opublikowane w międzynarodowych czasopismach.

Publikacje:

5610, 4414/A, 4569/A

Serwis Bakulowirusa

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

W 2018 roku w pracowni nadprodukowano w komórkach owadzych (system Bac-To-Bac oraz FlashBac):

1. Białka ludzkie: FTO, kalmodulinę, kinazy CHK1 i CHK2.
2. Białka podstawy pentonu adenowirusa – białko typu dzikiego oraz zawierające epitopy owoalbuminy lub epitopy pochodzące z adhezyny A (PsaA) *Streptococcus pneumoniae*. Otrzymane rekombinowane białka były wykorzystywane do realizacji tematów statutowych IBB PAN.

W ramach działalności usługowej, dla zleceniodawców spoza IBB PAN dla Instytutu Biologii Doświadczalnej PAN im. M. Nenckiego nadprodukowano pochodzącą z myszy *Mus musculus* kinezyne Kif5 – białko typu dzikiego, z mutacją punktową E1760K, oraz białka fuzyjne ze znacznikami SNAP oraz histydynowym.

Pracownia Hodowli Komórkowych

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

W 2018 roku w Pracowni realizowane były badania dotyczące szeregu zagadnień.

1. Badania nad liniami komórkowymi keratynocytów: HaCaT i N-HEK (grupa prof. dr hab. Wojciecha Bala, Zakład Biofizyki).
2. Charakterystyka procesu aktywacji receptora RAGE w obecności lizeniny – toksyny wiążącej sfingomielinę traw lipidowych (grupa prof. dr hab. Wojciecha Bala, Zakład Biofizyki).
3. Badanie właściwości biologicznych, w tym efektu cytotoksycznego, dla nowych pochodnych dibenzodiazocynowych (dr Adam Mieczkowski, mgr Bartosz Bieszczad – grupa prof. Wojciecha Bala, Zakład Biofizyki; mgr Damian Garbicz – grupa prof. dr hab. Elżbiety Grzesiuk).
4. Rola peroksydacji lipidów w chorobach rzadkich oraz poszukiwanie nowych leków przeciwnowotworowych (grupa prof. dr hab. Barbary Tudek, Zakład Biologii Molekularnej).
5. Wykorzystanie linii komórkowych do badań właściwości nowo syntetyzowanych antynowotworowych związków z grupy antrachinonów, stilbenów i flawonoidów (grupa prof. dr hab. Elżbiety Grzesiuk, Zakład Biologii Molekularnej).
6. 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).
7. Analiza konkurencji izogenicznych klonów komórek (dr hab. Szymon Kaczanowski, Zakład Bioinformatyki, grupa prof. dr hab. Barbary Tudek, Zakład Biologii Molekularnej).
8. Badanie procesu programowanej śmierci komórki w mutantach drożdży *Saccharomyces cerevisiae* (grupa dr hab. Róży Kucharczyk prof. IBB, Zakład Genetyki).
9. Zastosowanie cząstki wirusopodobnej – dodekahedronu adenowirusa jako nośnika dla czynników o potencjalnym działaniu terapeutycznym i platformy szczepionkowej (grupa dr hab. Ewy Szolańskiej, Zakład Biosyntezy Białka).
10. 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 Mutagenety i Reperacji DNA).
11. Wykorzystanie analizy zawartości DNA genomowego komórek drożdży *Saccharomyces cerevisiae* metodą cytometrii przepływowej do badania genetycznych i środowiskowych przyczyn niestabilności genetycznej (dr hab. Adrianna Skoneczna, mgr Justyna Antoniuk-Majchrzak, Pracownia Mutagenety i Reperacji DNA).
12. Badanie regulacji poziomu polimeraz DNA rodziny Y w cyklu komórkowym *Saccharomyces cerevisiae* (grupa prof. dr hab. Ewy Śledziewskiej-Gójskiej, Pracownia Mutagenety i Reperacji DNA).
13. Opracowanie metod proteomicznych wspomagających diagnostykę raka piersi i płuc, opartych na nowatorskich metodach z wykorzystaniem spektrometrii mas (dr Dominik Domański, Środowiskowe Laboratorium Spektrometrii Mas).
14. Badanie regulacji ekspresji tRNA w komórkach nowotworowych i makrofagach (dr Damian Graczyk, Zakład Genetyki).

Pracownia Sekwencjonowania DNA i Syntezy Oligonukleotydów

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

W 2018 roku ramach działalności usługowej dla IBB PAN zsyntetyzowano 2 980 oligonukleotydów oraz zsekwencjonowano na aparatach ABI 3730 i ABI 3730 xl 16 227 matryc DNA, co przy średniej długości odczytu 850bp daje 13 792 950 zasad.

Dla 120 zleceniodawców spoza IBB PAN zostały zrealizowane zamówienia na zsekwencjonowanie 34 297 matryc i syntezę 15 311 oligonukleotydów.

Za pomocą sekwencjatora genomowego MiSeq Illumina zsekwencjonowano dla IBB PAN 31 genomów bakteryjnych, 10 plazmidów bakteryjnych, 8 genomów drożdży, 2 genomy bakteriofagów i 10 próbek środowiskowych uzyskując łącznie 55 GB par zasad.

W ramach współpracy z jednostkami spoza Instytutu zsekwencjonowano: 66 genomów bakteryjnych, 13 plazmidów bakteryjnych, 9 genomów bakteriofagów, 1 genom muchówki, 1 genom metawirionu oraz 314 próbek środowiskowe otrzymując około 85GB par zasad.

Za pomocą sekwencjatora genomowego MinION zsekwencjonowano dla IBB PAN 10 genomów bakteryjnych, 10 izolatów plazmidowych z bakterii mlekowych oraz 4 próbki metagenomiczne uzyskując łącznie 29,5 GB par zasad.

W ramach współpracy z jednostkami spoza Instytutu zsekwencjonowano: 6 genomów bakterii, 22 izolaty plazmidowe z bakterii, 6 genomów ludzkich, 2 genomy jabłoni, 1 genom tasieca, 2 genomy drożdżowe oraz 14 ludzkich genomów mitochondrialnych otrzymując łącznie około 91GB par zasad.

Dodatkowo w ramach minigrantów, przyznanych doktorantom IBB PAN, wykonano 127 sekwencjonowań matryc DNA i 7 467 reakcji analizy polimorfizmu.

Syntezy oligonukleotydów i sekwencjonowanie matryc wykonano dla następujących zakładów IBB PAN:

		matryce	oligonukleotydy
1.	Zakład Biochemii Drobnoustrojów	3 580	198
2.	Zakład Biochemii Lipidów	399	157
3.	Zakład Biochemii Roślin	460	187
4.	Zakład Biologii Antarktyki	349	56
5.	Zakład Biologii Molekularnej	420	188
6.	Zakład Biofizyki	344	199
7.	Zakład Biosyntezy Białka	278	99
8.	Zakład Genetyki	534	279
9.	Pracownia Biologii RNA i Genomiki Funkcjonalnej	3 591	428
10.	Pracownia Glikobiologii Grzybów	342	225
11.	Pracownia Mutagenyzy i Reperacji DNA	2 980	255
12.	Pracownia Sekwencjonowania DNA	95	34
13.	Środowiskowe Laboratorium Spektrometrii Mas	55	15
14.	Instytut Genetyki i Biotechnologii UW	2 800	660

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

1.	Centrum Materiałów Polimerowych i Węglowych PAN, Zabrze
2.	Europejskie Regionalne Centrum Ekohydrologii PAN, Łódź
3.	Instytut Biologii Doświadczalnej PAN im. M. Nenckiego, Warszawa
4.	Instytut Biologii Medycznej PAN, Łódź
5.	Instytut Biologii Ssaków PAN, Białowieża
6.	Instytut Chemii Bioorganicznej PAN, Poznań
7.	Instytut Farmakologii PAN, Kraków
8.	Instytut Genetyki Człowieka PAN, Poznań
9.	Instytut Genetyki i Hodowli Zwierząt PAN, Jastrzębiec
10.	Instytut Genetyki Roślin PAN, Poznań
11.	Instytut Immunologii i Terapii i Doświadczalnej PAN, Wrocław
12.	Instytut Medycyny Doświadczalnej i Klinicznej PAN, Warszawa
13.	Instytut Medycyny Wsi, Lublin
14.	Instytut Rozrodu Zwierząt i Badań Żywności PAN, Olsztyn
15.	Instytut Systematyki i Ewolucji Zwierząt PAN, Kraków

16.	Muzeum i Instytut Zoologii PAN, Warszawa
17.	Zakład Ichtiobiologii i Gospodarki Rybackiej PAN, Gołysz
18.	Międzynarodowy Instytut Biologii Molekularnej i Komórkowej, Warszawa
19.	Akademia Wychowania Fizycznego, Poznań
20.	Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego, Warszawa
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 Mikołaja Kopernika, Toruń
30.	Uniwersytet Przyrodniczy, Lublin
31.	Uniwersytet Przyrodniczy, Poznań
32.	Uniwersytet Przyrodniczy, Wrocław
33.	Uniwersytet Rolniczy, Kraków
34.	Uniwersytet Rzeszowski, Rzeszów
35.	Uniwersytet Szczeciński, Szczecin
36.	Uniwersytet Śląski, Katowice
37.	Uniwersytet Warmińsko-Mazurski, Olsztyn
38.	Uniwersytet Warszawski, Warszawa
39.	Uniwersytet Wrocławski, Wrocław
40.	Gdański Uniwersytet Medyczny, Gdańsk
41.	Pomorski Uniwersytet Medyczny, Szczecin
42.	Śląski Uniwersytet Medyczny, Katowice
43.	Uniwersytet Medyczny, Białystok
44.	Uniwersytet Medyczny, Lublin
45.	Uniwersytet Medyczny, Łódź
46.	Uniwersytet Medyczny, Poznań
47.	Uniwersytet Medyczny, Wrocław
48.	Warszawski Uniwersytet Medyczny, Warszawa
49.	Uniwersytet Technologiczno-Przyrodniczy, Bydgoszcz
50.	Politechnika Gdańska, Gdańsk
51.	Politechnika Łódzka, Łódź
52.	Politechnika Warszawska, Warszawa
53.	Politechnika Wrocławska, Wrocław
54.	Zachodniopomorski Uniwersytet Technologiczny, Szczecin
55.	Wojskowa Akademia Techniczna, Warszawa
56.	Centralny Instytut Ochrony Pracy PIB, Warszawa

57.	Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin PIB, Radzików
58.	Instytut Ochrony Roślin PIB, Poznań
59.	Państwowy Instytut Weterynaryjny PIB, Puławy
60.	Instytut Zootechniki PIB, Kraków
61.	Centrum Medyczne Kształcenia Podyplomowego, Warszawa
62.	Centrum Onkologii, Warszawa
63.	Instytut Ekspertyz Sądowych, Kraków
64.	Instytut Fizjologii i Patologii Słuchu, Warszawa
65.	Instytut Matki i Dziecka, Warszawa
66.	Instytut Ogrodnictwa, Skierniewice
67.	Instytut Psychiatrii i Neurologii, Warszawa
68.	Instytut Roślin i Przetworów Zielarskich, Poznań
69.	Narodowy Instytut Geriatrii, Reumatologii i Rehabilitacji, Warszawa
70.	Narodowy Instytut Leków, Warszawa
71.	Narodowy Instytut Zdrowia Publicznego - PZH, Warszawa
72.	Samodzielny Publiczny Centralny Szpital Kliniczny, Warszawa
73.	Samodzielny Publiczny Dziecięcy Szpital Kliniczny, Warszawa
74.	Szpital Specjalistyczny, Brzozów
75.	Wojewódzki Inspektorat Weterynarii, Siedlce
76.	Wojewódzki Inspektorat Weterynarii, Opole
77.	Wojewódzka Stacja Sanitarno-Epidemiologiczna, Bydgoszcz
78.	Wojskowy Instytut Higieny i Epidemiologii, Warszawa
79.	Centrum Nauki Kopernik, Warszawa
80.	Fundacja dla Uniwersytetu Wrocławskiego, Wrocław
81.	Główny Inspektorat Jakości Handlowej Artykułów Rolno-Spożywczych, Warszawa
82.	Izba Administracji Skarbowej, Gdańsk
83.	Stowarzyszenie dla Natury Wilk, Godziszka
84.	Adamed sp. z o.o., Pińków
85.	A-Biotech sp. j., Wrocław
86.	Bacto-Tech sp. z o.o., Toruń
87.	Bioceltix sp. z o.o., Wrocław
88.	Bioton SA, Warszawa
89.	Cedrob SA, Poznań
90.	CELON PHARMA S.A, Kielpin
91.	Celther Polska sp. z o.o., Zakroczym
92.	Centrum Medyczne MedGen, Warszawa
93.	Centrum Genetyki Medycznej Genesis sp. z o.o., Poznań
94.	Cigen sp.z o.o., Ostrów Wielkopolski
95.	Curiosity Diagnostics, Warszawa
96.	Demeter sp. z o.o., Warszawa
97.	EURx sp. z o.o., Gdańsk

98.	Genomtec S.A., Wrocław
99.	Genotyp Studio, Warszawa
100.	Helix Immuno-Oncology sp. z o.o., Warszawa
101.	Hodowla Roślin Strzelce sp. z o.o. Grupa IHAR, Strzelce
102.	Hurt-Chem Hurtownia Odczynników Chemicznych, Duchnice
103.	Instytut Badań DNA sp.z o.o. Warszawa
104.	Instytut BioInfoBank sp. z o.o., Poznań
105.	Laboratorium Badań Genetycznych sp. z o.o., Lublin
106.	Laboratorium Dermatologiczne Derma-Lab sp. z o.o., Wrocław
107.	MBS Szkolenia Konferencyjne Usługi sp. z o.o., Warszawa
108.	MediGen, Warszawa
109.	Medycyna Diagnostyczna PUM sp. z o.o., Szczecin
110.	OncoArendi Therapeutics SA Warszawa
111.	Oncogene Diagnostics, Kraków
112.	Przedsiębiorstwo Handlowe Vinc Gdynia
113.	Pure Biologics SA Wrocław
114.	RDLS sp.z o.o. Warszawa
115.	Read Gene s.s., Szczecin
116.	Rex Company, Wrocław
117.	SoftSystem sp.z o.o. Rzeszów
118.	Synevo Polska, Warszawa
119.	Wildlife Consulting, Lipowa
120.	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:

Wykonano usługi pomiaru ilościowego mRNA w różnych próbkach dostarczonych przez klientów IBB PAN oraz zewnętrznych. Oznaczano również liczbę kopii genów w materiale dostarczonym przez klientów. Wykonano około 13 630 reakcji, łącznie z opracowaniem metodyki analiz i projektowaniem starterów.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

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

Publikacje:

5558, 5618, 4486/A

Środowiskowe Laboratorium Spektrometrii Mas

Zespół: prof. dr hab. Michał Dadlez, dr Dominik Domański, dr Ewa Sitkiewicz, mgr Jacek Olędzki, mgr Magdalena Bakun, mgr Agnieszka Fabijańska, mgr Piotr Zarębski, mgr Radosław Jaźwiec, mgr Emilia Pawłowska, mgr Mariusz Radkiewicz, mgr Agata Malinowska, mgr Michał Kistowski, mgr Katarzyna Dąbrowska, mgr Katarzyna Bucholc, mgr Agnieszka Fatalaska, mgr Bianka Świdarska, mgr Dominik Cysewski (doktorant prof. dr. hab. Andrzeja Dziembowskiego)

Cel badania:

Analizy proteomiczne i metabolomiczne.

Opis realizowanych prac:

Laboratorium, wzorem lat poprzednich, uczestniczyło w wielu projektach, wykonując różnego typu analizy proteomiczne i analizy związków niskocząsteczkowych, w tym leków i ich metabolitów. Globalne analizy proteomiczne w ujęciu różnicowym wskazały na izomerazę mostków dwusiarczkowych jako potencjalnego partnera związku SK053 o działaniu przeciwbiałaczkowym. Pokazano następnie, że hamowanie izomerazy może być strategią terapeutyczną w ostrej białacze szpikowej (5703). Poprzez wdrożenie integracyjnego podejścia łączącego ukierunkowaną proteomikę, transkryptomikę ilościową i badania fizjologiczne pokazano, że proteaza FTSH4 odgrywa ważną rolę w biogenezie kompleksów oksydacyjnej fosforylacji (OXPHOS), a tym samym w biogenezie mitochondriów podczas kiełkowania nasion *Arabidopsis* (5628). Analizy globalne były także zastosowane do badania kompleksów reduktazy tiolowej HP0231, zaangażowanej w procesy kolonizacji błony śluzowej żołądka przez *Helicobacter pylori* (5718). Określono też skład białkowy katalitycznie aktywnego kompleksu białkowego obróbki histonowego pre-mRNA (5694), a także wykonano katalogowanie białek charakterystycznych dla smółki noworodków (5621), czy białek docelowych SUMO w *Caenorhabditis Elegans* (5547). Mapowanie modyfikacji potranslacyjnych zastosowano w fosfoproteomicie białek docelowych potencjalnej kinazy DIA1/C3orf58 (5586). Poszerzono panel celowanych cytokeratynowych markerów raka płuc w płynie opłucnowym (5583).

Część laboratorium odpowiedzialna za analizy substancji niskocząsteczkowych kontynuowała projekty rozpoczęte w poprzednich latach takie jak: oznaczanie leków immunosupresyjnych we krwi pełnej (Novartis; Instytut Kardiologii w Aninie; Uniwersytecki Szpital Kliniczny, Wrocław, Gdańsk; CZD; CSK Warszawa), aktywnego metabolitu leflunomidu (Sandoz), wolnych i całkowitych kwasów tłuszczowych w osoczu (prof. Stefan Pierzynowski, firma). Opracowano metodę oznaczania doksorubicyny oraz wykonano oznaczenia w pożywkach bakteryjnych dla prof. Barbary Tudek (IBB PAN). Kontynuowano badania farmakokinetyczne nowych związków dla OncoArendi w ramach grantów: STRATEGMED, AmCase, YKL40. Kontynuowano oznaczania aminokwasów w osoczu, i tkankach (OncoArendi, WUM). Dla dr. hab. Marcina Ufnala (WUM) wykonano oznaczenia krótkołańcuchowych kwasów tłuszczowych (KŁKT) w próbkach osocza, moczu i ekstraktu kału oraz trimetyloaminy i jej tlenku w osoczu, opracowano też metodę ich oznaczania w homogenatach tkankowych (5625, 5715, 5728). Dla AWFIS Gdańsk wykonano oznaczenia trimetyloaminy i jej tlenku w osoczu ludzkim oraz ustawiono metodę oznaczania karnityny w osoczu i metodę oznaczania leucyny w osoczu. Została opracowana i zwalidowana metoda oznaczania średnio- i długołańcuchowych kwasów tłuszczowych w osoczu. Wykonano oznaczenie próbek osocza myszy z modelem otyłości dla prof. Jerzego Ostrowskiego (Centrum Onkologii w Warszawie). Testowano oznaczenie panelu kwasów tłuszczowych w rozwiłkach dla dr. Piotra Maszczyka (UW). Przeprowadzono wstępne eksperymenty z wykorzystaniem różnych odczynników upoходniających aminokwasy.

Opublikowane zostały prace bazujące na eksperymentach z poprzednich lat dotyczących:

- leków immunosupresyjnych i ich metabolitów we krwi pełnej (5649, 5668) oraz krwi pełnej i mleku pacjentek (5569) (WUM),
- asymetrycznej i symetrycznej dimetyloargininy w dializatach płynu mózgowo-rdzeniowego dla IMDiK (5727).

Opis najważniejszych osiągnięć:

Wskazanie izomerazy mostków dwusiarczkowych jako miejsca uchwytu leku antybiałaczkowego SK053 i potencjalnego celu terapii antynowotworowej. Uzyskanie składu białkowego katalitycznie aktywnego kompleksu białkowego obróbki histonowego pre-mRNA Wykazanie, że panel markerów keratynowych analizowany w płynie z jamy opłucnowej pozwala na różnicowanie podtypów raka płuc.

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:

5535, 5547, 5569, 5583, 5586, 5621, 5625, 5628, 5637, 5649, 5668, 5694, 5703, 5715, 5718, 5727, 5728, 4428/A, 4431/A, 4475/A

Pracownia Mikroskopii Konfokalnej i Fluorescencyjnej

Zespół: dr Małgorzata Lichocka, dr Anna Anielska-Mazur

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 żywych komórek 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 linii 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.

Mikroskop fluorescencyjny Nikon E800 wykorzystano w wymiarze 291 godz. przez samodzielnych użytkowników.

Mikroskop konfokalny Nikon C1 wykorzystano ogółem w wymiarze 530 godz. przez samodzielnych użytkowników po przeszkoleniu a także w ramach usług i współpracy naukowej.

Z infrastruktury Pracowni korzystali pracownicy IBB PAN, 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.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Opracowano pomiar wielkości izolowanych mitochondriów z *Saccharomyces cerevisiae* wyznakowanych fluorescencyjnie w warunkach zwiększonej przepuszczalności błony mitochondrialnej (aktywacja kanałów PTP ang. permeability transition pore) (Niedzwiecka et al. Biochim Biophys Acta 2018).

Scharakteryzowano lokalizację komórkową aneksyny 5 u *Arabidopsis thaliana* wykazując jej obecność w nukleoidzie plastydowym, jąderku i jądrze komórkowym (Lichocka et al. BMC Plant Biol. 2018).

Scharakteryzowano lokalizację komórkową dehydryn ERD10 i ERD14 u *Arabidopsis thaliana* w warunkach stresu solnego (Maszkowska et al. Plant Cell Environ. 2018).

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Analizy mikroskopowe wykonane w Pracowni Mikroskopii Konfokalnej i Fluorescencyjnej umożliwiły realizację prac magisterskich, doktorskich, a przede wszystkim realizację projektów badawczych uwzględniających techniki mikroskopii, których wyniki zostały zawarte w publikacjach.

Publikacje:

5538, 5671, 5574

Kolekcja Szczepów IBB PAN „COLIBB”

Opiekun kolekcji: dr Karolina Makiela-Dzbeńska

Utworzona w 2000 roku w Instytucie Biochemii i Biofizyki PAN kolekcja plazmidów oraz szczepów bakteryjnych i drożdżowych COLIBB 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 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

Seminaria instytutowe w roku 2018

L.p.	Data	Prelegent	Tytuł seminarium
1.	09.01.2018	mgr Barbara Kalenik (Zakład Biosyntezy Białka, IBB PAN)	„Analysis of the spleen transcriptome of chickens immunized with vaccines based on hemagglutinin of avian influenza H5N1.”
2.	09.01.2018	dr Rafał Mostowy (Faculty of Medicine, School of Public Health, Imperial College London, London, UK)	„Diversity and evolution of polysaccharide capsules in Enterobacteriaceae: implications for treatment design.”
3.	15.01.2018	dr Armando Arias (Technical University of Denmark, Lyngby, Denmark)	„Unravelling the determinants of virus replication fidelity and their role in pathogenesis.”
4.	16.01.2018	mgr Agata Wróblewska-Świniarska (Zakład Biosyntezy Białka, IBB PAN)	„Seed dormancy regulation in <i>Arabidopsis thaliana</i> ecotypes.”
5.	23.01.2018	dr Anna Piasecka (Międzynarodowy Instytut Biologii Molekularnej i Komórkowej, Warszawa)	„Structural characterisation of a proteasome-like protein Anbu.”
6.	30.01.2018	mgr Krystyna Bińko (Zakład Genetyki, IBB PAN)	„Biogenesis of mitochondrial ATP synthase: regulation of mitochondrially encoded subunits expression by their assembly into the complex.”
7.	06.02.2018	dr Monika Piwecka (Systems Biology of Gene Regulatory Elements, Berlin Institute for Medical Systems Biology, Berlin, Germany)	„Function of circular RNAs in the mammalian brain.”
8.	20.02.2018	dr Aneta Bartosik (Zakład Biochemii Drobnoustrojów, IBB PAN)	„Bacterial chromosome segregation – studies on ParA-ParB-DNA interactions in <i>Pseudomonas aeruginosa</i> .”
9.	27.02.2018	dr Adam Kawalek (Zakład Biochemii Drobnoustrojów, IBB PAN)	„Partitioning protein ParB as a transcriptional regulator in <i>Pseudomonas aeruginosa</i> .”
10.	06.03.2018	mgr Ewa Szwajczak (Pracownia Mutagenезy i Reperacji DNA, IBB PAN)	„Participation of different forms of DNA polymerase zeta in mutagenesis in yeasts <i>Saccharomyces cerevisiae</i> .”
11.	13.03.2018	mgr inż. Justyna Maszkowska (Zakład Biochemii Roślin, IBB PAN)	„SNF1-related Protein Kinases 2 (SnRK2s) – moving beyond abscisic acid pathway.”
12.	20.03.2018	dr. Franziska Turck (Transcription Control in Flowering Time, Department of Plant Developmental Biology, Max Planck Institute for Plant Breeding Research, Cologne, Germany)	„Transcription factors and Polycomb Group proteins orchestrate plant development.”
13.	26.03.2018	prof. Lloyd Demetrius (Department of Organismic and Evolutionary Biology, Harvard University, Cambridge, USA)	„The etiology of aging and age related diseases.”

14.	27.03.2018	mgr Marlena Kisiała (Międzynarodowy Instytut Biologii Molekularnej i Komórkowej, Warszawa)	„Structural studies of restriction endonucleases of biotechnological interest.”
15.	10.04.2018	dr hab. Grażyna Faure (Institut Pasteur, Paryż, Francja)	„Secreted phospholipase A2 as a ligand and modulator of several protein targets (human CFTR, coagulation FXa and nicotinic acetylcholine receptor). Mechanism of action and therapeutic potential.”
16.	17.04.2018	dr Ruslan Yatusiewicz (Zakład Biosyntezy Białka, IBB PAN)	„Antisense transcription is crucial for plants environmental sensing and unraveling novel gene functions.”
17.	08.05.2018	prof. dr hab. Marek Figlerowicz (Instytut Chemii Bioorganicznej PAN, Poznań)	„Kształtowanie się państwa Piastów w świetle zintegrowanych badań genomicznych, archeologicznych i historycznych.”
18.	15.05.2018	dr Sebastian Sacharowski (Zakład Biosyntezy Białka, IBB PAN)	„Charakterystyka funkcjonalna białek typu SWP73 u Arabidopsis.”
19.	17.05.2018	dr Marta Garbacz (National Institute of Environmental Health Sciences, Rockville, Maryland, USA)	„Evidence that DNA polymerase delta contributes to initiating leading strand DNA replication in <i>Saccharomyces cerevisiae</i> .”
20.	18.05.2018	prof. Alexander Włodawer (Macromolecular Crystallography Laboratory NCI-Frederick, USA)	„Signaling through interleukin/interferon receptors – outside and inside of the cell.”
21.	22.05.2018	mgr inż. Marta Jedynak (Zakład Biosyntezy Białka, IBB PAN)	„The use of adenoviral dodecahedron as a carrier for intracellular delivery of biomolecules.”
22.	29.05.2018	prof. Martin Kupiec (Department of Molecular Microbiology and Biotechnology, Tel Aviv University, Israel)	„Elg1, a guardian of genome stability.”
23.	05.06.2018	mgr Błażej Kempieński (Zakład Genetyki, IBB PAN)	„PTS3-dependent peroxisomal targeting pathway in <i>Saccharomyces cerevisiae</i> .”
24.	12.06.2018	dr Marta Grech-Baran (Pracownia Patogenezy Roślin, IBB PAN)	„Isolation and characterisation of Rysto gene confering extreme resistance to PVY infection.”
25.	19.06.2018	prof. Rebecca Jane Cox (Professor of Medical Virology and Head of the Influenza Centre, University of Bergen, Norwegia)	„Should we annually vaccinate health care workers against influenza?”
26.	20.06.2018	prof. Hugh Harris (Department of Chemistry, University of Adelaide, Australia)	„X-ray fluorescence imaging and X-ray absorption spectroscopy yield insight into Ni chemistry in Ni hyperaccumulating plants.”
27.	26.06.2018	mgr Izabela Ziuzia-Graczyk (Zakład Biologii Molekularnej, IBB PAN)	„The investigation of the interactions between two bacteriophage proteins, T4 primase (gp61) and RB69 DNA polymerase (gp43).”
28.	10.07.2018	dr Sebastian Marquard (Copenhagen Plant Science Centre University of Copenhagen, Copenhagen, Denmark)	„Rules and Roles of long non-coding RNA transcription.”

29.	11.09.2018	prof. Qianwen Sun (Center for Plant Biology and Tsinghua-Peking Joint Center for Life Sciences, School of Life Sciences, Tsinghua University, Beijing, China)	„R-loop, the functional chromatin structure in the Arabidopsis genomes.”
30.	17.09.2018	Gracjan Michlewski PhD (Division of Infection and Pathway Medicine, University of Edinburgh, UK)	„Regulation of RNA processing and signaling by RNA-binding proteins.”
31.	18.09.2018	prof. Asaph Aharoni (Department of Plant and Environmental Sciences, Weizmann Institute of Science, Rehovot, Israel)	„The rise of metabolic gene clusters in plant secondary metabolism.”
32.	01.10.2018	dr Katarzyna Bębenek (National Institute of Environmental Health Sciences, Rockville, Maryland, USA)	„The role of URA7 in maintaining the fidelity of DNA replication in <i>Saccharomyces cerevisiae</i> .”
33.	09.10.2018	dr hab. Piotr Ziółkowski (Zakład Biologii Genomu, Instytut Biologii Molekularnej i Biotechnologii, UAM, Poznań)	„Leashing the beast – crossover control in plants.”
34.	16.10.2018	dr Małgorzata Lichocka (Pracownia Patogenezy Roślin, IBB PAN)	„Nucleus and plastid – localized annexin 5 is involved in Arabidopsis development.”
35.	18.10.2018	dr Jakub Drożak (Wydział Biologii, Uniwersytet Warszawski)	„Orphan enzymes: molecular identification of actin-specific histidine N-methyltransferase.”
36.	23.10.2018	dr Roman Szczęsny (Pracownia Biologii RNA i Genomiki Funkcjonalnej, IBB PAN)	„RNA decay and surveillance in human mitochondria.”
37.	30.10.2018	dr Ulrike Topf (Zakład Genetyki, IBB PAN)	„Cellular response mechanisms to proteostatic stress.”
38.	13.11.2018	mgr Dorota Zugaj (Zakład Biosyntezy Białka, IBB PAN)	„Functional Characteristics of <i>Arabidopsis</i> <i>thaliana</i> ALKBH 10B Protein.”
39.	27.11.2018	mgr Karolina Bossak-Ahmad (Zakład Biofizyki, IBB PAN)	„Prevalence of ternary complex formation of His2 peptides in the presence of Cu(II).”
40.	03.12.2018	Saïd EL ALAOUI, Ph.D (CEO & Scientific Director Covalab R&D in Biotechnology, Villeurbanne, France)	„From the bench to the market: Valorisation of the research.”
41.	11.12.2018	dr Dorota Niedziałek (Zakład Bioinformatyki, IBB PAN)	„Disarming Alzheimer's disease with phototriggered molecular tools.”
42.	18.12.2018	mgr Magdalena Chmielewska-Jeznach (Zakład Biochemii Drobnoustrojów, IBB PAN)	„Characterization of lytic bacteriophages infecting <i>Lactococcus lactis</i> – physiological and genomic analysis.”

ARTYKUŁY 2018

5531

SZOPIŃSKA M., SZUMIŃSKA D., BIALIK R.J., CHMIEL S., PLENZLER J., POLKOWSKA Ż.

Impact of a newly-formed periglacial environment and other factors on fresh water chemistry at the western shore of Admiralty Bay in the summer of 2016 (King George Island, Maritime Antarctica).

Science of the Total Environment (2018) 613-614: 619-634

DOI: 10.1016/j.scitotenv.2017.09.060

IF 4.610

5532

GRZYB J., GIECZEWSKA K., ŁABUZ J., SZTATELMAN O.

Detailed characterization of *Synechocystis* PCC 6803 ferredoxin:NADP⁺ oxidoreductase interaction with model membranes.

Biochimica et Biophysica Acta – Biomembranes (2018) 1860(2): 281-291

DOI: 10.1016/j.bbamem.2017.10.012

IF 3.438

5533

JUCHNIEWICZ P., KLOSKA A., TYLKI-SZYMAŃSKA A., JAKÓBKIEWICZ-BANECKA J., WĘGRZYN G., MOSKOT M., GABIG-CIMIŃSKA M., PIOTROWSKA E.

Female Fabry disease patients and X-chromosome inactivation.

Gene (2018) 641: 259-264

DOI: 10.1016/j.gene.2017.10.064

IF 2.498

5534

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

Non-steroidal anti-inflammatory drugs are safe with respect to the transcriptome of human dermal fibroblasts.

European Journal of Pharmacology (2018) 818: 206-210

DOI: 10.1016/j.ejphar.2017.10.040

IF 3.040

5535

PRZANOWSKI P., LOSKA S., CYSEWSKI D., DĄBROWSKI M., KAMIŃSKA B.

ISGylation increases stability of numerous proteins including Stat1, which prevents premature termination of immune response in LPS-stimulated microglia.

Neurochemistry International (2018) 112: 227-233

DOI: 10.1016/j.neuint.2017.07.013

IF 3.603

5536

KUŹNIEWSKA B., CHOJNACKA M., MIŁEK J., DZIEMBOWSKA M.

Preparation of polysomal fractions from mouse brain synaptoneurosome and analysis of polysomal-bound mRNAs.

Journal of Neuroscience Methods (2018) 293: 226-233

DOI: 10.1016/j.jneumeth.2017.10.006

IF 2.668

5537

FIGIEL M., KREPL M., PARK S., POZNAŃSKI J., SKOWRONEK K., GOŁĄB A., HA T., ŠPONER J., NOWOTNY M.

Mechanism of polypurine tract primer generation by HIV-1 reverse transcriptase.

Journal of Biological Chemistry (2018) 293(1): 191-202

DOI: 10.1074/jbc.M117.798256

IF 4.010

5538

NIEDŹWIECKA K., TISI R., PENNA S., LICHOCKA M., PŁOCHOCKA D., KUCHARCZYK R.
Two mutations in mitochondrial *ATP6* gene of ATP synthase, related to human cancer, affect ROS, calcium homeostasis and mitochondrial permeability transition in yeast.

Biochimica et Biophysica Acta – Molecular Cell Research (2018) 1865(1): 117-131

DOI: 10.1016/j.bbamcr.2017.10.003

IF 4.651

5539

WÓDKIEWICZ M., CHWEDORZEWSKA K.J., BEDNAREK P.T., ZNÓJ A., ANDROSIUK P., GALERA H.

How much of the invader's genetic variability can slip between our fingers? A case study of secondary dispersal of *Poa annua* on King George Island (Antarctica).

Ecology and Evolution (2018) 8(1): 592-600

DOI: 10.1002/ece3.3675

IF 2.340

5540

JAWOREK J., TUDEK B., KOWALCZYK P., KOT M., SZKLARCZYK J., LEJA-SZPAK A.,
PIERZCHALSKI P., BONIOR J., DEMBIŃSKI A., CERANOWICZ P., WARZECHA Z., NAWROT-
PORĄBKA K., GIL K.

Effect of endotoxemia in suckling rats on pancreatic integrity and exocrine function in adults: a review report.

Gastroenterology Research and Practice (2018) 2018: 6915059 (11 p.)

DOI: 10.1155/2018/6915059

IF 1.859

5541

MUSZEWSKA A., PIŁSYK S., PERLIŃSKA-LENART U., KRUSZEWSKA J.S.

Diversity of cell wall related proteins in human pathogenic fungi.

Journal of Fungi (2018) 4(1): 6 (19 p.)

DOI: 10.3390/jof4010006

IF –

5542

KIRKLAND T.N., MUSZEWSKA A., STAJICH J.E.

Analysis of transposable elements in *Coccidioides* species.

Journal of Fungi (2018) 4(1): 13 (13 p.)

DOI: 10.3390/jof4010013

IF –

5543

BANAŚ A.K., HERMANOWICZ P., SZTATELMAN O., ŁABUZ J., AGGARWAL CH., ZGŁOBICKI P.,
JAGIEŁŁO-FLASIŃSKA D., STRZAŁKA W.

6,4-PP photolyase encoded by *AtUVR3* is localized in nuclei, chloroplasts and mitochondria and its expression is down-regulated by light in a photosynthesis-dependent manner.

Plant and Cell Physiology (2018) 59(1): 44-57

DOI: 10.1093/pcp/pcx159.

IF 4.059

5544

DZIEŁAK M., TRZYBIŃSKI D., CZERWIŃSKA J., MAJCHRZAK B., TUDEK B., WOŹNIAK K.,
MIECZKOWSKI A.

N-(4-Bromobenzyl)-2-(5,6-dimethyl-1*H*-benzo[*d*]imidazol-2-yl) benzeneamine.

Molbank (2018) 1: M979 (7 p.)

DOI: 10.3390/M979

IF –

5545

SCHOVILLE S.D., CHEN Y. H., ANDERSSON M.N., BENOIT J.B., GRYNBERG M., MUSZEWSKA A., ET AL.

A model species for agricultural pest genomics: the genome of the Colorado potato beetle, *Leptinotarsa decemlineata* (Coleoptera: Chrysomelidae).

Scientific Reports (2018) 8: 1931 (18 p.)

DOI: 10.1038/s41598-018-20154-1

IF 4.122

5546

KASPEROWICZ S., CZERWIŃSKA J., MAJCHRZAK B., TUDEK B., MIECZKOWSKI A.

5-Methyl-3,8-di-(2-amino-4-bromophenyl)-4,9-dioxo-1,2,6,7-tetraaza-5 λ 5-phosphaspiro[4.4]nona-2,7-diene.

Molbank (2018) 1: M978 (5 p.)\DOI: 10.3390/M978

IF –

5547

DRABIKOWSKI K., FERRALLI J., KISTOWSKI M., OLĘDZKI J., DADLEZ M., CHIQUET-EHRISMANN R.

Comprehensive list of SUMO targets in *Caenorhabditis elegans* and its implication for evolutionary conservation of SUMO signaling.

Scientific Reports (2018) 8: 1139 (12 p.)

DOI: 10.1038/s41598-018-19424-9

IF 4.122

5548

ŁUKASIK A., BRZOZOWSKA I., ZIELENKIEWICZ U., ZIELENKIEWICZ P.

Detection of plant miRNAs abundance in human breast milk.

International Journal of Molecular Sciences (2018) 19(1): 37 (17 p.)

DOI: 10.3390/ijms19010037

IF 3.687

5549

RAŻEW M., WARKOCKI Z., TAUBE M., KOŁONDRA A., CZARNOCKI-CIECIURA M., NOWAK E., ŁABĘDZKA-DMOCH K., KAWIŃSKA A., PIĄTKOWSKI J., GOLIK P., KOZAK M., DZIEMBOWSKI A., NOWOTNY M.

Structural analysis of mtEXO mitochondrial RNA degradosome reveals tight coupling of nuclease and helicase components.

Nature Communications (2018) 9: 97 (12 p.)

DOI: 10.1038/s41467-017-02570-5

IF 12.353

5550

MOSKOT M., BOCHEŃSKA K., JAKÓBKIEWICZ-BANECKA J., BANECKI B., GABIG-CIMIŃSKA M.

Abnormal sphingolipid world in inflammation specific for lysosomal storage diseases and skin disorders.

International Journal of Molecular Sciences (2018) 19(1): 247 (28 p.)

DOI: 10.3390/ijms19010247

IF 3.687

5551

PŁONKA D., BAL W.

The N-terminus of hepcidin is a strong and potentially biologically relevant Cu(II) chelator.

Inorganica Chimica Acta (2018) 472: 76-81

DOI: 10.1016/j.ica.2017.06.051

IF 2.264

5552

KAMIŃSKI M.A., FURMAŃCZYK E.M., SOBCZAK A., DZIEMBOWSKI A., LIPIŃSKI L.
Pseudomonas silesiensis sp. nov. strain A3T isolated from a biological pesticide sewage treatment plant and analysis of the complete genome sequence.

Systematic and Applied Microbiology (2018) 41(1): 13-22

DOI: 10.1016/j.syapm.2017.09.002

IF 3.899

5553

ŁOBOCKA M., GŁOWACKA A., GOLEC P.

Methods for bacteriophage preservation.

Chapter 17 in: **Bacteriophage Therapy: From Lab to Clinical Practice, Methods in Molecular Biology**,

Ed. J. Azaredo, S. Sillankorva, vol 1693; ISBN 978-1-4939-7394-1 [303 p.] 2018, p.219-230

DOI: 10.1007/978-1-4939-7395-8_17.

5554

CIEPLAK-ROTOWSKA M.K., TARNOWSKI K., RUBIN M., FABIAN M.R., SONENBERG N.,
DADLEZ M., NIEDŹWIECKA A.

Structural dynamics of the GW182 silencing domain including its RNA recognition motif (RRM) revealed by hydrogen-deuterium exchange mass spectrometry.

Journal of the American Society for Mass Spectrometry (2018) 29(1): 158-173

DOI: 10.1007/s13361-017-1830-9

IF 2.869

5555

MIECZKOWSKI A., PSURSKI M., BAGIŃSKI M., BIESZCZAD B., MROCZKOWSKA M., WILCZEK M., CZAJKOWSKA J., TRZYBIŃSKI D., WOŹNIAK K., WIETRZYK J.

Novel (S)-1,3,4,12a-tetrahydropyrazino[2,1-c][1,4]benzodiazepine-6,12(2*H*,11*H*)-dione derivatives:

Selective inhibition of MV-4-11 biphenotypic B myelomonocytic leukemia cells' growth is accompanied by reactive oxygen species overproduction and apoptosis.

Bioorganic and Medicinal Chemistry Letters (2018) 28(4): 618-625

DOI: 10.1016/j.bmcl.2018.01.034

IF 2.442

5556

NOWAKOWSKI M., JAREMKO Ł., WŁADYKA B., DUBIN G., EJCHART A., MAK P.

Spatial attributes of the four-helix bundle group of bacteriocins – the high-resolution structure of BacSp222 in solution.

International Journal of Biological Macromolecules (2018) 107(Pt B): 2715-2724

DOI: 10.1016/j.ijbiomac.2017.10.158

IF 3.909

5557

WAWRZYNÓW B., ŻYLICZ A., ŻYLICZ M.

Chaperoning the guardian of the genome. The two-faced role of molecular chaperones in p53 tumor suppressor action.

Biochimica et Biophysica Acta – Reviews on Cancer (2018) 1869(2): 161–174

DOI: 10.1016/j.bbcan.2017.12.004

IF 8.220

5558

GROMADKA R., CIEŚLA J., OLSZAK K., SZCZEGIELNIAK J., MUSZYŃSKA G., POLKOWSKA-KOWALCZYK L.

Genome-wide analysis and expression profiling of calcium-dependent protein kinases in potato (*Solanum tuberosum*).

Plant Growth Regulation (2018) 84(2): 303–315

DOI: 10.1007/s10725-017-0341-9

IF 2.081

5559

RUSECKA J., KALISZEWSKA M., BARTNIK E., TOŃSKA K.

Nuclear genes involved in mitochondrial diseases caused by instability of mitochondrial DNA.

Journal of Applied Genetics (2018) 59(1): 43-57

DOI: 10.1007/s13353-017-0424-3

IF 1.756

5560

KALENIK B., GÓRA-SOCHACKA A., SIRKO A.

B-defensins – underestimated peptides in influenza combat.

Virus Research (2018) 247: 10-14

DOI: 10.1016/j.virusres.2018.01.008

IF 2.484

5561

KAMIŃSKA K., CZARNECKA A.M., KHAN M.I., FENDLER W., KLEMBA A., KRASOWSKI P., BARTNIK E., SZCZYLIK C.

Effects of cell-cell crosstalk on gene expression patterns in a cell model of renal cell carcinoma lung metastasis.

International Journal of Oncology (2018) 52(3): 768-786

DOI: 10.3892/ijo.2017.4234

IF 3.333

5562

KLADOVA O., BAŻLEKOWA-KARABAN M., BACONNAIS S., PIÉTREMENT O., ISHCENKO A.A., MATKARIMOV B.T., IAKOVLEV D.A., VASENKO A., FEDOROVA O., LE CAM E., TUDEK B., KUZNETSOV N.A., SAPARBAEV M.

The role of the N-terminal domain of human apurinic/aprimidinic endonuclease 1, APE1, in DNA glycosylase stimulation.

DNA Repair (2018) 64: 10-25

DOI: 10.1016/j.dnarep.2018.02.001

IF 4.461

5563

PRZYBOROWSKI Ł., ŁOBODA A.M., KARPÍŃSKI M., BIALIK R.J.

Characteristics of flow around aquatic plants in natural conditions: experimental setup, challenges and difficulties.

Chapter in: **Free Surface Flows and Transport Processes. GeoPlanet: Earth and Planetary Sciences**, Ed.

Kalinowska M., Mrokowska M., Rowiński P. ISBN 978-3-319-70913-0 [502 p.] 2018, p.347-361

DOI: 10.1007/978-3-319-70914-7_23

5564

WORCH R., DUDEK A., KRUPA J., SZYMANIEC A., SETNY P.

Charged N-terminus of influenza fusion peptide facilitates membrane fusion.

International Journal of Molecular Sciences (2018) 19(2): 578 (14 p.)

DOI: 10.3390/ijms19020578

IF 3.687

5565

PIASECKA A., CZAPIŃSKA H., VIELBERG M., SZCZEPANOWSKI R.H., KIEFERSAUER R., REED S., GROLL M., BOCHTLER M.

The *Y. bercovieri* Anbu crystal structure sheds light on the evolution of highly (pseudo)symmetric multimers.

Journal of Molecular Biology (2018) 430(5): 611-627

DOI: 10.1016/j.jmb.2017.11.016

IF 4.894

5566

SMOLIŃSKA E., MOSKOT M., JAKÓBKIEWICZ-BANECKA J., WĘGRZYN G., BANECKI B., SZCZERKOWSKA-DOBOSZ A., PURZYCKA-BOHDAN D., GABIG-CIMIŃSKA M.

Molecular action of isoflavone genistein in the human epithelial cell line HaCaT.

PLOS ONE (2018) 3(2): e0192297 (27 p.)

DOI: 10.1371/journal.pone.0192297

IF 2.766

5567

DOMAGAŁA A., STACHURA J., GABRYSIK M., MUCHOWICZ A., ZAGOŹDŻON R., GOŁĄB J., FIRCIUK M.

Inhibition of autophagy sensitizes cancer cells to Photofrin-based photodynamic therapy.

BMC Cancer (2018) 18: 210 (10 p.)

DOI: 10.1186/s12885-018-4126-y

IF 3.288

5568

BOCHTLER M., MIZGALSKA D., VEILLARD F., NOWAK L. M., HOUSTON J., VEITH P., REYNOLDS E.C., POTEMPA J.

The *Bacteroidetes* Q-rule: Pyroglutamate in signal peptidase I substrates.

Frontiers in Microbiology (2018) 9: 230 (13 p.)

DOI: 10.3389/fmicb.2018.00230

IF 4.019

5569

KOCISZEWSKA-NAJMAN B., MAZANOWSKA N., PIETRZAK B., PĄCZEK L., SZPOTAŃSKA-SIKORSKA M., SCHREIBER-ZAMORA J., HRYNIEWIECKA E., ŻOCHOWSKA D., SAMBOROWSKA E., DADLEZ M., WIELGOŚ M.

Low transfer of Tacrolimus and its metabolites into Colostrum of graft recipient mothers.

Nutrients (2018) 10(3): 267 (13 p.)

DOI: 10.3390/nu10030267

IF 4.196

5570

KAMIŃSKA I., ELBAUM D., SIKORA B., KOWALIK P., MIKULSKI J., FELCYN Z., SAMOL P., WOJCIECHOWSKI T., MINIKAYEV R., PASZKOWICZ W., ZALESZCZYK W., SZEWCZYK M., KONOPKA A., GRUZEL G., PAWLYTA M., DONTEN M., CISZAK K., ZAJDEL K., FRONTCZAK-BANIEWICZ M., STĘPIEŃ P.P., ŁAPIŃSKI M., WILCZYŃSKI G., FRONC K.

Single step synthesis of Er³⁺ and Yb³⁺ ions doped molybdate/Gd₂O₃ core-shell nanoparticles for biomedical imaging.

Nanotechnology (2018) 29(2): 025702 (19 p.)

DOI: 10.1088/1361-6528/aa9974

IF 3.404

5571

AVIN-WITTENBERG T., BALUSKA F., BOZHKO V., ELANDER P.H., FERNIE A.R., GALILI G., HASSAN A., HOFIUS D., ISONO E., LE BARS R., MASCLAUX-DAUBRESSE C., MININA E.A., PELED-ZEHAVI H., COLL N.S., SANDALIO L.M., SATIAT-JEUNEMAITRE B., SIRKO A., TESTILLANO P.S., BATOKO H.

Autophagy-related approaches for improving nutrient use efficiency and crop yield protection.

Journal of Experimental Botany (2018) 69(6): 1335-1353

DOI: 10.1093/jxb/ery069

IF 5.354

5572

SZOSTAKOWSKA M., SZYMCZYK M., BADOWSKA K., TUDEK B., FABISIEWICZ A.
SOX11 expression as a MRD molecular marker for MCL in comparison with t (11;14) and IGH rearrangement.

Medical Oncology (2018) 35(4): 49

DOI: 10.1007/s12032-018-1111-x.

IF 2.920

5573

MULKA-GIEREK M., FORONCEWICZ B., PĄCZEK L., WAWIÓRKO E., KAMIŃSKA J.,
KOSIERADZKI M., MAŁKOWSKI P., MAŁCZUK B., NAZAREWSKI S., MUCHA K.
Nonsteroidal anti-inflammatory drugs and analgesics use by kidney transplant recipients.

Annals of Transplantation (2018) 23: 153-159

DOI: 10.12659/AOT.905856

IF 1.054

5574

BARANOWSKI Ł., KUREK W., LICHOCKA M., SOBCZAK M.

A cryotechnique-based method for low abundance protein immunolocalization in tomato (*Solanum lycopersicum*) roots infected with a nematode, *Globodera rostochiensis*.

Micron (2018) 108: 24-30

DOI: 10.1016/j.micron.2018.02.003

IF 1.728

5575

WAWER I., GOLISZ A., SULKOWSKA A., KAWA D., KULIK A., KUFEL J.

mRNA decapping and 5'-'3' decay contribute to the regulation of ABA signaling in *Arabidopsis thaliana*.

Frontiers in Plant Science (2018) 9: 312 (12 p.)

DOI: 10.3389/fpls.2018.00312

IF 3.678

5576

BLOCH S., NEJMAN-FALEŃCZYK B., PIERZYNOWSKA K., PIOTROWSKA E., WĘGRZYN A.,
MARMINON C., BOUAZIZ Z., NEBOIS P., JOSE J., LE BORGNE M., SASO L., WĘGRZYN G.
Inhibition of Shiga toxin-converting bacteriophage development by novel antioxidant compounds.

Journal of Enzyme Inhibition and Medicinal Chemistry (2018) 33(1): 639-650

DOI: 10.1080/14756366.2018.1444610

IF 3.638

5577

DAUTANT A., MEIER T., HAHN A., TRIBOUILLARD-TANVIER D., DI RAGO J.-P., KUCHARCZYK R.
ATP synthase diseases of mitochondrial genetic origin.

Frontiers in Physiology (2018) 9: 329 (16 p.)

DOI: 10.3389/fphys.2018.00329

IF 3.394

5578

GUTOWSKA-OWSIK D., DE LA SERNA J.B., FRITZSCHE M., NAEEM A., PODOBAS E.I.,
LEEMING M., COLIN-YORK H., O'SHAUGHNESSY R., EGGELING C., OGG G.
Orchestrated control of filaggrin-actin scaffolds underpins cornification.

Cell Death and Disease (2018) 9: 412 (18 p.)

DOI: 10.1038/s41419-018-0407-2

IF 5.638

5579

GRZESIUK M., MIELECKI D., PILŹYS T., GARBICZ D., MARCINKOWSKI M., GRZESIUK E.

How cyclophosphamide at environmentally relevant concentration influences *Daphnia magna* life history and its proteome.

PLOS ONE (2018) 13(4): e0195366 (14 p.)

DOI: 10.1371/journal.pone.0195366

IF 2.766

5580

SZCZĘSNY R.J., KOWALSKA K., KŁOSOWSKA-KOSICKA K., CHLEBOWSKI A., OWCZAREK E.P., WARKOCKI Z., KULIŃSKI T.M., ADAMSKA D., AFFEK K., JĘDROSKOWIAK A., KOTRYS A.V., TOMECKI R., KRAWCZYK P.S., BOROWSKI Ł.S., DZIEMBOWSKI A.

Versatile approach for functional analysis of human proteins and efficient stable cell line generation using FLP-mediated recombination system.

PLOS ONE (2018) 13(3): e0194887 (29 p.)

DOI: 10.1371/journal.pone.0194887

IF 2.766

5581

GRACZYK D., CIEŚLA M., BOGUTA M.

Regulation of tRNA synthesis by the general transcription factors of RNA polymerase III – TFIIB and TFIIC, and by the MAF1 protein.

Biochimica et Biophysica Acta – Gene Regulatory Mechanisms (2018) 1861(4): 320-329

DOI: 10.1016/j.bbagr.2018.01.011

IF 5.179

5582

SZIŁO J., BIALIK R.J.

Grain size distribution of bedload transport in a glaciated catchment (Baranowski Glacier, King George Island, Western Antarctica).

Water (2018) 10(4): 360 (15 p.)

DOI: 10.3390/w10040360

IF 2.069

5583

PERZANOWSKA A., FATALSKA A., WOJTAS G., LEWANDOWICZ A., MICHALAK A., KRASOWSKI G., BORCHERS CH.H., DADLEZ M., DOMAŃSKI D.

An MRM-based cytokeratin marker assay as a tool for cancer studies: application to lung cancer pleural effusions.

Proteomics Clinical Applications (2018) 12 (2-special issue): 1700084 (13 p.)

DOI: 10.1002/prca.201700084

IF 3.567

5584

MIECZKOWSKI A., WIŃSKA P., KACZMAREK M., MROCZKOWSKA M., GARBICZ D., PILŹYS T., MARCINKOWSKI M., PIWOWARSKI J., GRZESIUK E.

2'-Deoxy-2'-azidonucleoside analogs: synthesis and evaluation of antitumor and antimicrobial activity.

Chemical Papers (2018) 72(4): 981-990

DOI: 10.1007/s11696-017-0342-1

IF 0.963

5585

ADRIAENSSENS E.M., WITTMANN J., KUHN J.H., TURNER D., SULLIVAN M.B., DUTILH B.E., JANG H.B., VAN ZYL L.J., KLUMPP J., ŁOBOCKA M., ET AL.

Taxonomy of prokaryotic viruses: 2017 update from the ICTV Bacterial and Archaeal Viruses Subcommittee.

Archives of Virology (2018) 163(4): 1125-1129

DOI: 10.1007/s00705-018-3723-z

IF 2.160

5586

HAREZA A., BAKUN M., ŚWIDERSKA B., DUDKIEWICZ M., KOŚCIELNY A., BAJUR A., JAWORSKI J., DADLEZ M., PAWŁOWSKI K.

Phosphoproteomic insights into processes influenced by the kinase-like protein DIA1/C3orf58.

PeerJ (2018) 6: e4599 (25 p.)

DOI: 10.7717/peerj.4599

IF 2.118

5587

ŁOBODA A.M., BIALIK R.J., KARPIŃSKI M., PRZYBOROWSKI Ł.

Seasonal changes in the biomechanical properties of *Elodea canadensis* Michx.

Aquatic Botany (2018) 147: 43-51

DOI: 10.1016/j.aquabot.2018.03.006

IF 1.787

5588

KRAWCZYK P.S., LIPIŃSKI L., DZIEMBOWSKI A.

PlasFlow: predicting plasmid sequences in metagenomic data using genome signatures.

Nucleic Acids Research (2018) 46(6): e35 (14 p.)

DOI: 10.1093/nar/gkx1321

IF 11.561

5589

DETMAN A., MIELECKI D., PLEŚNIAK Ł., BUCHA M., JANIGA M., MATYASIK I., CHOJNACKA A., JĘDRYSEK M.O., BŁASZCZYK M.K., SIKORA A.

Methane-yielding microbial communities processing lactate-rich substrates: a piece of the anaerobic digestion puzzle.

Biotechnology for Biofuels (2018) 11: 116 (18 p.)

DOI: 10.1186/s13068-018-1106-z

IF 5.497

5590

ROHDE C., RESCH G., PIRNAY J.-P., BLASDEL B.G., DEBARBIEUX L., GELMAN D., GÓRSKI A., HAZAN R., HUYS I., KAKABADZE E., ŁOBOCKA M., MAESTRI A., DE FREITAS ALMEIDA G.M., MAKALATIA K., MALIK D.J., MAŠLAŇOVÁ I., MERABISHVILI M., PANTUCEK R., ROSE T., ŠTVERÁKOVÁ D., VAN RAEMDONCK H., VERBEKEN G., CHANISHVILI N.

Expert opinion on three phage therapy related topics: bacterial phage resistance, phage training and prophages in bacterial production strains.

Viruses (2018) 10(4): 178 (15 p.)

DOI: 10.3390/v10040178

IF 3.761

5591

CHEN E., KIEBISH M.A., McDANIEL J., NIEDŹWIECKA K., KUCHARCZYK R., RAVASZ D., GAO F., NARAIN N.R., SARANGARAJAN R., SEYFRIEND T.N., ADAM-VIZI V., CHINOPOULOS C.

Perturbation of the yeast mitochondrial lipidome and associated membrane proteins following heterologous expression of Artemia-ANT.

Scientific Reports (2018) 8: 5915 (11 p.)

DOI: 10.1038/s41598-018-24305-2

IF 4.122

5592

ZADRĄG-TECZA R., KWOLEK-MIREK B., ALABRUDZIŃSKA M., SKONECZNA A.

Cell size influences the reproductive potential and total lifespan of the *Saccharomyces cerevisiae* yeast as revealed by the analysis of polyploid strains.

Oxidative Medicine and Cellular Longevity (2018): 1898421 (17 p.)

DOI: 10.1155/2018/1898421

IF 4.936

5593

GAWRYŚ O., BARANOWSKA I., GAWARECKA K., ŚWIEŻEWSKA E., DYNIEWICZ J., OLSZYŃSKI K.H., MASNYK M., CHMIELEWSKI M., KOMPANOWSKA-JEZIERSKA E.

Innovative lipid-based carriers containing cationic derivatives of polyisoprenoid alcohols augment the antihypertensive effectiveness of candesartan in spontaneously hypertensive rats.

Hypertension Research (2018) 41(4): 234-245

DOI: 10.1038/s41440-018-0011-y

IF 3.439

5594

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

High-accuracy lagging-strand DNA replication mediated by DNA polymerase dissociation.

PNAS - Proceedings of the National Academy of Sciences USA (2018) 115(16): 4212-4217

DOI: 10.1073/pnas.1720353115

IF 9.504

5595

KAZAŻIĆ S., KARAČIĆ Z., SABLJIĆ I., AGIĆ D., TOMIN M., ABRAMIĆ M., DADLEZ M., TOMIĆ A., TOMIĆ S.

Conservation of the conformational dynamics and ligand binding within M49 enzyme family.

RSC Advances (2018) 8(24): 13310-13322

DOI: 10.1039/c7ra13059g

IF 2.936

5596

FIDLER J., GRABOWSKA A., PRABUCKA B., WIĘSYK A., GÓRA-SOCHACKA A., BIELAWSKI W., POJMAJ M., ZDUNEK-ZASTOCKA E.

The varied ability of grains to synthesize and catabolize ABA is one of the factors affecting dormancy and its release by after-ripening in imbibed triticales grains of cultivars with different pre-harvest sprouting susceptibilities.

Journal of Plant Physiology (2018) 226: 48-55

DOI: 10.1016/j.jplph.2018.03.021

IF 2.833

5597

GODZISZEWSKA J., POGORZELSKA-NOWICKA E., BRODOWSKA M., JAGURA-BURDZY G., WIERZBICKA A.

Detection in raw cow's milk of coliform bacteria – reservoir of antibiotic resistance.

LWT – Food Science and Technology (2018) 93: 634-640

DOI: 10.1016/j.lwt.2018.04.019

IF 3.129

5598

RADZIWIŁŁ-BIEŃKOWSKA J.M., TALBOT P., KAMPHUIS J.B.J., ROBERT V., CARTIER C., FOURQUAUX I., LENTZEN E., AUDINOT J.-N., JAMME F., RÉFRÉGIERS M., BARDOWSKI J.K., LANGELLA P., KOWALCZYK M., HOUDEAU E., THOMAS M., MERCIER-BONIN M.
Toxicity of food-grade TiO₂ to commensal intestinal and transient food-borne bacteria: new insights using Nano-SIMS and synchrotron UV fluorescence imaging.

Frontiers in Microbiology (2018) 9: 794 (14 p.)

DOI: 10.3389/fmicb.2018.00794

IF 4.019

5599

ROBINSON A.R., YOUSEFZADEH M.J., ROZGAJA T.A., WANG J., LI X., TILSTRA J.S., FELDMAN C.H., GREGG S.Q., JOHNSON C.H., SKODA E.M., FRANTZ M.-C., BELL-TEMIN H., POPE-VARSALONA H., GURKAR A.U., NASTO L.A., ROBINSON R.A.S., FUHRMANN-STROISSNIGG H., CZERWIŃSKA J., MCGOWAN S.J., CANTU-MEDELIN N., HARRIS J.B., TUDEK B., ET AL.

Spontaneous DNA damage to the nuclear genome promotes senescence, redox imbalance and aging.

Redox Biology (2018) 17: 259-273

DOI: 10.1016/j.redox.2018.04.007

IF 7.126

5600

SZWAJCAZAK E., FIJAŁKOWSKA I.J., SUSKI C.

The importance of an interaction network for proper DNA polymerase ζ heterotetramer activity.

Current Genetics (2018) 64(3): 575–580

DOI: 10.1007/s00294-017-0789-1

IF 3.574

5601

WIĘSYK A., IWANICKA-NOWICKA R., FOGTMAN A., ZAGÓRSKI-OSTOJA W., GÓRA-SOCHACKA A.

Time-course microarray analysis reveals differences between transcriptional changes in tomato leaves triggered by mild and severe variants of potato spindle tuber viroid.

Viruses (2018) 10(5): 257 (23 p.)

DOI: 10.3390/v10050257

IF 3.761

5602

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

Fast evaluation of protein dynamics from deficient ¹⁵N relaxation data.

Journal of Biomolecular NMR (2018) 70(4): 219-228

DOI: 10.1007/s10858-018-0176-3

IF 2.534

5603

KRATA N., ZAGOŹDŻON R., FORONCEWICZ B., MUCHA K.

Oxidative stress in kidney diseases: the cause or the consequence?

Archivum Immunologiae et Therapiae Experimentalis (2018) 66(3): 211-220

DOI: 10.1007/s00005-017-0496-0

IF 3.018

5604

KORNAKIEWICZ A., CZARNECKA A.M., KHAN M.I., KRASOWSKI P., KOTRYS A.V., SZCZYLIK C.
Effect of everolimus on heterogenous renal cancer cells populations including renal cancer stem cells.

Stem Cell Reviews and Reports (2018) 14(3): 385-397

DOI: 10.1007/s12015-018-9804-2

IF 3.612

5605

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

Pseudomonas aeruginosa partitioning protein ParB acts as a nucleoid-associated protein binding to multiple copies of a parS-related motif.

Nucleic Acids Research (2018) 46(9): 4592-4606

DOI: 10.1093/nar/gky257

IF 11.561

5606

ANDROSIUK P., JASTRZĘBSKI J.P., PAUKSZTO Ł., OKORSKI A., PSZCZÓŁKOWSKA A.,
CHWEDORZEWSKA K.J., KOC J., GÓRECKI R.J., GIEŁWANOWSKA I.

The complete chloroplast genome of *Colobanthus apetalus* (Labill.) Druce: genome organization and comparison with related species.

PeerJ (2018) 6: e4723 (23 p.)

DOI: 10.7717/peerj.4723

IF 2.118

5607

WOLIŃSKA A., KUŹNIAR A., ZIELENKIEWICZ U., BANACH A., BŁASZCZYK M.

Indicators of arable soils fatigue – bacterial families and genera: a metagenomic approach.

Ecological Indicators (2018) 93: 490-500

DOI: 10.1016/j.ecolind.2018.05.033

IF 3.983

5608

SKOCZEŃ N., DAUTANT A., BINKO K., GODARD F., BOUHIER M., SU X., LASSERRE J.-P., GIRAUD
M.-F., TRIBOUILLARD-TANVIER D., CHEN H., DI RAGO J.-P., KUCHARCZYK R.

Molecular basis of diseases caused by the mtDNA mutation m.8969G > A in the subunit *a* of ATP synthase.

Biochimica et Biophysica Acta – Bioenergetics (2018) 1859(8): 602-611

DOI: 10.1016/j.bbabo.2018.05.009

IF 4.280

5609

GOZDEK A., GŁOWACKA-RUTKOWSKA A., GAWOR J., EMPEL J., GROMADKA R., ŁOBOCKA M.B.

Complete genome sequences of two novel *Staphylococcus aureus* podoviruses of potential therapeutic use,

vB_SauP_phiAGO1.3 and vB_SauP_phiAGO1.9.

Genome Announcements (2018) 6(17): e00048-18 (2 p.)

DOI: 10.1128/genomeA.00048-18

IF –

5610

WŁODARCZYK A., LIRSKI M., FOGTMAN A., KOBLOWSKA M., BIDZIŃSKI G., MATLAKOWSKA
R.

The oxidative metabolism of fossil hydrocarbons and sulfide minerals by the lithobiontic microbial community inhabiting deep subterrestrial Kupferschiefer black shale.

Frontiers in Microbiology (2018) 9: 972 (14 p.)

DOI: 10.3389/fmicb.2018.00972

IF 4.019

5611

ŁOBODA A.M., KARPIŃSKI M., BIALIK R.J.

On the relationship between aquatic plant stem characteristics and drag force: is a modeling application possible?

Water (2018) 10(5): 540 (15 p.)

DOI: 10.3390/w10050540

IF 2.069

5612

ADAMSKA-BARTŁOMIEJCZYK A., BEDNARSKA K., BIAŁEK-PIETRAS M., KILIAŃSKA Z.M., MIECZKOWSKI A., OLEJNICZAK A.B., PARADOWSKA E., STUDZIŃSKA M., SUŁOWSKA Z., ŻOŁNIERCZYK J.D., LEŚNIKOWSKI Z.J.

Boron cluster modifications with antiviral, anticancer, and modulation of purinergic receptors' activities based on nucleoside structures.

Chapter 1.2 in: **Boron-Based Compounds: Potential and Emerging Applications in Medicine**, E. Hey-Hawkins, C. Viñas Teixidor; ISBN 978-1-119-27559-6 [496 p.] 2018, p.20-34

5613

SAGAMI H., ŚWIEŻEWSKA E., SHIDOJI Y.

The history and recent advances in research of polyprenol and its derivatives.

Bioscience, Biotechnology and Biochemistry (2018) 82(6): 947-955

DOI: 10.1080/09168451.2017.1411775

IF 1.255

5614

GALERA H., CHWEDORZEWSKA K.J., KORCZAK-ABSHIRE M., WÓDKIEWICZ M.

What affects the probability of biological invasions in Antarctica? Using an expanded conceptual framework to anticipate the risk of alien species expansion.

Biodiversity and Conservation (2018) 27(8): 1789-1809

DOI: 10.1007/s10531-018-1547-5

IF 2.828

5615

KUTKOWSKA-KAŻMIERCZAK A., RYDZANICZ M., CHLEBOWSKI A., KŁOSOWSKA-KOSICKA K., MIKA A., GRUCHOTA J., JURKIEWICZ E., KOWALEWSKI C., POLLAK A., STRADOMSKA T.J., KMIĘĆ T., JAKUBOWSKI R., GASPEROWICZ P., WALCZAK A., ŚLADOWSKI D., JANKOWSKA-STEIFER E., KORNISZEWSKI L., KOSIŃSKA J., OBERSZTYN E., NOWAK W., ŚLEDZIŃSKI T., DZIEMBOWSKI A., PŁOSKI R.

Dominant *ELOVL1* mutation causes neurological disorder with ichthyotic keratoderma, spasticity, hypomyelination and dysmorphic features.

Journal of Medical Genetics (2018) 55(6): 408-414

DOI: 10.1136/jmedgenet-2017-105172.

IF 5.751

5616

CIACH M.A., MUSZEWSKA A., GÓRECKI P.

Locus-aware decomposition of gene trees with respect to polytomous species trees.

Algorithms for Molecular Biology (2018) 13: 11 (18 p.)

DOI: 10.1186/s13015-018-0128-1

IF 1.536

5617

GRYGANSKYI A.P., GOLAN J., DOLATABADI S., MONDO S., ROBB S., IDNURM A., MUSZEWSKA A., STECZKIEWICZ K., MASONJONES S., LIAO H-J., GAJDECZKA M.T., ANIKE F., VUEK A., ANISHCHENKO I.M., VOIGT K., DE HOOG G.S., SMITH M.E., HEITMAN J., VILGALYS R., STAJICH J.E.

Phylogenetic and phylogenomic definition of *Rhizopus* species.

G3-Genes Genomes Genetics (2018) 8(6): 2007-2018

DOI: 10.1534/g3.118.200235

IF 2.742

5618

CZERWIŃSKA J., NOWAK M., WOJTCZAK P., DZIUBAN-LECH D., CIEŚLA J.M., KOŁATA D., GAJEWSKA B., BARAŃCZYK-KUŹMA A., ROBINSON A.R., SHANE H.L., GREGG S.Q., RIGATTI L.H., YOUSEFZADEH M.J., GURKAR A.U., MCGOWAN S.J., KOSICKI K., BEDNAREK M., ZARAKOWSKA E., GACKOWSKI D., OLIŃSKI R., SPEINA E., NIEDERNHOFER L., TUDEK B.
ERCC1-deficient cells and mice are hypersensitive to lipid peroxidation.

Free Radical Biology & Medicine (2018) 124: 79-96

DOI: 10.1016/j.freeradbiomed.2018.05.088

IF 6.020

5619

KLIM J., GŁADKI A., KUCHARCZYK R., ZIELENKIEWICZ U., KACZANOWSKI S.
Ancestral state reconstruction of the apoptosis machinery in the common ancestor of eukaryotes.

G3-Genes Genomes Genetics (2018) 8(6): 2121-2134

DOI: 10.1534/g3.118.200295

IF 2.742

5620

DETMAN A., CHOJNACKA A., MIELECKI D., BŁASZCZYK M.K., SIKORA A.

Inhibition of hydrogen-yielding dark fermentation by ascomycetous yeasts.

International Journal of Hydrogen Energy (2018) 43(24): 10967-10979

DOI: 10.1016/j.ijhydene.2018.05.004

IF 4.229

5621

LISOWSKA-MYJAK B., SKARŻYŃSKA E., BAKUN M.

Meconium proteins as a source of biomarkers for the assessment of the intrauterine environment of the fetus.

Journal of Developmental Origins of Health and Disease (2018) 9(3): 329-337

DOI: 10.1017/S2040174418000028

IF 2.215

5622

CIOK A., BUDZIK K., ZDANOWSKI M.K., GAWOR J., GRZESIAK J., DECEWICZ P., GROMADKA R., BARTOSIK D., DZIEWIT Ł.

Plasmids of psychrotolerant *Polaromonas* spp. isolated from Arctic and Antarctic glaciers – diversity and role in adaptation to polar environments.

Frontiers in Microbiology (2018) 9:1285 (17 p.)

DOI: 10.3389/fmicb.2018.01285

IF 4.019

5623

BRZozowska I., BOGDANOWICZ A., SZCZĘSNY P., ZIELENKIEWICZ U., LAUDY A.E.

Evaluation of bacterial diversity on historical silk velvet textiles from the Museum of King John III's Palace at Wilanów, Poland.

International Biodeterioration & Biodegradation (2018) 131: 78-87

DOI: 10.1016/j.ibiod.2017.02.017

IF 3.562

5624

MITAL M., BAL W., FRĄCZYK T., DREW S.C.

Interplay between copper, neprilysin, and N-truncation of beta-amyloid.

Inorganic Chemistry (2018) 57(11): 6193-6197

DOI: 10.1021/acs.inorgchem.8b00391

IF 4.700

5625

KONOP M., RADKOWSKI M., GROCHOWSKA M., PERLEJEWSKI K., SAMBOROWSKA E., UFNAL M.
Enalapril decreases rat plasma concentration of TMAO, a gut bacteria-derived cardiovascular marker.

Biomarkers (2018) 23(4): 380-385

DOI: 10.1080/1354750X.2018.1432689

IF 1.976

5626

MACIEJAK A., KOSTARSKA-SROKOSZ E., GIERLAK W., DŁUŻNIEWSKI M., KUCH M.,
MARCHEL M., OPOLSKI G., KILISZEK M., MATLAK K., DOBRZYCKI S., ŁUKASIK A., SEGIET A.,
SYGITOWICZ G., SITKIEWICZ D., GÓRA M., BURZYŃSKA B.

Circulating miR-30a-5p as a prognostic biomarker of left ventricular dysfunction after acute myocardial infarction.

Scientific Reports (2018) 8(1): 9883 (11 p.)

DOI: 10.1038/s41598-018-28118-1

IF 4.122

5627

JEDYNAK M., LAURIN D., DOLEGA P., PODSIADŁA-BIAŁOSKÓRSKA M., SZURGOT I.,
CHROBOCZEK J., SZOŁAJSKA E.

Leukocytes and drug-resistant cancer cells are targets for intracellular delivery by adenoviral dodecahedron.

Nanomedicine: Nanotechnology, Biology, and Medicine (2018) 14(6): 1853-1865

DOI: 10.1016/j.nano.2018.05.001

IF 6.500

5628

HEIDORN-CZARNA M., DOMAŃSKI D., KWAŚNIAK-OWCZAREK M., JANSKA H.

Targeted proteomics approach toward understanding the role of the mitochondrial protease FTS4 in the biogenesis of OXPHOS during arabidopsis seed germination.

Frontiers in Plant Science (2018) 9: 821 (22p.)

DOI: 10.3389/fpls.2018.00821

IF 3.678

5629

PUDEŁKO R., ANGIEL P.J., POTOCKI M., JĘDREJEK A., KOZAK M.

Fluctuation of glacial retreat rates in the eastern part of Warszawa icefield, King George Island, Antarctica, 1979-2018.

Remote Sensing (2018) 10(6): 892 (25p.)

DOI:10.3390/rs10060892

IF 3.406

5630

KAZUŃ B., KAZUŃ K., ŻYLIŃSKA J., SIWICKI A.K.

In vitro study of *Lactobacillus plantarum* properties as a potential probiotic strain and an alternative method to antibiotic treatment of fish.

Archives of Polish Fisheries (2018) 26(1): 47-55

DOI: 10.2478/aopf-2018-0006

IF-

5631

ROMANIUK K., CIOK A., DECEWICZ P., UHRYNOWSKI W., BUDZIK K., NIECKARZ M.,
PAWŁOWSKA J., ZDANOWSKI M.K., BARTOSIK D., DZIEWIT Ł.

Insight into heavy metal resistome of soil psychrotolerant bacteria originating from King George Island (Antarctica).

Polar Biology (2018) 41(7): 1319-1333

DOI: 10.1007/s00300-018-2287-4

IF 1.954

5632

FERENC K., PIETRZAK P., WIERZBICKA M., MATYBA P., GRZESIUK E., GAJEWSKI Z., ZABIELSKI R.

Alterations in the liver of intrauterine growth retarded piglets may predispose to development of insulin resistance and obesity in later life.

Journal of Physiology and Pharmacology (2018) 69(2): 1-8

DOI: 10.26402/jpp.2018.2.06

IF 2.478

5633

ZARAKOWSKA E., CZERWIŃSKA J., TUPALSKA A., YOUSEFZADEH M.J., GREGG S.Q., ST.CROIX C.M., NIEDERNHOFFER L., FOKSIŃSKI M., GACKOWSKI D., SZPILA A., STARCZAK M., TUDEK B., OLIŃSKI R.

Oxidation products of 5-methylcytosine are decreased in senescent cells and tissues of progeroid mice.

Journals of Gerontology. Series A, Biological Sciences and Medical Sciences (2018) 73(8): 1003-1009

DOI: 10.1093/gerona/gly012

IF 4.902

5634

PIECHOCKI M., GISKA F., KOCZYK G., GRYNBERG M., KRZYMOWSKA M.

An engineered distant homolog of *Pseudomonas syringae* TTSS effector from *Physcomitrella patens* can act as a bacterial virulence factor.

Frontiers in Microbiology (2018) 9: 1060 (8p.)

DOI: 10.3389/fmicb.2018.01060

IF 4.019

5635

STAWCZYK-MACIEJA M., SZCZERKOWSKA-DOBOSZ A., RĘBAŁA K., GABIG-CIMIŃSKA M., NOWICKI R.J., HARAS A., CYBULSKA L., KAPIŃSKA E.

ERAP1 and *HLA-C*06* are strongly associated with the risk of psoriasis in the population of northern Poland.

Advances in Dermatology and Allergology (2018) XXXV (3): 286-292

DOI: 10.5114/ada.2018.76226

IF 1.471

5636

TALBOT P., RADZIWIŁŁ-BIEŃKOWSKA J.M., KAMPHUIS J.B.J., STEENKESTE K., BETTINI S., ROBERT V., NOODINE M-L., MAYEUR C., GAULTIER E., LANGELLA P., ROBBE- MASSELOT C., HOUDEAU E., THOMAS M., MERCIER-BONIN M.

Food-grade TiO₂ is trapped by intestinal mucus *in vitro* but does not impair mucin O-glycosylation and short-chain fatty acid synthesis *in vivo*: implications for gut barrier protection.

Journal of Nanobiotechnology (2018) 16(1): 53 (14p.)

DOI: 10.1186/s12951-018-0379-5

IF 5.294

5637

PIETRAS Z., WÓJCIK M.A., BOROWSKI Ł.S., SZEWCZYK M., KULIŃSKI T.M., CYSEWSKI D., STĘPIEŃ P.P., DZIEMBOWSKI A., SZCZĘSNY R.J.

Dedicated surveillance mechanism controls G-quadruplex forming non-coding RNAs in human mitochondria.

Nature Communications (2018) 9(1): 2558 (15p.)

DOI: 10.1038/s41467-018-05007-9

IF 12.353

5638

KALENIK B.M., GÓRA-SOCHACKA A., STACHYRA A., PIETRZAK M., KOPERA E., FOGTMAN A., SIRKO A.

Transcriptional response to a prime/boost vaccination of chickens with three vaccine variants based on HA DNA and *Pichia*-produced HA protein.

Developmental and Comparative Immunology (2018) 88: 8-18

DOI:10.1016/j.dci.2018.07.001

IF 2.913

5639

FERNANDES H., CZAPIŃSKA H., GRUDZIAŹ K., BUJNICKI J.M., NOWACKA M.

Crystal structure of human Acinus RNA recognition motif domain.

PeerJ (2018) 6: e5163 (17 p.)

DOI: 10.7717/peerj.5163

IF 2.118

5640

ZYCH A.O., BAJOR M., ZAGOŹDŹON R.

Application of genome editing techniques in immunology.

Archivum Immunologiae et Therapiae Experimentalis (2018) 66(4): 289-298

DOI: 10.1007/s00005-018-0504-z

IF 3.018

5641

WOJCIECHOWSKA M., DUDEK M., TRYLSKA J.

Thermodynamics of the pseudo-knot in helix 18 of 16S ribosomal RNA.

Biopolymers (2018) 109(4): e23116 (12 p.)

DOI: 10.1002/bip.23116

IF 1.990

5642

ZEMBEK P., DANILECKA A., HOSER R., ESCHEN-LIPPOLD L., BENICKA M., GRECH-BARAN M., RYMASZEWSKI W., BARYMOW-FILONIUK I., MORGIEWICZ K., KWIATKOWSKI J., PIECHOCKI M., POZNAŃSKI J., LEE J., HENNIG J., KRZYMOWSKA M.

Two strategies of *Pseudomonas syringae* to avoid recognition of the HopQ1 effector in *Nicotiana* species.

Frontiers in Plant Science (2018) 9: 978 (9 p.)

DOI: 10.3389/fpls.2018.00978

IF 3.678

5643

GÓRSKI A., MIĘDZYBRODZKI R., ŁOBOCKA M., GŁOWACKA-RUTKOWSKA A., BEDNAREK A., BORYSOWSKI J., JOŃCZYK-MATYSIAK E., ŁUSIAK-SZELACHOWSKA M., WEBER-DĄBROWSKA B., BAGIŃSKA N., LETKIEWICZ S., DĄBROWSKA K., SCHERES J.

Phage therapy: what have we learned?

Viruses (2018) 10(6): 288 (28 p.)

DOI: 10.3390/v10060288

IF 3.761

5644

KOTLIŃSKI M., JERZMANOWSKI A.

Histone H1 purification and post-translational modification profiling by high-resolution mass spectrometry.

Chapter 10 in: **Plant Chromatin Dynamics, Methods in Molecular Biology**. Ed. M.Bemer, C. Baroux, vol. 1675; ISBN 978-1-4939-7317-0 [659 p.] 2018. p.147-166

DOI: 10.1007/978-1-4939-7318-7_10

5645

NATKAŃSKA U., SKONECZNA A., SKONECZNY M.

Oxidative stress triggers aggregation of GFP-tagged Hsp31p, the budding yeast environmental stress response chaperone, and glyoxalase III.

Cell Stress and Chaperones (2018) 23(4): 595-607

DOI: 10.1007/s12192-017-0868-8

IF 2.571

5646

GONZALEZ P., BOSSAK K., STEFANIAK E., HUREAU CH., RAIBAUT L., BAL W., FALLER P.

N-terminal Cu-binding motifs (Xxx-Zzz-His, Xxx-His) and their derivatives: chemistry, biology and medicinal applications.

Chemistry-A European Journal (2018) 24(32): 8029-8041

DOI: 10.1002/chem.201705398

IF 5.160

5647

WILKOWSKI P., GAJKO K., MARCZAK M., HRYNIEWIECKA E., WÓJTOWICZ M.,

DOBRZANIECKA K., MŁYNARCZYK G., PĄCZEK L., CISZEK M.

Clinical significance of gastrointestinal carriage of *Klebsiella pneumoniae*-producing Extended-Spectrum Beta-Lactamases in kidney graft recipients.

Transplantation Proceedings (2018) 50(6): 1874-1877

DOI: 10.1016/j.transproceed.2018.03.114

IF 0.806

5648

CISZEK M., KISIEL B., CZERWIŃSKI J., HRYNIEWIECKA E., LEWANDOWSKA D., BORCZON S.,
TŁUSTOCHOWICZ W., PĄCZEK L.

Kidney transplant recipients with rheumatic diseases: epidemiological data from the polish transplant registries 1998-2015.

Transplantation Proceedings (2018) 50(6): 1654-1657

DOI: 10.1016/j.transproceed.2018.03.122

IF 0.806

5649

HRYNIEWIECKA E., ZEGARSKA J., ŻOCHOWSKA D., SAMBOROWSKA E., JAŻWIEC R.,
KOSIERADZKI M., NAZAREWSKI S., DADLEZ M., PĄCZEK L.

Cardiovascular disease in kidney transplantation and its association with blood concentrations of cyclosporine and cyclosporine metabolites.

Transplantation Proceedings (2018) 50(6): 1850-1854

DOI: 10.1016/j.transproceed.2018.03.115

IF 0.806

5650

HINKE J.T., BARBOSA A., EMMERSON L.M., HART T., JUÁRES M.A.,

KORCZAK-ABSHIRE M., MILINEVSKY G., SANTOS M., TRATHAN P.N., WATTERS G.M.,
SOUTHWELL C.

Estimating nest-level phenology and reproductive success of colonial seabirds using time-lapse cameras.

Methods in Ecology and Evolution (2018) 9(8): 1853-1863

DOI: 10.1111/2041-210X.13015

IF 6.363

5651

FERNANDEZ N., WRZOSEK L., RADZIWIŁŁ-BIEŃKOWSKA J.M., RINGOT-DESTREZ B., DUVIAU M-P., NOORDINE M.L., LAROUTE V., ROBERT V., CHERBUY C., DAVERAN-MINGOT M.L., COCAIGN-BOUSQUET M., LÉONARD R., ROBBE-MASSELOT C., RUL F., OGIER-DENIS E., THOMAS M., MERCIER-BONIN M.

Characterization of mucus-related properties of *Streptococcus thermophilus*: from adhesion to induction.

Frontiers in Physiology (2018) 9: 980 (12 p.)

DOI: 10.3389/fphys.2018.00980

IF 3.394

5652

FURMAŃCZYK E.M., KAMIŃSKI M.A., LIPIŃSKI L., DZIEMBOWSKI A., SOBCZAK A.

Pseudomonas laurylsulfatovorans sp. nov., sodium dodecyl sulfate degrading bacteria, isolated from the peaty soil of a wastewater treatment plant.

Systematic and Applied Microbiology (2018) 41(4): 348-354

DOI: 10.1016/j.syapm.2018.03.009

IF 3.899

5653

BURDZIŃSKA A., DYBOWSKI B., ZARYCHTA-WIŚNIEWSKA W., KULESZA A., HAWRYLUK J., GRACZYK-JARZYŃKA A., KAUPA P., GAJEWSKI Z., PĄCZEK L.

Limited accuracy of transurethral and periurethral intrasphincteric injections of cellular suspension.

Neurourology and Urodynamics (2018) 37(5): 1612-1622

DOI: 10.1002/nau.23522

IF 3.263

5654

DETMAN A., BUCHA M., SIMONEIT B.R.T., MIELECKI D., PIWOWARCZYK C., CHOJNACKA A., BŁASZCZYK M.K., JĘDRYSEK M.O., MARYNOWSKI L., SIKORA A.

Lignite biodegradation under conditions of acidic molasses fermentation.

International Journal of Coal Geology (2018) 196: 274-287

DOI: 10.1016/j.coal.2018.07.015

IF 4.130

5655

ŁACHACZ A., KALISZ B., GIEŁWANOWSKA I., OLECH M., CHWEDORZEWSKA K.J., KELLMANN-SOPYŁA W.

Nutrient abundance and variability from soils in the coast of King George Island.

Journal of Soil Science and Plant Nutrition (2018) 18(2): 294-311

DOI: 10.4067/S0718-95162018005001101

IF 2.116

5656

DHIR A., DHIR S., BOROWSKI Ł.S., JIMENEZ L., TEITELL M., RÖTIG A., CROW Y.J., RICE G.I., DUFFY D., TAMBY CH., NOJIMA T., MUNNICH A., SCHIFF M., DE ALMEIDA C.R., REHWINKEL J., DZIEMBOWSKI A., SZCZĘSNY R.J., PROUDFOOT N.J.

Mitochondrial double-stranded RNA triggers antiviral signalling in humans.

Nature (2018) 560(7717): 238-242

DOI: 10.1038/s41586-018-0363-0

IF 41.577

5657

BUJNOWSKA A., MICHON M., KONOPELSKI P., HRYNIEWIECKA E., JAŁBRZYKOWSKA A., PERKOWSKA-PTASIŃSKA A., CIECIURA T., ZAGOŹDŻON R., PĄCZEK L., CISZEK M.

Outcomes of prolonged treatment with intravenous immunoglobulin infusions for acute antibody-mediated rejection in kidney transplant recipients.

Transplantation Proceedings (2018) 50(6): 1720-1725

DOI: 10.1016/j.transproceed.2018.02.110

IF 0.806

5658

GARBICZ D., MIELECKI D., WRZESIŃSKI M., PILŹYS T., MARCINKOWSKI M., PIWOWARSKI J., DĘBSKI J., PALAK E., SZCZECIŃSKI P., KRAWCZYK H., GRZESIUŁ E.

Evaluation of anti-cancer activity of stilbene and methoxydibenzo[b,f]oxepin derivatives.

Current Cancer Drug Targets (2018) 18(7): 706-717

DOI: 10.2174/1568009617666170623120742

IF 2.626

5659

CHMIELEWSKA-JEZNACH M., BARDOWSKI J.K., SZCZEPANKOWSKA A.K.

Molecular, physiological and phylogenetic traits of *Lactococcus* 936-type phages from distinct dairy environments.

Scientific Reports (2018) 8: 12540 (15 p.)

DOI: 10.1038/s41598-018-30371-3

IF 4.122

5660

PRZYGOŃSKA K., POZNAŃSKI J., MISTARZ U.H., RAND K.D., DADLEZ M.

Side-chain moieties from the N-terminal region of A beta are involved in an oligomer-stabilizing network of interactions.

PLOS ONE (2018) 13(8): e0201761 (25 p.)

DOI: 10.1371/journal.pone.0201761

IF 2.766

5661

TOCZYŁOWSKA B., JASTRZĘBSKI D., KOSTORZ S., ZIEMIŃSKA E., ZIORA D.

Serum lipidomics in diagnostics of sarcoidosis.

Sarcoidosis Vasculitis and Diffuse Lung Diseases (2018) 35(2): 150-153

IF 1.267

5662

POTOCKA M., KRZEMIŃSKA E.

Trichocera maculipennis (Diptera)—an invasive species in Maritime Antarctica.

PeerJ (2018) 6: e5408 (16 p.)

DOI: 10.7717/peerj.5408

IF 2.118

5663

GÓRSKI A., JONCZYK-MATYSIAK E., MIĘDZYPRODZKI R., WEBER-DĄBROWSKA B., ŁUSIAK-SZELACHOWSKA M., BAGIŃSKA N., BORYSOWSKI J., ŁOBOCKA M.B., WĘGRZYN A., WĘGRZYN G.

Phage therapy: beyond antibacterial action.

Frontiers in Medicine (2018) 5: 146 (8 p.)

DOI: 10.3389/fmed.2018.00146

IF –

5664

BELCZYK-CIESIELSKA A., CSIPAK B., HAJDU B., SPARAVIER A., ASAKA M.N., NAGATA K., GYURCSIK B., BAL W.

Nickel(II)-promoted specific hydrolysis of zinc finger proteins.

Metallomics (2018) 10(8): 1089-1098

DOI: 10.1039/c8mt00098k

IF 4.069

5665

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

Application of UAV BVLOS remote sensing data for multi-faceted analysis of Antarctic ecosystem.

Remote Sensing of Environment (2018) 217: 375-388

DOI: 10.1016/j.rse.2018.08.031

IF 6.457

5666

MARSZAŁEK I., GOCH W., BAL W.

Ternary Zn(II) complexes of FluoZin-3 and the low molecular weight component of the exchangeable cellular zinc pool.

Inorganic Chemistry (2018) 57(16): 9826-9838

DOI: 10.1021/acs.inorgchem.8b00489

IF 4.700

5667

DMOWSKI M., GOŁĘBIEWSKI M., KERN-ZDANOWICZ I.

Characteristics of the conjugative transfer system of the IncM plasmid pCTX-M3 and identification of its putative regulators.

Journal of Bacteriology (2018) 200(18): e00234-18 (16 p.)

DOI: 10.1128/JB.00234-18

IF 3.219

5668

ZEGARSKA J., HRYNIEWIECKA E., ŻOCHOWSKA D., SAMBOROWSKA E., JAŻWIEC R., KOSIERADZKI M., NAZAREWSKI S., DADLEZ M., PĄCZEK L.

Evaluation of the relationship between concentrations of tacrolimus metabolites, 13-O-demethyl tacrolimus and 15-O-demethyl tacrolimus, and clinical and biochemical parameters in kidney transplant recipients.

Transplantation Proceedings (2018) 50(7): 2235-2239

DOI: 10.1016/j.transproceed.2018.03.025

IF 0.806

5669

MOŁOŃ M., PANEK A., MOLESTAK E., SKONECZNY M., TCHÓRZEWSKI M., WNUK M.

Daughters of the budding yeast from old mothers have shorter replicative lifespans but not total lifespans. Are DNA damage and rDNA instability the factors that determine longevity?

Cell Cycle (2018) 17(10): 1173-1187

DOI: 10.1080/15384101.2018.1464846

IF 3.304

5670

WARKOCKI Z., KRAWCZYK P.S., ADAMSKA D., BIJATA K., GARCIA-PEREZ J.L., DZIEMBOWSKI A.

Uridylation by TUT4/7 restricts retrotransposition of human LINE-1s.

Cell (2018) 175: 1537-1548

DOI: 10.1016/j.cell.2018.07.022

IF 31.398

5671

LICHOCKA M., RYMASZEWSKI W., MORGIEWICZ K., BARYMOW-FILONIUK I., CHLEBOWSKI A., SOBCZAK M., SAMUEL M.A., SCHMELZER E., KRZYMOWSKA M., HENNIG J.

Nucleus- and plastid-targeted annexin 5 promotes reproductive development in *Arabidopsis* and is essential for pollen and embryo formation.

BMC Plant Biology (2018) 18(1): 183 (15 p.)

DOI: 10.1186/s12870-018-1405-3

IF 3.930

5672

WYCISK K., TARCZEWSKA A., KAUS-DROBEK M., DADLEZ M., HOŁUBOWICZ R., PIETRAS Z., DZIEMBOWSKI A., TAUBE M., KOZAK M., ORŁOWSKI M., OŻYHAR A.

Intrinsically disordered N-terminal domain of the *Helicoverpa armigera* Ultraspiracle stabilizes the dimeric form via a *scorpion-like* structure.

Journal of Steroid Biochemistry and Molecular Biology (2018) 183: 167-183

DOI: 10.1016/j.jsbmb.2018.06.011

IF 4.095

5673

FURMAŃCZYK E.M., LIPIŃSKI L., DZIEMBOWSKI A., SOBCZAK A.

Genomic and functional characterization of environmental strains of SDS-degrading *Pseudomonas* spp., providing a source of new sulfatases.

Frontiers in Microbiology (2018) 9: 1795 (17 p.)

DOI: 10.3389/fmicb.2018.01795

IF 4.019

5674

PRZYBOROWSKI Ł., ŁOBODA A.M., BIALIK R.J.

Experimental investigations of interactions between sand wave movements, flow structure, and individual aquatic plants in natural rivers: a case study of *Potamogeton Pectinatus* L.

Water (2018) 10(9): 1166 (18 p.)

DOI: 10.3390/w10091166

IF 2.069

5675

WÓJTOWICZ M., WILKOWSKI P., HRYNIEWIECKA E., CIECIURA T., PĄCZEK L., CISZEK M.

Effect of successful treatment of hepatitis C virus infection recurrence with direct-acting antiviral agents on physical performance in liver transplant recipients.

Transplantation Proceedings (2018) 50(7): 2027-2030

DOI: 10.1016/j.transproceed.2018.02.109

IF 0.806

5676

BĘBENEK A., ZIUZIA-GRACZYK I.

Fidelity of DNA replication—a matter of proofreading.

Current Genetics (2018) 64(5): 985-996

DOI: 10.1007/s00294-018-0820-1

IF 3.574

5677

JEDYNAK M., WORCH R., PODSIADŁA-BIAŁOSKÓRSKA M., CHROBOCZEK J., SZOŁAJSKA E.
Cholesterol and phosphatidylserine are engaged in adenoviral dodecahedron endocytosis.

Biochimica et Biophysica Acta - Biomembranes (2018) 1860(11): 2215-2223

DOI: 10.1016/j.bbamem.2018.09.002

IF 3.438

5678

MITAL M., ZIORA Z.

Biological applications of Ru(II) polypyridyl complexes.

Coordination Chemistry Reviews (2018) 375: 434-458

DOI: 10.1016/j.ccr.2018.02.013

IF 14.499

5679

RYMER Ł., KEMPIŃSKI B., CHEŁSTOWSKA A., SKONECZNY M.

The budding yeast Pex5p receptor directs Fox2p and Cta1p into peroxisomes via its N-terminal region near the FxxxW domain.

Journal of Cell Science (2018) 131(17): jcs216986

DOI: 10.1242/jcs.216986

IF 4.401

5680

WIJAYAWARDENE N.N., PAWŁOWSKA J., LETCHER P.M., KIRK P.M., HUMBER R.A., SCHÜßLER A., WRZOSEK M., MUSZEWSKA A., OKRASIŃSKA A., ISTEŁ Ł., GEŚIORSKA A., MUNGAI P., LATEEF A.A., RAJESHKUMAR K.C., SINGH R.V., RADEK R., WALTHER G., WAGNER L., WALKER CH., WIJESUNDARA D.S.A., PAPIZADEH M., DOLATABADI S., SHENOY B.D., TOKAREV Y.S., LUMYONG S., HYDE K.D.

Notes for genera: basal clades of Fungi (including *Aphelidiomycota*, *Basidiobolomycota*, *Blastocladiomycota*, *Calcarisporiellomycota*, *Caulochytriomycota*, *Chytridiomycota*, *Entomophthoromycota*, *Glomeromycota*, *Kickxellomycota*, *Monoblepharomycota*, *Mortierellomycota*, *Mucoromycota*, *Neocallimastigomycota*, *Olpidiomycota*, *Rozellomycota* and *Zoopagomycota*).

Fungal Diversity (2018) 92(1): 43-129

DOI: 10.1007/s13225-018-0409-5

IF 14.078

5681

SOBIESZCZUK-NOWICKA E., WRZESIŃSKI T., BAGNIEWSKA-ZADWORNA A., KUBALA S., RUCIŃSKA-SOBKOWIAK R., POLCYN W., MISZTAŁ L., MATTOO A.K.

Physio-genetic dissection of dark-induced leaf senescence and timing its reversal in barley.

Plant Physiology (2018) 178(2): 654-671

DOI: 10.1104/pp.18.00516

IF 5.949

5682

MEDEIROS-SILVA J., JEKHMANE S., PAIONI A.L., GAWARECKA K., BALDUS M., ŚWIEŻEWSKA E., BREUKINK E., WEINGARTH M.

High-resolution NMR studies of antibiotics in cellular membranes.

Nature Communications (2018) 9: 3963 (10 p.)

DOI: 10.1038/s41467-018-06314-x

IF 12.353

5683

BURDZIŃSKA A., DYBOWSKI B., ZARYCHTA-WIŚNIEWSKA W., KULESZA A., BUTRYM M., ZAGOŹDŹON R., GRACZYK-JARZYŃKA A., RADZISZEWSKI P., GAJEWSKI Z., PĄCZEK L.

Intraurethral co-transplantation of bone marrow mesenchymal stem cells and muscle-derived cells improves the urethral closure.

Stem Cell Research & Therapy (2018) 9: 239 (16 p.)

DOI: 10.1186/s13287-018-0990-2

IF 4.963

5684

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

Efficient construction of *Streptococcus anginosus* mutants in strains of clinical origin.

Journal of Applied Genetics (2018) 59(4): 515-523

DOI: 10.1007/s13353-018-0468-z

IF 1.756

5685

CHARZEWSKA A., MAIWALD R., KAHIRIZI K., OEHL-JASCHKOWITZ B., DUFKE A., LEMKE J.R., ENDERS H., NAJMABADI H., TZSCHACH A., HACHMANN W., JENSEN C., BIENEK M., POZNAŃSKI J., NAWARA M., CHILARSKA T., OBERSZTYN E., HOFFMAN-ZACHARSKA D., GOS M., BAL J., KALSCHUEUR V.M.

The power of the Mediator complex – expanding the genetic architecture and phenotypic spectrum of *MED12*-related disorders.

Clinical Genetics (2018) 94(5): 450-456

DOI: 10.1111/cge.13412

IF 3.512

5686

CIEŚLA M., SKOWRONEK E., BOGUTA M.

Function of TFIIC, RNA polymerase III initiation factor, in activation and repression of tRNA gene transcription.

Nucleic Acids Research (2018) 46(18): 9444-9455

DOI: 10.1093/nar/gky656

IF 11.561

5687

DE TILQUES M.D., LASSERRE J.-P., GODARD F., SARDIN E., BOUHIER M., LE GUEDARD M., KUCHARCZYK R., PETIT P.X., TESTET E., DI RAGO J.-P., TRIBOUILLARD-TANVIER D.

Decreasing cytosolic translation is beneficial to yeast and human Tafazzin-deficient cells.

Microbial Cell (2018) 5(5): 220-232

DOI: 10.15698/mic2018.05.629

IF –

5688

BAJOR M., ZYCH A.O., GRACZYK-JARZYŃKA A., MUCHOWICZ A., FIRCUK M., TRZECIAK L., GAJ P., DOMAGAŁA A., SIERNICKA M., ZAGOŹDŹON A., SIEDLECKI P., KNIOTEK M., O'LEARY P.C., GOŁĄB J., ZAGOŹDŹON R.

Targeting peroxiredoxin 1 impairs growth of breast cancer cells and potently sensitises these cells to prooxidant agents.

British Journal of Cancer (2018) 119(7): 873-884

DOI: 10.1038/s41416-018-0263-y

IF 5.922

5689

POZNAŃSKI J., TOPIŃSKI J., MUSZEWSKA A., DĘBSKI K.J., HOFFMAN-SOMMER M., PAWŁOWSKI K., GRYNBERG M.

Global pentapeptide statistics are far away from expected distributions.

Scientific Reports (2018) 8(1): 15178 (18 p.)

DOI: 10.1038/s41598-018-33433-8

IF 4.122

5690

SREELATHA A., YEE S.S., LOPEZ V.A., PARK B.C., KINCH L.N., PILCH S., SERVAGE K.A., ZHANG J., JIOU J., KARASIEWICZ-URBAŃSKA M., ŁOBOCKA M., GRISHIN N.V., ORTH K., KUCHARCZYK R., PAWŁOWSKI K., TOMCHICK D.R., TAGLIABRACCI V.S.

Protein AMPylation by an evolutionarily conserved pseudokinase.

Cell (2018) 175(3): 809-821.e19

DOI: 10.1016/j.cell.2018.08.046

IF 31.398

5691

KONOP M., CZUWARA J., KŁODZIŃSKA E., LASKOWSKA A.K., ZIELENKIEWICZ U., BRZOZOWSKA I., NABAVI S.M., RUDNICKA L.

Development of a novel keratin dressing which accelerates full-thickness skin wound healing in diabetic mice: *In vitro* and *in vivo* studies.

Journal of Biomaterials Applications (2018) 33(4): 527-540

DOI: 10.1177/0885328218801114

IF 2.082

5692

KACZANOWSKI S., KLIM J., ZIELENKIEWICZ U.

An apoptotic and endosymbiotic explanation of the Warburg and the inverse Warburg hypotheses.

International Journal of Molecular Sciences (2018) 19(10): 3100 (16 p.)

DOI: 10.3390/ijms19103100

IF 3.687

5693

URBANEK-OLEJNIK K., LISZEWSKA M., WINCZURA A., HERNIK A., STRUCIŃSKI P., LUDWICKI J.K.

Hypomethylation of the *c-myc* promoter region induced by phenobarbital in rat liver.

Roczniki Państwowego Zakładu Higieny (2018) 69(3): 307-314

IF –

5694

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

Protein composition of catalytically active U7-dependent processing complexes assembled on histone pre-mRNA containing biotin and a photo-cleavable linker.

Nucleic Acids Research (2018) 46(9): 4752-4770

DOI: 10.1093/nar/gky133

IF 11.561

5695

CZAPIŃSKA H., KOWALSKA M., ZAGORSKAITE E., MANAKOVA E., SLYVKA A., XU S-Y., SIKSNYS V., SASNAUSKAS G., BOCHTLER M.

Activity and structure of EcoKMcrA.

Nucleic Acids Research (2018) 46(18): 9829-9841

DOI: 10.1093/nar/gky731

IF 11.561

5696

SZIŁO J., BIALIK R.J.

Recession and ice surface elevation changes of Baranowski Glacier and its impact on proglacial relief (King George Island, West Antarctica).

Geosciences (2018) 8(10): 355 (18 p.)

DOI: 10.3390/geosciences8100355

IF –

5697

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

Roles of *orf60a* and *orf61* in development of bacteriophages λ and $\Phi 24_B$.

Viruses (2018) 10(10): 553 (13 p.)

DOI: 10.3390/v10100553

IF 3.761

5698

SKONECZNY M., SKONECZNA A.

Response mechanisms to chemical and physical stresses in yeast and filamentous fungi.

Chapter 2 in: **Stress Response Mechanisms in Fungi. Theoretical and Practical Aspects.** Ed. Skoneczny

M. Springer, ISBN 978-3-030-00682-2 [270 p.] 2018, p.35-85

DOI: 10.1007/978-3-030-00683-9_2

5699

SKONECZNA A., KRÓL K., SKONECZNY M.

How do yeast and other fungi recognize and respond to genome perturbations?

Chapter 3 in: **Stress Response Mechanisms in Fungi. Theoretical and Practical Aspects.** Ed. Skoneczny

M. Springer, ISBN 978-3-030-00682-2 [270 p.] 2018, p.87-130

DOI: 10.1007/978-3-030-00683-9_3

5700

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

The extracellular loop of Man-PTS subunit IID is responsible for the sensitivity of *Lactococcus garvieae* to garvicins A, B and C.

Scientific Reports (2018) 8: 15790 (15 p.)

DOI: 10.1038/s41598-018-34087-2

IF 4.122

5701

VAN GELDER K., REA K.A., VIRTÀ L.K.A., WHITNELL K.L., OSBORN M., VATTÀ M., KHOZIN A.,
SKORUPIŃSKA-TUDEK K., SURMACZ L., AKHTAR T.A.

Medium-chain polyprenols influence chloroplast membrane dynamics in *Solanum lycopersicum*.

Plant and Cell Physiology (2018) 59(11): 2350-2365

DOI: 10.1093/pcp/pcy157

IF 4.059

5702

STĘPNIEWSKA-DZIUBIŃSKA M.M., ZIELENKIEWICZ P., SIEDLECKI P.

Development and evaluation of a deep learning model for protein-ligand binding affinity prediction.

Bioinformatics (2018) 34(21): 3666-3674

DOI: 10.1093/bioinformatics/bty374

IF 5.481

5703

CHLEBOWSKA-TUZ J., SOKOŁOWSKA O., GAJ P., ŁAŻNIEWSKI M., FIRCHUK M., BOROWIEC K.,
SAS-NOWOSIELSKA H., BAJOR M., MALINOWSKA A., MUCHOWICZ A., RAMJI K., STAWIŃSKI P.,
SOBCZAK M., PILCH Z., RODZIEWICZ-LURZYŃSKA A., ZAJĄC M., GIANNOPOULOS K.,
JUSZCZYŃSKI P., BASAK G.W., PLEWCZYŃSKI D., PŁOSKI R., GOŁĄB J., NOWIS D.

Inhibition of protein disulfide isomerase induces differentiation of acute myeloid leukemia cells.

Haematologica (2018) 103(11): 1843-1852

DOI: 10.3324/haematol.2018.190231

IF 9.090

5704

KOCHMAN-KĘDZIORA N., NOGA T., OLECH M., VAN DE VIJVER B.

Freshwater diatoms of the ecology glacier foreland, King George Island, south Shetland Islands.

Polish Polar Research (2018) 39(3): 393-412

DOI: 10.24425/118753

IF 1.231

5705

BIZZARRI M., CASSANELLI S., PRYSZCZ L.P., GAWOR J., GROMADKA R., SOLIERI L.

Draft genome sequences of the highly halotolerant strain *Zygosaccharomyces rouxii* ATCC 42981 and the novel allodiploid strain *Zygosaccharomyces sapae* ATB301T obtained using the MinION platform.

Microbiology Resource Announcements (2018) 7(4): e00874-18 (3 p.)

DOI: 10.1128/MRA.00874-18

IF –

5706

KOC J., ANDROSIUK P., CHWEDORZEWSKA K.J., CUBA-DIAZ M., GÓRECKI R., GIELWANOWSKA I.

Range-wide pattern of genetic variation in *Colobanthus quitensis*.

Polar Biology (2018) 41(12): 2467–2479

DOI: 10.1007/s00300-018-2383-5

IF 1.954

5707

MIKUŁA E., SILVA C.E., KOPERA E., ZDANOWSKI K., RADECKI J., RADECKA H.

Highly sensitive electrochemical biosensor based on redox – active monolayer for detection of anti-hemagglutinin antibodies against swine-origin influenza virus H1N1 in sera of vaccinated mice.

BMC Veterinary Research (2018) 14: 328 (9 p.)

DOI: 10.1186/s12917-018-1668-9

IF 1.958

5708

SANTORO A., WEZYNFELD N.E., STEFANIAK E., POMORSKI A., PŁONKA D., KRĘŻEL A., BAL W., FALLER P.

Cu transfer from amyloid- β_{4-16} to metallothionein-3: the role of the neurotransmitter glutamate and metallothionein-3 Zn(II)-load states.

Chemical Communications (2018) 54(89): 12634-12637

DOI: 10.1039/c8cc06221h

IF 6.290

5709

ŁOBODA A.M., PRZYBOROWSKI Ł., KARPÍŃSKI M., BIALIK R.J., NIKORA V.I.

Biomechanical properties of aquatic plants: The effect of test conditions.

Limnology and Oceanography-Methods (2018) 16(4): 222-236

DOI: 10.1002/lom3.10239

IF 2.015

5710

STROYNOWSKA-CZERWIŃSKA A., PIASECKA A., BOCHTLER M.

Specificity of MLL1 and TET3 CXXC domains towards naturally occurring cytosine modifications.

Biochimica et Biophysica Acta - Gene Regulatory Mechanisms (2018) 1861(12): 1093-1101

DOI: 10.1016/j.bbagr.2018.10.009

IF 5.179

5711

WARKOCKI Z., LIUDKOVSKA V., GEWARTOWSKA O., MROCZEK S., DZIEMBOWSKI A.
Terminal nucleotidyl transferases (TENTs) in mammalian RNA metabolism.

Philosophical Transactions of the Royal Society. Series B – Biological Sciences (2018) 373(1762):
20180162 (16 p.)

DOI: 10.1098/rstb.2018.0162

IF 5.666

5712

GAGLIARDI D., DZIEMBOWSKI A.

5' and 3' modifications controlling RNA degradation: from safeguards to executioners.

Philosophical Transactions of the Royal Society. Series B – Biological Sciences (2018) 373(1762):
20180160 (5 p.)

DOI: 10.1098/rstb.2018.0160

IF 5.666

5713

KISIAŁA M., COPELAS A., CZAPIŃSKA H., XU S-Y., BOCHTLER M.

Crystal structure of the modification-dependent SRA-HNH endonuclease TagI.

Nucleic Acids Research (2018) 46(19): 10489-10503

DOI: 10.1093/nar/gky781

IF 11.561

5714

BIALIK R.J., KARPÍŃSKI M.

On the effect of the window size on the assessment of particle diffusion.

Journal of Hydraulic Research (2018) 56(4): 560-566

DOI: 10.1080/00221686.2017.1397780

IF 2.076

5715

JAWORSKA K., HUC T., GAWRYŚ M., ONYSZKIEWICZ M., SAMBOROWSKA E., UFNAL M.

An *in vivo* method for evaluating the gut-blood barrier and liver metabolism of microbiota products.

Jove-Journal of Visualized Experiments (2018) 140: e58456 (8 p.)

DOI: 10.3791/58456

IF 1.184

5716

CARRARO M., CHECCHETTO V., SARTORI G., KUCHARCZYK R., DI RAGO J.-P., MINERVINI G.,
FRANCHIN C., ARRIGONI G., GIORGIO V., PETRONILLI V.,
TOSATTO S.C.E., LIPPE G., SZABÓ I., BERNARDI P.

High-conductance channel formation in yeast mitochondria is mediated by F-ATP synthase e and g subunits.

Cellular Physiology and Biochemistry (2018) 50(5): 1840–1855

DOI: 10.1159/000494864

IF 5.500

5717

IZAK D., KLIM J., KACZANOWSKI S.

Host–parasite interactions and ecology of the malaria parasite—a bioinformatics approach.

Briefings in Functional Genomics (2018) 17(6): 451-457

DOI: 10.1093/bfpg/ely013

IF 3.783

5718

GRZESZCZUK M.J., BOCIAN-OSTRZYCKA K.M., BANAŚ A.M., ROSZCZENKO-JASIŃSKA P., MALINOWSKA A., STRALOVA H., HAAS R., MEYER T.F., JAGUSZTYN-KRYNICKA E.K. Thiolidoreductase HP0231 of *Helicobacter pylori* impacts HopQ-dependent CagA translocation. **International Journal of Medical Microbiology** (2018) 308(8): 977-985

DOI: 10.1016/j.ijmm.2018.08.002

IF 3.298

5719

PIETRAS Z., WÓJCIK M.A., BOROWSKI Ł.S., SZEWCZYK M., KULIŃSKI T.M., CYSEWSKI D., STĘPIEŃ P.P., DZIEMBOWSKI A., SZCZĘSNY R.J.

Controlling the mitochondrial antisense – role of the SUV3-PNPase complex and its co-factor GRSF1 in mitochondrial RNA surveillance.

Molecular and Cellular Oncology (2018) 5(6): e1516452 (3 p.)

DOI: 10.1080/23723556.2018.1516452

IF –

5720

SZUTKOWSKI K., KOŁODZIEJSKA Ż., PIETRALIK Z. ZHUKOV I., SKRZYPCZAK A., MATERNA K., KOZAK M.

Clear distinction between CAC and CMC revealed by high-resolution NMR diffusometry for a series of bis-imidazolium gemini surfactants in aqueous solutions.

RSC Advances (2018) 8(67): 38470-38482

DOI: 10.1039/c8ra07081d

IF 2.936

5721

KOBYŁECKI K., DRAŻKOWSKA K., KULIŃSKI T.M., DZIEMBOWSKI A., TOMECKI R.

Elimination of 01/A'-A0 pre-rRNA processing by-product in human cells involves cooperative action of two nuclear exosome-associated nucleases: RRP6 and DIS3.

RNA (2018) 24(12): 1677-1692

DOI: 10.1261/rna.066589.118

IF 4.490

5722

KĘDZIERSKA E., DĄBKOWSKA L., OBIERZYŃSKI P., POLAKOWSKA M., POLESZAK E., WLAŻ P., SZEWCZYK K., KOTLIŃSKA J.

Synergistic action of sodium selenite with some antidepressants and diazepam in mice.

Pharmaceutics (2018) 10(4): 270(16 p.)

DOI: 10.3390/pharmaceutics10040270

IF 3.746

5723

STEFANIAK E., PŁONKA D., DREW S.C., BOSSAK-AHMAD K., HAAS K.L., PUSHIE M.J., FALLER P., WEZYNFELD N.E., BAL W.

The N-terminal 14-mer model peptide of human Ctr1 can collect Cu(II) from albumin. Implications for copper uptake by Ctr1.

Metallomics (2018) 10(12): 1723-1727

DOI: 10.1039/c8mt00274f

IF 4.069

5724

PIŁSYK S., SIENKO M., BRZYWCZY J., GOLAN M.P., PERLIŃSKA-LENART U., KRUSZEWSKA J.S. Molecular characterization of central cytoplasmic loop in *Aspergillus nidulans* AstA transporter.

Acta Biochimica Polonica (2018) 65(4): 545-554

DOI: 10.18388/abp.2018_2620

IF 1.239

5725

KOTUNIAK R., FRĄCZYK T., SKROBECKI P., PŁONKA D., BAL W.

Gly-His-Thr-Asp-amide, an insulin-activating peptide from the human pancreas is a strong Cu(II) but a weak Zn(II) chelator.

Inorganic Chemistry (2018) 57(17): 15507-15516

DOI: 10.1021/acs.inorgchem.8b02841

IF 4.700

5726

SZUFA K.M., MIETELSKI J.W., ANCKIEWICZ R., SALA D., OLECH M.A.

Variations of plutonium isotopic ratios in Antarctic ecosystems.

Journal of Radioanalytical and Nuclear Chemistry (2018) 318(3): 1511-1518

DOI: 10.1007/s10967-018-6274-6

IF 1.181

5727

CZARNECKA A., ALEKSANDROWICZ M., JASIŃSKI K., JAŻWIEC R., KALITA K., HILGIER W., ZIELIŃSKA M.

Cerebrovascular reactivity and cerebral perfusion of rats with acute liver failure: role of L-glutamine and asymmetric dimethylarginine in L-arginine-induced response.

Journal of Neurochemistry (2018) 147(5): 692-704

DOI: 10.1111/jnc.14578

IF 4.609

5728

HUC T., DRAPAŁA A., GAWRYŚ M., KONOP M., BIELIŃSKA K., ZAORSKA E., SAMBOROWSKA E., WYCZAŁKOWSKA-TOMASIŁ A., PĄCZEK L., DADLEZ M., UFNAL M.

Chronic, low-dose TMAO treatment reduces diastolic dysfunction and heart fibrosis in hypertensive rats.

American Journal of Physiology-Heart and Circulatory Physiology (2018) 315(6): H1805-H1820

DOI: 10.1152/ajpheart.00536.2018

IF 3.569

5729

BOSSAK K., DREW S.C., STEFANIAK E., PŁONKA D., BONNA A., BAL W.

The Cu(II) affinity of the N-terminus of human copper transporter CTR1: Comparison of human and mouse sequences.

Journal of Inorganic Biochemistry (2018) 182: 230-237

DOI: 10.1016/j.jinorgbio.2018.01.011

IF 3.063

5730

PAZIEWSKA A., POLKOWSKI M., RUBEL T., KARZMARSKI J., WIECHOWSKA-KOZŁOWSKA A., DĄBROWSKA M., MIKUŁA M., DADLEZ M., OSTROWSKI J.

Mass spectrometry-based comprehensive analysis of pancreatic cyst fluids.

Biomed Research International (2018) 2018: 7169595 (12 p.)

DOI: 10.1155/2018/7169595

IF 2.583

5731

KRÓL K., ANTONIUK-MAJCHRZAK J., SKONECZNY M., SIENKO M., JENDRYSEK J., RUMIENIŁZYK I., HAŁAS A., KURLANDZKA A., SKONECZNA A.

Lack of G1/S control destabilizes the yeast genome *via* replication stress-induced DSBs and illegitimate recombination.

Journal of Cell Science (2018) 131(24): jcs226480 (15 p.)

DOI: 10.1242/jcs.226480

IF 4.401

5732

RUDAK A., GALERA H., ZNÓJ A., CHWEDORZEWSKA K.J., WÓDKIEWICZ M.

Seed germination and invasion success of *Poa annua* L. in Antarctica.

Acta Societatis Botanicorum Poloniae (2018) 87(4): 1-11

DOI: <https://doi.org/10.5586/asbp.3606>

IF 0.876

5733

KAMIŃSKI M.A., SOBCZAK A., SPOLNIK G., DANIKIEWICZ W., DZIEMBOWSKI A., LIPIŃSKI L.

Sphingopyxis lindanitolerans sp. nov. strain WS5A3p^T enriched from a pesticide disposal site.

International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology (2018) 68(12): 3935-3941

DOI: 10.1099/ijsem.0.003094

IF 1.932

5734

PYZIK A., CIEŻKOWSKA M., KRAWCZYK P.S., SOBCZAK A., DREWNIAK Ł., DZIEMBOWSKI A., LIPIŃSKI L.

Comparative analysis of deep sequenced methanogenic communities: identification of microorganisms responsible for methane production.

Microbial Cell Factories (2018) 17(1): 197 (16 p.)

DOI: 10.1186/s12934-018-1043-3.

IF 3.831

5735

KIPRIAN D., CZARKOWSKA-PĄCZEK B., WYCZAŁKOWSKA-TOMASIŁ A., PĄCZEK L.

Human cytomegalovirus and Epstein-Barr virus infections increase the risk of death in patients with head and neck cancers receiving radiotherapy or radiochemotherapy.

Medicine (2018) 97(51): e13777 (4 p.)

DOI: 10.1097/MD.00000000000013777.

IF 2.028

5736

KRAWCZYK M., KOŹMA M., SZYMAŃSKA A., LESZKO K., PRZEDNICZEK M.,

MUCHA K., FORONCEWICZ B., PĄCZEK L., MOSZCZUK B., MILKIEWICZ P.,

RASZEJA-WYSZOMIRSKA J.

Effects of liver transplantation on health-related quality of life in patients with primary biliary cholangitis.

Clinical Transplantation (2018) 32(12): e13434 (5 p.)

DOI: 10.1111/ctr.13434

IF 1.518

ABSTRAKTY 2018

4405/A

FERENC K., DYLEWSKA M., PILŹYS T., GARBICZ D., MARCINKOWSKI M., PIETRZAK P., GRZESIUK E., GAJEWSKI Z., ZABIELSKI R.

FTO protein linked with obesity and insulin resistance development.

51st Annual Conference of Physiology and Pathology, of Reproduction / 43rd Mutual Conference of Veterinary and Human Reproductive Medicine, Hannover, Germany, 21-23 February 2018

Reproduction in Domestic Animals (2018) 53 (suppl.1) p.10

4406/A

PAWLIŃSKI B., TRELA M., SADY M., GAJEWSKA M. DOMINO M., SZCZĘSNY P., GAJEWSKI Z.

Correlation between basic biochemical and gasometric parameters and distribution of follicle size in Holstein Friesians (HF) cows.

51st Annual Conference of Physiology and Pathology, of Reproduction / 43rd Mutual Conference of Veterinary and Human Reproductive Medicine, Hannover, Germany, 21-23 February 2018

Reproduction in Domestic Animals (2018) 53 (suppl.1) p.30-31

4407/A

ŻOŁĄDEK T., SOCZEWKA P., GRABIEC M., KAMIŃSKA J.

Using yeast Vps13 models of Chorea-Acanthocytosis to isolate genetic and chemical suppressors.

Proteostatic Mechanisms in Health and Disease Meeting, the final COST Action BM1307 Meeting, Athens, Greece, 22-24 February 2018

Abstracts BS, Oral Presentation

4408/A

KOŁAKOWSKI D., ŻOŁĄDEK T., KAMIŃSKA J.

Bivalent cations-dependent phosphoinositide binding by chorein APT1 domain.

Proteostatic Mechanisms in Health and Disease Meeting, the final COST Action BM1307 Meeting, Athens, Greece, 22-24 February 2018

Abstracts BS, Poster Presentation

4409/A

KAMIŃSKA J.

Modelowanie chorób związanych z deficytem białek z rodziny Vps13 w drożdżach.

Dzień Chorób Rzadkich: od Eksperymentu do Leczenia, Warszawa, 28 luty 2018

Materiały konferencyjne, str.4. Prezentacja ustna

4410/A

BARTNIK E.

Choroby mitochondrialne.

Dzień Chorób Rzadkich: od Eksperymentu do Leczenia, Warszawa, 28 luty 2018

Materiały konferencyjne, str.5. Prezentacja ustna

4411/A

ODOLCZYK N.

Nowe metody projektowania leków – zastosowanie do mukowiscydozy.

Dzień Chorób Rzadkich: od Eksperymentu do Leczenia, Warszawa, 28 luty 2018

Materiały konferencyjne, str.7. Prezentacja ustna

4412/A

ŻOŁĄDEK T.

Using yeast Vps13 models of Chorea-Acanthocytosis to isolate genetic and chemical suppressors.

9th International Meeting on Neuroacanthocytosis Syndromes, Dresden, Germany, 23-25 March 2018

Book of Abstracts p.33 (invited speaker)

4413/A

KAMIŃSKA J., SOCZEWKA P., ŻOŁĄDEK T.

Functional link between Vps13 and Myo3, type I myosin.

9th International Meeting on Neuroacanthocytosis Syndromes, Dresden, Germany, 23-25 March 2018

Book of Abstracts p.37 (invited speaker)

4414/A

KOŁAKOWSKI D., ŻOŁĄDEK T., KAMIŃSKA J.

Bivalent cations-dependent phosphoinositide binding by chorein APT1 domain.

9th International Meeting on Neuroacanthocytosis Syndromes, Dresden, Germany, 23-25 March 2018

Book of Abstracts p.38

4415/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.

9th International Meeting on Neuroacanthocytosis Syndromes, Dresden, Germany, 23-25 March 2018

Book of Abstracts p.46

4416/A

SPEINA E., CZERWIŃSKA J., KOSICKI K., NIEDERNHOFER L., TUDEK B.

Lipid peroxidation is an endogenous factor of accelerated aging and death of ERCC1-deficient mice.

46th EEMGS/30th GUM Meeting, Potsdam, Germany, 18-21 March 2018

Book of Abstracts p. 41-42

4417/A

KOSICKI K., SHAHMORADI-GHAHE S., BAK M., FOGTMAN A., IWANICKA-NOWICKA R.,

KOBLOWSKA M.K., TUDEK B.

DNA demethylation and BER pathway genes offer possible target for the therapy of cancer cells resistant to photodynamic therapy (PDT).

46th EEMGS/30th GUM Meeting, Potsdam, Germany, 18-21 March 2018

Book of Abstracts, Poster Presentation p.69-70

4418/A

GRZESIUK M., MIELECKI D., PILŹYS T., GARBICZ D., MARCINKOWSKI M., GRZESIUK E.

How cyclophosphamide at environmentally relevant concentration influences *Daphnia magna* life history and its proteome.

46th EEMGS/30th GUM Meeting, Potsdam, Germany, 18-21 March 2018

Book of Abstracts, Poster Presentation p.70

4419/A

FATALSKA A., DOMAŃSKI D., OŁĘDZKI J., GORYCA K., KOWALSKI K., BAKUŁA-ZALEWSKA E.,

RUSETSKA N., MISIEK M., WRÓBLEWSKA A., RADZISZEWSKI J., BIDZIŃSKI M., KOWALIK A.,

ZALEWSKI K., KOWALEWSKA M.

Poziom wybranych białek w guzie a ryzyko progresji u chorych na płaskonabłonkowego raka sromu.

Perspektywy w Onkologii Molekularnej – III Zjazd Centrum Onkologii Instytutu im. Marii Skłodowskiej-Curie, Warszawa, 5-6 kwietnia 2018

Książka abstraktów, str. 31

4420/A

SARNOWSKA E., RUSETSKA N., SZYMAŃSKI M., LESZCZYŃSKI M., SZARKOWSKA J.,

STACHOWIAK M., JANCEWICZ I., CHMIELARCZYK M., KONOPIŃSKI R., CHRZAN A., LIGAJ M.,

DEMKOW T., MAASSEN A., ZIEBA S., KALISZ J., KOWALIK A., SKRODZKA M., SARNOWSKI T.J.,

SIEDLECKI J.A.

BRCA1 w jasnokomórkowym raku nerki.

Perspektywy w Onkologii Molekularnej – III Zjazd Centrum Onkologii Instytutu im. Marii Skłodowskiej-Curie, Warszawa, 5-6 kwietnia 2018

Książka abstraktów, str. 35

4421/A

SZYMAŃSKI M., SARNOWSKA E., ORNOCH A., RUSETSKA N., ZDANOVICH A., ABRAMOWICZ S., CHRZAN A., LIGAJ M., MAASSEN A., DEMKOW T., SIEDLECKI J.A., SARNOWSKI T.J.

Profil ekspresji wybranych genów w zaawansowanym raku pęcherza.

Perspektywy w Onkologii Molekularnej – III Zjazd Centrum Onkologii Instytutu im. Marii Skłodowskiej-Curie, Warszawa, 5-6 kwietnia 2018

Książka abstraktów, str. 37

4422/A

KONDRAK P., SACHAROWSKI S.P., SARNOWSKI T.J.

Identification of interdependences between the ATP – dependent SWI/SNF- type chromatin remodeling complex and BRCA1 in *Arabidopsis thaliana*.

Perspektywy w Onkologii Molekularnej – III Zjazd Centrum Onkologii Instytutu im. Marii Skłodowskiej-Curie, Warszawa, 5-6 kwietnia 2018

Książka abstraktów, str. 43

4423/A

SZOSTAKOWSKA M., SZYMCZYK M., BADOWSKA K., TUDEK B., FABISIEWICZ A.

Ekspresja *SOX11* jako marker molekularny MRD dla MCL w porównaniu z t(11; 14) i rearanzacją IGH.

Perspektywy w Onkologii Molekularnej – III Zjazd Centrum Onkologii Instytutu im. Marii Skłodowskiej-Curie, Warszawa, 5-6 kwietnia 2018

Książka abstraktów, str. 43-44

4424/A

ŚWIĄTEK M., LESZCZYŃSKI M., MAASSEN A., SARNOWSKI T.J., SIEDLECKI J.A., SARNOWSKA E.

Identyfikacja czynnika HIF-1 α w linii jasnokomórkowego raka nerki A498.

Perspektywy w Onkologii Molekularnej – III Zjazd Centrum Onkologii Instytutu im. Marii Skłodowskiej-Curie, Warszawa, 5-6 kwietnia 2018

Książka abstraktów, str. 46

4425/A

MOSSAKOWSKA B., FABISIEWICZ A., SIEDLECKI J.A., TUDEK B.

Zmiany w komórkach towarzyszące nabywaniu oporności na terapię fotodynamiczną.

Perspektywy w Onkologii Molekularnej – III Zjazd Centrum Onkologii Instytutu im. Marii Skłodowskiej-Curie, Warszawa, 5-6 kwietnia 2018

Książka abstraktów, str. 81-82

4426/A

KORCZAK-ABSHIRE M., ZMARZ A., RODZEWICZ M., KARSZNIA I., KYCKO M., KIDAWA A., CHWEDORZEWSKA K.J.

Krill-dependent indicator species populations trends in hardly accessible sites of South Shetlands – UAV potential.

International Conference Marine Ecosystem Assessment for the Southern Ocean. Assessing Status and Trends of Habitats, Key Species and Ecosystems in the Southern Ocean, Hobart, Australia, 9-13 April 2018

Abstracts BS, Oral Presentation

4427/A

SOUTHWELL C., BARBOSA A., EMMERSON L., HART T., HINKE J., JUÁRES M., KORCZAK-ABSHIRE M., MILINEVSKY G., NEWBERY K., OLMASTRONI S., RATCLIFFE N., SANTOS M., TRATHAN P., WATTERS G.

Remotely operating camera network provides spatially extensive, long term observations of breeding *Pygoscelis* penguins around Antarctica.

International Conference Marine Ecosystem Assessment for the Southern Ocean. Assessing Status and Trends of Habitats, Key Species and Ecosystems in the Southern Ocean, Hobart, Australia, 9-13 April 2018

Abstracts BS, Oral Presentation

4428/A

TARNOWSKI L., CYSEWSKI D., WAWRZYŃSKA A., SIRKO A.

Relationships between NBR1 autophagy receptor and TOR kinase during nutrient starvation in plants.

8th Proteasome & Autophagy Congress, Clermont-Ferrand, France, 25-27 April 2018

Abstracts Book, Poster 50, p.80

4429/A

ŻOŁĄDEK T., SOCZEWKA P., GRABIEC M., KAMIŃSKA J.

Genetic and chemical suppressors of Vps13 mutation.

International Conference Non-Conventional Yeasts: from Basic Research to Application, Rzeszów, Poland,

15-18 May 2018

Abstract Book S6.07 p.87

4430/A

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

Adaptacyjny i przemysłowy potencjał szczepów *Lactococcus lactis* warunkowany obecnością genów plazmidowych.

III Ogólnopolska Mikrobiologiczna Konferencja Naukowa Microbs, Dwikozy, 17-18 maja 2018

Abstrakty, str. 17-18

4431/A

KOPACZ A., KLOSKA D., CYSEWSKI D., DULAK J., JÓZKOWICZ A., GROCHOT-PRZECZEK A.

Nrf2 sequesters Keap1 preventing endothelial dysfunction.

5th Congress of the ESC-Council-on-Basic-Cardiovascular-Science on Frontiers in Cardio Vascular Biology, Vienna, Austria, 22-22 April 2018

Cardiovascular Research (2018) 114 (suppl.1): 92-92 P.357

4432/A

GIELNIK M., NOWAKOWSKI M., SZYMAŃSKA A., ZHUKOV I., KWIATEK W.M., KOZAK M.

Fibrillation of N-terminal prion protein fragment in presence of zinc ions.

62nd Annual Meeting of the Biophysical Society, San Francisco, USA, 17-21 February 2018

Biophysical Journal (2018) 114(3): 429, 2126-Pos, suppl.1

4433/A

GIELNIK M., NOWAKOWSKI M., TAUBE M., ZHUKOV I., KWIATEK W.M., LESOVOY D.M., KOZAK M.

Conformational dynamics of human prion protein and binding sites of Zn cations.

62nd Annual Meeting of the Biophysical Society, San Francisco, USA, 17-21 February 2018

Biophysical Journal (2018) 114(3): 387, 1907-Plat, suppl.1

4434/A

BIALIK R.J.

Henryk Arctowski Polish Antarctic Station: open door to ... and for science.

XXXVII Sympozjum Polarne „Polar Change – Global Change”, Poznań, Poland 7-10 June 2018

Streszczenia, str.14

4435/A

GRZESIAK J., ZDANOWSKI M.K., GAWOR J., GROMADKA R.

A glimpse into the biodiversity of Arctic and Antarctic polyhydroxyacid producing bacteria.

XXXVII Sympozjum Polarne „Polar Change – Global Change”, Poznań, Poland 7-10 June 2018

Streszczenia, str. 31

4436/A

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

Mapping of fauna, flora and landforms in a remote polar location based on UAV images: a case from Penguin Island, South Shetland Islands, Antarctica.

XXXVII Sympozjum Polarne „Polar Change – Global Change”, Poznań, Poland 7-10 June 2018

Streszczenia, str. 87

4437/A

ANDROSIUK P., KOC J., CHWEDORZEWSKA K.J., GIEŁWANOWSKA I.

Genetic variation of *Deschampsia antarctica*.

XXXVII Sympozjum Polarne „Polar Change – Global Change”, Poznań, Poland 7-10 June 2018

Streszczenia, str. 90

4438/A

SZOPIŃSKA M., SZUMIŃSKA D., POTAPOWICZ J., BIALIK R., POLKOWSKA Ż.

Examination of fresh water chemistry at Lions Rump headland (Maritime Antarctica, King George Island) – preliminary results.

XXXVII Sympozjum Polarne „Polar Change – Global Change”, Poznań, Poland 7-10 June 2018

Streszczenia, str.128

4439/A

POTAPOWICZ J., SZOPIŃSKA M., SZUMIŃSKA D., CHMIEL S., BIALIK R., POLKOWSKA Ż.

Selected chemical determinants of human activity in land-surface and shallow aquatic sediments at cold environment (King George Island, South Shetland Island, Antarctica).

XXXVII Sympozjum Polarne „Polar Change – Global Change”, Poznań, Poland 7-10 June 2018

Streszczenia, str.129

4440/A

SZIŁO J., BIALIK R.J.

Grain size distribution of bedload transport in Baranowski Glacier catchment (King George Island, W Antarctica).

XXXVII Sympozjum Polarne „Polar Change – Global Change”, Poznań, Poland 7-10 June 2018

Streszczenia, str. 136

4441/A

WAWRZYNEK J., PANASIUK A., MUSIAŁ A., KORCZAK-ABSHIRE M.

The euphasiids component of *Pygoscelis* penguin diets on King George Island (South Shetland Islands) during the austral summer 2012/2013.

XXXVII Sympozjum Polarne „Polar Change – Global Change”, Poznań, Poland 7-10 June 2018

Streszczenia, str. 140

4442/A

ZMARZ A., RODZEWICZ M., BOSSHARD M., MOSKOPP E., MOE K., SCHREINER C., KORCZAK-ABSHIRE M., KARSZNIA I., DĄBSKI M., CHWEDORZEWSKA K.J.

Orthophotomap of the Western Shore of Admiralty Bay (King George Island, South Shetland Islands) developed on the basis of UAV obtained images.

XXXVII Sympozjum Polarne „Polar Change – Global Change”, Poznań, Poland 7-10 June 2018

Streszczenia, str. 144

4443/A

ZNÓJ A., CHWEDORZEWSKA K.J., GRZESIAK J., GAWOR J., GROMADKA R.

Highly specialized bacterial communities associated with the native Antarctic grass *Deschampsia antarctica*.

XXXVII Sympozjum Polarne „Polar Change – Global Change”, Poznań, Poland 7-10 June 2018

Streszczenia, str. 145

4444/A

BORECZEK J., GAWOR J., IZAK D., BARDOWSKI J.K., GROMADKA R., KOWALCZYK M.
Spontaneous vs. supplemented wholemeal rye sourdoughs: analysis of sourdough microbial community determined by culture-independent approach.

VII International Symposium on Sourdough: Sourdough for Health, Cork, Ireland, 6-8 June 2018

Book of Abstracts P3-11, p.87

4445/A

KOC J., MILARSKA S., KLEPS A., CHWEDORZEWSKA K.J., KELLMANN-SOPYŁA W.,
ANDROSIUK P., PUPEL P., GIEŁWANOWSKA I.

Comparative micromorphology and anatomy of generative structures among three *Colobanthus* species.
XXXIII Conference on Embryology Plants, Animals, Human, Olsztyn, Poland, 23-26 May 2018

Acta Biologica Cracoviensia series Botanica (2018) 60 (suppl.1) p.62

4446/A

GREBIENIOW A., KORCZAK-ABSHIRE M., SOBCZYŃSKA M., GÓRECKA-BRUZDA A.

Antarctic fur seal (*Arctocephalus gazella*) males preferences for weather conditions and location for land resting during the moulting period.

The Joint East and West Central Europe ISAE Regional Meeting: Animal Preferences and Animal Welfare, Warsaw, Poland, 11-12 June 2018

Abstracts, p.37-38

4447/A

GHISLAIN M., HENNIG J., JONES J.

New opportunities to achieve disease-free potato using gene technologies.

10th World Potato Congress: Biodiversity, Food Security and Business, Cusco, Peru, 27-31 May 2018

Abstract Book p.74-75

4448/A

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

An extracellular loop of Man-PTS as a target for narrow-spectrum garvicins.

6th International Symposium on Antimicrobial Peptides, Poitiers, France, 6-8 June 2018

Book of Abstracts P-C13, p.10

4449/A

KAMIŃSKA J., STOPIŃSKI M., MUCHA K., MOSZCZUK B., MAŁCZUK B., KRATA N.,
GOŁĘBIEWSKI M., NIEWCZAS M., PĄCZEK L., FORONCEWICZ B.

Interleukin 6 and calcium score predict the risk of 5-year all-cause mortality in CKD patients.

55th ERA-EDTA Congress, Copenhagen, Denmark, 24-27 May 2018

Nephrology Dialysis Transplantation (2018) 33(suppl. 1): SP395

4450/A

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

Narrow-Spectrum Garvicin a targets Man-PTS.

12th International Scientific Conference on Probiotics, Prebiotics, Gut Microbiota and Health, Budapest, Hungary, 18-21 June 2018

Abstracts Book p.61

4451/A

BERNAT P., GRYZ E., PERLIŃSKA-LENART U., PIŁSYK S., DŁUGOŃSKI J., KRUSZEWSKA J.S.
Lipidomic pattern of cellular membranes from *Trichoderma*, *Aspergillus* and *Neurospora* significantly differs from that of *S. cerevisiae*.

15th International Trichoderma & Gliocladium Workshop, Salamanca, Spain, 10-13 June 2018

Abstracts Book Oral S3-2, p.75

4452/A

PIŁSYK S., PERLIŃSKA-LENART U., GRYZ E., TURŁO J., HILSZCZAŃSKA D., KRUSZEWSKA J.S.
Trichoderma found in microbiome of gleba from Burgundy truffle (*Tuber aestivum*) fruiting bodies.
15th International Trichoderma & Gliocladium Workshop, Salamanca, Spain, 10-13 June 2018
Abstracts Book Poster PS3-3, p.79

4453/A

GRYZ E., JEMIOŁA-RZEMIŃSKA M., JÓŹWIAK A., GAWARECKA K., LIPKO A., PERLIŃSKA-LENART U., PIŁSYK S., STRZAŁKA K., ŚWIEŻEWSKA E.
KRUSZEWSKA J.S.
Unique structure of dolichols in *Trichoderma* characteristic for filamentous fungi alters properties of cellular membranes.
15th International Trichoderma & Gliocladium Workshop, Salamanca, Spain, 10-13 June 2018
Abstracts Book Poster PS4-4, p.95

4454/A

GRYZ E., PERLIŃSKA-LENART U., PIŁSYK S., GAWARECKA K., ŚWIEŻEWSKA E.,
KRUSZEWSKA J.S.
Structure of dolichols alters activity of dolichol-dependent enzymes in *Trichoderma*.
15th International Trichoderma & Gliocladium Workshop, Salamanca, Spain, 10-13 June 2018
Abstracts Book Poster PS4-5, p.96

4455/A

PERLIŃSKA-LENART U., PIŁSYK S., GRACZYK S., ZEMBEK P., GÓRKA-NIEĆ W., GRYZ E.,
PALAMARCZYK G., KRUSZEWSKA J.S.
Contribution of the mevalonate pathway in antifungal and biocontrol activity of *Trichoderma*.
15th International Trichoderma & Gliocladium Workshop, Salamanca, Spain, 10-13 June 2018
Abstracts Book Oral S4-5, p.89

4456/A

SZYMANIEC A., BUGAJSKA E., MIECZKOWSKA K., KASPEROWICZ S., POZNAŃSKI J.
Hydrophobicity of halogenated benzotriazole derivatives. Application of density measurements to determine the free energy of hydration.
6th International Iberian Biophysics Congress and X Iberoamerican Congress of Biophysics, Castellón, Spain, 20-22 June 2018
Book of Abstracts SO

4457/A

BUGAJSKA E.
Halogen bonding in protein-ligand systems. Application of site-directed mutagenesis of the ATP binding site of the catalytic subunit of the protein kinase CK2.
6th International Iberian Biophysics Congress and X Iberoamerican Congress of Biophysics, Castellón, Spain, 20-22 June 2018
Book of Abstracts SO

4458/A

SZYMANIEC A., BUGAJSKA E., MIECZKOWSKA K., KASPEROWICZ S., POZNAŃSKI J.
Application of optical methods for screening of protein ligand interactions.
Polish Photoscience Seminar, Krutyń, 11-14 June 2018
Book of Abstracts P28, p.55

4459/A

BUGAJSKA E., WINIEWSKA-SZAJEWSKA M., POZNAŃSKI J.
Thermal shift assay evaluates the binding of brominated benzotriazoles by rationally selected variants of the catalytic subunit of human protein kinase CK2.
Polish Photoscience Seminar, Krutyń, 11-14 June 2018
Book of Abstracts P4, p.32

4460/A

WIĘSYK A., IWANICKA-NOWICKA R., FOGTMAN A., GÓRA-SOCHACKA A.

Comparative analysis of gene expression in tomato leaves during development of mild and severe potato spindle tuber viroid infection.

Viroid-2018: International Conference on Viroids and Viroid-Like RNAs, Valencia, Spain, 5-7 July 2018

Book of Abstracts P4, p.49

4461/A

SIKORA A.

Bioróżnorodność wspólnot mikroorganizmów fermentacji wodorowych i metanowych.

III Ogólnopolskie Sympozjum Mikrobiologiczne "Metagenomy Różnych Środowisk", Lublin, 28-29 czerwiec 2018

Referaty, str.20

4462/A

DETMAN A., BUCHA M., SIMONEIT B.R.T., MIELECKI D., PIWOWARCZYK C., CHOJNACKA A., BŁASZCZYK M.K., JĘDRYSEK M.O., MARYNOWSKI L., SIKORA A.

Biodegradacja węgla brunatnego w warunkach kwaśnej fermentacji melasy.

III Ogólnopolskie Sympozjum Mikrobiologiczne "Metagenomy Różnych Środowisk", Lublin, 28-29 czerwiec 2018

Abstrakty, str.50

4463/A

WÓDKIEWICZ M., RUDAK A., CZYŻ E., CHWEDORZEWSKA K.J., ZNÓJ A., GALERA H.

Many have failed – may one prevail? Invasion history and specific traits enabling the persistence of *Poa annua* in the Antarctic.

31st Conference of the Plant Population Biology Section of the Ecological Society of Germany, Austria and Switzerland (GrÖ), Innsbruck, Austria, 3-5 May 2018

Abstracts BS

4464/A

RACHOWKA J., MAŃK K., KONOPKA-POSTUPOLSKA D.

Annexin 1-4 expression is affected by the oxidoreductive state of the cell.

29th International Conference on Arabidopsis Research (ICAR), Turku, Finland, 25-29 June 2018

Abstract Book P22, p.155

4465/A

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

Roles of the Rad27 and Nuc1 nucleases in controlling mutagenesis leading to the accumulation of erythromycin-resistant mutations in both mitochondrial and nuclear DNA of *Saccharomyces cerevisiae*.

Mechanisms of Intrinsic and Induced Genome Instability, Gordon Research Conference, Newry, USA, 24-29 June 2018

Abstracts BS

4466/A

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

The role of activation of Mec1/Rad53/Dun1 pathway in the control of mitochondrial DNA stability in *Saccharomyces cerevisiae*.

Mechanisms of Intrinsic and Induced Genome Instability, Gordon Research Conference, Newry, USA, 24-29 June 2018

Abstracts BS

4467/A

MUSZEWSKA A., STECZKIEWICZ K., STĘPNIEWSKA-DZIUBIŃSKA M.M., GINALSKI K.

Transposable elements contribute to fungal genes and impact fungal lifestyle.

20th Congress of the International Society for Human and Animal Mycology (ISHAM), Amsterdam, the Netherlands, 30 June – 4 July 2018

Medical Mycology (2018) 56 (suppl.2): 48, PP2.174

4468/A

SIKORA A.

Transformacja mleczanu do maślanu (ang. cross-feeding of lactate) w przewodzie pokarmowym i bioreaktorach fermentacji wodorowych.

III Ogólnopolska Mikrobiologiczna Konferencja Naukowa Microbs, Dwikozy, 17-18 maja 2018

Abstrakty, str.11

4469/A

JEDYNIAK M., LAURIN D., PODSIADŁA-BIAŁOSKÓRSKA M., CHROBOCZEK J., SZOŁAJSKA E.

Leukocytes and drug-resistant cancer cells are targets for intracellular delivery by adenoviral dodecahedron.

EuroSciCon Conference of Nanotech & Nanobiotechnology, Paris, France, 12-13 July 2018

Nano Research & Applications (2018) 4: 43

4470/A

CHMIELEWSKA-JEZNACH M., SZCZEPANKOWSKA A.K., BARDOWSKI J.K.

Characterization of lytic *Lactococcus* c2-type phages isolated from dairy industrial samples.

EMBO Workshop: Viruses of Microbes, Wrocław, Poland, 9-13 July 2018

Abstract Book p.150

4471/A

SZCZEPANKOWSKA A.K., CHMIELEWSKA-JEZNACH M., BARDOWSKI J.K.

Characterization of lytic *Lactococcus* 936-type phages from dairy environments by physiological, molecular and whole-genome sequencing approaches.

EMBO Workshop: Viruses of Microbes, Wrocław, Poland, 9-13 July 2018

Abstract Book p.387

4472/A

OWSIAN D., GRUCHOTA J., ARNAIZ O., SPERLING L., NOWAK J.K.

The Spt4/Spt5 complex: an RNA polymerase II elongation factor indispensable for production of non-coding RNA transcripts in *Paramecium tetraurelia*.

Ciliate Molecular Biology Conference, Washington, USA, 17-22 July 2018

Program Book p.5

4473/A

DYLEWSKA M., POZNAŃSKI J., KUŚMIEREK J.T., GRZESIUK E., MACIEJEWSKA A.

1,N-6-alpha-hydroxypropanoadenine and 3,N-4-alpha-hydroxypropanocytosine – acrolein adducts to adenine and cytosine, are substrates for AlkB dioxygenase.

43rd FEBS Congress, Prague, Czech Republic, 7-12 July 2018

FEBS OPEN BIO (2018) 8(suppl.1): 111

4474/A

KLIM J., IZAK D., ZIELENKIEWICZ U., KACZANOWSKI S.

Experimental evolution of *S. cerevisiae* – evolutionary stability of functional modules in yeast genome.

43rd FEBS Congress, Prague, Czech Republic, 7-12 July 2018

FEBS OPEN BIO (2018) 8(suppl.1): 141

4475/A

BALCERAK A., CYSEWSKI D., RUBEL T., GRZYBOWSKA E., DANSONKA-MIESZKOWSKA A., SZAFRON L.

The CRNDEP localization and interactions suggest its role in RNA metabolism, response to stress and cellular component organization.

43rd FEBS Congress, Prague, Czech Republic, 7-12 July 2018

FEBS OPEN BIO (2018) 8(suppl.1): 335

4476/A

MODZELAN M., JAGURA-BURDZY G., KRASZEWSKA E.

Transcriptional activation of the nudC gene encoding intracellular redox balance regulator from *Pseudomonas syringae*.

43rd FEBS Congress, Prague, Czech Republic, 7-12 July 2018

FEBS OPEN BIO (2018) 8(suppl.1): 359

4477/A

DRABIŃSKA J., KUJAWA M., JAGURA-BURDZY G., KRASZEWSKA E.

Does the novel PA2504 protein function as a scaffold polypeptide in *Pseudomonas aeruginosa* cells?

43rd FEBS Congress, Prague, Czech Republic, 7-12 July 2018

FEBS OPEN BIO (2018) 8(suppl.1): 402

4478/A

CZABAN I., NOWAKOWSKI M., BAYER P., EJCHART A., JAREMKO M., JAREMKO Ł.

Unusual temperature dependence of protein-dynamics-towards understanding the enzymatic cold-adaptation by NMR.

XXVIII International Conference on Magnetic Resonance in Biological Systems, Dublin, Ireland, 19-24 August 2018

Abstracts P283, p.172-173

4479/A

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

Profits from nuclear magnetic relaxation - studies of motions in macromolecular from deficient and robust experimental data sets.

XXVIII International Conference on Magnetic Resonance in Biological Systems, Dublin, Ireland, 19-24 August 2018

Abstracts P284, p.173

4480/A

KULIK A., MAZUR R., SZTATELMAN O., GARSTKA M., DOBROWOLSKA G.

The role of SnRK2.10 kinase in plant response to long term salt stress.

International Conference Plant Abiotic Stress Tolerance V, Vienna, Austria, 5-6 July 2018

Programme and Abstracts Oral Presentation

4481/A

GARBICZ D., MIELECKI D., PILŹYS T., MARCINKOWSKI M., DĘBSKI J., KRAWCZYK H., GRZESIUK E.

Newly synthesized stilbene derivatives as a potent anticancer compounds.

49th Annual Meeting of the Environmental Mutagenesis and Genomics Society (EMGS): Maintaining Genomic Integrity in the Face of Environmental Insult, San Antonio, USA, 22-26 September 2018

Environmental and Molecular Mutagenesis (2018) 53(suppl.1): 92, P24

4482/A

PILŹYS T., MARCINKOWSKI M., GARBICZ D., KUKWA W., MIECZKOWSKI A., FERENC K., DYLEWSKA M., POZNAŃSKI J., GRZESIUK E.

New field for anticancer therapy based on ALKBH overexpression in HNSCC.

49th Annual Meeting of the Environmental Mutagenesis and Genomics Society (EMGS): Maintaining Genomic Integrity in the Face of Environmental Insult, San Antonio, USA, 22-26 September 2018

Environmental and Molecular Mutagenesis (2018) 53(suppl.1): 88 P16

4483/A

MARCINKOWSKI M., PILŹYS T., GARBICZ D., WINIEWSKA M., MACIEJEWSKA A., GIELNIK M., POZNAŃSKI J., GRZESIUK E.

FTO dioxygenase structure and its interactors – biophysical studies.

49th Annual Meeting of the Environmental Mutagenesis and Genomics Society (EMGS): Maintaining Genomic Integrity in the Face of Environmental Insult, San Antonio, USA, 22-26 September 2018

Environmental and Molecular Mutagenesis (2018) 53(suppl.1): 95, P31

4484/A

ANTONIUK-MAJCHRZAK J., KRÓL K., SKONECZNY M., SIENKO M., JENDRYSEK J., RUMIENČZYK I., HAŁAS A., KURLANDZKA A., SKONECZNA A.

Lack of G1/S control destabilizes the yeast genome via replication stress-induced DSBs and Rad51p-mediated illegitimate recombination.

9th Central European Genome Stability and Dynamics, Warsaw, Poland, 13-14 September 2018

Book of Abstracts, SIII.3, p.12

4485/A

JĘDRYCHOWSKA M., ALABRUDZIŃSKA M., DMOWSKI M., JONCZYK P., FIJAŁKOWSKA I.J.

Proper functioning of the GINS complex and the stability of repetitive DNA sequences in *Saccharomyces cerevisiae*.

9th Central European Genome Stability and Dynamics, Warsaw, Poland, 13-14 September 2018

Book of Abstracts, SV.3, p.16-17

4486/A

CZERWIŃSKA J., NOWAK M., KOSICKI K., CIEŚLA J., DZIUBAN-LECH D., NIEDERNHOFER L., SPEINA E., TUDEK B.

Lipid peroxidation is endogenous factor of accelerated aging and death of ERCC1-deficient mice.

9th Central European Genome Stability and Dynamics, Warsaw, Poland, 13-14 September 2018

Book of Abstracts, SVIII.2, p.21-22

4487/A

BAŹLEKOWA-KARABAN M., IZERT M., IWANICKA-NOWICKA R., GROMADKA A., TUDEK B., SAPARBAEV M.

The role of DNA repair protein APE1/Ref-1 in transcriptional regulation of genes in mouse B – cell lymphoma cells treated with photodynamic therapy.

9th Central European Genome Stability and Dynamics, Warsaw, Poland, 13-14 September 2018

Book of Abstracts, P4, p.26

4488/A

DENKIEWICZ-KRUK M., JĘDRYCHOWSKA M., ARAKI H., FIJAŁKOWSKA I.J.

The role of the GINS complex in the maintenance of genomic stability in the *Saccharomyces cerevisiae* cells.

9th Central European Genome Stability and Dynamics, Warsaw, Poland, 13-14 September 2018

Book of Abstracts, P5, p.26-27

4489/A

DŁUGAJCZYK A., KRÓL K., SKONECZNY M., SKONECZNA A.

Unperturbed vesicular trafficking ensures efficient DNA damage response.

9th Central European Genome Stability and Dynamics, Warsaw, Poland, 13-14 September 2018

Book of Abstracts, P6, p.27-28

4490/A

DMOWSKI M., JONCZYK P., FIJAŁKOWSKA I.J.

The Dpb2 subunit of DNA polymerase ϵ is involved in the regulation of expression of cell cycle-related genes.

9th Central European Genome Stability and Dynamics, Warsaw, Poland, 13-14 September 2018

Book of Abstracts P7, p.28

4491/A

FEDOROWICZ M., ŚLEDZIEWSKA-GÓJSKA E., McINTYRE J.

The activity of ubiquitin ligase stabilizes human DNA polymerase ι .

9th Central European Genome Stability and Dynamics, Warsaw, Poland, 13-14 September 2018

Book of Abstracts P8, p.28-29

4492/A

GARBICZ D., PILŻYS T., MARCINKOWSKI M., MIECZKOWSKI A., DYLEWSKA M., POZNAŃSKI J., GRZESIUK E.

Anthraquinone derivatives as ALKBH protein inhibitors.

9th Central European Genome Stability and Dynamics, Warsaw, Poland, 13-14 September 2018

Book of Abstracts P9, p.29

4493/A

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

The roles of PCNA modifications and Rad59 in modulation of spontaneous intrachromosomal recombination pathways.

9th Central European Genome Stability and Dynamics, Warsaw, Poland, 13-14 September 2018

Book of Abstracts P11, p.30-31

4494/A

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

Novel, promutagenic activity of Mms2 in *Saccharomyces cerevisiae*.

9th Central European Genome Stability and Dynamics, Warsaw, Poland, 13-14 September 2018

Book of Abstracts P15, p.32

4495/A

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

Roles of the Rad27 and Nuc1 nucleases in controlling mutagenesis leading to the accumulation of erythromycin-resistant mutations in both mitochondrial and nuclear DNA of *Saccharomyces cerevisiae*.

9th Central European Genome Stability and Dynamics, Warsaw, Poland, 13-14 September 2018

Book of Abstracts P16, p.33

4496/A

MACIEJEWSKA A.M., DYLEWSKA M., KORZENIOWSKA K., PADOŁ K., SOKOŁOWSKA B., KUŚMIEREK J.T., POZNAŃSKI J.

Acrolein adducts to adenine and cytosine in DNA are repaired by two Ada-response enzymes – AlkA glycosylase and AlkB dioxygenase.

9th Central European Genome Stability and Dynamics, Warsaw, Poland, 13-14 September 2018

Book of Abstracts P20, p.35-36

4497/A

MAKIEŁA-DZBEŃSKA K., ŁAZOWSKI K., WALSH E., VAISMAN A., MCDONALD J.P., JONCZYK P., FIJAŁKOWSKA I.J., WOODGATE R.

Strand specificity of Ribonucleotide Excision Repair in *Escherichia coli*.

9th Central European Genome Stability and Dynamics, Warsaw, Poland, 13-14 September 2018

Book of Abstracts P21, p.36

4498/A

MARCINKOWSKI M., PILŹYS T., GARBICZ D., PIWOWARSKI J., WINIEWSKA M., PRZYGÓŃSKA K., GIELNIK M., GRZESIUK E., POZNAŃSKI J.

Biophysical characterization of the FTO protein.

9th Central European Genome Stability and Dynamics, Warsaw, Poland, 13-14 September 2018

Book of Abstracts P22, p.37

4499/A

McINTYRE J., SOBOLEWSKA A., FEDOROWICZ M., ŚLEDZIEWSKA-GÓJSKA E.

Polymerase ϵ is posttranslationally acetylated by p300/CBP acetyltransferases.

9th Central European Genome Stability and Dynamics, Warsaw, Poland, 13-14 September 2018

Book of Abstracts P23, p.37-38

4500/A

MOSSAKOWSKA B., FABISIEWICZ A., SIEDLECKI J.A., TUDEK B.

APE1 repair domain inhibitors in cancer treatment.

9th Central European Genome Stability and Dynamics, Warsaw, Poland, 13-14 September 2018

Book of Abstracts P26, p.39

4501/A

PILŹYS T., MARCINKOWSKI M., GARBICZ D., KUKWA W., MIECZKOWSKI A., FERENC K., DYLEWSKA M., POZNAŃSKI J., GRZESIUK E.

ALKBH role in alkylation lesion repair in HNSCC cancer.

9th Central European Genome Stability and Dynamics, Warsaw, Poland, 13-14 September 2018

Book of Abstracts P30, p.41-42

4502/A

SHAHMORADI-GHAHE S., KOSICKI K., BAK M., WOJEWÓDZKA M., TUDEK B.

Higher capacity of DNA repair promotes resistance to the photodynamic therapy in U-87 glioblastoma cell line.

9th Central European Genome Stability and Dynamics, Warsaw, Poland, 13-14 September 2018

Book of Abstracts P36, p.45-46

4503/A

SOBOLEWSKA A., PŁACHTA M., HAŁAS A., ŚLEDZIEWSKA-GÓJSKA E.

Cell cycle regulation of the levels of *S. cerevisiae* Y family TLS polymerases in response to DNA damage.

9th Central European Genome Stability and Dynamics, Warsaw, Poland, 13-14 September 2018

Book of Abstracts P37, p.46-47

4504/A

SZWAJCZAK E., FIJAŁKOWSKA I.J., KANIAK-GOLIK A., SUSKI-GRABOWSKI C.

Participation of different forms of DNA polymerase zeta in mutagenesis in yeasts *Saccharomyces cerevisiae*.

9th Central European Genome Stability and Dynamics, Warsaw, Poland, 13-14 September 2018

Book of Abstracts P39, p.47-48

4505/A

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

How does the Mec1/Tel1/Rad53/Dun1 pathway control the mitochondrial DNA stability in conditions of constitutive checkpoint activation?

9th Central European Genome Stability and Dynamics, Warsaw, Poland, 13-14 September 2018

Book of Abstracts P40, p.48

4506/A

MACIAK K., MACIEJAK A., KOSTARSKA-SROKOSZ E., GIERLAK W., DŁUŻNIEWSKI M., KUCH M., MARCHEL M., OPOLSKI G., KILISZEK M., SEGIET A., GÓRA M., BURZYŃSKA B.

The use of transcriptomic biomarkers for prognosis of heart failure development.

3rd Central European Biomedical Congress (CEBC): News on biomarker discovery and research innovations in medicine and biomedical sciences, Kraków, Poland, 15-18 September 2018

Abstract Book P.3-7

4507/A

MACIOŁA A., PIETRZAK M., ZDANOWSKI K., KOSSON P., KOPERA E.

Studies on recombinant hemagglutinin of influenza virus produced in *Pichia pastoris* cells – an introduction to the subunit vaccine.

2018 World Influenza Conference, Beijing, China, 7-10 September 2018

Abstracts p.117

4508/A

MACIOŁA A., PIETRZAK M., ZDANOWSKI K., KOSSON P., KOPERA E.

Studies on recombinant hemagglutinin H5N1 influenza virus produced in *Pichia pastoris* cells – an introduction to the subunit vaccine.

2018 World Influenza Conference, Beijing, China, 7-10 September 2018

Abstracts, Posters, p.161

4509/A

MACIAK K., ADAMOWICZ-SALACH A., SIWICKA A., URASIŃSKI T., BURZYŃSKA B.

Spectrum and clinical manifestations of mutations in *PIEZO1*.

2018 Golden Helix Summer School – Rare Genomics, Syros Island, Greece, 26-30 September 2018

Public Health Genomics (2018) 21 (suppl.1): 14-15

4510/A

DŁUGAJCZYK A., KRÓL K., SKONECZNA A.

Niezaburzony transport pęcherzykowy gwarantem skutecznej reakcji komórki na uszkodzenia DNA.

IV Kuźnia Młodych Talentów Akademii Młodych Uczonych PAN, Jabłonna, 18-21 września 2018

Abstrakty, str.25

4511/A

FEDOROWICZ M., McINTYRE J.

Polimeraza jota – dziwna siostra z rodziny Y.

IV Kuźnia Młodych Talentów Akademii Młodych Uczonych PAN, Jabłonna, 18-21 września 2018

Abstrakty, str. 28

4512/A

BARDOWSKI J.K.

Czy żywność może oddziaływać na organizm konsumenta? – potencjalne uzasadnienie akredytacji i certyfikacji w przemyśle spożywczym.

Zarządzanie Bezpieczeństwem i Jakością Żywności-10, Zakopane, 10-12 października 2018

Materiały konferencyjne str. 11-15

4513/A

ŻOŁĄDEK T., SOCZEWKA P., KOŁAKOWSKI D., GRABIEC M., TRIBOUILLARD-TANVIER D., DI RAGO J.-P., KAMIŃSKA J.

RCN2 and MYO3 are multicopy suppressors of VPS13 mutation.

34th International Specialized Symposium on Yeasts (ISSY) Bariloche, Argentina, 1-4 October 2018

Book of Abstracts p.224

4514/A

GUTKOWSKA M., ROJEK J., NOWAKOWSKA J., WNUK M., LICHOCKA M., BOHDANOWICZ J., ŚWIEŻEWSKA E.

Rab-dependent vesicular traffic is indispensable for maternal control of male and female gametophyte development but not for embryo development of *Arabidopsis thaliana*.

Advances in Plant Reproduction – from Gametes to Seeds, Florence, Italy, 30 June – 1 July 2018

Programme and Abstract Book

4515/A

KABALA A., BINKO K., GODARD F., BARANOWSKA E., LASSERRE J.-P., BOUHIER M., TRIBOUILLARD-TANVIER D., GOMBEAU K., STEINMETZ L.M., DI RAGO J.-P., KUCHARCZYK R.

Assembly-dependent translation of subunits 6 and 9 of yeast ATP synthase.

GRC Conference: Mitochondria and Chloroplast, Lucca Barga, Italy, 8-13 July 2018

Abstracts BS

4516/A

NIEDŹWIECKA K., BARANOWSKA E., PANJA CH., KUCHARCZYK R.

Subunit *a* of ATP synthase - essential for ATP synthase dimerization in *Saccharomyces cerevisiae*.

20th European Bioenergetics Conference (EBEC), Budapest, Hungary, 25-30 August 2018

Abstracts BS

4517/A

SKOCZEŃ N., DAUTANT A., BOUHIER M., DI RAGO J.-P., KUCHARCZYK R.

A disease-causing hydrogen bond in ATP synthase of mitochondrial genetic origin.

20th European Bioenergetics Conference (EBEC), Budapest, Hungary, 25-30 August 2018

Abstracts BS

4518/A

GRECH-BARAN M., WITEK K., SZAJKO K., MORGIEWICZ K., MARCZEWSKI W., JONES J.DG., HENNIG J.

Extreme resistance of potato to PVY infection is mediated by a TIR-NB-LRR type of R protein.

Integrative Plant Biology Conference, IPG PAS, Poznań, 7-9 November 2018

Abstract Book p.29

4519/A

KAMROWSKA D., ZEMBEK P., TAGLIABRACCI V.S., PAWŁOWSKI K., HENNIG J., KRZYMOWSKA M.

HOPBF1, a TYPE III effector from *Pseudomonas syringae*, a novel kinase and its old substrate.

Integrative Plant Biology Conference, IPG PAS, Poznań, 7-9 November 2018

Abstract Book p.30

4520/A

RAŻEW M., WARKOCKI Z., TAUBE M., KOŁONDRA A., CZARNOCKI-CIECIURA M., NOWAK E., ŁABĘDZKA-DMOCH K., KAWIŃSKA A., PIĄTKOWSKI J., GOLIK P., KOZAK M., DZIEMBOWSKI A., NOWOTNY M.

Structural and biochemical studies of the yeast mitochondrial RNA degradosome.

3rd Congress of Polish Biosciences BIO 2018: Through interdisciplinary approach into new solutions, Gdańsk, Poland, 18-21 September 2018

Acta Biochimica Polonica (2018) 659(supplement 2) L2.1

4521/A

DZIEMBOWSKI A.

Regulation of gene expression by noncanonical poly(A) and poly(U) polymerases.

3rd Congress of Polish Biosciences BIO 2018: Through interdisciplinary approach into new solutions, Gdańsk, Poland, 18-21 September 2018

Acta Biochimica Polonica (2018) 659(supplement 2) L2.5

4522/A

BOROWSKI Ł.S., DHIR A., CHLEBOWSKI A., PIETRAS Z., DHIR S., OWCZAREK E.P., AFFEK K., KOTRYS A.V., PROUDFOOT N.J., DZIEMBOWSKI A., SZCZĘSNY R.J.

The mitochondrial degradosome complex and its co-factors prevent accumulation of double-stranded RNA in humans.

3rd Congress of Polish Biosciences BIO 2018: Through interdisciplinary approach into new solutions, Gdańsk, Poland, 18-21 September 2018

Acta Biochimica Polonica (2018) 659(supplement 2) O2.1

4523/A

SOBIECKI J., LUBOMSKA D., JAROSZEWICZ W., KOSZNIK-KWAŚNICKA K., WIECZERZAK E., GOLEC P., WĘGRZYN A.

Antimicrobial *Streptomyces* strains from cave microbiota: a source for new drugs.

4th Congress of Baltic Microbiologists, Gdańsk, Poland, 10-12 September 2018

Acta Biochimica Polonica (2018) supplement 1, IV.P.16

4524/A

JAROSZEWICZ W., LUBOMSKA D., SOBIECKI J., KOSZNIK-KWAŚNICKA K., WĘGRZYN A.

Various methods of isolation and characterization of *Actinobacteria* isolated from caves in the Tatra mountains.

4th Congress of Baltic Microbiologists, Gdańsk, Poland, 10-12 September 2018

Acta Biochimica Polonica (2018) supplement 1, IV.P.6

4525/A

BOROWSKA K., KOSZNIK-KWAŚNICKA K., SIKORA M., WĘGRZYN A.

Isolation and characteristics of *Salmonella enterica* and *Campylobacter* spp. from farming birds droppings.

4th Congress of Baltic Microbiologists, Gdańsk, Poland, 10-12 September 2018

Acta Biochimica Polonica (2018) supplement 1, IV.P.1

4526/A

KASZUBSKI M., KOSZNIK-KWAŚNICKA K., WĘGRZYN A.

Methods of isolation of bacteriophages infecting *Salmonella enterica* from excrements of farming birds.

4th Congress of Baltic Microbiologists, Gdańsk, Poland, 10-12 September 2018

Acta Biochimica Polonica (2018) supplement 1, III.P.3

4527/A

McINTYRE J., SOBOLEWSKA A., FEDOROWICZ M., McLENIGAN M.P., WOODGATE R., ŚLEDZIEWSKA-GÓJSKA E.

Acetylation – a road sign on the way of solving the mystery of polymerase iota.

5th DNA Polymerases Meeting, Leiden, The Netherlands, 23-26 September 2018

Program and Abstracts. Poster 35 p.180

4528/A

MAKIEŁA-DZBEŃSKA K., ŁAZOWSKI K., WALSH E., VAISMAN A., MCDONALD J.P., JONCZYK P., FIJAŁKOWSKA I.J., WOODGATE R.

Strand specificity of ribonucleotide excision repair in *Escherichia coli*.

5th DNA Polymerases Meeting, Leiden, The Netherlands, 23-26 September 2018

Program and Abstracts. Poster 3 p.116

4529/A

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

How does the Mec1/Tel1/RAD53/Dun1 pathway control the mitochondrial DNA stability in conditions of constructive checkpoint activation?

5th DNA Polymerases Meeting, Leiden, The Netherlands, 23-26 September 2018

Program and Abstracts. Poster 7 p. 124

4530/A

SOBOLEWSKA A., PŁACHTA M., HAŁAS A., ŚLEDZIEWSKA-GÓJSKA E.

Cell cycle regulation of the levels of *S. cerevisiae* Y family TLS polymerases in response to DNA damage.

5th DNA Polymerases Meeting, Leiden, The Netherlands, 23-26 September 2018

Program and Abstracts. Poster 9 p.128

4531/A

DENKIEWICZ-KRUK M., JĘDRYCHOWSKA M., ARAKI H., FIJAŁKOWSKA I.J.

The role of the GINS complex in the maintenance of genomic stability in the *Saccharomyces cerevisiae* cells.

5th DNA Polymerases Meeting, Leiden, The Netherlands, 23-26 September 2018

Program and Abstracts. Poster 10 p.130-131

4532/A

DMOWSKI M., JĘDRYCHOWSKA M., ALABRUDZIŃSKA M., JONCZYK P., FIJAŁKOWSKA I.J.

CMGE complex and the stability of repetitive DNA sequences in yeasts.

5th DNA Polymerases Meeting, Leiden, The Netherlands, 23-26 September 2018

Program and Abstracts. Plenary Lecture p.24

4533/A

MITURA M., LEWICKA E., JAGURA-BURDZY G.

Search for cellular counterparts of α -helical KfrC protein encoded by broad-host-range RA3 plasmid of IncU incompatibility group.

International Society for Plasmid Biology, University of Washington, Seattle 5-9 August 2018

Book of Abstracts p.125

4534/A

LEWICKA E., MITURA M., JAGURA-BURDZY G.

DNA binding of α -helical KfrA protein is important for its stabilization function of broad-host-range RA3 plasmid of IncU group.

International Society for Plasmid Biology, University of Washington, Seattle 5-9 August 2018

Book of Abstracts p.123

4535/A

LEŚNIEWSKA E., JURKIEWICZ A., CIEŚLA M., GRACZYK D., BOGUTA M.

Exploring the effects of the immunosuppressant drug, mycophenolic acid, on transcription by RNA polymerase III.

OddPols 2018: International Conference on Transcription by RNA Polymerases I, III, IV and V, Toulouse, France, 26-29 June 2018

Abstracts BS

4536/A

KUBALA S., KONDRAK P., ĆWIEK P., SACHAROWSKI S.P., ROLICKA A.T., JANCEWICZ I., SARNOWSKA E., SIEDLECKI J.A., KONCZ C., SARNOWSKI T.J.

Identification of evolutionarily conserved functional interdependence between SWI/SNF dependent chromatin remodeling and pre-mRNA splicing.

International Plant Molecular Biology, Montpellier, France, 5-10 August 2018

Abstracts, Poster-G122

4537/A

SARNOWSKI T.J., SARNOWSKA E., ĆWIEK P., SACHAROWSKI S.P., KUBALA S., STECIUK J., ZUGAJ D., MACECH-KLICKA E., HUETTEL B., CIEŚLA M., 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.

Nuclear function of *Arabidopsis erecta* family leucine-rich repeat receptor like kinases (LLR-RLKS).

International Plant Molecular Biology, Montpellier, France, 5-10 August 2018

Abstracts, Poster-T116

4538/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* and human.

Perspektywy w Onkologii Molekularnej – III Zjazd Centrum Onkologii Instytutu im. Marii Skłodowskiej-Curie, Warszawa, 5-6 kwietnia 2018

Książka abstraktów, str. 20

4539/A

SACHAROWSKI S.P., GRATKOWSKA D.M., SARNOWSKA E., KONDRAC P., JANCEWICZ I., PORRI A., BUCIOR E., ROLICKA A.T., STOLZE S., HARZEN A., FRANZEN R., KOWALCZYK J., HUETTEL B., SCHMELZER E., COUPLAND G., NAKAGAMI H., JERZMANOWSKI A., KONCZ C., SARNOWSKI T.J. SWP73A and SWP73B subunits of *Arabidopsis* SWI/SNF chromatin remodeling complexes play distinct roles during development.

Perspektywy w Onkologii Molekularnej – III Zjazd Centrum Onkologii Instytutu im. Marii Skłodowskiej-Curie, Warszawa, 5-6 kwietnia 2018

Książka abstraktów, str. 23

4540/A

ĆWIEK P., SARNOWSKA E., KUBALA S., KONCZ C., FERNIE A.R., SIEDLECKI J.A., SARNOWSKI T.J. New insights into nuclear function of evolutionarily conserved TOR kinases.

Perspektywy w Onkologii Molekularnej – III Zjazd Centrum Onkologii Instytutu im. Marii Skłodowskiej-Curie, Warszawa, 5-6 kwietnia 2018

Książka abstraktów, str. 34

4541/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.

Perspektywy w Onkologii Molekularnej – III Zjazd Centrum Onkologii Instytutu im. Marii Skłodowskiej-Curie, Warszawa, 5-6 kwietnia 2018

Książka abstraktów, str. 41

4542/A

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., GAŁEK L., DEMKOW T., SIEDLECKI J.A., SARNOWSKI T.J.

Role of INI1 SWI/SNF complex subunit in development of clear cell renal cell carcinoma.

Perspektywy w Onkologii Molekularnej – III Zjazd Centrum Onkologii Instytutu im. Marii Skłodowskiej-Curie, Warszawa, 5-6 kwietnia 2018

Książka abstraktów, str. 46

4543/A

SZARKOWSKA J., SARNOWSKA E., RUSETSKA N., SZYMAŃSKI M., CHRZAN A., SKRODZKA M., GAŁEK L., SIEDLECKI J.A., SARNOWSKI T.J.

The impact of O-GlcNAc transferase and SWI/SNF chromatin remodeling complex on the clear cell renal cell carcinoma development.

Perspektywy w Onkologii Molekularnej – III Zjazd Centrum Onkologii Instytutu im. Marii Skłodowskiej-Curie, Warszawa, 5-6 kwietnia 2018

Książka abstraktów, str. 58

4544/A

POLAKOWSKA M., WYSŁOUCH-CIESZYŃSKA A.

H/D exchange mass spectrometry in the analysis of S100A8 and S100A9 proteins.

8th Symposium in Structural Proteomics (8SSP), Berlin, Germany, 10-12 October 2018

Abstract Book P38, p.78

4545/A

KAUS-DROBEK M., PREMCHANDAR A., WYSŁOUCH-CIESZYŃSKA A., HERRMANN H., DADLEZ M.

Monitoring of the filament assembly/disassembly of vimentin and its variants by HDex analysis targeted to three crucial protein regions.

8th Symposium in Structural Proteomics (8SSP), Berlin, Germany, 10-12 October 2018

Abstract Book P26, p.66

4546/A

MOYSA A.A., DADLEZ M., DIETMAR H.

Multiple oligomerization domains along RAGE sequence.

8th Symposium in Structural Proteomics (8SSP), Berlin, Germany, 10-12 October 2018

Abstract Book P32, p.72

4547/A

GŁOWACKA-RUTKOWSKA A., GOZDEK A., ŁOBOCKA M.

Alternative survival strategies of a polyvalent obligately lytic staphylococcal podovirus phiAGO1.3.

EMBO Workshop. Viruses of Microbes, Wrocław, Poland, 9-13 July 2018

Abstract Book p.206

4548/A

BEDNAREK A., CENA A., WOŹNICA W., DZIK D., ŁOBOCKA M.

Complexity of P1 lytic system – does it make a biological sense?

EMBO Workshop. Viruses of Microbes, Wrocław, Poland, 9-13 July 2018

Abstract Book p.123

4549/A

GŁOWACKA-RUTKOWSKA A., GOZDEK A., ŁOBOCKA M.B.

The secret life of new polyvalent staphylococcal podovirus phiAGO1.3.

FEBS 3+ Meeting – XI Parnas Conference – Young Scientists Forum. Biochemistry and Molecular Biology for Innovative Medicine, 2018, Kiev, Ukraine, 3-5 September 2018

Ukrainian Biochemical Journal (2018) 90(special issue): 30

4550/A

SARNOWSKA E., STECIUK J., SZYMAŃSKI M., RUSETSKA N., LIGAJ M., JANCEWICZ I., CŹWIEK P., SKRODZKA M., LESZCZYŃSKI M., SZARKOWSKA J., CIEŚLA M., ROLICKA A.T., CHRZAN A., STACHOWIAK M., MAASSEN A., GAŁEK L., DEMKOW T., SIEDLECKI J.A., SARNOWSKI T.J.

Targeting of chromatin remodeling complexes as a basis for a new anticancer therapies.

Gliwice Scientific Meetings, 16-17 November 2018

Abstracts BS

4551/A

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

Mechanism of promutagenic activity of Mms2 in *Saccharomyces cerevisiae*.

Gordon Research Conference, Newry, USA, 24-29 June 2018

Abstracts BS

4552/A

BOGUTA M., CIEŚLA M.

TFIIIC participates in the negative regulation of tRNA gene transcription in yeast.

OddPols 2018: International Conference on Transcription by RNA Polymerases I, III, IV and V, Toulouse, France, 26-29 June 2018

Abstracts, p.12

4553/A

JURKIEWICZ A., GRACZYK D.

MAP kinases regulate RNA polymerase III activity in LPS-activated macrophage.

3rd Congress of Polish Biosciences BIO 2018: Through interdisciplinary approach into new solutions, Gdańsk, Poland, 18-21 September 2018

Acta Biochimica Polonica (2018) 659 (supplement 2) P6.11

4554/A

WIŚNIEWSKA M., BOGUTA M., GRACZYK D.

The overexpression of AC19, a common subunit of RNA polymerases I and III affects autophagy in yeast.

3rd Congress of Polish Biosciences BIO 2018: Through interdisciplinary approach into new solutions, Gdańsk, Poland, 18-21 September 2018

Acta Biochimica Polonica (2018) 659 (supplement 2) P6.12

4555/A

SIKORA A., DETMAN A., CHOJNACKA A., MIELECKI D.

Wybrane procesy beztlenowego rozkładu materii organicznej obserwowane w bioreaktorach fermentacji wodorowych i metanowych.

VI Bałtyckie Forum Biogazu, Gdańsk, 13-14 września 2018

Ekoenergetyka - biogaz. Badania, technologie, prawo i ekonomika w rejonie Morza Bałtyckiego.

Red. Cenian A., Gołaszewski J., Noch T. Gdańsk 2018. ISBN 978-83-89762-95-5, s. 61

4556/A

DETMAN A., CHOJNACKA A., MIELECKI D., SIKORA A.

Czynniki warunkujące szlaki metaboliczne produkcji metanu- analizy molekularne.

VI Bałtyckie Forum Biogazu, Gdańsk, 13-14 września 2018

Ekoenergetyka – biogaz. Badania, technologie, prawo i ekonomika w rejonie Morza Bałtyckiego.

Red. Cenian A., Gołaszewski J., Noch T. Gdańsk 2018. ISBN 978-83-89762-95-5, s. 171-175

4557/A

MCDONALD J.P., WALSH E., VAISMAN A., ŁAZOWSKI K., MORENO K.C., SCHMIDT M., KRANZ H., JONCZYK P., FIJAŁKOWSKA I.J., YANG W., MAKIEŁA-DZBEŃSKA K., WOODGATE R.

Novel *Escherichia coli dnaE* alleles with altered base and sugar selectivity.

RNase H, Warsaw, Poland, 5-7 September 2018

Abstracts p.12

4558/A

BOROWSKI Ł.S., KOTRYS A.V., DZIEMBOWSKI A., SPELBRINK J.N., SZCZĘSNY R.J.

The monoclonal S9.6 antibody binds dsRNA in human cells as revealed by studies on the mitochondrial degradosome.

RNase H, Warsaw, Poland, 5-7 September 2018

Abstracts p.14

4559/A

MAKIEŁA-DZBEŃSKA K., ŁAZOWSKI K., WALSH E., VAISMAN A., MCDONALD J.P., JONCZYK P., FIJAŁKOWSKA I.J., WOODGATE R.

Strand specificity of Ribonucleotide Excision Repair in *Escherichia coli*.

RNase H, Warsaw, Poland, 5-7 September 2018

Abstracts p.23

4560/A

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

Mutations in *dnaE* differentially affect the fidelity of leading-and lagging-strand replication in *E.coli*.

Gordon Research Conference: Mutagenesis: Mechanisms of Intrinsic and Induced Genome Instability, Newry, USA, 24-29 June 2018

Abstracts BS

4561/A

ŁAZOWSKI K., MAKIEŁA-DZBEŃSKA K., WALSH E., VAISMAN A., MCDONALD J.P., JONCZYK P., FIJAŁKOWSKA I.J., WOODGATE R.

Ribonucleotide repair during bacterial DNA replication: efficiency and strand specificity.

Gordon Research Conference: Mutagenesis: Mechanisms of Intrinsic and Induced Genome Instability, Newry, USA, 24-29 June 2018

Abstracts BS

4562/A

WALTER T., SIKORA A., ZIELENKIEWICZ U.

Analizy taksonomiczne i funkcjonalne metatranskryptomów konsorcjów mikroorganizmów z reaktorów metano- i wodorogennych.

III Ogólnopolskie Sympozjum Mikrobiologiczne: Metagenomy Różnych Środowisk, Lublin, 28-29 czerwca 2018

Abstrakty, str.55

4563/A

DMOWSKI M., KERN-ZDANOWICZ I.

Construction of a novel conjugative tool based on the conjugative transfer system of pCTX-M3, the IncM plasmid B.

Bacterial Protein Export, Leuven, Belgium, 30 September - 3 October 2018

Abstracts Book, poster p.117

4564/A

DUBIAŃSKI R., SARNOWSKA E., LESZCZYŃSKI M., KUBALA S., OLSZEWSKI W., RUSETSKA N., JAGIEŁŁO-GRUSZFELD A.I., KONOPIŃSKI R., SARNOWSKI T.J., SIEDLECKI J.A., NOWECKI Z.

HER2-positive breast cancer resistance to trastuzumab is associated with metabolic switch.

43rd ESMO Congress, Munich, Germany, 19-23 October 2018

Annals of Oncology (2018) 29 (supplement 8): viii5, 17P

4565/A

JANCEWICZ I., RUSETSKA N., ARMATOWSKA A., STACHOWIAK M., POGODA K., NIWIŃSKA A., OLSZEWSKI W., NOWECKI Z.I., SARNOWSKI T.J., SARNOWSKA E., SIEDLECKI J.A.

The role of SWI/SNF chromatin remodelling complex ATPase subunit - BRM in TNBC.

43rd ESMO Congress, Munich, Germany, 19-23 October 2018

Annals of Oncology (2018) 29 (supplement 8): viii672, 1898P

4566/A

SIERPIEŃ B., PAC W., RACHOWKA J., KONOPKA-POSTUPOLSKA D.

The role of calcium in cellular membrane flow.

3rd Congress of Polish Biosciences BIO 2018: Through interdisciplinary approach into new solutions, Gdańsk, Poland, 18-21 September 2018

Acta Biochimica Polonica (2018) 659 (supplement 2) L4.4

4567/A

TARNOWSKI L., CYSEWSKI D., BRZYWCZY J., WAWRZYŃSKA A., SIRKO A.

NBR1 is involved in adjusting plant response to growth in nutrient limiting conditions.

2nd Nordic Autophagy Society Conference, 7th Nordic Autophagy Meeting, Riga, Latvia, 29-31 August 2018

Book of Abstracts Poster 20, p.57

4568/A

SIKORA A., DETMAN A., PIOTROWSKI J.

Innowacyjna instalacja produkująca wodór i metan metodą mikrobiologiczną z odpadów i produktów ubocznych przemysłu cukrowniczego wraz z zastosowaniami otrzymany gazów i zapewnieniem samowystarczalności energetycznej oczyszczalni ścieków w cukrowni.

Pierwszy Narodowy Kongres Biometanu, Opalenica, 24-25 września 2018

Abstrakt BS

4569/A

SOSNOWSKA K., JAROŃCZYK K., LIRSKI M., WÓJCIKOWSKI M., SIEDLECKI P., YATUSEVICH R., ŚWIEŻEWSKI S., KOBŁOWSKA M., JERZMANOWSKI A., ARCHACKI R.

Mechanisms of transcriptional regulation by *Arabidopsis* chromatin remodeler BRM.

COST CA16212- INDEPTH Kick Off Meeting “Impact of Nuclear Domains On Gene Expression and Plant Traits”, Clermont Ferrand, France, 12-14 March 2018

Book of Abstracts p.63

4570/A

BARDOWSKI J.K., SZCZEPANKOWSKA A.K., KASAREŁŁO K.

Recombinant *Lactococcus lactis* producing H5 haemagglutinin or myelin peptides and its immunological effects in animal trials.

6th ISM World Congress on Targeting Microbiota, International Society of Microbiota, Porto, Portugal, 28-30 October 2018

Book of Abstracts p.64

ROZPRAWY HABILITACYJNE 2018

925/N

ŚWIEŻEWSKI SZYMON

Mechanizmy regulacji ekspresji genu DOG1.

DOG1 expression regulation.

2018-02-02

Awarding of the degree of Doctor Habilitatus – January 30, 2018

Research done in IBB PAS.

926/N

KONOPKA-POSTUPOLSKA DOROTA

Charakterystyka biochemiczna i identyfikacja funkcji fizjologicznych aneksyn w odpowiedzi komórek roślinnych na stres abiotyczny.

Biochemical characterization and identification of physiological functions of annexins in plant cell response to abiotic stress.

2018-03-20

Awarding of the degree of Doctor Habilitatus – March 20, 2018

Research done in IBB PAS.

927/N

SURMACZ LILIANA

Poliizoprenoidy jako eukariotyczne „superlipidy” – charakterystyka mechanizmów biosyntezy i poszukiwanie funkcji komórkowych.

Polyisoprenoids as eukaryotic “superlipids” – characteristic of mechanisms of biosynthesis and the search for cellular functions.

2018-05-08

Awarding of the degree of Doctor Habilitatus – May 8, 2018

Research done IBB PAS.

928/N

KĘSIK-BRODACKA MAŁGORZATA

Potencjał immunizacyjny antygenów wytworzonych przy użyciu nowatorskich systemów ekspresyjnych.

Immune potential of antigens produced using novel expression systems.

2018-05-08

Awarding of the degree of Doctor Habilitatus – May 8, 2018

Research done in Bioengineering Department Institute of Biotechnology and Antibiotics.

929/N

KANIAK-GOLIK ANETA

Naprawa i utrzymanie mitochondrialnego DNA w komórkach drożdży *Saccharomyces cerevisiae* w sieci powiązań między mitochondriami i jądrem w modelowej komórce eukariotycznej.

Repair and maintenance of mitochondrial DNA in yeast *Saccharomyces cerevisiae* cells in the network of interactions between mitochondria and the nucleus of a model-organism eukaryotic cell.

2018-06-26

Awarding of the degree of Doctor Habilitatus – June 26, 2018

Research done in IBB PAS.

930/N

BARTOSIK ANETA AGNIESZKA

Segregacja chromosomów u bakterii – rola oddziaływań ParA-ParB-DNA w przebiegu tego procesu w *Pseudomonas aeruginosa*.

Bacterial chromosome segregation – a role of ParA-ParB-DNA interactions in this process in *Pseudomonas aeruginosa*.

2018-11-27

Awarding of the degree of Doctor Habilitatus – November 27, 2018

Research done in IBB PAS.

931/N

KRÓLICZEWSKI JAROSŁAW

Badania nad mechanizmem wbudowywania cytochromu b_6 w błonę biologiczną.

Investigation of the cytochrome b_6 insertion into biological membrane.

2018-10-02

Awarding of the degree of Doctor Habilitatus – October 2, 2018

932/N

HEDDLE JONATHAN GARDINER

Charakterystyka białka pierścieniowego i jego zastosowania w syntetycznej biologii strukturalnej.

Characterisation of a ring protein and its use in synthetic structural biology.

2018-11-27

Awarding of the degree of Doctor Habilitatus – November 27, 2018

ROZPRAWY DOKTORSKIE

933/N

WÓJCIKOWSKI MACIEJ

Metody cheminformatyczne w projektowaniu leków.

(Cheminformatic methods in drug discovery.)

Presented February 1, 2018

Research done in the Department of Bioinformatics IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisors: prof. dr hab. Piotr Zielenkiewicz, dr Paweł Siedlecki

[ang]

934/N

KRZYCZMONIK KATARZYNA

Rola krótkiej formy mRNA genu DOG1 oraz antysensownego RNA w regulacji czasu spoczynkowego nasion na podstawie analizy linii transgenicznych i ekotypów *Arabidopsis thaliana*.

(The role of short DOG1 mRNA form and antisense RNA in seed dormancy regulation based on the analysis of *Arabidopsis thaliana* transgenic lines and accessions.)

Presented February 13, 2018

Research done in the Department of Protein Biosynthesis IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisors: prof. dr hab. Grażyna Dobrowolska, dr Szymon Świeżewski

[ang]

935/N

KACPRZYK-STOKOWIEC ALEKSANDRA

Przemiany strukturalne zachodzące w perfringolizynie O podczas formowania porów w błonie lipidowej.

(Structural changes in perfringolysin O during pore formation in the lipid bilayer.)

Presented February 27, 2018

Research done in IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisors: prof. dr hab. Michał Dadlez, dr Magdalena Kulma

[pol-ang]

936/N

RYMASZEWSKI WOJCIECH

Analiza naturalnej zmienności w obrębie gatunku *Arabidopsis thaliana* (L.) Heynh jako narzędzie badania procesów aklimatyzacji roślin do wzrostu w warunkach ograniczonej dostępności wody.

(Use of natural variation in *Arabidopsis thaliana* (L.) Heynh as a tool to study plant acclimation to water deficit.)

Presented March 13, 2018

Research done in the Laboratory of Plant Pathogenesis IBB PAS and Laboratory of Plant Ecophysiological Responses to Environmental Stresses INRA Sup-Agro.

Ph.D. Thesis Supervisors: prof. dr hab. Jacek Hennig, dr Christine Granier

[ang]

937/N

KRAWCZYK PAWEŁ S.

Analizy metagenomiczne mikroorganizmów ze środowisk antropogenicznych ze szczególnym uwzględnieniem plazmidów.

(Metagenomic analyses of microorganisms from anthropogenic environments with the special emphasis on plasmids.)

Presented March 15, 2018

Research done in IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisors: prof. dr hab. Andrzej Dziembowski, dr Leszek Lipiński

[pol-ang]

938/N

PLACHTA MICHAŁ

Regulacja funkcjonowania DNA polimerazy eta w cyklu komórkowym *Saccharomyces cerevisiae*.
(Cell cycle dependent regulation of DNA polymerase eta in *Saccharomyces cerevisiae*.)

Presented March 27, 2018

Research done in IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Ewa Śledziwska-Gójska

[pol]

939/N

SACHAROWSKI SEBASTIAN P.

Rola kompleksów przebudowujących chromatynę typu SWI/SNF zawierających podjednostki SWP73A i SWP73B w rozwoju *Arabidopsis thaliana*.

(The role of SWI/SNF chromatin remodeling complex containing SWP73 subunit in *Arabidopsis* development.)

Presented April 24, 2018

Research done in the Department of Protein Biosynthesis IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisor: dr hab. Tomasz Sarnowski

[pol]

940/N

GAZDA KINGA

Rola białka prekursorowego Amyloidu w utrzymywaniu homeostazy jonów wapnia w siateczce śródplazmatycznej.

(The role of Amyloid Precursor Protein in calcium homeostasis of the endoplasmic reticulum.)

Presented May 15, 2018

Research done in IIMCB and IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisors: prof. dr hab. Jacek Kuźnicki, dr Tomasz Węgierski

[pol]

941/N

MIERZEJEWSKA KAROLINA

Strukturalne podstawy kontroli endonukleaz restrykcyjnych poprzez metylację.

(Structural basis of methylation control of restriction endonucleases.)

Presented May 15, 2018

Research done in IIMCB and IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisors: prof. dr hab. Matthias Bochtler, dr Honorata Czapińska

[ang]

942/N

NIEDŹWIECKA KATARZYNA

Drożdże jako organizm modelowy w badaniach dysfunkcji syntazy ATP w miopatiach i nowotworach.

(Yeast as a model system to study mechanism of ATP synthase dysfunction in myopathies and cancer.)

Presented May 22, 2018

Research done in the Department of Genetics IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisor: dr hab. Róża Kucharczyk

[pol-ang]

943/N

MACIOŁA AGNIESZKA

Badania nad rekombinowaną hemaglutyniną wirusa grypy otrzymaną w komórkach *Pichia pastoris* – wstęp do szczepionki podjednostkowej.

(Studies on the recombinant hemagglutinin of influenza virus produced in *Pichia pastoris* cells – an introduction to the subunit vaccine.)

Presented June 19, 2018

Research done in Department of Protein Biosynthesis IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisors: dr hab. Ewa Szolajska, dr Edyta Kopera

[ang]

944/N

MITAL MARIUSZ

Skrócenie końca-N peptydów A β a wiązanie Cu(II): powinowactwo, struktury, reaktywność.
(N-truncation of A β peptides and Cu(II) binding: affinity, structures, reactivity.)

Presented June 21, 2018

Research done in the Laboratory of Biophysics IBB PAS and Florey Institute of Neuroscience and Mental Health, University of Melbourne.

Ph.D. Thesis Supervisors: prof. dr hab. Wojciech Bal, dr Simon Drew

[ang]

945/N

WRÓBLEWSKA-ŚWINIARSKA AGATA

Molekularne podstawy zmienności czasu spoczynkowego nasion odmian *Arabidopsis*.
(Molecular basics of seed dormancy variation in *Arabidopsis* ecotypes.)

Presented June 21, 2018

Research done in the Department of Protein Biosynthesis IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisor: dr hab. Szymon Świeżewski

[pol]

946/N

SZYMAŃSKA KATARZYNA

Udział kinaz SnRK2 w odpowiedzi roślin na stresy środowiskowe.

(The role of SNF1 – related protein kinases type 2 (SnRK2) in plant defense against environmental stresses.)

Presented September 4, 2018

Research done in the Department of Plant Biochemistry IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisors: prof. dr hab. Grażyna Dobrowolska, prof. dr hab. David Wendehenne

[ang]

947/N

GŁÓW DAWID

Badania specyficzności sekwencyjnej RNaz Mini-III względem dsRNA.

(Studies on sequence specificity of MiniIII RNases for double stranded RNA.)

Presented September 11, 2018

Research done in the Laboratory of Bioinformatics and Protein Engineering, International Institute of Molecular and Cell Biology and IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisor: dr hab. Krzysztof Skowronek

[pol-ang]

948/N

SZWAJCZAK EWA

Udział różnych form polimerazy DNA zeta w mutagenezie w komórkach drożdży *Saccharomyces cerevisiae*.

(Participation of different forms of DNA polymerase zeta in mutagenesis in yeasts *Saccharomyces cerevisiae*.)

Presented September 11, 2018

Research done in the Laboratory of Mutagenesis and DNA Repair IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisors: prof. dr hab. Iwona Fijałkowska, dr Katarzyna Suski-Grabowski

[pol]

949/N

ASTHA

Ustalanie trójwymiarowych struktur RNA przy pomocy metod doświadczalnych i obliczeniowych.
(RNA 3D structure determination using hybrid approaches.)

Presented September 18, 2018

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 Bujnicki

[ang]

950/N

FOIK ILONA PAULINA

Nowe inhibitory metylotransferaz RNA odpowiedzialnych za bakteryjną oporność na antybiotyki.
(Novel inhibitors of RNA methyltransferases responsible for bacterial resistance to antibiotics.)

Presented September 20, 2018

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]

951/N

PULAWSKI WOJCIECH

Zastosowanie metody typu *implicit solvent* do modelowania dynamiki i stabilności białek błonowych.
(Probing dynamics and stability of membrane proteins by implicit solvent methods.)

Presented September 25, 2018

Research done in IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Sławomir Filipek

[pol]

952/N

FURMAŃCZYK EWA M.

Poszukiwanie mikroorganizmów zaangażowanych w degradację surfaktantów anionowych na przykładzie dodecylosiarczanu sodu.

(Searching for microorganisms involved in the degradation of anionic surfactants as sodium dodecyl sulfate.)

Presented September 27, 2018

Research done in IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisors: prof. dr hab. Andrzej Dziembowski, dr Adam Sobczak

[pol – ang]

53/N

ZIELIŃSKA MAGDALENA

Badanie wzajemnej regulacji białek CMTr1 i DHX15 pełniących w komórkach człowieka rolę metylotransferazy kapu RNA oraz helikazy RNA.

(Mutual regulation of cap RNA methyltransferase CMTr1 and RNA helicase DHX15 in human cells.)

Presented October 4, 2018

Research done in IIMCB and IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisors: prof. dr hab. Janusz M. Bujnicki, dr Elżbieta Purta

[pol]

954/N

KULIŃSKI TOMASZ MARIA

Analiza transkryptomyczna wybranych procesów związanych z patogenezą ludzkich chorób i dla rozwoju zarodkowego ssaków.

(Transcriptomic analysis of selected processes involved in pathogenesis of human diseases and mammalian embryonic development.)

Presented November 20, 2018

Research done in Laboratory of RNA Biology and Functional Genomics IBB PAS and Research Center for Molecular Medicine.

Ph.D. Thesis Supervisors: prof. dr hab. Andrzej Dziembowski, dr Quanah Hudson

[ang]

955/N

ODOLCZYK NORBERT

Inhibitory oddziaływań białko-białko korygujące defekt białka CFTR z mutacją $\Delta F508$.

(Discovery of protein-protein interaction inhibitors correcting the defect of $\Delta F508$ -CFTR mutant.)

Presented December 4, 2018

Research done in the Department of Bioinformatics IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Piotr Zielenkiewicz

[ang]

PRACE MAGISTERSKIE

956/N

GIERCZAK AGATA

Analiza funkcjonalna mutantów *Pseudomonas aeruginosa* nadprodukujących białka Nudix PA2769 i PA0990.
(Functional analysis of *Pseudomonas aeruginosa* mutants overproducing Nudix proteins PA2769 and PA0990.)

Presented January 10, 2018

Research done in the Faculty of Agriculture and Biology SGGW and IBB PAS.

M.Sc. Thesis Supervisor: dr hab. Elżbieta Kraszewska

957/N

GRUSZCZYŃSKA AGATA

Charakterystyka białek PA0124 i PA0125 w *Pseudomonas aeruginosa*.

(Characterization of PA0124 and PA0125 proteins in *Pseudomonas aeruginosa*.)

Presented January 12, 2018

Research done in the Faculty of Chemistry Warsaw University of Technology and IBB PAS.

M.Sc. Thesis Supervisors: dr Paweł Borowiecki, dr Adam Kawałek

958/N

WIŚNIEWSKA MARTYNA

Próba nadprodukcji białka Orf36 kodowanego w koniugacyjnym plazmidzie pCTX-M3 w komórkach *Escherichia coli* i badanie jego roli w regulacji ekspresji genów tra.

(Overproduction of the Orf36 protein from the conjugative plasmid pCTX-M3 in *Escherichia coli* bacteria and studying its function in expression regulation of the tra genes.)

Presented January 10, 2018

Research done in the Faculty of Chemistry Warsaw University of Technology and IBB PAS.

M.Sc. Thesis Supervisors: dr Monika Wielechowska, dr Izabela Kern-Zdanowicz

959/N

ZAJBT-ŁUCZNIEWSKA MARTA

Wpływ zaburzeń transportu pęcherzykowego na biosyntezę i lokalizację steroli roślinnych.

(Effects of disrupted vesicular transport on plant sterol biosynthesis and localization.)

Presented July 5, 2018

Research done in the Faculty of Chemistry Warsaw University of Technology and IBB PAS.

M.Sc. Thesis Supervisor: dr Patrycja Wińska

960/N

DZIK DOMINIKA

Analiza funkcjonalna nietypowych elementów systemu lizy bakteriofaga P1.

(Functional analysis of atypical components of the P1 bacteriophage lytic system.)

Presented July 17, 2018

Research done in the Faculty of Agriculture and Biology SGGW and IBB PAS.

M.Sc. Thesis Supervisor: dr hab. Małgorzata Łobocka

961/N

RUCHLEWICZ JUSTYNA

Charakterystyka fenotypowa mutantów w genach kodujących wybrane regulatory transkrypcji w *Pseudomonas aeruginosa*.

(Phenotypic characterization of mutants in genes encoding selected transcription regulators in *Pseudomonas aeruginosa*.)

Presented September 12, 2018

Research done in the Faculty of Chemistry Warsaw University of Technology and IBB PAS.

M.Sc. Thesis Supervisors: dr Joanna Żylińska-Urban, dr Aneta Bartosik

962/N

RAMANAYAKE MADUSHIKA K.

Analiza dimeryzacji i heterodimeryzacji białek przy użyciu systemu dwuhybrydowego BACTH.
(Analysis of proteins self-association and heterodimerization by use of BACTH System.)

Presented July 6, 2018

Research done in the Faculty of Chemistry Warsaw University of Technology and IBB PAS.

M.Sc.Thesis Supervisors: dr Małgorzata Adamczyk, prof. dr hab. Grażyna Jagura-Burdzy

963/N

KRZYMIŃSKA MARTA ANNA

Analiza funkcjonalna mutantu *Pseudomonas aeruginosa* nadprodukującego białko Nudix PA3470.
(Phenotypic analysis of *Pseudomonas aeruginosa* mutant overproducing Nudix protein PA3470.)

Presented September 28, 2018

Research done in the Faculty of Agriculture and Biology SGGW and IBB PAS.

M.Sc.Thesis Supervisor: dr hab. Elżbieta Kraszewska

964/N

KASPEROWICZ SŁAWOMIR J.

Analogi benzotriazolu jako ligandy kinazy kazeinowej CK2.

(Benzotriazole analogues as CK2 kinase ligands.)

Presented September 26, 2018

Research done in the Faculty of Chemistry Warsaw University of Technology and IBB PAS.

M.Sc.Thesis Supervisors: prof. dr hab. Maria Bretner, prof. dr hab. Jarosław Poznański

965/N

LITWIN EMILIA

Analiza funkcjonalna poszczególnych elementów systemu stabilizacyjnego plazmidu RA3 z grupy IncU.

(Functional analysis of individual elements of the stabilization system of the RA3 plasmid from IncU group.)

Presented November 29, 2018

Research done in the Faculty of Agriculture and Biology SGGW and IBB PAS.

M.Sc. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Grażyna Jagura-Burdzy

966/N

RUFFIER NICOLAS

Przygotowanie, charakterystyka i ocena szczepionki glikokoniugatowej przeciwko infekcjom pneumokokowym.

(Preparation, characterization and evaluation of glycovaccines against pneumococcal infections.)

Presented September 6, 2018

Research done in Université de Nantes and IBB PAS.

M.Sc.Thesis Supervisors: dr Cyrille Grandjean, dr hab. Ewa Szolajska

967/N

PACZKOWSKA MAGDALENA

Badanie oddziaływania białka Vps13 z białkami błonowymi Scs2 i Scs22 u drożdży *Saccharomyces cerevisiae*.

(Analysis of Vps13 protein interaction with membrane proteins Scs2 and Scs22 in the yeast *Saccharomyces cerevisiae*.)

Presented October 24, 2018

Research done in the Faculty of Horticulture, Biotechnology and Landscape Architecture SGGW and IBB PAS.

M.Sc.Thesis Supervisor: dr hab. Joanna Kamińska

MISCELLANEA 2018

275/M

ŁOBOCKA M.

Biotechnologia środowiskowa.

Rozdział w: **Biogospodarka, biotechnologia i nowe techniki inżynierii genetycznej. Nowoczesna biotechnologia podstawą gospodarki.** Ekspertyza Komitetu Biotechnologii Polskiej Akademii Nauk.

Poznań: Ośrodek Wydawnictw Naukowych ICHB PAN 2018. ISBN 978-83-7712-176-4, s. 45-55

276/M

BOGUTA M., REESE J.C.

Regulation of tRNA synthesis and modification in physiological conditions and disease.

BBA – Gene Regulatory Mechanisms (2018) 1861(4): 283-284 (Special Issue, Guest Editor: Magdalena Boguta)

DOI: 10.1016/j.bbagr.2018.03.004

IF 5.018

277/M

LITWINEK D., GAMBUŚ H., BUKSA K., MAKAREWICZ M., ZIĘĆ G., GAMBUŚ F., KOWALCZYK M., BORECZEK J.

Jakość i proces starzenia się chlebów z razowych mąk pszennych: z pszenicy zwyczajnej i orkisz oraz z żyta.

ŻYWNOŚĆ. Nauka. Technologia. Jakość (2018) 25(114): 50-72

DOI: 10.15193/zntj/2018/114/220

278/M

BARTNIK E.

Biobanki jako przyszłość nauki.

Studia Iuridica (2018) 73: 9-12

DOI: 10.5604/01.3001.0012.1355

279/M

RYMER Ł.

First person – Łukasz Rymer.

Journal of Cell Science (2018) 131(17): jcs224006 (2 p.)

DOI: 10.1242/jcs.224006

IF 4.401

280/M

KAMIŃSKA J., KOŁAKOWSKI D.

Białka z rodziny Vps13 – od funkcji molekularnej do patogenezы chorób neurodegeneracyjnych.

Postępy Biochemii (2018) 64(4): 276-287 (Numer specjalny poświęcony chorobom rzadkim, pod redakcją Teresy Żołądek i Joanny Kruszewskiej)

281/M

BARANOWSKA E., RYTKA J., KUCHARCZYK R.

Molekularne podłoże chorób spowodowanych mutacjami w genach kodujących podjednostki syntazy ATP.

Postępy Biochemii (2018) 64(4): 304-317 (Numer specjalny poświęcony chorobom rzadkim, pod redakcją Teresy Żołądek i Joanny Kruszewskiej)

282/M

TOŃSKA K., RUSECKA J., BARTNIK E.

Choroby mitochondrialne, postęp w badaniu i leczeniu.

Postępy Biochemii (2018) 64(4): 304-317 (Numer specjalny poświęcony chorobom rzadkim, pod redakcją Teresy Żołądek i Joanny Kruszewskiej)

Lista publikacji nieuwzględnionych w sprawozdaniach z lat 2015-2017

MISCELLANEA 2015

247/2/M

ZMARZ A., KORCZAK-ABSHIRE M., CHWEDORZEWSKA K.J.

UAV Antarctic Survey.

Academia (2015) 45(1)

MISCELLANEA 2016

261/2/M

CHWEDORZEWSKA K.J., KORCZAK-ABSHIRE M., ZMARZ A.

Change a foot in the land of ice.

Academia (2016) 3(51): 54-56

261/3/M

CHWEDORZEWSKA K.J., KORCZAK-ABSHIRE M., ZMARZ A.

Niespokojnie nad lodami.

Academia (2016) 3(47)

ARTYKUŁY 2017

5530

KOWALCZYK M.

Poland.

Encyclopedic entry in: **The Oxford Companion to Cheese**. Ed. Donnelly C., Oxford University Press; eISBN: 9780199330911, 2017 online.

DOI: 10.1093/acref/9780199330881.001.0001 p.576-577

ABSTRAKTY 2017

4401/A

ZAWISZA I., HAIGH C.L., DREW S.C

The amino terminus of the prion protein does not compete with the octarepeat domain for divalent copper.

18th International Conference on Biological Inorganic Chemistry (ICBIC), Florianopolis, Brazil,

31 July – 4 August 2017

Journal of Biological Inorganic Chemistry (2017) 22 (suppl. 1): 190

4402/A

SHAHMORADI-GHAHE S., CIUBA A., KOPANIA K., FOKSIŃSKI M., OLIŃSKI R., TUDEK B.

The role of epigenetic mark profile, cell cycle alteration and DNA repair in resistance of glioblastoma cells to photodynamic therapy (PDT).

2nd EACR-AACR-SIC Special Conference The Challenges of Optimising Immuno and Targeted Therapies: From Cancer Biology to the Clinic, Florence, Italy, 24-27 June 2017

Proceedings Book, p.165

4403/A

SHAHMORADI-GHAHE S., KOPANIA K., CIUBA A., FOKSIŃSKI M., OLIŃSKI R., TUDEK B.

The role of epigenetic mark profile, cell cycle alteration and DNA repair in resistance of glioblastoma cells to photodynamic therapy.

AACR Annual Meeting, Washington, USA, 1-5 April 2017

Proceedings of the American Association for Cancer Research (2017) 58: 526

4404/A

BUKSA K., ŁAKOMY A., SYGA K., LITWINEK D., KOWALCZYK M., BORECZEK J., NOWOTNA A., GAMBUŚ H.

Degradation of polysaccharides during sourdough fermentation process.

13th International Conference on Polysaccharides-Glycoscience, Prague, Czech Republic,

8-10 November 2017

Proceedings Paper p.104

MISCELLANEA 2017

269/M

RYTKA J.

Retrospective.

Friends, science and freedom – can one ask for more.

FEMS Yeast Research (2017) 17(8): 9 p.

DOI: 10.1093/femsyr/fox086

IF 3.299

270/M

LITWINEK D., BUKSA K., GAMBUŚ H., KOWALCZYK M., BORECZEK J.

Ocena jakości handlowych mąk całoziarnowych – pszennej orkiszowej, pszennej zwyczajnej i żytniej oraz uzyskanych z nich zakwasów spontanicznych.

ŻYWNOŚĆ. Nauka. Technologia. Jakość (2017) 24(113): 76-89

271/M

ZAGOŹDŻON R., MUCHA K., FORONCEWICZ B.

Perspektywy zastosowania chimerowych receptorów antygenowych w nowoczesnej immunosupresji.

Forum Transplantologiczne (2017) 1(2): 3-5

272/M

MOSZCZUK B., MUCHA K., ZAGOŹDŻON R.

HCST w tolerancji immunologicznej.

Forum Transplantologiczne (2017) 1(2): 6-8

273/M

MOSZCZUK B., FORONCEWICZ B., MUCHA K.

Cyklosporyna a ryzyko nowotworów po transplantacji.

Forum Transplantologiczne (2017) 1(2): 9-13

274/M

MOSZCZUK B., FORONCEWICZ B., ZAGOŹDŻON R.

Ultrasonografia z kontrastem w transplantologii.

Forum Transplantologiczne (2017) 1(2): 14-15

Informacje o działalności jednostki naukowej PAN w 2018r.
(sporządzane i przekazywane adresatom wyłącznie w wersji elektronicznej)

Adresaci:

- 1) **Wydział PAN** (właściwy merytorycznie i organizacyjnie)
- 2) **Biuro Upowszechniania i Promocji Nauki PAN**

Termin: 15.02.2019

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. 22 592 21 45, 22 592 21 42, 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

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 genomiczne pozwala na ustalanie sekwencji nukleotydowych wybranych plazmidów, bakteriofagów oraz bibliotek mutantów w badanych genach. Analizowane są sekwencje genomów wiroidów i wirusów roślinnych. Kontynuowana jest analiza funkcjonalna genomu drożdży oraz *Paramecium tetraurelia*. Badania te są prowadzone wielokierunkowo i obejmują geny, których funkcje są poznane, jak i te o funkcjach dotychczas nieustalonych.

Planowanym uzupełnieniem tego kierunku badań będzie podejście eksperymentalne związane z analizą zmian ewolucyjnych w aspekcie genomiki strukturalnej, funkcjonalnej i porównawczej, wykorzystujące nowoczesne techniki badawcze oparte o analizy „optical mapping” (mapowanie genomów). Ostatnio w Instytucie rozwijane są badania **metagenomiczne** polegające na sekwencjonowaniu DNA izolowanego bezpośrednio z naturalnych środowisk. Metagenomika

populacji mikroorganizmów środowiskowych może mieć istotne znaczenie w identyfikacji nowych substancji biologicznie czynnych o znaczeniu biotechnologicznym i medycznym.

Genetyka wybranych procesów metabolicznych poznawana jest m.in. na przykładach przemian związków siarkowych u wybranych bakterii, grzybów niższych i bakterii oraz wykorzystywania związków cukrowych przez bakterie mlekowe. Badania te prowadzone są na poziomie molekularnym i koncentrują się na analizie interakcji białek regulatorowych z odpowiednimi sekwencjami DNA. Wykorzystując model prostych komórek eukariotycznych, jakimi są drożdże analizowane są m.in.: biosynteza hemu i hemoproteidów, regulacyjne aspekty potranslacyjnych modyfikacji białek oraz wewnątrz- i zewnątrzkomórkowy transport białek.

Badania nad **mutagenezą i naprawą DNA** prowadzone są zarówno w systemach prokariotycznych jak i eukariotycznych. Obecnie uwaga wielu grup badawczych skupia się nad zrozumieniem funkcjonalnym i strukturalnym złożonych kompleksów białkowych zaangażowanym w procesy replikacji DNA i transkrypcji, a także w naprawę i replikację uszkodzonych regionów DNA, ze szczególnym uwzględnieniem oksydacyjnych uszkodzeń DNA. W modelowych układach prokariotycznych badana jest wierność procesu replikacji na obydwu niciach DNA, wyjaśniany jest udział różnych polimeraz DNA w procesie replikacji DNA, a w układach eukariotycznych studiowane są funkcje białek niekatalitycznych wchodzących w skład holoenzymów oraz powiązania mutageny i naprawy DNA z procesami nowotworowymi. Analizowane są funkcje zarówno znanych, jak i nowo odkrytych genów zaangażowanych w procesy mutageny i naprawy DNA w chromosomach i mitochondriach drożdży.

Analizowane są procesy **patogenezy roślin**; poznawane są mechanizmy obrony roślin przed infekcjami wirusowymi i grzybicami. Badania te mają charakter kompleksowy i obejmują obserwację różnych procesów przebiegających w zainfekowanych roślinach oraz poznawanie mechanizmów ekspresji genów wybranych wirusów roślinnych. Konstruowane są pełne, infekcyjne genomy wirusowe a także rośliny transgeniczne w celu przeprowadzania różnorodnych badań nad interakcjami roślina-patogen.

Poznawane są **funkcje białek czynnych biologicznie** – tzw. białek opiekuńczych, białkowych kompleksów przeprowadzających replikację DNA, transkrypcję oraz translację. Prowadzone są badania roślinnych kinaz białkowych oraz białek regulujących metabolizm wapnia. Różnorodnej, molekularnej analizie poddawane są białka zaangażowane w stabilne utrzymywanie plazmidów u bakterii.

Kolejnym kluczowym nurtem badań realizowanych w Instytucie są interdyscyplinarne badania mechanizmów regulacji **metabolizmu RNA** w komórkach eukariotycznych. Wykorzystujemy szerokie spektrum narzędzi badawczych: genetyki, biologii molekularnej, proteomiki oraz biologii strukturalnej. Prowadzone przez nas prace przyczyniły się do poznania mechanizmów dojrzewania i rozkładu różnych klas RNA oraz do zainicjowania projektów o znaczeniu aplikacyjnym, których celem jest poszukiwanie nowych leków przeciwnowotworowych. Ważną częścią tych prac badawczych jest rozwijanie metodologii służącej do oczyszczania, nadekspresji i analizy kompleksów białkowych.

Biofizyczne aspekty oddziaływań biologicznych **podstawowych i toksycznych jonów metali** są badane za pomocą szerokiego wachlarza metod badawczych, obejmującego techniki eksperymentalne dostarczające informacji o termodynamice badanych procesów (kalorymetrie ITC i DSC, potencjometria, termoforeza kapilarna) i mechanizmie oddziaływań (spektroskopie UV-Vis, CD, fluorescencyjna i NMR, szereg technik MS) oraz obliczenia teoretyczne. Do kluczowych zagadnień poznawczych badanych tymi metodami należy zaliczyć mechanizmy molekularne w etiologii chorób neurodegeneracyjnych, przekazywanie sygnałów biologicznych przez jony Ca^{2+} i Zn^{2+} oraz reakcje metalozależnej hydrolizy wiązania peptydowego. Prowadzone są również badania stosowane, wykorzystujące wyniki badań podstawowych.

Struktury wybranych białek i ich kompleksów oraz niektórych związków drobnocząsteczkowych analizowane są zarówno metodami biologicznymi jak i połączonymi metodami fizyko-chemicznymi (w tym jądrowym rezonansem magnetycznym), korelowanymi z obliczeniami mechaniki i dynamiki molekularnej.

Zaawansowane metody chemii organicznej znajdują zastosowanie w pracach nad strukturą i przemianami roślinnych izoprenoidów i syntezami pewnych nukleozydów o funkcjach przeciwwirusowych 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.

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 1	publikacje 2	publikacje 3	
214	7	0	191	0	6	10

publikacje 1 – ukazujące się w czasopismach recenzowanych, wyróżnionych przez Journal Citation Reports (JCR, lista A)

publikacje 2 – ukazujące się w czasopismach recenzowanych, wyróżnionych przez European Reference Index for the Humanities (ERIH, lista C)

publikacje 3 – ukazujące się w innych czasopismach recenzowanych, wymienionych w aktualnym wykazie czasopism punktowanych Ministra Nauki i Szkolnictwa Wyższego (lista B)

II.2. Aktywność wydawnicza jednostki

II.2.1. Wydawnictwa własne jednostki w roku sprawozdawczym (liczbowo, dotyczy wydawnictw, które ukazały się w roku sprawozdawczym)

ogółem wydane		z tego								
		wydawnictwa zwarte		wydawnictwa ciągłe					Pozostałe	
				w tym <u>czasopisma:</u> drukowane		wyłącznie w wersji elektronicznej	Inne wydawnictwa ciągłe			
liczba tytułów	nakład w egz.	liczba tytułów	nakład w egz.	liczba tytułów	nakład w egz.	liczba tytułów	liczba tytułów	nakład w egz.	liczba tytułów	nakład w egz.
—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—

nie dotyczy

II.2.2. Czasopisma udostępniane na platformach cyfrowych (De Gruyter Open/Springer; PAN – Czytelnia Czasopism, Elektroniczna Biblioteka; inne platformy)

Liczba tytułów ogółem, w tym:

Tytuł czasopisma, nazwa platformy elektronicznej, na której zostało udostępnione czasopismo.

nie dotyczy

¹ Definicja - stosownie do kryteriów przyjętych w aktualnym rozporządzeniu MNiSW

II.3. Projekty, zadania badawcze realizowane w roku sprawozdawczym

Łączna liczba wszystkich projektów (II.3.1-II.3.3): 100

w tym:

Projekt w ramach	Temat	Kierownik	Okres realizacji	Ogółem na realizację przyznano	Instytucja finansująca
II.3.1.	1) Utrzymanie stabilności genomu mitochondrialnego w komórkach organizmu modelowego <i>Saccharomyces cerevisiae</i> : współdziałanie wielu nukleaz.	Dr Aneta Kaniak-Golik	2013-2018	420 000 zł	Narodowe Centrum Nauki
	2) Molekularne podstawy rozwoju oporności na bakteriocyny u <i>Lactococcus lactis</i> .	Prof. dr hab. Jacek Bardowski	2013-2018	626 600 zł	Narodowe Centrum Nauki
	3) Wiroid – niekodujący replikon RNA regulujący ekspresję genomu gospodarza.	Dr Anna Góra-Sochacka	2014-2018	639 960 zł	Narodowe Centrum Nauki
	4) 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
	5) Analiza genomiczna interakcji ParB-DNA u <i>Pseudomonas aeruginosa</i> .	Prof. dr hab. Grażyna Jagura-Burdzy	2014-2018	1 349 800 zł	Narodowe Centrum Nauki
	6) Multidyscyplinarne kompleksowe badania degradacji i kontroli jakości mitochondrialnego RNA.	Dr Roman Szczęsny	2014-2019	3 000 880 zł	Narodowe Centrum Nauki
	7) Ewolucyjne podejście do badania genomów.	Dr Szymon Kaczanowski	2015-2018	677 760 zł	Narodowe Centrum Nauki
	8) Regulacja fotosyntezy i wzrostu u <i>Arabidopsis thaliana</i> podczas stresu solnego.	Mgr Anna Kulik	2015-2018	722 415 zł	Narodowe Centrum Nauki
	9) 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
	10) Identyfikacja nowych elementów i ścieżek degradacji ludzkiego RNA mitochondrialnego za pomocą wysokoprzepustowych przeszukiwań biblioteką siRNA pokrywającą cały genom.	Dr Roman Szczęsny	2015-2018	898 638 zł	Narodowe Centrum Nauki
	11) 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
	12) 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

13) Wyznaczanie dokładnej struktury kompleksu (kompleksów) peptydu AB1-16 z jonami Pd(II) przy pomocy magnetycznego rezonansu jądrowego (NMR) oraz innych technik spektroskopowych.	Dr Mariusz Mital	2015-2018	99 960 zł	Narodowe Centrum Nauki
14) 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
15) Strukturalne konsekwencje oligomeryzacji lizeiny- toksyny wiążącej sfingomielinę tratw lipidowych.	Dr Magdalena Kulma	2015-2019	711 620 zł	Narodowe Centrum Nauki
16) Peptydy Abeta 4-x jako odporne na leki chelatujące cząsteczki wiążące miedź, promujące tworzenie oligomerów amoloidowych.	Prof. dr hab. Wojciech Bal	2015-2018	621 400 zł	Narodowe Centrum Nauki
17) Dynamika subkomórkowa efektorów HopQ1 – efektorów trzeciego systemu sekrecji z <i>Pseudomonas syringae</i> .	Dr hab. Magdalena Krzymowska	2015-2018	1 105 024 zł	Narodowe Centrum Nauki
18) 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
19) Rola proteasomalnej degradacji białek w regulacji odpowiedzi roślin na stres niedoboru siarki.	Dr Anna Wawrzyńska	2015-2018	594 340 zł	Narodowe Centrum Nauki
20) 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
21) 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
22) 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
23) Badanie mechanizmów biorących udział w syntezie niekodujących transkryptów.	Dr Jacek Nowak	2016-2019	1 205 200 zł	Narodowe Centrum Nauki
24) LEW1 jako białkowy partner cis-prenylotransferaz w procesie biosyntezy poliiizoprenoidów u Arabidopsis.	Mgr Przemysław Surowiecki	2015-2018	150 000 zł	Narodowe Centrum Nauki
25) Analiza zależności funkcjonalnej pomiędzy kompleksami remodelującymi chromatynę typu SWI/SNF i splicingiem pre-mRNA u Arabidopsis.	Mgr Szymon Kubala	2015-2018	612 000 zł	Narodowe Centrum Nauki

26) Molekularne podstawy amyloidogenezy – struktura i dynamika konformacyjna wybranych kompleksów ludzkiego białka prionowego PrP ^c z kationami metali.	Dr Igor Zhukov	2015-2018	156 000 zł	Narodowe Centrum Nauki
27) Charakterystyka funkcjonalna kompleksów przebudowujących chromatynę typu SWI/SNF zawierających podjednostkę SWP73A lub SWP73B u <i>Arabidopsis</i> .	Mgr. inż. Sebastian Sacharowski	2016-2019	150 000 zł	Narodowe Centrum Nauki
28) Nieznane szlaki przemian metabolicznych octanu, maślanu, mleczanu i propionianu we wspólnotach mikroorganizmów produkujących metan.	Dr hab. Anna Sikora	2016-2018	970 550 zł	Narodowe Centrum Nauki
29) Regulacja posttranslacyjnej modyfikacji ludzkiej polimerazy iota.	Dr Justyna McIntyre	2016-2019	703 800 zł	Narodowe Centrum Nauki
30) Nie-katakityczne domeny DRM2, metylotransferazy DNA kierowanej przez RNA.	Dr Humberto Fernandez	2016-2019	907 200 zł	Narodowe Centrum Nauki
31) 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
32) Nowe podejście w projektowaniu inhibitorów bisubstratowych.	Mgr inż. Maria Winiewska	2016-2019	150 000 zł	Narodowe Centrum Nauki
33) 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
34) Mechanizmy inkorporacji i usuwania rybonukleotydów w komórkach <i>E. coli</i> .	Dr Karolina Makiela-Dzbeńska	2016-2019	549 360 zł	Narodowe Centrum Nauki
35) 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
36) Wpływ mobilnych elementów na metabolizm bakterii. Dynamiczne polimery alfa-helikalnych białek plazmidowych typu Kfr w organizacji prokariotycznego wrzeciona mitotycznego.	Prof. Grażyna Jagura-Burdzy	2016-2019	676 800 zł	Narodowe Centrum Nauki
37) Regulacja polimerazy III RNA w makrofagach.	Dr Damian Graczyk	2016-2019	776 000 zł	Narodowe Centrum Nauki
38) 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

38) Hydrofobowa solwatacja halogenowych ligandów. Pomiar termodynamiczne umożliwiające określenie energii swobodnej wiązania halogenowego.	Prof. dr hab. Jarosław Poznański	2016-2019	998 100 zł	Narodowe Centrum Nauki
39) 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
40) Zmiany w profilu transkryptomicznym i proteomicznym oraz elementach historii życia <i>Daphnia</i> w odpowiedzi na związki alkilujące zanieczyszczające środowisko.	Prof. Elżbieta Grzesiuk	2017-2020	1 059 740 zł	Narodowe Centrum Nauki
41) Czy oddziaływania z albuminą są istotne dla metalozależnej toksyczności peptydów beta-amyloidowych.	Mgr inż. Ewelina Stefaniak	2017-2020	150 000 zł	Narodowe Centrum Nauki
42) Badanie roli i biosyntezy poliprenoli typu bakteryjnego w komórkach eukariotycznych.	Dr Liliana Surmacz	2017-2020	900 000 zł	Narodowe Centrum Nauki
43) Czy mikrobioty ryzosfer antarktycznych roślin kwiatowych zwiększają ich odporność?	Mgr Anna Znój	2017-2020	148 800 zł	Narodowe Centrum Nauki
44) 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
45) Nowe powiązania funkcjonalne w komórce eukariotycznej: transport pęcherzykowy strażnikiem stabilności genetycznej.	Dr hab. Adrianna Skoneczna	2017-2020	1 069 400 zł	Narodowe Centrum Nauki
46) 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 Wysłouch-Cieszyńska	2016-2020	1 033 600 zł	Narodowe Centrum Nauki
47) Mechanizmy onkogenezy związanej z mutacjami w DIS3.	Prof. dr hab. Andrzej Dziembowski	2017-2022	3 490 750 zł	Narodowe Centrum Nauki
48) 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
49) Promutagenne działanie pseudoubikwitynazy Mms2 w komórkach drożdży <i>S. cerevisiae</i> .	Mgr Michał Krawczyk	2017-2020	149 900 zł	Narodowe Centrum Nauki
50) 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
51) Ustalenie trójwymiarowych struktur RNA przy pomocy metod doświadczalnych i obliczeniowych.	Dr Ahsta Ashta	2017-2020	115 676 zł	Narodowe Centrum Nauki

52) 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
53) Badania funkcjonalne ludzkich i wirusowych metylotransferaz związanych z biosyntezą 5' końca mRNA.	Mgr inż. Diana Toczyłowska	2017-2018	115 676 zł	Narodowe Centrum Nauki
54) 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
55) 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
56) Molekularny mechanizm kontroli tempa elongacji PolII przez splicing.	Dr Szymon Świeżewski	2017-2020	1 520 900 zł	Narodowe Centrum Nauki
57) Polihydroksykwas 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
58) Jak aktywacja szlaku kinaz Mec1/Tel1 (ludzkie ATR/AM) w odpowiedzi na uszkodzenia genomu jądrowego wpływa na stabilność mitochondrialnego genomu: badanie na drożdżowym modelu mutacji w polimerazie POLG.	Dr Aneta Kaniak-Golik	2018-2021	818 000 zł	Narodowe Centrum Nauki
59) Rola białka Rbs1 w kontroli generalnej odpowiedzi komórki drożdży <i>Saccharomyces cerevisiae</i> na defekt biosyntezy tRNA.	Prof. dr hab. Magdalena Rakowska-Boguta	2018-2021	957 600 zł	Narodowe Centrum Nauki
60) Badania termodynamiczne wiązania halogenowego w klatce (bio)molekularnej.	Prof. dr hab. Jarosław Poznański	2018-2021	1 398 000 zł	Narodowe Centrum Nauki
61) Rola HopBF1, efektora podobnego do kinaz białkowych, w wirulencji chorobotwórczych bakterii.	Dr hab. Magdalena Krzymowska	2018-2019	1 767 400 zł	Narodowe Centrum Nauki
62) Analiza wybranych procesów wpływających na architekturę genomów i skład proteomów u grzybów.	Dr Anna Muszewska	2018-2021	403 840 zł	Narodowe Centrum Nauki
63) Rola białek z rodziny ALKBH w rozwoju otyłości i cukrzycy typu 2 na modelu świni.	Prof. dr hab. Elżbieta Grzesiuk	2018-2021	1 240 920 zł	Narodowe Centrum Nauki
64) Analiza wybranych aspektów behawioralnych populacji uchatek <i>Arctocephalus gazella</i> w antarktycznych obszarach chronionych.	Dr Małgorzata Korczak-Abshire	2018-2019	50 000 zł	Narodowe Centrum Nauki

65) Modelowanie struktur 3D i dynamiki kompleksów RNA z jonami metalu, ze szczególnym uwzględnieniem tworzenia się niekanonicznych par zasad. Rozbudowa modelu gruboziarnistego SimRNA w kierunku wysokiej rozdzielczości.	Dr Dorota Niedziałek	2016-2019	465 400 zł	Narodowe Centrum Nauki
66) Identyfikacja funkcji jądrowej kinazy TOR u Arabidopsis.	Mgr Paweł Ćwiek	2018-2021	180 000 zł	Narodowe Centrum Nauki
67) Kompleks helikazy-polimerazy CMGE jako czynnik integrujący regulację przebiegu cyklu komórkowego i replikacji DNA.	Dr Michał Dmowski	2018-2021	1 288 000 zł	Narodowe Centrum Nauki
68) Mechanizmy regulacji biosyntezy poliprenoli na poziomie transkrypcji.	Dr Daniel Buszewicz	2018-2021	990 000 zł	Narodowe Centrum Nauki
69) Analiza ludzkiego kompleksu SKI, centralnego czynnika cytoplazmatycznych ścieżek degradacji i kontroli jakości RNA.	Dr hab. Rafał Tomecki	2018-2023	2 643 200 zł	Narodowe Centrum Nauki
70) Ilościowa ocena transportu osadów z lodowców Sztetlandów Południowych na podstawie wybranych metod teledetekcyjnych.	Dr hab. Robert Bialik	2018-2021	898 400 zł	Narodowe Centrum Nauki
71) Zmienność mikrobiomu porostów antarktycznych w gradiencie troficznym i czasowo przestrzennym (King George Island, South Shetland Islands).	Dr Jakub Grzesiak	2018-2021	817 020 zł	Narodowe Centrum Nauki
72) Czy maszyneria apoptotyczna jest starą adaptacją do warunków tlenowych?	Dr hab. Szymon Kaczanowski	2018-2021	786 200 zł	Narodowe Centrum Nauki
73) Kinazy białkowe SnRK2 jako integratory sygnałów środowiskowych w regulacji procesu starzenia u roślin.	Dr Anna Marta Kulik	2018-2021	1 552 100 zł	Narodowe Centrum Nauki
74) Izolacja genów odporności na z infekcję PVY ziemniaka (<i>Solanum tuberosum</i> L.) użytecznych w hodowli odpornościowej i ich analiza funkcjonalna.	Prof. dr hab. Jacek Hennig	2018-2021	1 457 500 zł	Narodowe Centrum Nauki
75) Rola dioksygenaz <i>E. coli</i> AlkB i ludzkiej ALKBH3 oraz glikozylazy AlkA <i>E. coli</i> w naprawie adduktów akroleiny do adeniny i cytozyny w DNA.	Mgr Małgorzata Dylewska	2018-2019	90 481 zł	Narodowe Centrum Nauki
76) Rola kinazy TOR w regulacji statusu chromatyny.	Mgr inż. Paweł Ćwiek	2018-2019	83 676 zł	Narodowe Centrum Nauki
77) Dystrybucja jonów miedzi pomiędzy peptydami amyloidu beta a biomolekułami obecnymi w szczelinie synaptycznej w kontekście neurotoksyczności Choroby Alzheimera.	Mgr inż. Ewelina Stefaniak	2018-2019	122 962 zł	Narodowe Centrum Nauki

	78) Charakterystyka klonów <i>Streptococcus pyogenes</i> opornych na makrolidy.	Dr Izabela Kern-Zdanowicz	2018-2021	1 027 302 zł	Narodowe Centrum Nauki
	79) Mechanizmy chroniące przed uszkodzeniami oksydacyjnymi podczas starzenia.	Dr Ulrike Topf	2016-2019	1 200 800 zł	Narodowe Centrum Nauki
	80) Przygotowanie i charakteryzacja zestawu mutantów <i>Arabidopsis thaliana</i> dla wybranych podjednostek TRAPP – homologów ssaczycy białek specyficznych dla kompleksu TRAPP-III.	Dr Marta Hoffman-Sommer	2018-2019	30 340 zł	Narodowe Centrum Nauki
II.3.2.	1) Opracowanie technologii pieczywa funkcjonalnego w oparciu o tradycyjny żur piekarski wzbogacony wyselekcjonowanymi bakteriami fermentacji mlekowej.	Dr Magdalena Kowalczyk	2014-2018	1 056 967 zł	Narodowe Centrum Badań i Rozwoju
	2) Transkryptomiczne biomarkery do stratyfikacji indywidualnego ryzyka rozwoju pozawałowej niewydolności serca.	Dr hab. Beata Burzyńska	2015-2019	1 244 000 zł	Narodowe Centrum Badań i Rozwoju
	3) 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
	4) Zastosowanie nowych metod rozpoznawania i leczenia padaczki oraz zaburzeń neurorozwojowych u dzieci w oparciu o model kliniczny i komórkowy padaczki zależnej od szkalu mTOR.	Prof. dr hab. Michał Dadlez	2017-2020	3 928 980 zł	Narodowe Centrum Badań i Rozwoju
	5) 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 Anna Sikora	2016-2019	2 544 270 zł	Narodowe Centrum Badań i Rozwoju
	6) Wykrywanie zagrożenia nagłą śmiercią łóżeczkową.	Dr Paweł Szczęsny	2015-2018	1 199 750 zł	Narodowe Centrum Badań i Rozwoju
II.3.3.	1) Identyfikacja nowych mechanizmów sygnałowych regulujących aktywność kompleksów remodelujących chromatynę typu SWI/SNF u <i>Arabidopsis thaliana</i> .	Mgr Paweł Ćwiek	2013-2018	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) 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
4) POL-OPENSOURCE – Polska Platforma Infrastruktury Skriningowej dla Chemii Biologicznej.	Prof. dr hab. Piotr Zielenkiewicz	2018-2023	11 500,00 zł	Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego
5) Badania transportu jonów miedzi przez białko CTR1: chemia koordynacyjna i wymiana jonów miedzi z peptydem amyloid beta.	Dr Nina Wezynfeld	2018-2019	241 500 zł	Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego
6) 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
7) Antisense transcription requirement for plant external environment sensing.	Dr Szymon Świeżewski	2017-2020	2 996 000 zł	Fundacja na Rzecz Nauki Polskiej
8) 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	3 071 706 zł	Fundacja na Rzecz Nauki Polskiej
9) The role of POLR1D, a common subunit of RNA polymerases I and III in colorectal cancer.	Dr Damian Graczyk	2018-2020	1 751 616 zł	Fundacja na Rzecz Nauki Polskiej
10) Mouse Genome Engineering Facility – generation of animal models for biomedical and preclinical studies.	Prof. dr hab. Andrzej Dziembowski	2018-2021	3 319 980 zł	Fundacja na Rzecz Nauki Polskiej
11) Next-generation cancer diagnostics and therapy guidance of lung and breast cancer patients using mass spectrometry-based proteomics.	Dr Dominik Domański	2018-2021	1 333 280 zł	Fundacja na Rzecz Nauki Polskiej
12) Mitochondrial double-stranded RNA: its origin, turnover and involvement in human diseases.	Dr Roman Szczęsny	2018-2021	2 166 850 zł	Fundacja na Rzecz Nauki Polskiej
13) Gene-loops and antisense transcription as mediators of stress memory in plants.	Dr Lien Brzeźniak	2018-2020	800 000 zł	Fundacja na Rzecz Nauki Polskiej
14) Identyfikacja epigenetycznych mechanizmów regulujących ekspresję kluczowych supresorów nowotworzenia w jasnokomórkowym raku nerki.	Dr hab. Tomasz Sarnowski	2018-2021	599 000 zł	Naukowa Fundacja Polpharmy

II.3.4. Zadania badawcze realizowane w ramach działalności statutowej – **liczba ogółem: 56**

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).

Uridylation by TUT4/7 restricts retrotransposition of human LINE-1s.

Warkocki Z., Krawczyk P.S., Adamska D., Bijata K., Garcia-Perez J.L., Dziembowski A.
Cell (2018) 175: 1537–1548

Retrotranspozony LINE-1 stanowią prawie 20 % ludzkiego genomu. Walka z retrotraspozycjami, które powodują niestabilność genomu, odbywa się na wielu poziomach, z których kontrola epigenetyczna jest najlepiej poznana. Badacze z IBB PAN odkryli, nie opisany wcześniej mechanizm restrykcji retrotraspozycji na poziomie post-transkrypcyjnym. Opiera się on na dodawaniu nie zakodowanych w genomie nukleotydów urydylowych do 3' końca mRNA LINE-1 przez enzymy TUT4/7 w sposób zależny od helikazy RNA MOV10.

High-accuracy lagging-strand DNA replication mediated by DNA polymerase dissociation.

Masłowska K.H., Makieła-Dzbeńska K., Mo J.-Y., Fijałkowska I.J., Schaaper R.M.
PNAS - Proceedings of the National Academy of Sciences USA (2018) 115(16): 4212-4217

Zdefiniowany kierunek syntezy DNA powoduje, że mechanizm procesu replikacji jest różny na obu niciach DNA. Zadano fundamentalne pytanie o mechanizmy kontrolujące wierność replikacji na nici opóźnionej i wiodącej DNA. Wykazano, że mechanizm dysocjacji polimerazy od matrycy nici opóźnionej DNA jest odpowiedzialny za wyższą wierność replikacji tej nici. Otrzymane wyniki pozwalają na lepsze zrozumienie źródeł różnic obserwowanych w poziomach mutageny podczas ewolucji czy w komórkach 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 dotyczy

- Wybrane 2 ważniejsze zastosowania wyników badań naukowych lub prac rozwojowych o znaczeniu społecznym (np. w zakresie ochrony zdrowia, ochrony środowiska i dziedzictwa przyrodniczego, ochrony zabytków i dziedzictwa kulturowego, inne) i gospodarczym (m.in. nowe technologie, wdrożenia, licencje); działania zwiększające innowacyjność, jeżeli zjawisko wystąpiło, (na każdy opis – maks. 500 znaków ze spacjami).

Patent nr PL230098 B1

pt.: System nośników kwasów nukleinowych, sposób przygotowania systemu oraz ich zastosowanie
 Wynalazek stanowi system nośników kwasów nukleinowych oparty na kationowych pochodnych poliprenoli i jego zastosowanie do wprowadzania DNA i/lub RNA do komórek eukariotycznych w warunkach surowiczych i bezsurowiczych. System może być wykorzystany w terapii genowej do efektywnego i bezpiecznego przenoszenia materiału genetycznego.

Twórcy: Chojnacki T., Gawarecka K., Kula-Świeżewska E., Masnyk M., Chmielewski M., Rak M., Madeja Z., Ochalek A.

Patent przyznano IBB PAN, IChO PAN i UJ,

Patent nr: CA 2,816,281

pt.: A plant homolog to autophagy protein P62

Przedmiotem wynalazku jest sposób otrzymywania roślin o korzystnych cechach hodowlanych ze szczególnym wskazaniem na zwiększenie oporności roślin na stresy abiotyczne np. chłód, susza, itp. poprzez zwiększenie poziomu białka Joka2 metodami inżynierii genetycznej. Ponadto, transgeniczne rośliny nadprodukujące białko Joka2 w fuzji z białkiem fluorescencyjnym mogą znaleźć

zastosowanie do monitorowania poziomu autofagii w roślinach, co może mieć znaczenie w określeniu stanu fizjologicznego roślin.

Twórcy: Sirko A., Wawrzyńska A., Liszewska F., Moniuszko G., Łukomaska J., Zientara-Rytter K.

Patent przyznano IBB PAN

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

Lp.	Numer zgłoszenia patentowego	Data zgłoszenia patentowego	Numer prawa wyłącznego	Tytuł	Twórca / Twórcy (nazwisko i imię)	Nazwa uprawnionego z patentu	Kraj lub organizacja gdzie dokonano zgłoszenia
1.	CA 2,816,281	27.10.2011	CA 2,816,281 (data przyznania 24.07.2018)	A plant homolog to autophagy protein P62.	Sirko Agnieszka, Wawrzyńska Anna, Liszewska Frantz, Moniuszko Grzegorz, Łukomaska Jolanta, Zientara-Rytter Katarzyna	Instytut Biochemii i Biofizyki PAN	Kanada
2.	EP 14185332.5	20.06.2011	EP 2816034 (data przyznania 12.12.2018)	Compounds as modulators of a mutant CFTR protein and their use for treating diseases associated with CFTR protein malfunction.	Odolczyk Norbert, Zielenkiewicz Piotr, Wieczorek Grzegorz, Edelman Aleksander, Tondelier Danielle, Fritsch Janine	Instytut Biochemii i Biofizyki PAN	Europa
3.	EP 14185330.9	20.06.2011	EP 2826771 (data przyznania 12.12.2018)	Compounds as modulators of a mutant CFTR protein and their use for treating diseases associated with CFTR protein malfunction.	Odolczyk Norbert, Zielenkiewicz Piotr, Wieczorek Grzegorz, Edelman Aleksander, Tondelier Danielle, Fritsch Janine	Instytut Biochemii i Biofizyki PAN	Europa
4.	2015-163655	20.06.2011	JP 62 84914 (data przyznania 09.02.2018)	Compounds as modulators of a mutant CFTR protein and their use for treating diseases associated with CFTR protein malfunction.	Odolczyk Norbert, Zielenkiewicz Piotr, Wieczorek Grzegorz, Edelman Aleksander, Tondelier Danielle	Instytut Biochemii i Biofizyki PAN	Japonia
5.	MX 20140011075	20.06.2011	MX356714 (data przyznania 11.06.2018)	Compounds as modulators of a mutant CFTR protein and their use for treating diseases associated with CFTR protein malfunction.	Odolczyk Norbert, Zielenkiewicz Piotr, Wieczorek Grzegorz, Edelman Aleksander, Tondelier Danielle, Fritsch Janine	Instytut Biochemii i Biofizyki PAN	Meksyk

6.	PL407163	12.02.2014	PL228091 (data przyznania 28.02.2018)	Biomarkery transkryptomiczne, sposób określenia i zastosowanie biomarkerów transkryptomicznych do stratyfikacji indywidualnego ryzyka rozwoju pozawałowej niewydolności serca.	Burzyńska Beata, Góra Monika, Maciejak Agata, Tułacz Dorota, Kiliszek Marek, Michalak Marcin, Opolski Grzegorz, Matlak Krzysztof, Dobrzycki Sławomir	<u>Instytut Biochemii i Biofizyki PAN,</u> Warszawski Uniwersytet Medyczny, Uniwersytet Medyczny w Białymstoku	Polska
7.	PL386238	07.10.2008	PL228280 (data przyznania 08.03.2018)	Nowe asymetryczne podstawione pochodne 1,4,7-triazacyklonanu, sposób ich wytwarzania, ich zastosowanie oraz czip białkowy i sposób immobilizacji białek.	Sobieściak Tomasz Daniel	<u>Instytut Biochemii i Biofizyki PAN</u>	Polska
8.	PL411230	16.08.2016	PL229124 (data przyznania 15.06.2018)	Szczepionka DNA skierowana przeciwko wirusowi grypy H5N1, zmodyfikowana sekwencja nukleotydowa oraz zastosowanie zmodyfikowanej sekwencji nukleotydowej sekwencji do wytwarzania szczepionki.	Zagórski-Ostoja Włodzimierz, Sirko Agnieszka, Góra-Sochacka Anna, Stachyra Anna, Kudla Grzegorz, Redkiewicz Patrycja	<u>Instytut Biochemii i Biofizyki PAN</u>	Polska
9.	PL409283	27.08.2014	PL229262 (data przyznania 15.06.2018)	Polipeptyd zdolny do trawienia peptydoglikanu, jego zastosowanie oraz kodujący go polinukleotyd.	Łobocka Małgorzata, Gozdek Agnieszka, Kosakowski Jarosław, Różycka Aleksandra, Weber-Dąbrowska Beata, Górski Andrzej	<u>Instytut Biochemii i Biofizyki PAN,</u> Instytut Immunologii i Terapii Doświadczalnej PAN	Polska
10.	PL40358518	18.04.2013	PL229799 (data przyznania 31.08.2018)	Sposób selekcji roślino zwiększonej tolerancji na ciemną plamistość pouderzeniową, materiał roślinny otrzymany tym sposobem oraz zastosowanie sekwencji aneksyn z ziemniaka do selekcji roślin.	Dorota Konopka- Postupolska, Jacek Hennig, Michał Szalonek, Wojciech Rymaszewski, Agnieszka Hara, Waldemar Marczewski	<u>Instytut Biochemii i Biofizyki PAN,</u> <u>Instytut Hodowli- Państwowy Instytut Badawczy i Aklimatyzacji Roślin</u>	Polska
11.	PL410078	06.11.2014	PL230096 (data przyznania 26.09.2018)	System nośników kwasów nukleinowych, sposób przygotowania systemu oraz ich zastosowanie.	Kula-Świeżewska Ewa, Rak Monika, Madeja Zbigniew, Chojnacki Tadeusz, Gawarecka Katarzyna, Masnyk Marek, Chmielewski Marek	<u>Instytut Biochemii i Biofizyki PAN,</u> Uniwersytet Jagielloński, Instytut Chemii Organicznej PAN	Polska

Załącznik nr 4

12.	PL400718	10.09.2012	PL230884 (data przyznania 31.12.2018)	Plazmid pomocniczy do mobilizacji, szczep bakteryjny, system o szerokim spektrum gospodarzy do wydajnej mobilizacji plazmidów, ich zastosowania oraz zestaw molekularny.	Dmowski Michał, Kern-Zdanowicz Izabela	<u>Instytut Biochemii i Biofizyki PAN</u> , LKB Biotech Violetta Kochmańska i Marek Welnicki sp.j.	Polska
13.	PL 426477	30.07.2018	-	Bakteryjna kultura starterowa do pieczywa orkiszowego, zakwas ją zawierający, sposób wytwarzania pieczywa i zastosowanie bakteryjnej kultury starterowej lub zakwasu do wytwarzania pieczywa.	Kowalczyk Magdalena, Bardowski Jacek, Boreczek Jakub, Żylińska Joanna, Górecki Roman, Litwinek Dorota, Gambuś Halina, Bukša Krzysztof	<u>Instytut Biochemii i Biofizyki PAN</u> , Uniwersytet Rolniczy im. Hugona Kołłątaja w Krakowie	Polska
14.	EP 16823045.6	29.05.2018	-	Method of analysis of proteins in urine.	Marcinkowski Michał, Pilżys Tomasz, Garbicz Damian, Lisik Wojciech, Kosieradzki Maciej, Pączek Leszek, Krasowski Paweł	<u>Instytut Biochemii i Biofizyki PAN</u> , Warszawski Uniwersytet Medyczny	Europa
15.	EP 14766010.4	15.03.2018	-	Use of MIR 172 Molecule for decreasing inflammation.	Łukasik Anna, Zielenkiewicz Piotr, Szwejkowska-Kulińska Zofia Pączek Leszek	<u>Instytut Biochemii i Biofizyki PAN</u>	Europa
16.	EP3268033	17.01.2018	-	A factor Increasing efficiency of a DNA vaccine against a virus, a plazmid DNA formulation, a DNA vaccine, a metod of obtaining a modified expression vector and use of a nucleotide sequence recognised by the nf kappa b factor.	Sirko Agnieszka Góra-Sochacka Anna, Zagórski-Ostoja Włodzimierz, Stachyra Anna, Redkiewicz Patrycja, Midoux Patrick, Pichon Chantal	<u>Instytut Biochemii i Biofizyki PAN</u>	Europa
17.	PL426416	23.07.2018	-	Koniugaty klasterów boru jako ligandy receptorów purynnergicznych, sposób ich wytwarzania oraz zastosowanie.	Leśnikowski Zbigniew, Mieczkowski Adam	<u>Instytut Biologii Medycznej PAN w Łodzi</u> , Uniwersytet Medyczny w Łodzi, Instytut Biochemii i Biofizyki PAN	Polska
18.	PL428092	06.12.2018	-	Kompozycja szczepów grzybowych i sposób dezodoryzacji odpadów komunalnych.	Kruszewska Joanna Stefania, Perlińska-Lenart Urszula, Piłsyk Sebastian, Grynberg Marcin	<u>Demeter Sp. z o.o.</u>	Polska

Załącznik nr 4

19.	20177335517	29.11.2018	-	Method and compositions for modifying cystis fibrosis transmembrane conductance regulator activity.	Odolczyk Norbert, Edekman Aleksander, Zielenkiewicz Piotr, Kuźmińska-Faure Grażyna	Institut Pasteur, Institut National de la Recherche Medicale, <u>Instytut Biochemii i Biofizyki PAN</u>	European Patent Office (EPO)
20.	215/2018	26.07.2018	-	Potyvirus resistance genes and methods of use.	Grech-Baran Marta, Hennig Jacek, Jones D.G. Jonathan, Marczewski Waldemar, Szajko Katarzyna, Witek Kamil	<u>Two Blades Foundation</u>	USA
21.	US 504880299	23.04.2018	-	Potyvirus resistance genes and methods of use.	Grech-Baran Marta, Hennig Jacek, Jones D.G. Jonathan, Marczewski Waldemar, Szajko Katarzyna, Witek Kamil	<u>Two Blades Foundation</u>	Bangladesz
22.	PCT/US2018/04 4108	27.07.2018	-	Potyvirus resistance genes and methods of use.	Grech-Baran Marta, Hennig Jacek, Jones D.G. Jonathan, Marczewski Waldemar, Szajko Katarzyna, Witek Kamil	<u>Two Blades Foundation</u>	Międzynarodowe

– 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
Szymon Świeżewski	Mechanizmy regulacji ekspresji genu DOG1.	nauk biologicznych w dyscyplinie biochemia
Dorota Konopka-Postupolska	Charakterystyka biochemiczna i identyfikacja funkcji fizjologicznych aneksyn w odpowiedzi komórek roślinnych na stres abiotyczny.	nauk biologicznych w dyscyplinie biochemia
Liliana Surmacz	Poliizoprenoidy jako eukariotyczne „superlipidy” – charakterystyka mechanizmów biosyntezy i poszukiwanie funkcji komórkowych.	nauk biologicznych w dyscyplinie biochemia
Aneta Kaniak-Golik	Naprawa i utrzymanie mitochondrialnego DNA w komórkach drożdży <i>Saccharomyces cerevisiae</i> w sieci powiązań między mitochondriami i jądrem w modelowej komórce eukariotycznej.	nauk biologicznych w dyscyplinie biochemia
Aneta Bartosik	Segregacja chromosomów u bakterii – rola oddziaływań ParA-ParB-DNA w przebiegu tego procesu w <i>Pseudomonas aeruginosa</i> .	nauk biologicznych w dyscyplinie biochemia

- doktora (imię, nazwisko pracownika, tytuł pracy doktorskiej, dziedzina i zakres nadanego stopnia naukowego)

Imię i nazwisko	Tytuł pracy doktorskiej	Dziedzina i zakres nadanego stopnia naukowego
Róża Sawicka	Przeciwciała monoklonalne mAb6-9-1 i jego rekombinowana pochodna jako przykładowe narzędzia diagnostyczne wirusa grypy ptaków H5N1.	nauk biologicznych w dyscyplinie biochemia
Katarzyna Obszańska	Charakterystyka klinicznych szczepów paciorkowców z grupy anginosus przy użyciu klasycznych metod typowania oraz technik o wysokiej przepustowości.	nauk biologicznych w dyscyplinie biochemia
Maciej Wójcikowski	Metody cheminformacyjne w projektowaniu leków.	nauk biologicznych w dyscyplinie biofizyka
Katarzyna Krzyczmonik	Rola krótkiej formy mRNA genu DOG1 oraz antysensownego RNA w regulacji czasu spoczynkowego nasion na podstawie analizy linii transgenicznych i ekotypów <i>Arabidopsis thaliana</i> .	nauk biologicznych w dyscyplinie biochemia

Aleksandra Kacprzyk-Stokowiec	Przemiany strukturalne zachodzące w perfringolizynie O podczas formowania porów w błonie lipidowej.	nauk biologicznych w dyscyplinie biofizyka
Wojciech Rymaszewski	Analiza naturalnej zmienności w obrębie gatunku <i>Arabidopsis thaliana</i> (L.) Heynh jako narzędzie badania procesów aklimatyzacji roślin do wzrostu w warunkach ograniczonej dostępności wody.	nauk biologicznych w dyscyplinie biologia
Paweł Krawczyk	Analizy metagenomiczne mikroorganizmów ze środowisk antropogenicznych ze szczególnym uwzględnieniem plazmidów.	nauk biologicznych w dyscyplinie biochemia
Michał Płachta	Regulacja funkcjonowania DNA polimerazy ϵ w cyklu komórkowym <i>Saccharomyces cerevisiae</i> .	nauk biologicznych w dyscyplinie biochemia
Sebastian Sacharowski	Rola kompleksów przebudowujących chromatynę typu SWI/SNF zawierających podjednostki SWP73A i SWP73B w rozwoju <i>Arabidopsis thaliana</i> .	nauk biologicznych w dyscyplinie biologia
Karolina Mierzejewska	Strukturalne podstawy kontroli endonukleaz restrykcyjnych poprzez metylację.	nauk biologicznych w dyscyplinie biochemia
Katarzyna Niedźwiecka	Drożdże jako organizm modelowy w badaniach dysfunkcji syntazy ATP w miopatiach i nowotworach.	nauk biologicznych w dyscyplinie biochemia
Agnieszka Macioła	Badania nad rekombinowaną hemaglutyniną wirusa grypy otrzymaną w komórkach <i>Pichia pastoris</i> – wstęp do szczepionki podjednostkowej.	nauk biologicznych w dyscyplinie biochemia
Mariusz Mital	Skrócenie końca-N peptydów A β a wiązanie Cu(II): powinowactwo, struktury, reaktywność.	nauk biologicznych w dyscyplinie biofizyka
Agata Wróblewska-Świniarska	Molekularne podstawy zmienności czasu spoczynkowego nasion odmian <i>Arabidopsis</i> .	nauk biologicznych w dyscyplinie biochemia
Katarzyna Szymańska	Udział kinaz SnRK2 (SNF1-related type 2 kinases) w odpowiedzi roślin na stresy środowiskowe.	nauk biologicznych w dyscyplinie biochemia
Ewa Sz wajczak	Udział różnych form polimerazy DNA zeta w mutageniezie w komórkach drożdży <i>Saccharomyces cerevisiae</i> .	nauk biologicznych w dyscyplinie biochemia
Ewa Furmańczyk	Poszukiwanie mikroorganizmów zaangażowanych w degradację surfaktantów anionowych na przykładzie dodecylosiarczanu sodu.	nauk biologicznych w dyscyplinie biochemia
Tomasz Kuliński	Analiza transkryptomyczna wybranych procesów związanych z patogenezą ludzkich chorób i dla rozwoju zarodkowego ssaków.	nauk biologicznych w dyscyplinie biochemia

Norbert Odolczyk	Inhibitory oddziaływań białko-białko korygujące defekt białka CFTR z mutacją ΔF508.	nauk biologicznych w dyscyplinie biofizyka
------------------	---	--

II.6.2. Wykaz tytułów i stopni naukowych nadanych przez jednostkę w roku sprawozdawczym innym osobom (niezatrudnionym w jednostce):

- doktora habilitowanego

Imię i nazwisko	Tytuł pracy habilitacyjnej	Dziedzina i zakres nadanego stopnia naukowego
Małgorzata Kęsik-Brodacka	Potencjał immunizacyjny antygenów wytworzonych przy użyciu nowatorskich systemów ekspresyjnych.	nauk biologicznych w dyscyplinie biochemia
Jarosław Króliczewski	Badania nad mechanizmem wbudowywania cytochromu b ₆ w błonę biologiczną.	nauk biologicznych w dyscyplinie biochemia
Jonathan Heddle	Charakterystyka białka pierścieniowego i jego zastosowania w syntetycznej biologii strukturalnej.	nauk biologicznych w dyscyplinie biochemia

- doktora

Imię i nazwisko	Tytuł pracy doktorskiej	Dziedzina i zakres nadanego stopnia naukowego
Magdalena Prusko	Onkogenne właściwości zmutowanego TP53 w alternatywnym składaniu mRNA czynnika wzrostu śródbłoka naczyniowego A.	nauk biologicznych w dyscyplinie biologia
Krzysztof Szczepaniak	Projektowanie sekwencji jako narzędzie w badaniach białek i kwasów nukleinowych.	nauk biologicznych w dyscyplinie biochemia
Kinga Gazda	Rola białka prekursora β-amyloidu w homeostazie wapniowej wewnątrz siateczki śródplazmatycznej.	nauk biologicznych w dyscyplinie biologia
Dawid Główny	Badania specyficzności sekwencyjnej RNaz MiniIII względem dsRNA.	nauk biologicznych w dyscyplinie biochemia
Astha	RNA 3D structure determination using hybrid approaches.	nauk biologicznych w dyscyplinie biofizyka
Ilona Paulina Foik	Nowe inhibitory metylotransferaz RNA odpowiedzialnych za bakteryjną oporność na antybiotyki.	nauk biologicznych w dyscyplinie biochemia
Wojciech Puławski	Zastosowanie metody typu implicit solvent do modelowania dynamiki i stabilności białek błonowych.	nauk biologicznych w dyscyplinie biofizyka
Magdalena Zielińska	Badanie wzajemnej regulacji białek CMTr1 i DHX15 pełniących w komórkach człowieka rolę metylotransferazy kapu RNA oraz helikazy RNA.	nauk biologicznych w dyscyplinie biochemia

II.6.3. Studia doktoranckie - stan na dzień 31 grudnia (w przypadku środowiskowych studiów wypełnia jeden upoważniony do tego instytut naukowy PAN lub instytut PAN w którym są afiliowani doktoranci środowiskowych studiów, co wynika z uregulowań pomiędzy jednostkami prowadzącymi dane środowiskowe studia doktoranckie)

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		
88	57	16	16	0	0	0	0		
Liczba uczestników studiów doktoranckich ogółem						w tym: przyjęci w roku sprawozdawczym			
K		M		K		M			
88		57		16		16		117	117

Bliższe informacje o doktorantach niebędących obywatelami polskimi, zwanymi dalej „cudzoziemcami”

Liczba cudzoziemców ogółem		w tym: przyjęci w roku sprawozdawczym	
22		13	
Kraj pochodzenia	Liczba cudzoziemców	Kraj pochodzenia	Liczba cudzoziemców
1) Chiny	2	1) Chiny	1
2) Hiszpania	2	2) Hiszpania	0
3) Indie	13	3) Indie	9
4) Litwa	1	4) Litwa	0
5) Niemcy	1	5) Niemcy	1
6) Portugalia	2	6) Portugalia	2
7) Ukraina	1	7) Ukraina	0

II.6.3.1. Wykaz uzyskanych doktoratów w ramach studiów doktoranckich pod kierunkiem promotora z jednostki PAN:

Imię i nazwisko	Tytuł pracy doktorskiej	Dziedzina i zakres nadanego stopnia naukowego
Róża Sawicka	Przeciwciała monoklonalne mAb6-9-1 i jego rekombinowana pochodna jako przykładowe narzędzia diagnostyczne wirusa grypy ptaków H5N1.	nauk biologicznych w dyscyplinie biochemia
Maciej Wójcikowski	Metody cheminformacyjne w projektowaniu leków.	nauk biologicznych w dyscyplinie biofizyka
Katarzyna Krzyczmonik	Rola krótkiej formy mRNA genu DOG1 oraz antysensownego RNA w regulacji czasu spoczynkowego nasion na podstawie analizy linii transgeniczných i ekotypów <i>Arabidopsis thaliana</i> .	nauk biologicznych w dyscyplinie biochemia
Aleksandra Kacprzyk-Stokowiec	Przemiany strukturalne zachodzące w perfringolizynie O podczas formowania porów w błonie lipidowej.	nauk biologicznych w dyscyplinie biofizyka
Wojciech Rymaszewski	Analiza naturalnej zmienności w obrębie gatunku <i>Arabidopsis thaliana</i> (L.) Heynh jako narzędzie badania procesów aklimatyzacji roślin do wzrostu w warunkach ograniczonej dostępności wody.	nauk biologicznych w dyscyplinie biologia
Paweł Krawczyk	Analizy metagenomiczne mikroorganizmów ze środowisk antropogenicznych ze szczególnym uwzględnieniem plazmidów.	nauk biologicznych w dyscyplinie biochemia
Michał Płachta	Regulacja funkcjonowania DNA polimerazy eta w cyklu komórkowym <i>Saccharomyces cerevisiae</i> .	nauk biologicznych w dyscyplinie biochemia
Sebastian Sacharowski	Rola kompleksów przebudowujących chromatynę typu SWI/SNF zawierających podjednostki SWP73A i SWP73B w rozwoju <i>Arabidopsis thaliana</i> .	nauk biologicznych w dyscyplinie biologia
Karolina Mierzejewska	Strukturalne podstawy kontroli endonukleaz restrykcyjnych poprzez metylację.	nauk biologicznych w dyscyplinie biochemia
Katarzyna Niedźwiecka	Drożdże jako organizm modelowy w badaniach dysfunkcji syntazy ATP w miopatiach i nowotworach.	nauk biologicznych w dyscyplinie biochemia
Agnieszka Macioła	Badania nad rekombinowaną hemaglutyniną wirusa grypy otrzymaną w komórkach <i>Pichia pastoris</i> – wstęp do szczepionki podjednostkowej.	nauk biologicznych w dyscyplinie biochemia
Mariusz Mital	Skrócenie końca-N peptydów Aβ a wiązanie Cu(II): powinowactwo, struktury, reaktywność.	nauk biologicznych w dyscyplinie biofizyka

Agata Wróblewska-Świniarska	Molekularne podstawy zmienności czasu spoczynkowego nasion odmian <i>Arabidopsis</i> .	nauk biologicznych w dyscyplinie biochemia
Katarzyna Szymańska	Udział kinaz SnRK2 (SNF1-related type 2 kinases) w odpowiedzi roślin na stresy środowiskowe.	nauk biologicznych w dyscyplinie biochemia
Ewa Sz wajczak	Udział różnych form polimerazy DNA zeta w mutagenезie w komórkach drożdży <i>Saccharomyces cerevisiae</i> .	nauk biologicznych w dyscyplinie biochemia
Ewa Furmańczyk	Poszukiwanie mikroorganizmów zaangażowanych w degradację surfaktantów anionowych na przykładzie dodecylosiarczanu sodu.	nauk biologicznych w dyscyplinie biochemia
Tomasz Kuliński	Analiza transkryptomyczna wybranych procesów związanych z patogenezą ludzkich chorób i dla rozwoju zarodkowego ssaków.	nauk biologicznych w dyscyplinie biochemia
Norbert Odolczyk	Inhibitory oddziaływań białko-białko korygujące defekt białka CFTR z mutacją ΔF508.	nauk biologicznych w dyscyplinie biofizyka

II.6.4. Udział pracowników jednostki w różnych formach kształcenia podoktorskiego w instytucjach zagranicznych (studia, staże, stypendia, inne, ukończone w roku sprawozdawczym). Dotyczy osób, które będąc pracownikami jednostki, uczestniczyły w tych formach kształcenia.

Krótki opis: imię i nazwisko pracownika; zagraniczny ośrodek naukowy; forma kształcenia; okres kształcenia, rok od-do; wybrane uzyskane najważniejsze rezultaty badawcze (ew. publikacje).

Imię i nazwisko pracownika	Zagraniczny ośrodek naukowy	Forma kształcenia	Okres kształcenia, rok od-do	Wybrane uzyskane najważniejsze rezultaty badawcze (ew. publikacje)
Magdalena Kowalczyk	China National Research Institute of Food and Fermentation Industries, Pekin, China	Szkolenie „China-Poland Training Course on Food Safety and Import-Export Inspection Technology”	23.03.2018-16.04.2018	-
Michał Dmowski	Institute of Molecular Genetics of Montpellier, Montpellier, France	Staż	listopad-grudzień 2018	Analiza przebiegu replikacji DNA w szczepach <i>S. cerevisiae</i> za pomocą metody DNA combing

Nina Ewa Wezynfeld	Strasbourg University, Strasbourg, France	Staż	8.01.2017- 30.06.2019	1. Cu transfer from Amyloid- β 4-16 to Metallothionein-3: the role of neurotransmitter Glutamate and Metallothionein-3 Zn(II)-load states, A. Santoro, N. E. Wezynfeld, E. Stefaniak, D. Płonka, A. Pomorski, A. Krężel, W. Bal, P. Faller, Chem. Comm. 54, 12634-12637, 2018.; 2. The N-terminal 14-mer peptide of human CTR1 can collect Cu(II) from albumin. Implications for cellular copper import, E. Stefaniak, D. Płonka, S. C. Drew, K. L. Haas, P. Faller, N. E. Wezynfeld, W. Bal, Metallomics 10, 1723-1727, 2018.
Szymon Kubala	Max-Planck Institute for Plant Breeding Research, Köln, Germany	Staż krótkoterminowy	listopad-grudzień 2018	Zastosowanie techniki recombineering do precyzyjnej modyfikacji i znakowania podjednostek kompleksu SWI/SNF

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
91	30	20	20

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	50	26
a) w uczelniach wyższych	39	10
b) w innych instytucjach	11	16
2. za granicą	0	6

Wykaz krajowych i/lub zagranicznych ośrodków naukowych, w których pracownicy jednostki prowadzili działalność dydaktyczną w roku sprawozdawczym.

1. Ambasada Francji w Polsce (jury de bourses – Jury BGF)
2. BioCEN

3. Festiwal Nauki 2018
4. IBB PAN
5. Instytut Chemii i Techniki Jądrowej
6. Politechnika Warszawska
7. Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego
8. Uniwersytet Warszawski

II.8. Współpraca z zagranicą

II.8.1. Umowy i porozumienia o współpracy naukowej zawarte przez jednostkę z partnerem zagranicznym

Liczba ogółem: 7

z tego:

kraj	partner	nazwa dokumentu	okres obowiązywania
Francja	Covalab S.A.S., Villeurbanne, France dr. Said El Alaoui	Mutual Nondisclosure Agreement (92/142/2018) and Material Transfer Agreement	3.12.2018-3.12.2019
Hiszpania	The Dairy Research Institute of Asturias, Asturias, Spain	porozumienie PAN/CSIC	od 2007 r.
Niemcy	Ruhr-Universitat Bochum, Bochum, Germany	list intencyjny	od 2013, bezterminowo
Norwegia	The Norwegian University of Life Sciences, As, Norway prof. Dzung Bao Diep	Projekt NCN „Harmonia” 2013/08/M/NZ9/01025	28.08.2013-27.08.2018
Ukraina	Institute of Molecular Biology and Genetics, Kyiv, Ukraine prof. Boris Negrutskii	Temat w ramach Umowa między Rządem RP a Rządem Ukrainy o współpracy w dziedzinie nauki i technologii podpisanej w Kijowie dnia 12 stycznia 1993 r.	2018-2019
Wielka Brytania	Institute of Cancer Research, London, Great Britain prof. Wojciech Niedźwiedź	ETIUDA 6 NCN, Umowa nr UMO-2018/28/T/NZ1/00456 „Nowe inhibitory dioksygenazy ALKBH3 - potencjalne leki w terapii przeciwnowotworowej”	01.10.2018-31.09.2019
Konsorcjum EU-OPENSREEN	ESFRI, EU	Umowa konsorcjum ERIC	bezterminowo

II.8.2. Zagraniczne instytucje naukowe, z którymi jednostka współpracuje w sposób ciągły bez zawartego porozumienia – **80**

II.8.3. Tematy realizowane we współpracy z zagranicą – **26**

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).

Wyniki uzyskane w ramach badań prowadzonych we współpracy z zagranicznymi partnerami:**Grupa prof. dr hab. Wojciecha Bala**

W wyniku współpracy badaczy z Polski, Francji, USA, Kanady i Australii wykazano, że N-końcowa domena transportera miedzi hCTR1 służy jako antena pobierająca jon Cu(II) od albuminy, białka transportującego miedź we krwi. Wspólnie z grupą francuską (U. Strasbourg) kontynuowano badania mechanizmów wymiany jonów miedzi między peptydami z rodziny A β i innymi białkami. Wraz z kolegami z Węgier i Japonii stworzony został prekursor nukleazy niklowej na bazie palca cynkowego z rodziny Sp1.

Grupa dr hab. Róży Kucharczyk

W wyniku współpracy odkryto:

- że utworzenie kanału o wysokiej przepuszczalności i stabilnej konformacji otwartej w błonie mitochondrium wymaga podjednostek *e*, *g*, *a* i *b* syntazy ATP;
- na drożdżowym modelu syndromu Barth, że związki hamujące syntezę białek mogą być lekami na tę chorobę;
- że heterologiczna ekspresja ANT z *A. franciscana* w drożdżach zmienia skład lipidowy błon mitochondrialnych i aktywności systemu OXPHOS;
- nową aktywność AMPylacji pseudokinaz rodziny SelO i ich funkcję biologiczną.

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).

nie dotyczy

II.10. Upowszechnianie i promocja osiągnięć naukowych

II.10.1. Konferencje naukowe (debaty, dyskusje, inne formy spotkań naukowych) organizowane/ współorganizowane przez jednostkę,

Liczba ogółem: 3

z tego:

Nazwa konferencji miejsce, data	Organizator, współorganizatorzy	Rodzaj konferencji		Liczba wystąpień
		krajowa	międzynarodowa	
Symposium "Dzień Chorób Rzadkich: od eksperymentu do leczenia", 28.02.2019, Warszawa	Instytut Biochemii i Biofizyki PAN, Polskie Towarzystwo Biochemiczne, Polskie Towarzystwo Biologii Komórki	X		3

9th Central European Genome Stability and Dynamics, 13-14.09.2018, Warszawa	Instytut Biochemii i Biofizyki PAN, Uniwersytet Adama Mickiewicza, Polska Akademia Nauk		X	3
Biologia XXI wieku: od genetyki klasycznej i molekularnej do zastosowań, 30.11.2018	Instytut Biochemii i Biofizyki PAN	X		0

W tabeli: liczba wystąpień – łączna liczba wszystkich rodzajów wystąpień konferencyjnych przedstawionych przez pracowników jednostki.

II.10.2. Udział jednostki w przedsięwzięciach promujących i popularyzujących wyniki badań naukowych (np. festiwale i pikniki naukowe, wystawy i targi, w tym targi książki, artystyczne, inne): nazwa i miejsce imprezy, ewentualne wyróżnienia związane z udziałem jednostki w tej imprezie (krótki opis).

Gen – jak go ugryźć? 22-23 września, 2018

mgr Aneta Jurkiewicz, mgr Ewa Leśniewska, mgr Izabela Rudzińska, mgr Monika Wiśniewska

Celem warsztatów było zapoznanie uczestników z pracą w laboratorium badawczym oraz z niektórymi metodami biologii molekularnej wykorzystywanymi w badaniu genów. Uczestnicy dowiedzieli się, co to jest plazmid, enzymy restrykcyjne, klonowanie genów, oraz że niepozorne drożdże piekarnicze są doskonałym obiektem eksperymentalnym. Podczas warsztatów uczestnicy przeprowadzili także eksperyment z wykorzystaniem trawienia enzymami restrykcyjnymi.

Jak „zobaczyć” geny plazmidowe u bakterii mlekowych? – 27 września, 2018

mgr inż. Magdalena Chmielewska-Jeznach, mgr inż. Katarzyna Kosiorek, mgr Agnieszka Różga, mgr Aleksandra Tymoszevska, mgr inż. Jakub Boreczek, mgr Przemysław Sałański, dr Joanna Radziwiłł-Bieńkowska, dr Magdalena Kowalczyk

Fermentowane artykuły spożywcze, otrzymywane przy udziale bakterii mlekowych, są nie tylko smacznymi produktami odżywczymi, ale mogą korzystnie wpływać na kondycję człowieka. Bakterie te są także źródłem różnych genów i enzymów wykorzystywanych w biotechnologii. Wiele z użytecznych przemysłowo właściwości zapisanych jest w plazmidach. Pokazano, jak można wykryć obecność bakterii mlekowych i obejrzymy ich komórki. Uczestnicy spotkania dowiedzieli się także, co i w jaki sposób mówią nam o sobie bakterie mlekowe. Pokazano wnętrze komórki bakteryjnej i jak wygląda jej DNA.

Czym są plazmidy i jaką rolę odgrywają u bakterii? – 24 września, 2018

dr Izabela Kern-Zdanowicz

Problem nabywania oporności na antybiotyki przez bakterie i jej rozprzestrzeniania w środowisku jest w ostatnich latach szczególnie niepokojący. Coraz częściej antybiotyki stosowane do leczenia ludzi są nieskuteczne. Dlaczego bakterie stają się niewrażliwe na antybiotyki i co mają do tego plazmidy? Czym są plazmidy i jaką rolę odgrywają u bakterii te cząsteczki DNA? Na spotkaniu z uczniami gimnazjum udzielono odpowiedzi na te pytania oraz poruszono zagadnienie przekazywania plazmidów między komórkami bakterii. Opowiedziano też o sposobach, dzięki którym plazmidy nie mogą zostać „zgubione” przez komórkę bakterii i o tym, co z tego wszystkiego wynikać może.

Bakterie mlekowe w naszym otoczeniu – 29 września, 2018

dr Joanna Radziwiłł-Bieńkowska, mgr inż. Jakub Boreczek, mgr inż. Magdalena Chmielewska-Jeznach, mgr inż. Katarzyna Kosiorek, mgr Aleksandra Tymoszevska

Wszyscy na co dzień stykamy się z ogromną liczbą bakterii dobrych i takich, których nie lubimy. Czy wiesz, że dobre bakterie są spożywane praktycznie codziennie? Codziennie też spożywasz produkty powstałe dzięki nim – bakteriom mlekowym. Są to produkty mleczne, ale nie tylko. Podczas spotkania opowiedziano, jakie bakterie pomagają ulepszać żywność i które produkty z naszych lodówek dzięki nim powstają.

Bakterie to małe organizmy, których nie widzimy gołym okiem, tzw. mikroorganizmy. O ich obecności często możemy się przekonać; mogą być naszymi wrogami, gdyż są przyczyną wielu chorób (angina, borelioza, próchnica, tężec), ale także sprzymierzeńcami, ponieważ pomagają np. w produkcji szczepionek i leków, kiszonych ogórków, produktów mlecznych, kosmetyków czy w oczyszczaniu ścieków.

Bakterie wykorzystuje się również w nauce, jako organizmy modelowe w badaniach, a także w przemyśle, jako narzędzia do wytwarzania pożądanych substancji. Takie zastosowanie bakterii jest możliwe dzięki poznaniu ich fizjologii i materiału genetycznego oraz rozwojowi biologii molekularnej.

Na warsztatach uczestnicy zapoznali się z pracą w laboratorium, w którym przedmiotem badań są bakterie. Dowiedzieli się, że są one najlicniejszą i wszechobecną grupą organizmów żywych na Ziemi, że mogą się poruszać, produkować pożyteczne enzymy i inne związki chemiczne, tworzyć kolonie oraz porozumiewać się ze sobą. Podczas warsztatów uczestnicy zobaczyli bakterie pod mikroskopem, wyhodowali „własne” mikroorganizmy, a także przeprowadzili eksperyment z wykorzystaniem enzymu produkowanego przez bakterie i zobaczyli skutki jego aktywności.

Wizyta uczestników obozu naukowego w IBB PAN

W dniu 26 czerwca 2018 roku w IBB gościliśmy uczestników obozu naukowego dla zdolnej młodzieży Adamed SmartUP. Obóz naukowy jest częścią ogólnopolskiej akcji Adamed Smart UP mającej na celu popularyzowanie nauk ścisłych i przyrodniczych wśród młodzieży w wieku 15-19 lat. Często są to olimpijczycy, laureaci konkursów krajowych i zagranicznych, młodzi pasjonaci nauki. IBB odwiedziło 25 uczestników przeprowadzonych w ramach obozu Kursów: Medycyna i Biochemia.

Program 3 godzinnej wizyty młodzieży w IBB obejmował:

Prezentację tematyki badawczej IBB przez Z-ca dyrektora ds. ogólnych prof. dr hab. Jarosława Poznańskiego

Zajęcia w ramach trzech bloków tematycznych (wykłady oraz zajęcia praktyczne)

1. „Wyprawa po informacje, czyli jak nowoczesne technologie wykorzystać do badania genów” Pracownia Analiz Mikromacierzy prof. Marta Kobłowska, dr Roxana Iwanicka, dr Helena Kosowska.
2. „Jak rozbroić toksynę? Czyli czego możemy dowiedzieć się o strukturze toksyn dzięki nowym technikom spektrometrii mas” Zakład Biofizyki dr Magdalena Kulma
3. „Czy i jak można wykorzystać drożdże w badaniach nad chorobami neurodegeneracyjnymi?” Zakład Genetyki mgr inż. Piotr Soczewka

Informację o studiach doktoranckich w IBB, którą zaprezentowała Przewodnicząca Samorządu Doktorantów mgr Anna Kotrys.

Program wizyty koordynowała dr hab. Ewa Szolajska.

II.11. Działalność zaplecza naukowego jednostki, o charakterze ogólnoodrodowiskowym, w tym:

II.11.1. Muzea, wystawy, kolekcje specjalne i eksponaty, banki zasobów m.in. genetycznych, i in. w strukturze jednostki

- eksponaty, kolekcje – działy, grupy – krótki opis nabytków w roku sprawozdawczym
- udostępnianie zbiorów kolekcji i zasobów (rodzaj zadań i usług specjalistycznych – krótki opis).

II.11.2. Laboratoria, stacje diagnostyczne, obserwatoria, prace terapeutyczne, itp.

- zadania, usługi, świadczenia (rodzaj zadań, usług i świadczeń – krótki opis);
- uzyskane certyfikaty za wdrożenia systemów jakości, międzynarodowych, przyjętych w UE (opis);
- uzyskane akredytacje Polskiego Centrum Akredytacji lub równorzędnego, systemy jakości (opis).

nie dotyczy

II.12. Nagrody i wyróżnienia naukowe uzyskane przez pracowników jednostki w roku sprawozdawczym

II.12.1. Nagrody krajowe i zagraniczne przyznane za działalność naukową

nazwa-rodzaj nagrody/za co przyznana/przez kogo/komu

(m.in. Prezydenta RP, Prezesa Rady Ministrów, nagrody PAN, nagrody akademii nauk i instytucji równorzędnych, nagrody resortowe, uczelni wyższych, fundacji, towarzystw, instytucji oraz osób działających na rzecz nauki, nagrody przyznawane przez jednostkę).

Nazwa/rodzaj nagrody	Za co przyznana	Przez kogo przyznana	Komu przyznana
Nagroda naukowa Prezesa Polskiej Akademii Nauk	Za odkrycie nowego mechanizmu, w jaki komórka może blokować retrotranspozony („pasożyty komórkowe”) przed dalszym namnażaniem.	Prezes Polskiej Akademii Nauk	Andrzej Dziembowski
Nagrody i wyróżnienia Wydziału II Nauk Biologicznych i Rolniczych Polskiej Akademii Nauk	Za cykl prac pt. „Mechanizmy regulacji ekspresji genu DOG1, głównego regulatora czasu spoczynkowego nasion <i>Arabidopsis thaliana</i> .”	Wydział II Nauk Biologicznych i Rolniczych Polskiej Akademii Nauk	Szymon Świeżewski
Nagroda Fundacji na rzecz Nauki Polskiej 2018 w obszarze nauk o życiu i o Ziemi	Za wyjaśnienie funkcji kluczowych enzymów degradujących RNA, których zaburzenia prowadzą do stanów patologicznych.	Fundacja na rzecz Nauki Polskiej	Andrzej Dziembowski
Nagroda Naukowa Rektora UW	Za cykl prac.	JM Rektor UW	Barbara Tudek, Konrad Kosicki
Stypendium dla habilitantek	Za dorobek habilitacyjny.	L'Oréal Polska Dla Kobiet i Nauki (FWIS edycja Polska) MNiSW oraz PAN	Anna Muszewska
I nagroda Polskiego Towarzystwa Onkologii Klinicznej (PTOK)	Za najlepszą publikację anglojęzyczną opublikowaną w 2017: „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	Polskie Towarzystwo Onkologii Klinicznej	Ćwiek Paweł, Steciuk Jarosław, Maassen Anna, Sarnowski Tomasz
Pierwsza nagroda Komisji ds. Nagród Rady Naukowej IBB PAN	Za najlepszą pracę: "Arabidopsis SWI/SNF chromatin remodeling complex binds both promoters and terminators to regulate gene expression" opublikowanej w <i>Nucleic Acids Research</i> 45: 3116-3129 (2017)	Rada Naukowa IBB PAN	Rafał Archacki, Ruslan Yatusevich, Daniel Buszewicz, Katarzyna Krzyczmonik, Roksana Iwanicka-Nowicka, Marta Koblowska, Andrzej Jerzmanowski, Szymon Świeżewski
Nagroda Komisji ds. Nagród Rady Naukowej IBB PAN	Za najlepszą pracę przeglądową: „Lipid peroxidation in face of DNA damage, DNA repair and other cellular processes” opublikowaną w <i>Free Radical Biology and Medicine</i> 107: 77-89 (2017)	Rada Naukowa IBB PAN	Barbara Tudek, Elżbieta Speina, Konrad Kosicki

Wyróżnienie Komisji ds. Nagród Rady Naukowej IBB PAN	Za pracę: „A short splicing isoform of HBS1L links the cytoplasmic exosome and SKI complexes in humans” opublikowana w <i>Nucleic Acids Research</i> 45 :2068-2080 (2017)	Rada Naukowa IBB PAN	Katarzyna Kalisiak, Tomasz M. Kuliński, Rafał Tomecki, Dominik Cysewski, Zbigniew Pietras, Aleksander Chlebowski, Katarzyna Kowalska, Andrzej Dziembowski
Wyróżnienie Komisji ds. Nagród Rady Naukowej IBB PAN	Za pracę: „Polyprenols are synthesized by a plastidial <i>cis</i> -prenyltransferase and influence photosynthetic performance.” <i>Plant Cell</i> , 29(7):1709-1725, Akhtar A, et al., (2017)	Rada Naukowa IBB PAN	Liliana Surmacz z zespołem
Wyróżnienie Komisji ds. Nagród Rady Naukowej IBB PAN	Za pracę: „A meiosis-specific Spt5 homolog involved in non-coding transcription” <i>Nucleic Acids Research</i> 45 : 4722-4732 (2017).	Rada Naukowa IBB PAN	Julita Gruchota Jacek K. Nowak.
Wyróżnienie rozprawy doktorskiej	„Drożdże jako organizm modelowy w badaniach dysfunkcji syntazy ATP w miopatiach i nowotworach.”	Rada Naukowa IBB PAN	Dr Katarzyna Niedźwiecka
Wyróżnienie rozprawy doktorskiej	„Analizy metagenomiczne mikroorganizmów ze środowisk antropogenicznych ze szczególnym uwzględnieniem plazmidów.”	Rada Naukowa IBB PAN	Paweł Szczepan Krawczyk
Wyróżnienie rozprawy doktorskiej	„Strukturalne podstawy kontroli endonukleaz restrykcyjnych poprzez metylację.”	Rada Naukowa IBB PAN	Karolina Mierzejewska
Wyróżnienie rozprawy doktorskiej	„Inhibitory oddziaływań białko-białko korygujące defekt białka CFTR z mutacją $\Delta F508$.”	Rada Naukowa IBB PAN	Norbert Odolczyk
Wyróżnienie rozprawy doktorskiej	„Udział różnych form polimerazy DNA zeta w mutagenezie w komórkach drożdży <i>Saccharomyces cerevisiae</i> .”	Rada Naukowa IBB PAN	Ewa Szwajczak
Wyróżnienie rozprawy doktorskiej	„Analiza transkryptomiczna wybranych procesów związanych z patogenezą ludzkich chorób I dla rozwoju zarodkowego ssaków.”	Rada Naukowa IBB PAN	Tomasz Kuliński
Grant YSF w ramach “18th Young Scientists’ Forum”	Stypendium wyjazdowe	43rd FEBS Congress, Praga, Czechy	mgr Małgorzata Dylewska

II.12.2. Nagrody i wyróżnienia przyznane za praktyczne zastosowanie wyników B+R nazwa-rodzaj nagrody/za co przyznana/przez kogo/komu

(m.in. Prezydenta RP, Prezesa Rady Ministrów, nagrody PAN, nagrody resortowe, uczelni wyższych, fundacji, towarzystw, instytucji oraz osób działających na rzecz nauki, krajowych izb gospodarczych, medali i wyróżnień przyznanych na targach krajowych i zagranicznych, nagrody przyznawane przez jednostkę).

nie dotyczy

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 naukowi							pozostali pracownicy
	razem	profesorowie zwyczajni	w tym czł. PAN	profesorowie nadzwyczajni	profesorowie wizytujący	adiunkci	asystenci	
242	102	18	0	13	0	37	34	140

III.2. Zatrudnienie średnioroczne w przeliczeniu na pełne etaty*:

Liczba ogółem/w tym naukowych.

259,349/116,040

III.3. Zatrudnienie w roku sprawozdawczym, według oświadczeń, o których mowa w art. 265 ust. 5 i art. 343 ust. 7 ustawy z dnia 20 lipca 2018 r. – Prawo o szkolnictwie wyższym i nauce (Dz. U. z 2018 r. poz. 1668).

III.3.1. Liczba pracowników ogółem (w przeliczeniu na pełne etaty, z jednym miejscem po przecinku), którzy po raz pierwszy do 31 grudnia 2018 r. złożyli oświadczenie, o którym mowa w art. 265 ust. 5 ww. ustawy, upoważniające do zaliczenia do liczby pracowników prowadzących działalność naukową w danej dyscyplinie, do tzw. liczby N – **26**,

z tego w następujących dyscyplinach naukowych lub artystycznych:

- 1) **Nauki biologiczne** – (liczba z jednym miejscem po przecinku) – **19,0**;
- 2) **Nauki chemiczne** – (liczba z jednym miejscem po przecinku) – **3,0**;
- 3) **Nauki biologiczne/Nauki chemiczne** – (liczba z jednym miejscem po przecinku) – **2,0**;
- 4) **Nauki biologiczne/Nauki o ziemi i środowisku**
– (liczba z jednym miejscem po przecinku) – **1,0**;
- 5) **Nauki chemiczne/Nauki o ziemi i środowisku**
– (liczba z jednym miejscem po przecinku) – **1,0**.

III.3.2. Liczba osób ogółem (w przeliczeniu na pełne etaty, z jednym miejscem po przecinku) prowadzących działalność naukową i biorących udział w prowadzeniu działalności naukowej, które po raz pierwszy do 30 listopada 2018 r.owały oświadczenie, o którym mowa w art. 343 ust. 7 ww. ustawy – oświadczenie o dziedzinie i dyscyplinie, którą reprezentują – **158 os./153,8 EPC**

z tego:

– liczba pracowników, którzy złożyli oświadczenie o reprezentowaniu jednej dyscypliny, w każdej z dziedzin nauki lub sztuki i dyscyplinie naukowej lub artystycznej, określonych w rozporządzeniu Ministra Nauki i Szkolnictwa Wyższego z dnia 20 września 2018 r. w sprawie dziedzin nauki i dyscyplin naukowych oraz dyscyplin artystycznych (Dz. U. z 2018 r. poz. 1818):

- 1) dziedzina **nauki ścisłe i przyrodnicze**, dyscyplina **nauki biologiczne**
– (liczba z jednym miejscem po przecinku) **113,3**,
- 2) dziedzina **nauki ścisłe i przyrodnicze**, dyscyplina **nauki chemiczne**
– (liczba z jednym miejscem po przecinku) **14,5**;

– liczba pracowników, którzy złożyli oświadczenie o reprezentowaniu dwóch dyscyplin:

- 1) dziedzina **nauki ścisłe i przyrodnicze**, dyscyplina **nauki biologiczne**;
dziedzina **nauki ścisłe i przyrodnicze**, dyscyplina **nauki chemiczne**
– (liczba z jednym miejscem po przecinku) **21,0**;
- 2) dziedzina **nauki ścisłe i przyrodnicze**, dyscyplina **nauki biologiczne**;
dziedzina **nauki ścisłe i przyrodnicze**, dyscyplina **nauki o ziemi i środowisku**
– (liczba z jednym miejscem po przecinku) **2,0**;
- 3) dziedzina **nauki ścisłe i przyrodnicze**, dyscyplina **nauki chemiczne**;
dziedzina **nauki ścisłe i przyrodnicze**, dyscyplina **nauki o ziemi i środowisku**
– (liczba z jednym miejscem po przecinku) **1,0**;
- 4) dziedzina **nauki ścisłe i przyrodnicze**, dyscyplina **nauki biologiczne**;
dziedzina **nauki medyczne i nauki o zdrowiu**, dyscyplina **nauki medyczne**
– (liczba z jednym miejscem po przecinku) **2,0**.

* 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:

1. **Centrum Doskonałości – Genomika /16.09.2004/status nadany przez KBN**
2. 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

nie dotyczy

IV.3. Przynależność jednostki do sieci naukowych (definicja sieci naukowej stosownie do przepisów obowiązującej ustawy o zasadach finansowania nauki):

Liczba ogółem: 5

L.p.	Nazwa	Data powołania sieci naukowej	Specjalność naukowa	Jednostki naukowe tworzące sieć
1.	Zastosowanie systemów bioinformatycznych, biologicznych i biotechnologicznych do poszukiwania nowych związków obniżających stężenie cholesterolu.	22.09.2011	Badania obejmujące opracowanie i przebadanie nowych związków chemicznych hamujących szlak biosyntezy cholesterolu.	- Instytut Biochemii i Biofizyki PAN - Warszawski Uniwersytet Medyczny
2.	Krajowa Sieć Informacji o Bioróżnorodności (Global Biodiversity Information Facility GBIF) http://www.gbif.edu/p/09.12.2003 , GBIF- 2001/	28.08.2008	Poznanie i ochrona różnorodności biologicznej, ze szczególnym uwzględnieniem obszaru Polski, a także gromadzenia, przetwarzania i udostępniania danych o bioróżnorodności	- Uniwersytet Warszawski - Centrum Badań Ekologicznych PAN - Instytut Badawczy Leśnictwa - Instytut Biochemii i Biofizyki PAN - Instytut Dendrologii PAN - Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin - Instytut Ochrony Przyrody PAN - Instytut Systematyki i Ewolucji Zwierząt PAN - Morski Instytut Rybacki - Muzeum i Instytut Zoologii PAN - Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego - Uniwersytet Gdański - Uniwersytet Jagielloński - Uniwersytet Mikołaja Kopernika - Uniwersytet Opolski - Uniwersytet Śląski - Uniwersytet w Białymstoku - Uniwersytet Wrocławski - Zakład Badania Ssaków PAN

Załącznik nr 4

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 in vitro	- 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.	POL-OPENSREEN, Polska Platforma Infrastruktury Skринingowej dla Chemii Bioorganicznej jako część konsorcjum europejskiego EU-OPENSREEN ERIC	26.04.2018	chemia bioorganiczna	- Instytut Biologii Medycznej PAN - Instytut Biochemii i Biofizyki PAN - Instytut Chemii Bioorganicznej PAN

2.	Polskie Konsorcjum Polarne (PKPol)	25.09.2014	badania polarne	- Instytut Biochemii i Biofizyki PAN, - Uniwersytet Śląski, - Uniwersytet Jagielloński, - Uniwersytet im. Adama Mickiewicza, - Uniwersytet Marii Curie Skłodowskiej, - Uniwersytet Gdański, - Uniwersytet Jana Kochanowskiego, - Uniwersytet Mikołaja Kopernika, - Uniwersytet Wrocławski, - Instytut Geofizyki PAN, - Instytut Oceanologii PAN, - Instytut Nauk Geologicznych PAN, - Akademia Morska w Gdyni, - Państwowy Instytut Geologiczny – Państwowy Instytut Badawczy, - Politechnika Gdańska, - Uniwersytet Warszawski, - Uniwersytet Łódzki, - Politechnika Warszawska.
3.	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
4.	Konsorcjum realizujące projekt: „Funkcjonalne zróżnicowanie niekodujących RNA u Eukariota”	01.02.2013	biochemia	- Instytut Biochemii i Biofizyki PAN, - Université de Geneve, - Uniwersytet Warszawski
5.	Biocentrum Ochota	28.12.2007	biologia, medycyna, bioinżynieria	- Instytut Biochemii i Biofizyki PAN, - Instytut Biocybernetyki i Inżynierii Biomedycznej PAN, - Instytut Biologii Doświadczalnej PAN, - Instytut Medycyny Doświadczalnej i Klinicznej PAN, - Instytut Podstawowych Problemów techniki PAN, - Międzynarodowy Instytut Biologii Molekularnej i Komórkowej.

IV.5. Udział jednostki w pracach innych form zrzeszeń powołanych dla potrzeb wspólnych przedsięwzięć naukowych lub prac rozwojowych (centra naukowe uczelni wyższych, centra naukowo-przemysłowe instytutów badawczych, inne)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

¹ Definicja centrum naukowego uczelni oraz centrum naukowo-przemysłowego instytutu badawczego - stosownie do przepisów obowiązujących ustaw – odpowiednio – o szkolnictwie wyższym, o instytutach badawczych

2.	Umowa naukowo-badawcza	01.03.2016	biochemia	- Instytut Biochemii i Biofizyki PAN, - Instytut Rybactwa Śródlądowego im. Stanisława Sakowicza w Olsztynie (IRS Olsztyn)
3.	Basic cooperation agreement	12.06.2016	Chemia organiczna i analityczna, biochemia, biofizyka, biologia syntetyczna, chemoinformatyka	- Instytut Biochemii i Biofizyki PAN, - University of Orleans, France

IV.6. Uczestnictwo instytutu w federacji (stan przygotowania do utworzenia federacji, nazwa i siedziba federacji, data utworzenia federacji decyzją administracyjną, jednostki uczestniczące w federacji, prezydent federacji, zakres działania federacji, wyniki ewaluacji jakości działalności dla federacji.

nie dotyczy