

**INSTYTUT BIOCHEMII I BIOFIZYKI
Polskiej Akademii Nauk**

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

***SPRAWOZDANIE Z DZIAŁALNOŚCI
za 2019 rok***

Informacja o Instytucie	A
Sprawozdanie merytoryczne	I
Temat nr 5: Regulacja ekspresji genowej, synteza i struktura białek.	
Temat nr 5.3: Dodekahedron adenowirusowy – wektor transferu wewnątrzkomórkowego.	
dr hab. E. Szołajska	I.1
Temat nr 6: Sekwencjonowanie genomów wybranych szczepów wiroidów i wirusów roślinnych oraz ich detekcja.	
Temat nr 6.1: Molekularne podstawy infekcji wiroidowej.	
dr A. Góra-Sochacka	I.1
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.2
Temat nr 18: Molekularne regulacje syntezy glikokoniugatów w komórkach drożdży.	
prof. dr hab. J. Kruszewska	I.3
Temat nr 18.1: Genetyczna modyfikacja grzybów i ich znaczenie w procesach biotechnologii i biokontroli.	
prof. dr hab. J. Kruszewska	I.4
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.5
Temat nr 20.2: Genetyczna regulacja metabolizmu w drożdżach <i>S. cerevisiae</i>.	
dr hab. R. Kucharczyk, prof. IBB PAN	I.6
Temat nr 20.5: Mechanizmy transportu białek u drożdży <i>Saccharomyces cerevisiae</i>.	
prof. dr hab. T. Żołądek	I.7
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.8
Temat nr 25.2: Mechanizmy odpowiedzi komórek <i>Saccharomyces cerevisiae</i> na uszkodzenia DNA.	
dr hab. A. Kaniak-Golik	I.9
Temat nr 25.3: Koordynacja procesów naprawy DNA w komórkach eukariotycznych.	
prof. dr hab. E. Śledziwska-Gójska	I.10
Temat nr 27: Analiza funkcjonalna genów wybranych plazmidów pochodzących z bakterii o znaczeniu klinicznym.	
dr I. Kern-Zdanowicz	I.11
Temat nr 28: Chemiczne podstawy mutagenyzy i reperacja adduktów cyklicznych.	
prof. dr hab. J. Kuśmirek	I.12
Temat nr 29: Analiza molekularna genów kodujących enzymy katabolizmu argininy u <i>Aspergillus</i>.	
prof. dr hab. P. Węgleński	I.13
Temat nr 31: Szkoła Biologii Molekularnej, Studium Doktoranckie przy IBB PAN.	
prof. dr hab. E. Kula-Świeżewska	I.14
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.15
Temat nr 33: Mechanizmy aktywnej segregacji niskopiętowego plazmidu P1 do komórek potomnych w czasie podziału komórkowego.	
dr hab. M. Łobocka, prof. IBB PAN	I.16
Temat nr 34: Udział struktur chromatynowych w regulacji transkrypcji genów.	
dr R. Archacki	I.17
Temat nr 35: Ekspresja genów kodujących białka o znaczeniu terapeutycznym w roślinach.	
prof. dr hab. A. Sirko	I.18
Temat nr 37: Mechanizmy kontrolujące proces patogenezy komórek roślinnych.	
prof. dr hab. J. Hennig	I.19

Temat nr 41: Oksydacyjne uszkodzenia DNA.	
dr hab. E. Speina	I.19
Temat nr 42: Mutacje indukowane i adaptacyjne.	
prof. dr hab. E. Grzesiuk	I.20
Temat nr 43: Biologia plazmidu RK2 z grupy IncP <i>Escherichia coli</i>.	
prof. dr hab. G. Jagura-Burdzy	I.22
Temat nr 47: Modelowanie struktury i funkcji białek.	
prof. dr hab. P. Zielenkiewicz	I.23
Temat nr 48: Badania wczesnych etapów zwijania i agregacji białek.	
prof. dr hab. M. Dadlez	I.23
Temat nr 49: Metabolizm cukrów u bakterii mlekowych.	
prof. dr hab. J. Bardowski	I.24
Temat nr 50: Przewodzenie sygnału stresu osmotycznego w roślinach.	
prof. dr hab. G. Dobrowolska	I.26
Temat nr 51: Strukturalne i funkcjonalne konsekwencje modyfikacji potranslacyjnych białek.	
dr A. Wysłouch-Cieszyńska	I.27
Temat nr 52: Analiza wybranych genów metabolizmu komórkowego <i>Arabidopsis thaliana</i>.	
dr hab. E. Kraszewska	I.27
Temat nr 54: Mechanizmy molekularne działania jonów metali czynnych biologicznie.	
prof. dr hab. W. Bal	I.28
Temat nr 55: Analiza genetyczna podstaw wybranych chorób dziedzicznych.	
dr hab. B. Burzyńska, prof. IBB PAN	I.29
Temat nr 56: Genomika <i>Paramecium tetraurelia</i>.	
dr R. Gromadka	I.30
Temat nr 58: Identyfikacja i charakterystyka mikroorganizmów potencjalnie użytecznych w bioremediacji.	
dr hab. U. Zielenkiewicz	I.30
Temat nr 60: Mechanizmy podziałów komórkowych.	
dr hab. A. Kurlandzka, prof. IBB PAN	I.31
Temat nr 61: Dynamika transkryptomu w normie i stresie.	
dr hab. M. Koblowska	I.32
Temat nr 63: Dodekahedron adenowirusa jako platforma szczepionkowa.	
dr hab. E. Szolajska	I.32
Temat nr 64: Posttranslacyjne modyfikacje białek jako mechanizm regulacji szlaków przekazywania sygnału.	
dr hab. M. Krzymowska, prof. IBB PAN	I.33
Temat nr 65: Modelowanie mechanizmów aktywności biologicznej na podstawie danych strukturalnych.	
prof. dr hab. J. Poznański	I.34
Temat nr 66: Metodyka sekwencjonowań genomowych.	
dr R. Gromadka	I.35
Temat nr 67: Metabolizm siarki w roślinach.	
prof. dr hab. A. Sirko	I.36
Temat nr 68: Metabolizm mitochondrialnych RNA u <i>S. cerevisiae</i>.	
prof. dr hab. P. Golik	I.37
Temat nr 69: Metabolizm RNA u Eucaryota.	
prof. dr hab. A. Dziembowski	I.38
Temat nr 70: Biologia strukturalna białek służących jako narzędzie modyfikacji genetycznych.	
prof. dr hab. M. Bochtler	I.40
Temat nr 71: Stres środowiskowy jako źródło niestabilności genetycznej.	
dr hab. A. Skoneczna, prof. IBB PAN	I.41
Temat nr 72: Genomika funkcjonalna odpowiedzi komórek eukariotycznych na stresy środowiskowe.	
dr hab. M. Skoneczny	I.41

Temat nr 73: Uwarunkowania biologiczne, geochemiczne i genetyczne struktur i funkcjonowania ekosystemów polarnych na tle gwałtownych zmian klimatycznych.	
dr hab. R. Bialik, prof. IBB PAN	I.42
Temat nr 74: Udział chromatyny w kontroli podstawowych procesów regulatorowych u Eukariota.	
dr hab. T. Sarnowski, prof. IBB PAN	I.44
Temat nr 75: Biomechaniczne właściwości roślin wodnych i antarktycznych.	
dr hab. Robert Bialik, prof. PAN	I.45
Temat nr 76: Molekularne mechanizmy regulacji czasu spoczynkowego nasion.	
dr hab. Szymon Świeżewski, prof. IBB PAN	I.45
Pracownia Analiz Mikromacierzy	
dr hab. M. Kobłowska	I.47
Serwis Bakoluwirusa	
dr hab. E. Szolajska	I.47
Pracownia Hodowli Komórkowych	
dr hab. E. Szolajska	I.48
Pracownia Sekwencjonowania DNA i Syntezy Oligonukleotydów	
dr R. Gromadka	I.49
Środowiskowe Laboratorium Spektrometrii Mas	
prof. dr hab. M. Dadlez	I.52
Pracownia Mikroskopii Konfokalnej i Fluorescencyjnej	
dr M. Lichocka, dr A. Anielska-Mazur	I.53
Kolekcja Szczepów IBB PAN „COLIBB”	
dr K. Makiela-Dzbeńska	I.54
Lista seminariów IBB PAN	I.56
Lista publikacji	II
Artykuły	II.59
Abstrakty	II.86
Rozprawy habilitacyjne	II.109
Rozprawy doktorskie	II.111
Prace magisterskie	II.113
Miscellanea	II.115
Publikacje nieuwzględnione w sprawozdaniu 2017-2018	II.116
Informacje o działalności jednostki naukowej PAN w 2018 r.	III
Podstawowe dane	III.121
Publikacje naukowe jednostki, które ukazały się drukiem (liczbowo)	III.125
Aktywność wydawnicza jednostki	III.125
Projekty, zadania badawcze realizowane w roku sprawozdawczym	III.126
Działalność jednostki o charakterze innowacyjnym, aplikacyjnym	III.138
Działalność jednostki na rzecz terytorialnych struktur samorządowych.....	III.142
Kształcenie i rozwój kadry naukowej	III.142
Działalność dydaktyczna pracowników jednostki.....	III.149
Współpraca z zagranicą	III.149
Międzynarodowe centra naukowe (działające w strukturze jednostki)	III.151
Upowszechnianie i promocja osiągnięć naukowych	III.151
Działalność zaplecza naukowego o charakterze ogólnoodrodowiskowym	III.153
Nagrody, wyróżnienia naukowe uzyskane przez pracowników PAN w roku sprawozdawczym	III.154
Zatrudnienie	III.157
Inne formy zrzeszenia jednostek naukowych PAN	III.159

Informacja o Instytucie Biochemii i Biofizyki Polskiej Akademii Nauk

Prof. dr hab. Piotr Zielenkiewicz – do 30.11.2019 r.

Prof. dr hab. Jarosław Poznański – od 01.12.2019 r.

Przewodniczący Rady Naukowej

Prof. dr hab. Andrzej Dziembowski – do 30.11.2019 r.

vacat – 01.12.2019 - 14.01.2020 r.

Prof. dr hab. Wojciech Bal – od 14.01.2020 r.

Instytut Biochemii i Biofizyki PAN ma uprawnienia do nadawania stopni:

- doktora w zakresie nauk biologicznych i nauk chemicznych,
- doktora habilitowanego w zakresie nauk biologicznych.

Publikacje pracowników IBB PAN, które ukazały się w roku 2019:

Liczba ogółem	Monografie naukowe (lub rozdziały) wydane przez wydawnictwa zamieszczone w wykazie wydawnictw	Monografie naukowe (lub rozdziały) wydane przez wydawnictwa niezamieszczone w wykazie wydawnictw	Artykuły naukowe opublikowane w czasopismach naukowych i materiałach z konferencji zamieszczonych w wykazie czasopism	Artykuły naukowe opublikowane w czasopismach naukowych niezamieszczonych w wykazie czasopism	Pozostałe publikacje naukowe
179	2	1	172	3	1

Sprawozdanie merytoryczne
z działalności statutowej
za 2019 rok

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 inż. Marta Jedynak, mgr inż. Małgorzata Podsiadła-Białoskórska (technik)

Cel badania:

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

Opis realizowanych prac:

Opracowano oraz zweryfikowano doświadczalnie procedurę odwracalnego przyłączania czynników terapeutycznych do dodekahedronów adenowirusowych z zastosowaniem łącznika wrażliwego na zmianę pH. Strategia umożliwia otrzymanie kompleksów stabilnych w pH fizjologicznym. Podczas gdy środowisku o obniżonym pH, we wnętrzu komórki, przyłączone cząsteczki są uwalniane w niezmodyfikowanej chemicznie formie, co gwarantuje zachowanie ich pełnej aktywności biologicznej. Badania przeprowadzone we współpracy z Zespołem prof. Jacka Jemielitego z Centrum Nowych Technologii UW oraz dr hab. Joanny Kowalskiej z Zakładu Biofizyki UW wykazały możliwość wydajnego przyłączenia związków niskocząsteczkowych do nośnika, bez zaburzenia jego integralności. Potwierdziły to analizy elektroforetyczne oraz przy użyciu mikroskopii elektronowej (współpraca z dr. Mariuszem Czarnockim-Cieciurą z Międzynarodowego Instytutu Biologii Molekularnej i Komórkowej). Zgodnie z wynikami obrazowania z wykorzystaniem mikroskopii fluorescencyjnej modyfikacja chemiczna nie zaburza również zdolności nośnika do wnikania do komórek nowotworowych w hodowli *in vitro*.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Wykazanie możliwości wydajnego dostarczenia wewnątrzkomórkowego czynników niskocząsteczkowych w niezmodyfikowanej chemicznie formie, na drodze odwracalnego, zależnego od pH przyłączenia do dodekahedronu adenowirusowego.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Opracowana strategia przyłączania do nośnika zostanie wykorzystana do badania potencjału terapeutycznego analogów końca 5' mRNA – kapu, o zwiększonej stabilności w warunkach komórkowych.

Publikacje:

980/N

Patent przyznany przez Europejski Urząd Patentowy EP 2437787.

Zamknięcie z 31.12.2018

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

Tytuł tematu: 6.1 Molekularne podstawy infekcji wiroidowej.

Zespół: dr Anna Góra-Sochacka, mgr Aneta Więsyk

Cel badania:

Podstawowym celem badań jest poznanie mechanizmu patogenyzy wiroida wrzecionowatości bulw ziemniaka (PSTVd).

Opis realizowanych prac:

Kontynuowano analizę transkryptomu liści pomidora *Solanum lycopersicum* odmiany 'Rutgers' zainfekowanych łagodnym lub ostrym szczepem PSTVd techniką RNA-seq. Zmiany badano na wczesnym etapie infekcji kiedy pierwsze symptomy chorobowe takie jak lekkie pofałdowanie liści zaczynają być widoczne w infekcji szczepem ostrym. W tym okresie rośliny zainfekowane szczepem

łagodnym nie różnią się fenotypowo od roślin zdrowych. Wykonano analizę wzbogacenia określonych kategorii GO oraz ścieżek KEGG, które wyłoniły najważniejsze grupy genów odmiennie regulowanych w infekcji typu ostrego i łagodnego. Przeprowadzono również analizę porównawczą dla danych otrzymanych dla transkryptomu liści i korzeni we wczesnym etapie rozwoju symptomów chorobowych.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Zidentyfikowano grupy genów o zmienionej ekspresji specyficznych tylko dla infekcji szczepem ostrym. Są wśród nich geny związane z cyklem komórkowym i kodujące kinezyiny.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Wyniki zostaną wykorzystane w publikacji i pracy doktorskiej.

Publikacje:

5877

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

Zespół: prof. dr hab. Ewa Kula-Świeżewska, dr Karolina Skorupińska-Tudek, dr hab. Liliana Surmacz, dr Małgorzata Gutkowska-Stronkowska, dr Marta Hoffman-Sommer, dr Agata Lipko (do 31.03.2019), dr Daniel Buszewicz, dr Konrad Zdanowski, prof. dr hab. Tadeusz Chojnacki, mgr Agnieszka Onyśk, mgr Natalia Piłka (od 1.02.2019), mgr Przemysław Surowiecki, mgr Marta Zajbt-Łuczniowska; magistranci: Emilia Chojak (UW), inż. Karolina Sztompka (PW), inż. Veena Ramesh (PW); inżynieranci: Piotr Koskowski (PW), Mateusz Radkiewicz (PW)

Cel badania:

Realizowano następujące kierunki badań:

1. Transkrypcyjna regulacja biosyntezy poliizoprenoidów.
2. Oddziaływanie *cis*-prenylotransferaz i homologów białka NgBR u roślin.
3. Rola poliprenoli typu bakteryjnego u eukariontów.
4. Wpływ poliizoprenoidów na właściwości lipidowych błon modelowych.
5. Rab-zależny transport pęcherzykowy a regulacja biosyntezy fitosteroli.
6. Rola składników kompleksu TRAPP w metabolizmie komórki roślinnej.
7. Badania mechanizmów biosyntezy poliizoprenoidów u roślin.

Opis realizowanych prac:

Scharakteryzowano jedną z *cis*-prenylotransferaz rzodkiewnika, AtCPT1, katalizującą syntezę rodziny dolicholi Dol-18 do -23, dominujący Dol-21. Wykazano, że AtCPT1p jest zlokalizowane w retikulum endoplazmatycznym. Ciekawym odkryciem było stwierdzenie, że CPT1 nie tworzy kompleksów z białkiem pomocniczym LEW1 (publikacja).

Przeprowadzono wstępne badania dotyczące roli białek REF (Rubber Elongation Factor) w biosyntezie poliizoprenoidów u *Arabidopsis*. Stosując technikę BiFC wykazano, że REF3 oddziałuje z CPT4 zlokalizowaną w kroplach lipidowych (Lipid Droplets, LD), a także z REF2 (złożony do NCN projekt grantu).

Udokumentowano, że rośliny pozbawione poliprenoli (mutant insercyjny *cpt7*) posiadają zmienioną organizację aparatu fotosyntetycznego oraz zaburzoną strukturę gran w plastydach (wsp. prof. M. Garstka i prof. A. Mostowska, Wydz. Biologii, UW). Metodami genetycznymi wykazano, że czynniki transkrypcyjne z rodziny HSFA1 regulują u rzodkiewnika ekspresję genów *DXS* i *HDS* ze szlaku MEP oraz *HMGR1* ze szlaku MVA. Wykazano, że ATPaza remodelująca chromatynę BRM jest regulatorem ekspresji *CPT7* oraz biosyntezy poliprenoli. Uzyskano linie po-piątynych mutantów *brm-lhsfa1a/b/d/e* oraz *brm-3 hsf1a/b/d/e*.

Podjęto próby krystalizacji CPT7 (białko skrócone) w różnych warunkach (forma red-ox, obecność substratów – PhytylPP lub GGPP, L-aminokwasów, tj. argininy i kwasu glutaminowego, wsp. dr S. Krzywda, UAM, Poznań). Ponadto wykazano, że CPT3 jest *in vitro* substratem kinaz SnRK2

(wsp. dr M. Bucholc, IBB PAN). Otrzymano rekombinowaną CPT6 (skrótowe białko) w formie rozpuszczalnej.

Uzyskano linie rzodkiewnika z wyciszoną ekspresją *CPT3*, genu odpowiedzialnego za syntezę głównej rodziny dolicholi u *Arabidopsis*.

Scharakteryzowano profil poliizoprenoidowy *Paramecium*, wykazano gromadzenie niewielkich ilości Dol-16 i -17. Podjęto próby wyciszenia ekspresji *PtCPT* (wsp. dr J. Nowak, IBB PAN).

Wykazano obecność potencjalnego Pren-9 w wątrobie szczura – trwają jego analizy strukturalne, nie potwierdzono natomiast występowania Dol-11 w wątrobie świni.

Scharakteryzowano wybrane linie mutantów insercyjnych zawierających w stawki w genach kodujących podjednostki kompleksu TRAPPIII rzodkiewnika (*AtTRAPPC2*, -C8, -C11, -C12, -C13), wykazano wzrost zawartości dolicholi w niektórych liniach *trappc11* oraz defekty w glikozylacji białek w niektórych liniach *trappc11* i *trappc13*.

Podjęto próby nadekspresji reduktazy poliprenolu z rzodkiewnika, PPRD1 i -2, w bakteriiach *Escherichia coli*, oraz prowadzono testy *in vitro* aktywności tych reduktaz.

Wykazano, że strukturalne sterole roślinne (sitosterol) i geranylogeranylowane białka Rab funkcjonują w roślinach w niezależnych genetycznie procesach (wsp. dr M. Hala, Uniwersytet Karola). Metodą HDX (wsp. dr M. Kaus-Drobek, IBB PAN) przeprowadzono badania strukturalne tworzenia kompleksów białka REP z wybranymi białkami Rab (manuskrypt).

Opublikowano wyniki pokazujące ochronny wpływ poliprenoli w odpowiedzi roślin *Ginkgo biloba* na stres zasolenia w warunkach miejskich i modelowych (wsp. prof. W. Dmuchowski, IOŚ, Warszawa).

Wykazano wpływ struktury wielonienasyconych dolicholi z grzybów nitkowatych na aktywność glukozylotransferazy i właściwości biofizyczne błon modelowych (wsp. prof. J. Kruszewska, IBB PAN).

W ramach Kolekcji Poliprenoli udostępniono preparaty poliizoprenoidowe kilkunastu grupom badawczym.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Scharakteryzowanie *AtCPT1* – pierwszej opisanej syntazy długołańcuchowych poliizoprenoidów u eukariontów, która nie wymaga udziału białka pomocniczego LEW1, homologa NgBR/NUS1 do aktywności enzymatycznej.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Wyniki zostaną wykorzystane w publikacji.

Publikacje:

5761, 5815, 5839, 5868, 4596/A, 4598/A, 4651/A, 4652/A, 4653/A, 4701/A, 4705/A, 4710/A, 4752/A, 4753/A, 4754/A, 4755/A

Temat nr 18: Molekularne regulacje syntezy glikokoniugatów w komórkach drożdży

Zespół: prof. dr hab. Joanna Kruszewska, dr Urszula Perlińska-Lenart, dr Anna Janik, prof. dr hab. Grażyna Palamarczyk (emerytka)

Cel badania:

1. Zbadanie wpływu zahamowania defosforylacji dwufosforanu dolicholu na dolicholo-zależne procesy u *Candida*.
2. Konstrukcja mutantu *erg9Δ* do badania wpływu ograniczenia syntezy steroli z jednoczesnym wzmocnienia ścieżki syntezy dolicholu na tworzenie czynników patogenności *Candida*.

Opis realizowanych prac:

1. Stwierdzono, że brak odzysku fosforanu dolicholu z dwufosforanu dolicholu uwolnionego po przeniesieniu oligosacharydu na białko podczas N-glikozylacji powoduje zwiększenie aktywności cis-prenylotransferazy (cis-PT) i wzmożoną syntezę dolicholu *de novo*. W tym przypadku za podwyższenie aktywności cis-PT odpowiada cis-prenylotransferaza Srt1p. Zwiększona ilość fosforanu dolicholu podwyższa aktywność transferazy N-acetyloglukozaminy, czyli wstępnych etapów N-glikozylacji i aktywności syntazy dolichylo-fosfo-mannozy (DPM). Mimo to końcowe

przenoszenie cukrów na białko jest przyhamowane. Efekt ten jest spowodowany nagromadzeniem DolPP- inhibitora oligosacharylotransferazy. Zahamowanie N-glikozylacji powoduje obniżenie zawartości glukanów i mannanów w ścianie komórkowej z jednoczesnym podwyższeniem poziomu chityny. Aktywacja syntezy chityny jest efektem kompensacyjnym przy obniżeniu poziomu innych składowych ściany. Takie zmiany powodują zwiększoną wrażliwość komórki *Candida* na czynniki zaburzające strukturę ściany komórkowej Calcofluor White i Congo Red, a także trudności w tworzeniu strzępek i biofilmu.

2. Dokonano delecji jednej kopii genu *ERG9* w diploidalnym genomie *Candida*, trwają prace nad umieszczeniem drugiej kopii genu pod promotorem regulowalnym.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Potwierdziliśmy kluczową rolę N-glikozylacji w tworzeniu prawidłowej struktury ściany komórkowej i ekspresji czynników patogenności takich jak tworzenie strzępek i biofilmu.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Wyniki zaprezentowano na zjeździe 18th Congress of European Mycologists (4705/A) i wykorzystano do publikacji naukowej (5868).

Publikacje:

5868, 5869, 4705/A

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-Adamska

Cel badania:

1. Ustalenie roli białka Yil102c-Ap w *Saccharomyces cerevisiae*.
2. Ustalenie funkcji białka DFGX w *Trichoderma*.
3. Wpływ stopnia nasycenia dolicholi na aktywność enzymów dolicholo-zależnych i fizyczne właściwości błon komórkowych.
4. Wpływ mikrobiomu na adaptację *Poa annua* do warunków Antarktycznych – wstępna analiza metagenomu trawy rodzimej i obcej na Antarktycznej Stacji im H. Arctowskiego.
5. Badania metagenomu trufli *Tuber aestivum*.
6. Wzbogacenie kolekcji grzybów izolowanych ze środowiska naturalnego.
7. Badanie skuteczności grzybów w procesie odwadniania osadu ściekowego.
8. Udział transportera siarczanowego AstA w funkcjonowaniu mitochondriów.

Opis realizowanych prac:

Ad 1. Ustalono, że Yil102c-Ap jest homologiem białka DPMII z *Trichoderma*. Substytucja YIL102cAp przez DPMII obniża aktywność syntazy DPM i syntazy kotwicy GPI dwóch kompleksów enzymatycznych, w których uczestniczy białko DPM2. Aby definitywnie stwierdzić obecność Yil102c-Ap w tych kompleksach u *S. cerevisiae* wykonano ko-immunoprecypitację Yil102c-Ap z Pig-Ap. Białko Yil102c-A wyznakowano epitopem myc, unieruchomiono na złożu MycTrap i wychwycono białka z nim oddziałujące. Udokumentowano interakcję Yil102c-Ap z Pig-Ap.

Ad 2. Białko DFGX ma aktywność saturazy dolicholowej i homolog drożdżowy nasycza resztę alfa poliprenoli tworząc dolichol. *Trichoderma* posiada wielonasycone dolichole. Aby ustalić rolę DFGX w *Trichoderma* dokonano delecji genu *dfg10* i zbadano strukturę dolicholi syntetyzowanych przez mutant. Stwierdzono, że mutant syntetyzuje wielonasycone poliprenole a więc białko DFGX nasycza tylko resztę alfa w poliprenolach.

Ad 3. Analiza skutków posiadania wielonasyconych dolicholi na aktywność enzymów dolicholo-zależnych i właściwości fizyczne błon komórkowych zakończono publikacją (5815).

Ad 4. Zbadano metagenom grzybowy i bakteryjny dwóch traw *Deschampsia antarctica* i *Poa annua* z sąsiedztwa stacji Antarktycznej im. H. Arctowskiego. U *Deschampsia Basidiomycota* dominowały w zewnętrznej części korzeni a *Ascomycota* wewnętrzna, a u *Poa annua* było odwrotnie. Metagenom

grzybowy *Poa annua* zostanie porównany z metagenomem trawy pobranej z ogrodu botanicznego w Powsinie.

Ad 5. Odczyty z analizy metagenomowej przypisano do sześciu gatunków grzybów należących do trzech typów *Ascomycota*, *Basidiomycota* i *Mucoromycota*. Podstawowy mikrobiom bakteryjny *Tuber aestivum* wykazywał podobieństwa do mikrobiomów trufli innych gatunków. Widać było jednak, że w zależności od gatunku owocniki uzupełniają mikrobiom o inne mikroorganizmy z otoczenia.

Ad 6. Wyizolowano i zidentyfikowano kolejne gatunki grzybów.

Ad 7. Prace nad odwadnianiem osadu ściekowego przeskalowano do skali technicznej.

Ad 8. Stwierdzono, że AstA występuje u patogenów grzybowych w błonie cytoplazmatycznej, transporter jest ATP-zależny i transportuje siarczan, siarczyn i siarczan choliny. Niedawno stwierdziliśmy obecność transportera AstA w mitochondriach w warunkach hodowli na podłożu stałym w podwyższonej temperaturze (37°C). Funkcja tego transportera w mitochondriach wielu patogenów grzybowych jest dotychczas niewyjaśniona.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Przypisanie funkcji białku Yil102c-Ap jako homologa podjednostki regulatorowej DPMII z *Trichoderma*.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Wykorzystanie wyizolowanych grzybów do dalszych prac nad osuszaniem osadu ściekowego.

Opublikowanie wpływu stopnia nasycenia dolicholi na aktywność enzymów dolicholo-zależnych i fizyczne właściwości błon komórkowych.

Zaprezentowanie wyników na zjeździe FEMS w Glasgow i na 18-th Congress of European Mycologists.

Publikacje:

5815, 4596/A, 4706/A, 4707/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 Rakowska-Boguta, dr Małgorzata Cieśla, mgr Marta Płonka, mgr Izabella Rudzińska

Cel badania:

Określenie roli białka Rbs1 w koordynacji transkrypcji tRNA z cyklem komórkowym i transkrypcją z udziałem polimerazy II RNA.

Opis realizowanych prac:

Ostatnio zidentyfikowaliśmy dwa czynniki wspomagające składanie kompleksu polimerazy III RNA (Pol III) u drożdży: podjednostkę ABC10β, wspólną dla trzech polimeraz RNA, oraz białko Rbs1, które fizycznie oddziałuje z Pol III. Białko Rbs1 zawiera domenę R3H, która potencjalnie wiąże jednoniciowe kwasy nukleinowe. Poprzez wprowadzenie mutacji do sekwencji kodującej domenę R3H stwierdziliśmy jej istotność dla fenotypu genetycznego zwiększonej ekspresji *RBS1*. Wynik ten sugerował, że Rbs1 pełni także inną funkcję poza udziałem w składaniu kompleksu Pol III. Poprzez analizę CRAC stwierdzono, że białko Rbs1 wiąże pewne klasy RNA, wśród nich mRNA zawierające sekwencje poli(A) w rejonach regulatorowych (UTR) 5' lub 3'. Najsilniejsze wiązanie Rbs1 wykryliśmy dla 5'UTR w *PCL5* mRNA, zawierającego trakt 29-ciu adenin bezpośrednio przed kodonem AUG, a słabsze wiązanie do 3' UTR *RBP10* mRNA kodującego ABC10β. *PCL5* koduje cyklinę, która wraz z czynnikiem transkrypcyjnym Gcn4 tworzy układ wzajemnej regulacji. Gcn4 stymuluje generalną odpowiedź komórki drożdży na głód aminokwasowy i stres. Indukcję Gcn4 obserwowano także w mutantach z obniżoną aktywnością Pol III lub procesowania prekursorów tRNA. W toku realizowanych prac potwierdzono naszą hipotezę, że Rbs1 jest modulatorem generalnej odpowiedzi komórki na defekty biosyntezy tRNA zależnej od czynnika transkrypcyjnego Gcn4. Stwierdziliśmy, że zwiększona ekspresja *RBS1* powoduje obniżenie translacji białka Pcl5 w sposób zależny od domeny R3H co jest wynikiem wiązania Rbs1 do 5'sekwencji regulatorowej w mRNA *PCL5*. Zgodnie z przewidywaniem, obniżenie poziomu Pcl5 powodowało podwyższony poziom Gcn4, co udowodniliśmy wykorzystując tradycyjny

system reporterowy beta-galaktozydazy. Niezależnie stwierdziliśmy rolę Rbs1 w kontroli cyklu komórkowego w mutancie z defektem składania polimerazy III RNA. W mutancie tym, wskutek deficytu tRNA obserwowano opóźnienie wychodzenia komórek z fazy spoczynkowej. Defekt ten był w sposób specyficzny i niezależny od ilości syntetyzowanego tRNA korygowany przez nadprodukcję Rbs1. Stwierdzono również anomalie cyklu komórkowego w mutancie z delecją genu *RBS1*.

Badania z użyciem mikroskopu fluorescencyjnego wykazały skłonność Rbs1 do tworzenia agregatów. Ilość agregatów zwiększała się w fazie stacjonarnej, a zmniejszała się wskutek inaktywacji domeny R3H w Rbs1. O funkcjonalnym charakterze agregatów świadczy ich zanikanie po dodaniu glukozy do komórek w fazie stacjonarnej. Lokalizacja komórkowa znaczącej części agregatów Rbs1 pokrywała się z lokalizacją agregatów Hsp104 i Hsp42.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Wykazano:

1. Rolę Rbs1 w koordynacji składania kompleksu polimerazy III RNA i kontroli cyklu komórkowego.
2. Rolę Rbs1 w kontroli indukcji Gcn4.
3. Skłonność Rbs1 do agregacji.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Wyniki wchodzą w skład prac doktorskich Marty Płonki i Izabelli Rudzińskiej oraz pracy magisterskiej Alicji Armatowskiej. Część wyników opublikowano.

Publikacje:

5744, 5778, 4747/A, 4749/A, 996/N

Temat nr 20: Genetyka i biologia molekularna grzybów.

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

Zespół: dr hab. Róża Kucharczyk, prof. IBB PAN, dr Katarzyna Niedźwiecka, dr Chiranjit Panja, dr Sylwia Pilch, mgr Emilia Baranowska, Izabela Chojnacka, Izabela Hawro

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 – poszukiwanie substratów w komórkach drożdży oraz badanie warunków i znaczenia ampylacji wybranych białek.
4. Syntaza ATP a tworzenie kanału wysokiej przepuszczalności (PTP) w błonie wewnętrznej mitochondriów.

Opis realizowanych prac:

Ad. 1. Otrzymaliśmy wszystkie z jedenastu zaplanowanych szczepów niosących w mitochondrialnym genie *ATP6* mutacje związane z chorobami. Wyizolowaliśmy cztery mutacje supresorowe dla jednej z tych mutacji, która powoduje niestabilność genomu mitochondrialnego, a zatem zbadanie jej skutków nie jest możliwe. Wyizolowane supresory na to pozwolą. Zakończyliśmy analizę biochemiczną dziesięciu szczepów modelowych wyhodowanych w warunkach permissyjnych w celu poznania ich skutków dla funkcjonowania syntazy ATP. Eksperymenty na mitochondriach wyizolowanych ze szczepów wyhodowanych w podwyższonej temperaturze są w toku.

Ad. 2. Otrzymaliśmy wszystkie z jedenastu zaplanowanych w projekcie szczepów niosących w mitochondrialnym genie *ATP8* mutacje m. in. związane z chorobami. Prowadzimy analizę biochemiczną tych szczepów wyhodowanych w warunkach permissyjnych w celu poznania ich skutków dla funkcjonowania syntazy ATP.

Ad. 3. Zbadaliśmy aktywności systemu fosforylacji oksydacyjnej szczepu *fmp40Δ*. Potencjalne ampylowane białka mitochondrialne oczyszczaliśmy metodą pull-down z ekstraktu mitochondrialnego.

Skonstruowaliśmy podwójne mutanty – delecje genu *FMP40* oraz genów kodujących wybrane białka-substraty w celu analizy genetycznej. Badamy funkcję białka Fmp40 w procesie programowanej śmierci komórki.

Ad. 4. W trakcie delecji podjednostki *e* syntazy ATP na drodze krzyżówek genetycznych w szczepach Atp6-P153S i Atp6-K80E, w których zaburzona jest regulacja PTP, wyizolowaliśmy wyłącznie mutacje supresorowe. Spory, które wykiełkowały po krzyżówkach nie posiadały już substytucji wyjściowych w białku Atp6, a jedynie podstawienia supresorowe w tym białku: C23>S i T205>C. Scharakteryzowaliśmy PTP w szczepach posiadających substytucje Atp6-C23S-T205C w ośmiu tłach genetycznych: delecji podjednostki *e* oraz mutacji w podjednostce poriny Om45.

Opis najważniejszych osiągnięć:

1. Określiliśmy charakter patologiczny oraz poznaliśmy mechanizm dziesięciu mutacji w genie *ATP6*.
2. Odkryliśmy, że białko Fmp40 reguluje odpowiedź komórki na stres oksydacyjny z udziałem redoksyn mitochondrialnych.
3. Odkryliśmy, że podjednostka *a* syntazy ATP obok modulacji czasu indukcji kanału PTP moduluje jego przepuszczalność.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Publikacja opisująca wyniki badań zadania 4 jest na etapie rewizji. Wyniki zadania 1, 4 i 3 stanowią część pracy doktorskiej, odpowiednio Emilii Baranowskiej (1 i 4) i Sylwii Pilch (3). Magistrantka wykonująca pracę pod opieką lidera zespołu, Izabela Hawro, uzyskała tytuł magistra.

Publikacje:

5740, 5822, 993/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, doktoranci: mgr Piotr Soczewka, mgr Damian Kołakowski, mgr Patrycja Wardaszka (od 01.08.2019).

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/defekt genu *VPS13* i mogą być celem lub narzędziem terapii u ludzi.

Opis realizowanych prac:

Płasawica-akantocytoza (ChAc, ang. *chorea-acanthocytosis*) jest rzadką chorobą neurodegeneracyjną związaną z mutacjami w genie *VPS13A*. Mechanizm patogenezы ChAc nie jest znany. Użyliśmy nowego fenotypu, nadwrażliwości komórek mutantu drożdży *vps13Δ* na obecność w pożywce SDS, detergentu powodującego stres, do selekcji supresorów i leków. Zidentyfikowaliśmy szereg genów i mutacji supresorowych oraz leków z biblioteki leków.

Poszukiwaliśmy mechanizmu molekularnego pozytywnego wpływu nadekspresji genu *RCN2*, kodującego negatywny regulator kalcyneuryny (fosfatazy zależnej od wapnia), na przeżywalność komórek pozbawionych białka Vps13 w warunkach stresu. Białko Rcn2 jest substratem kinazy MAPK, białka Slt2. Sprawdzono, czy dla działania Rcn2 w badanym procesie istotne jest jego oddziaływanie z Slt2. Zbadano trzy wersje białka Rcn2, z których jedna utraciła zdolność oddziaływania z kinazą Slt2. Nadprodukcja tej wersji wydajnie poprawiała wzrost mutantu *vps13* w warunkach stresu. Oznacza to, że oddziaływanie z kinazą Slt2 nie ma wpływu na działanie Rcn2 jako supresora mutacji *vps13*.

W wyniku przeszukiwania biblioteki leków (Prestwick) zidentyfikowaliśmy, między innymi, dwa związki z grupy polifenoli, które były zdolne do supresji fenotypu nadwrażliwości na stres SDS szczepu *vps13Δ*. Badanie szeregu związków o podobnej budowie wykazało, że do supresji niezbędne są cztery grupy hydroksylowe, w tym dwie na sąsiednich węglach np. w grupie katecholowej, oraz grupa ketonowa i wiązanie podwójne między węglami. Ponieważ jeden ze związków jest zdolny do wiązania żelaza, zbadaliśmy efekt związków żelaza na wzrost szczepu *vps13Δ*. Okazało się, że zwiększona obecność jonów żelaza w pożywce ma efekt pozytywny. Również bakteryjny siderofor

wiążący żelazo, enterobactin, przywracał wzrost szczepu *vps13Δ*, jednak oddziaływał negatywnie ze związkami polifenolowymi. Zidentyfikowaliśmy też gen *FET4* kodujący transporter żelaza, jako wielokopijny supresor *vps13Δ*. Wskazuje to, że zwiększony poziom żelaza w komórce *vps13Δ* jest niezbędny do obrony komórki przed stresem SDS. Według danych literaturowych związek polifenolowy raczej nie uwalnia związanego przez siebie żelaza w komórce, natomiast może działać na ten sam proces/procesy co jony żelaza przywracając wzrost komórkom *vps13Δ* na pożywce z SDS.

Poprzednio wykazaliśmy, że domena APT1 Vps13 wiąże *in vitro* 3 fosforan fosfatydyloinozytolu (PI3P). Obecnie pokazaliśmy, że domena APT1 ludzkiego białka hVPS13A, zwanego też choreiną, wiąże PI3P oraz PI5P. Zanalizowaliśmy wpływ jonów metali (Ca^{2+} , Mg^{2+}) na wiązanie lipidów przez domeny APT1 białka Vps13 i choreiny, w układzie *in vitro* z użyciem liposomów wzbogaconych w te lipidy. Wykazaliśmy, że domena APT1 choreiny znacznie silniej wiąże PI3P w obecności obu jonów metali a domena z Vps13 nie jest przez nie regulowana. Różnice te powodują, że domena APT1 choreiny nie może zastąpić funkcjonalnie domy APT1 w Vps13 u drożdży. Mutacja APT1 choreiny występująca u chorego na ChAc powoduje zmianę specyficzności wiązania lipidów i znosi regulację przez jony metali. Wyniki te pokazują, że działanie choreiny może być regulowane przez sygnałowanie wapniowe a zaburzenie tej regulacji jest patogenne.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Używając szczepu *vps13Δ* jako modelu płaswicy-akantocytozy, pokazaliśmy, że fenotypy mogą być odwrócone przez gen *RCN2* i *FET4* oraz niektóre leki z grupy polifenoli. Patogenna mutacja występująca u chorego na ChAc zaburza wiązanie lipidów przez choreinę.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Wyniki były prezentowane na konferencjach, są podstawą pracy wysłanej do publikacji i pracy w przygotowaniu, weszły w skład pracy magisterskiej Patrycji Wardaszki oraz są częścią przygotowywanych prac doktorskich Piotra Soczewki i Damiana Kołakowskiego.

Publikacje:

5766, 4619/A, 4645/A, 4646/A, 4654/A, 4723/A, 988/N, 286/M

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, dr hab. Anna Bębenek, mgr Milena Denkiewicz-Kruk, doktoranci: mgr Małgorzata Jędrychowska, mgr Krystian Łazowski, mgr Magdalena Komorowska

Cel badania:

Badanie utrzymania stabilności genetycznej w komórkach modelowych *Escherichia coli* i *Saccharomyces cerevisiae*.

Opis realizowanych prac:

1. W ramach kontynuacji badań nad mechanizmami naprawy rybonukleotydów w komórkach *Escherichia coli* oznaczono częstości rewersji w genie *lacZ* w szczepach Pol V_Y11A niosących dodatkowo plazmid ekspresyjny RNazę HII lub RNazę HI w celu określenia udziału RNaz HII i HI w usuwaniu rybonukleotydów na obydwu niciach DNA. W celu sprawdzenia udziału i wydajności aktywności korektorskiej polimeraz DNA (pol I, pol II) w usuwaniu błędów PolV_Y11A z obu nici DNA porównano poziom mutagenyzy w szczepach niosących allele *polAexo* i *polBex*. Skonstruowano i przeanalizowano wpływ mutacji w centrum aktywnym głównej replikazy bakteryjnej Pol III (w podjednostce katalitycznej DnaE) na poziom mutagenyzy spontanicznej na obu niciach DNA oraz częstość inkorporacji rybonukleotydów do DNA.
2. W celu określenia roli białka Cdc45, wchodzącego w skład helikazy CMG, w kształtowaniu wierności procesu replikacji w drożdżach *S. cerevisiae* skonstruowana została seria mutantów w genie *CDC45*. Zmiany zostały wprowadzone w rejonie α/β -domeny I (aminokwasy 1-304) białka Cdc45 [R223A; K224A; K222A; YYS240/241/242AAP; YY240-241AA; Y240A] który jest szczególnie interesujący ze względu na możliwe oddziaływanie białka Cdc45 z katalityczną

podjednostką Pol ϵ – białkiem Pol2. W szczepach posiadających zmutowane allele genu *CDC45* zbadano poziom mutagenyzy spontanicznej i specyficzność powstających mutacji, co wykazało istotną rolę białka Cdc45 w utrzymaniu stabilności genomu w drożdżach. Dodatkowo skonstruowano nowe mutanty *cdc45* zlokalizowane w różnych domenach białka Cdc45 (A346V, P369T, P542L). Mutacje te u ludzi odpowiadają za występowanie syndromu Meiera-Gorlina.

3. Badano rolę kompleksu GINS w utrzymaniu stabilności sekwencji powtarzających się w DNA. W szczepach niosących zmutowaną podjednostkę Psf1-1 kompleksu GINS pokazano zwiększoną niestabilność sekwencji powtarzających się w DNA. Analiza mechanizmów odpowiedzialnych za powstawanie zmian w obrębie sekwencji powtarzających się w DNA wykazała duży udział procesów rekombinacyjnych takich jak: BIR (*ang. break-induced replication*) czy TS (*ang. template switch*) w niestabilności traktów DNA obserwowanej w mutancie *psf1-1*.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Wykazano, że w *Escherichia coli* RER zależny od RNazy HII, pełni kluczową rolę na nici wiodącej DNA, natomiast na nici opóźnionej system ten współpracuje z zapasowymi ścieżkami usuwania rybonukleotydów (RER zależny od RNazy HI i naprawa przez wycięcie nukleotydu). W drożdżach *Saccharomyces cerevisiae* pokazano, że procesy rekombinacyjne takie jak BIR oraz TS biorą udział w mechanizmach niestabilności powtarzających się traktów DNA w mutantach w podjednostce Psf1-1 kompleksu GINS.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Część wyników została opublikowana oraz przedstawiona w formie prezentacji na kilku konferencjach. Pozostałe wyniki będą stanowiły podstawę następnych publikacji i prac doktorskich.

Publikacje:

5875, 5787, 5901, 5905, 4594/A, 4614/A, 4615/A, 4634/A, 4673/A, 4696/A, 4679/A, 289/M, 290/M

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

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

Zespół: dr hab. Aneta Kaniak-Golik, prof. dr hab. Ewa Śledziwska-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. *Mitochondrialne substraty kinaz Mec1/Tel1*. Kontynuowaliśmy badania, w których badamy jak aktywacja szlaku transdukcji sygnału o uszkodzeniu DNA jądrowego wykrywanego przez kinazy Mec1/Tel1, a następnie przekazywanego przez kinazy Rad53 oraz Dun1 (szlak DDR, *ang. DNA Damage Response*), wpływa na stabilność mtDNA. Weryfikujemy hipotezę, że apikalne kinazy Mec1 i Tel1 mogą bezpośrednio modyfikować białka mitochondrialne. W celu sprawdzenia lokalizacji tych kinaz w mitochondrium (literaturowe wyniki badań wysoko-przepustowych) prowadzimy obecnie eksperymenty frakcjonowania komórek szczepów niosących kinazy Mec1 lub Tel1 z dołączonymi wewnętrznymi epitopami. Poszerzyliśmy zestaw szczepów, które mają posłużyć do wykrycia potencjalnych bezpośrednich mitochondrialnych substratów tych kinaz. Są to białka mitochondrialne lub białka regulacyjnie powiązane z mitochondriami (~ 40 białek; zestaw szczepów zawiera teraz 14 takich białek z dołączonymi epitopami do detekcji), które posiadają motywy aminokwasowe analogiczne do znanych miejsc fosforylowanych przez te kinazy (tj. odpowiednio zgrupowanych miejsc SQ/TQ). W ramach hipotezy roboczej przyjęliśmy, że szukane fosforylacje zachodzą w warunkach, w których kinazy są aktywowane poprzez sygnał o uszkodzeniu DNA jądrowego (traktowanie MMS) lub dochodzi do zatrzymania syntezy DNA (traktowanie hydroksymocznikiem). Wielokrotne próby wykrycia fosforylacji miejsc SQ/TQ kilku mitochondrialnych białek wyizolowanych z komórek traktowanych jw. zakończyły się niepowodzeniem, chociaż udało się równoległą detekcją kontrolnej

fosforylacji białka Rad51. Podjęliśmy pierwsze próby weryfikacji alternatywnej hipotezy roboczej: fosforylacje białek mitochondrialnych zachodzą w innych warunkach niż do tej pory badane i odzwierciedlają nową, jeszcze nieznaną, funkcję kinaz Mec1/Tel1. Nasze wstępne wyniki sugerują, że ta nowa funkcja może być związana z: 1) pozytywną regulacją funkcji mitochondrialnej w warunkach wzrostu na oddechowych źródłach węgla lub/i 2) odpowiedzią komórki na wysokie, toksyczne, stężenia etanolu.

2. *Zmiany liczby kopii mtDNA.* Jesteśmy w trakcie testowania metody oznaczania liczby kopii mtDNA przy użyciu real-time PCR w drożdżach w celu wyjaśnienia mechanizmu zwiększenia liczby kopii mtDNA po aktywacji ścieżki Mec1/Tel1. Wcześniej pokazaliśmy, że zwiększony poziom mutacji punktowych w mtDNA w szczepie *rad27Δ* zależy od aktywności kinazy Dun1 na szlaku DDR i wynikającego z niej wzrostu poziomu dNTP. Chcemy teraz sprawdzić, czy podobna zależność dotyczy zwiększonej liczby kopii mtDNA w szczepie pozbawionym nukleazy Rad27. Kontrolne testy wykazały, że sam brak kinazy Dun1 (bez aktywacji DDR) powoduje zwiększenie poziomu mtDNA względem DNA jądrowego, co wskazuje na udział Dun1 w regulacji replikacji mtDNA również poza szlakiem DDR (prawdopodobnie poprzez regulację ekspresji genu *DIN7*).
3. *Polimerazy TLS w mitochondriach.* W ramach analizy udziału pomocniczych polimeraz mitochondrialnych w utrzymaniu mtDNA, uczestniczyliśmy w badaniu fenotypów mitochondrialnych w szczepie ze zmienioną polimerazą Rev3 po wprowadzeniu mutacji *rev3-S1192R*, analogicznej do mutacji w genie *REV3L* wykrytej u pacjenta z szeregiem zaburzeń rozwojowych. Potwierdziliśmy defekt utrzymania sekwencji mtDNA w szczepie mutanta po traktowaniu UV.
4. *Szczepy z allelami MIP1.* Skonstruowano szereg szczepów, w których wprowadzono mutacje do chromosomalnej kopii genu *MIP1* (kodującego główną polimerazę mitochondrialną) do wykorzystania do badań omawianych powyżej. Są to: mutacje analogiczne do patogennych mutacji *POLG1* (R770E, V863A, G807R), allele kodujące: polimerazę bez aktywności egzonukleazy (D171A E173A) oraz polimerazę z nadaktywną egzonukleazą (delecja ostatnich 75 aminokwasów od C-końca).

Opis najważniejszych osiągnięć:

Wieloletowa konstrukcja szczepów *mip1* za pomocą metody będącej modyfikacją systemu *delitto perfetto*. Wykazanie defektu utrzymania sekwencji mtDNA w szczepie *rev3-S1192R*.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Uzyskane wyniki zostały przedstawione w komunikatach zjazdowych i na prezentacji na międzynarodowej konferencji, jak również wykorzystane w przygotowanym manuskrypcie. Stanowią część 2 prac doktorskich.

Publikacje:

4612/A, 4731/A, 4740/A, 4743/A

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

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

Zespół: prof. dr hab. Ewa Śledziewska-Gójska, dr Agnieszka Hałas, dr Justyna McIntyre, mgr Mikołaj Fedorowicz, 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:

Wyspecjalizowane polimerazy DNA zdolne do syntezy DNA poprzez uszkodzenia matrycy, tzw. polimerazy TLS, pełnią zasadniczą rolę w procesach tolerancji uszkodzeń DNA. Polimerazy te w większości należą do rodziny polimeraz Y, która w komórkach drożdży obejmuje Pol eta i Rev1. Pokazaliśmy, że w odpowiedzi na uszkodzenia DNA i inne czynniki powodujące perturbacje syntezy DNA, poziom drożdżowych polimeraz DNA z rodziny Y jest regulowany różnie w różnych fazach cyklu komórkowego zarówno na poziomie białka, jak i na poziomie mRNA. Pokazaliśmy także udział

mechanizmów funkcjonujących w ramach aktywacji punktu kontrolnego fazy S w tej regulacji. Punkt kontrolny fazy S może być aktywowany w odpowiedzi na stres replikacyjny na drodze zależnej od kinazy Mrc1 lub w odpowiedzi na uszkodzenia DNA na drodze zależnej od Rad9. Stwierdziliśmy, że aktywacja ścieżki zależnej od Mrc1 przesuwa akumulację badanych polimeraz z fazy G2 do fazy S cyklu komórkowego powodując zwiększenie potencjału TLS w tej fazie. Czynniki uszkodzające DNA aktywujące ścieżkę zależną od Rad9 w małych dawkach też powodują takie przesunięcie. Jednakże zwiększenie poziomu aktywacji ścieżki Rad9 limituje poziom akumulacji polimeraz z rodziny Y w fazie S.

Kluczową rolę w regulacji ludzkich polimeraz z rodziny Y, odgrywają oddziaływania międzybiałkowe oraz posttranslacyjne modyfikacje, a zwłaszcza ubikwitynacja. Precyzyjna kontrola jest szczególnie istotna w przypadku polimerazy iota, najbardziej mutagennej spośród wszystkich znanych ludzkich polimeraz DNA. Wcześniejsze nasze badania wskazały, że białko polimerazy iota może ulegać p300/CBP-zależnej acetylacji, jak i mono- oraz poliubikwitynacji. Odkryliśmy również, że gwałtowna poliubikwitynacja następuje w warunkach inhibicji acetylotransferazy p300/CBP. Badania prowadzone w minionym roku wskazały, że poliubikwitynacja polimerazy iota nie jest efektem bezpośredniej kompetycji pomiędzy acetylacją, a ubikwitynacją tego białka i prawdopodobnie wynika z oddziaływań białka acetylotransferazy z polimerazą iota. Ponadto, w minionym roku prowadziliśmy badania mające na celu identyfikację enzymów ubikwitynujących polimerazę iota. Jak dotychczas nieznanym był żaden enzym ubikwitynujący tę polimerazę. Pokazaliśmy, że ligazy ubikwitynowe Pirh2 i Mdm2, o których wiadomo, że odpowiednio mono- i poliubikwitynują polimerazę eta- najbliższego paraloga polimerazy iota, oddziałują z polimerazą iota. Stanowi to silną przesłankę wskazującą, że mogą one również modyfikować to białko. Dodatkowo, stosując trzy niezależne podejścia (drożdżowy system dwuhybrydowy, oddziaływania *in vitro* oczyszczonych białek oraz oddziaływania *in vivo*) potwierdziliśmy oddziaływania i określiliśmy obszary oddziaływań pomiędzy polimerazą iota, a RNF2- ligazą ubikwitynową, której interakcję z polimerazą iota zidentyfikowaliśmy uprzednio w analizie w systemie dwuhybrydowym.

Kontynuując badania pro-mutagennej funkcji pseudo-koniugazy ubikwitynowej Mms2, znanej wcześniej z udziału w bezbłędnej drodze tolerancji uszkodzeń DNA, analizowaliśmy wymagania genetyczne efektu mutatorowego związanego z nadprodukcją Mms2. Uzyskany uprzednio przez nas wynik pokazujący, że efekt mutatorowy zależy od Rad5, ale nie od aktywności ubikwitynującej tego białka tylko jego zdolności do oddziaływania z białkiem Rev1, zaprzeczył naszym poprzednim sugestiom o roli ligazy Rad5 powstawaniu mutacji. W wyniku tegorocznych badań zaproponowaliśmy udział Mms2 w kompleksie Not1-Ubc4-Rsp5-Mms2 jako źródło zwiększenia poziomu mutagenyzy spontanicznej.

Tegoroczne badania na modelu drożdżowym pokazały także, że mutacja ludzkiej polimerazy zeta zidentyfikowana u chłopca z objawami neurologicznymi, powoduje nadwrażliwość komórek na uszkodzenia DNA.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Pokazaliśmy udział zależnej od Rad9 aktywacji punktu kontrolnego fazy S w regulacji poziomu polimeraz TLS z rodziny Y w cyklu komórkowym w odpowiedzi na uszkodzenia DNA.

Publikacje:

5782, 4580/A, 4599/A, 4608/A, 4727/A, 4728/A, 4731/A, 4732/A, 4733/A

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

Zespół: dr hab. Izabela Kern-Zdanowicz, mgr Aleksandra Zasuń (od 1.10.2019), mgr Monika Stasiak (13.01.2020)

Cel badania:

Celem prac jest analiza ekspresji genów systemu koniugacyjnego plazmidu pCTX-M3 z grupy IncM. System koniugacyjny plazmidów z tej grupy należy do słabo poznanego typu I, którego prototypem są systemy koniugacyjne plazmidów z grupy IncII.

Geny kodujące system koniugacyjny zlokalizowane są w rejonach *tra* i *trb*. Geny *nikA* i *nikB*, kodujące białko pomocnicze relaksazy i relaksazę (nikazę), leżą we wspólnym operonie z genami *tra*. Geny

te, począwszy od genu *traH*, trzeciego genu operonu, kodują system tworzenia par koniugacyjnych. Analiza poziomów transkryptów genów operonu *tra*, w szczepie niosącym plazmid pCTX-M3 z delecją *orf36*, unikalnego dla plazmidów z grupy IncM, wskazywała na obecność dodatkowego promotora, zlokalizowanego powyżej *traH*. Wykazano, że jest to słaby promotor o mocy ok. 250 jednostek Millera (MU), położony w końcowej części genu *nikB*.

Planowano:

1. badanie roli białka Orf36 w regulacji promotora P_{traH} ,
2. przeprowadzenie analizy promotora operonu *tra*, zlokalizowanego przed *nikA*, i promotora operonu *trb*, zlokalizowanego przed *trbN*,
3. sprawdzenie, czy w plazmidzie pCTX-M3, podobnie jak w systemie koniugacyjnym plazmidu R1, białka systemu partycji wzmagają jego transfer koniugacyjny.

Opis realizowanych prac:

1. Przeprowadzono wstępne badania, w których wykazano, że promotor P_{traH} ulega represji w obecności plazmidu kodującego *orf36*.
2. Wykryto *in silico* promotor operonu *tra*, P_{nikA} i promotor operonu *trb*, P_{trbN} , sklonowano zsyntetyzowane chemicznie odpowiednie cząsteczki DNA. Ustalono, że P_{nikA} jest promotorem o mocy ok. 760 MU, natomiast moc P_{trbN} wynosi ok. 1350 MU.
3. Przygotowano pCTX-M3 $parA::cat$, z delecją genu *parA* (pierwszy gen trzycistronowego operonu partycyjnego). Wydajność transferu koniugacyjnego pCTX-M3 $parA::cat$ była niezmienną w porównaniu do pCTX-M3, niezależnie od zastosowanych warunków (koniugacja *E. coli*-*E. coli*, różny czas koniugacji, różne temp. koniugacji i hodowli dawców, dawcy w różnych fazach wzrostu). Jednocześnie wykazano, że delecja *parA* pogarsza zdolność *E. coli* niosących pCTX-M3 do tworzenia biofilmu na podłożu polistyrenowym.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Zidentyfikowano eksperymentalnie promotory P_{nikA} i P_{trbN} operonów koniugacyjnych, odpowiednio, *tra* i *trb*, plazmidu pCTX-M3.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Uzyskane wyniki składają się na dwie prace inżynierskie.

Publikacje:

4594/A, 970/N

Zamknięcie z 31.12.2018 r.

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

Zespół: prof. dr hab. Jarosław Kuśmierk, dr hab. Agnieszka Maciejewska, mgr Małgorzata Dylewska, mgr Izabela Dąbrowska (od 1.04.2019)

Zespół zajmuje się właściwościami mutagennymi i naprawą adduktów egzocyklicznych do zasad DNA. Głównymi obiektami badań są ostatnio: addukty akroleiny do zasad DNA: 1,N⁶- α -hydroksypropanoadenina (HPA) i 3,N⁴- α -hydroksypropanocytozyna (HPC) oraz białka systemu odpowiedzi adaptacyjnej u *E. coli* (Ada) dehydrogenaza AidB oraz glikozylaza AlkA i dioksygenaza AlkB, a także ludzkie homologi AlkB.

Cel badań:

Ustalenie funkcji i specyficzności substratowej białek systemu Ada oraz ludzkich dioksygenaz typu AlkB.

Opis realizowanych prac:

Wrażliwość szczepów pozbawionych aktywności AlkA i/lub AlkB na akroleinę.

Odkryliśmy wcześniej, że dioksygenaza AlkB i glikozylaza AlkA naprawiają addukty do adeniny i cytozyny powstające w DNA pod wpływem działania akroleiny. Jednakże szczepy pozbawione tych

aktywności naprawczych nie wykazują większej wrażliwości na akroleinę podawaną egzogennie, niż szczepy typu dzikiego. Wynika to zapewne z silnych właściwości cytotoksycznych akroleiny i wskazuje, że jej obserwowana mutagenność jest pochodzenia raczej endogennego niż ze źródeł egzogennych.

Dodatkowe funkcje białek systemu Ada. HPA i HPC są naprawiane przez AlkA i AlkB *in vivo* także bez indukcji odpowiedzi Ada. Wydaje się więc, że AlkA i AlkB mogą dodatkowo odgrywać rolę w kontrolowaniu poziomu adduktów DNA pochodzenia endogennego.

Indukcja odpowiedzi Ada przez akroleinę. Badania aktywności promotora genu ada monitorowanego za pomocą reportera GFP, wyrażanego z wektora pPROBE-NT nie wykazały, żeby akroleina indukowała odpowiedź Ada.

Weryfikacja potencjalnej aktywności inhibitorowej γ HPA wobec AlkB.

Porównanie zdolności wiązania substratów zawierających α -HPA i γ -HPA za pomocą różnicowej *fluorymetrii* skaningowej (DSF) nie wskazało, aby γ -HPA mogła być inhibitorem dioksygenazy AlkB. Upřednio przeprowadzone modelowania struktury centrum aktywnego AlkB wykazały, że izomer S γ HPA może zostać prawidłowo związany w centrum aktywnym AlkB, podczas gdy izomer R stanowi przeszkodę steryczną. Wydaje się więc, że przyczyną 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. (współpraca: prof. J. Poznański, Zakład Biofizyki).

Charakterystyka funkcji eukariotycznego homologa AlkB – ABH2.

Skonstruowane mutanty delecyjne w kurzych limfocytach linii komórkowej DT40 wykazały większą wrażliwość w odpowiedzi na działanie związków alkilacyjnych typu Sn2 oraz wprowadzających wiązania krzyżowe (współpraca z prof. W. Niedźwiedziem, IRC Londyn).

Hydrofobowość potencjalnych inhibitorów ludzkiej kinazy kazeinowej CK2. Za pomocą techniki RP-HPLC określono indeks hydrofobowości szeregu podstawionych chlorem pochodnych benzotriazolu, posiadających wszystkie możliwe wzorce podstawienia oraz serii halogenowanych pochodnych naturalnych flawonoidów: baicaleiny i chryzyny (współpraca dr K. Mieczkowska i prof. J. Poznański oraz dr A. Mieczkowski, Zakład Biofizyki IBB PAN).

Opis najważniejszych osiągnięć:

1. Mutagenność akroleiny pochodzi ze źródeł endogennych, dodatkową rolę AlkA i AlkB może być kontrola poziomu adduktów DNA pochodzenia endogennego.
2. 1,N⁶- γ -hydroksypropanoadenina (γ HPA) nie jest inhibitorem dioksygenazy AlkB.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Uzyskane wyniki zostaną wykorzystane w przygotowywanych publikacjach naukowych.

Publikacje:

5848, 5842, 4626/A, 4692/A, 4708/A, 4739/A

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

Zespół: prof. dr hab. Piotr 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 zidentyfikowano białka oddziałujące z KaeA oraz zbadanie interakcji regulatora AreB z innymi białkami regulatorowymi.

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:

Zidentyfikowano białka oddziałujące z białkiem KaeA, wśród których są pozostałe podjednostki kompleksu KEOPS, a także ogólny represor transkrypcji RcoA. Zidentyfikowano białka oddziałujące z trzema izoformami AreB w warunkach represji/derepresji azotowo węglowej, wśród których są ogólne i specyficzne czynniki transkrypcyjne, histony, oraz kinazy i fosfatazy białkowe.

Wykazanie, że źródłem materiału zarybieniowego dla restytucji populacji jesiota w Polsce może być populacja jesiota z rzeki St John w Kanadzie.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

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

Publikacje:

5807

Temat nr 31: Studia doktoranckie.

Zespół: prof. dr hab. Ewa Kula-Świeżewska (Kierownik Studiów), prof. dr hab. Piotr Jonczyk (Dyrektor do Spraw Naukowych IBB PAN), prof. dr hab. Monika Hryniewicz

Na studiach doktoranckich (SD) w Instytucie Biochemii i Biofizyki PAN zarejestrowano 143 osoby, które realizują projekty doktorskie, w Instytucie Biochemii i Biofizyki PAN (IBB PAN) – 97 osób, w Międzynarodowym Instytucie Biologii Molekularnej i Komórkowej (MIBMiK) – 34 osoby, w Centrum Nowych Technologii Uniwersytetu Warszawskiego (CENT) – 8 osób, w Narodowym Instytucie Leków (NIL) – 2 osoby, w Instytucie Podstaw Informatyki PAN (IPI PAN) – 1 osoba oraz w Szkole Głównej Gospodarstwa Wiejskiego (SGGW) – 1 osoba.

W 2019 r. na studia doktoranckie przyjęto 29 osób w ramach rekrutacji do projektów realizowanych w IBB PAN.

W 2019 roku 9 doktorantom został nadany stopień naukowy doktora.

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

1. Cykl wykładów pt.: Biophysics for Biologists (B4B) (seria rozpoczęła się w październiku 2018, w okresie 01.01 – 25.02.2019 odbyło się pięć 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.
2. Warsztaty kształcące umiejętności dodatkowe (w okresie od 26.10.2018 do 22.02.2019) – prowadzący Beata Dominika Kawczyńska.
3. Programowanie w Python (w okresie od 12.03.2019 do 02.07.2019) – prowadzący dr Bartosz Kubica.
4. Selected aspects of molecular biology of prokaryotes (w okresie od 04.03.2019 do 13.05.2019) – koordynatorzy: dr hab. Małgorzata Łobocka, prof. IBB PAN, prof. Magdalena Rakowska Boguta.
5. OMICS (w okresie od 07.10.2019 do 10.02.2020) – koordynator wykładów: dr hab. Marta Koblowska, prof. UW.

Doktoranci mieli również możliwość uczestniczenia w cyklach wykładów organizowanych w innych instytucjach i uczelniach. Każdy doktorant, w porozumieniu z promotorem, miał możliwość wybrania zajęć, które dotyczyły realizowanych przez niego prac lub które w sposób szczególny go zainteresowały. 14 czerwca 2019 odbyło się III Sympozjum Sprawozdawcze SBM IBB. Sympozjum zorganizowane przez Samorząd Doktorantów SBM odbyło się w siedzibie IBB PAN – Dziekanowie Leśnym. Uczestniczyło w nim 44 doktorantów, przedstawiono 6 wykładów i 38 posterów.

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.

Doktoranci są współautorami 44 pełnych prac naukowych oraz 106 komunikatów lub plakatów przedstawionych na zjazdach krajowych i zagranicznych. 10 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 będzie przez ekspertów.

W 2019 roku 10 doktorantów otrzymało projekty PRELUDIUM, 1 doktorant otrzymał projekt ETIUDA.

Temat nr: 32.1: Działalność Pracowni Biologii Molekularnej w Gdańsku.

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

Zespół: prof. dr hab. Magdalena Gabig-Cimińska, dr hab. Alicja Węgrzyn, prof. PAN dr Marta Moskot, mgr Katarzyna Kosznik-Kwaśnicka, mgr Tomasz Gąsior (do września 2019 r.), mgr Łukasz Grabowski (od września 2019 r.)

Cel badania:

1. Ocena zmian lizosomalnych w keratynocytach ludzkich komercyjnej linii komórek skóry i keratynocytach pierwotnych oraz materiale skórnym pobranym od pacjentów: związek z łuszczycą.
2. Wypracowanie procedury współhodowli keratynocytów i monocytów/makrofagów dla uzyskania modelu komórkowego do badań nad łuszczycą w warunkach *in vitro*.
3. Ustalenie roli orf63 oraz orf73 w regulacji rozwoju bakteriofagów lambdoidalnych, sprawdzenie skuteczności i bezpieczeństwa preparatu fagowego eliminującego najczęściej spotykane serowary *Salmonella enterica* w eksperymentalnej hodowli brojlerów oraz sklonowanie polimerazy DNA pochodzącej z faga namnażającego się w szczepie *Enterococcus faecalis*.

Opis realizowanych prac:

Ad 1. Dla realizacji niniejszego celu, wykonywano badania z udziałem monohodowli *in vitro* tj. aktywowanych dla uzyskania fenotypu stanu zapalnego w łuszczycy („psoriasis-like” inflammation) keratynocytów, zarówno komercyjnej modelowej linii HaCaT, jak i pierwotnych (KC) pochodzących z naskórka osób zdrowych, a także badania *in situ* tj. z użyciem materiału biopsji skórnych pacjentów z łuszczycą (z miejsc niezmiennych, jak i zmienionych łuszczycowo). Analizowano wpływ poziomu jonów wapnia w pożywce na łuszczycowy status zapalny monohodowli *in vitro* keratynocytów. Oceniano ilościowo i jakościowo kwaśne organella komórkowe, badano przepuszczalność i utrzymanie wewnątrzkomórkowego (lizosomalno-cytozolowego) gradientu pH, przeprowadzono ewaluację ultrastruktur endo-lizosomalnych, analizowano aktywności genów: biogenezy i działania lizosomu, innych czynników lizosomalnych, w tym czynników transkrypcyjnych rodziny MIT i enzymów hydrolitycznych, szlaków przemian sfingolipidów i glikozoaminoglikanów, związanych z działaniem kanałów TRPC oraz aktywnością fosfatazy białkowej serynowo-treoninowej (kalcyneuryna/PPP3) za pośrednictwem kanału MCOLN1, a także poziomy białek błon kwaśnych organelli komórkowych oraz wybranych białek cytoplazmatycznych.

Ad 2. Przeprowadzono studia literatury dla osiągnięcia celu badawczego dotyczącego opracowania modelu komórkowego naśladującego stan zapalny skóry w łuszczycy, a następnie testowano wybrane warunki dla zwalidowania skuteczności procedury prowadzenia współhodowli *in vitro* adherentnych keratynocytów komercyjnej linii HaCaT z zawiesinowymi monocytami komercyjnej linii THP-1,

celem uzyskania aktywowanych keratynocytów o fenotypie możliwie najwierniej odzwierciedlającym stan zapalny toczący się w łuszczycy („psoriasis-like” inflammation). W pierwszym etapie prac określano poziom żywotności komórek THP-1 w wyniku ich klasycznej polaryzacji w obecności PMA do makrofagów typu M1 (posiadających właściwości prozapalne związane z profilem uwalnianych cytokin), poddając je nadto ekspozycji na różne stężenia LPS i/bądź INF- γ stosowane dla aktywacji zapalnej. W warunkach najbardziej optymalnych pod kątem przeżywalności monocytów zróżnicowanych do makrofagów, przy tym traktowanych LPS i/bądź INF- γ , dokonywano pomiarów zmian metabolicznych w tych komórkach i wzrostu wydzielanego produktu tych przemian pozytywnie skorelowanego z indukcją aktywacji makrofagów do uwalniania określonych czynników prozapalnych. Przeprowadzono analizę stężenia mleczanu jako wskaźnika stosowanego do monitorowania wzbudzenia aktywacji zapalnej, a następnie analizę profilu ekspresji genów będących markerami stymulacji reakcji zapalnej.

Ad 3. Wykonano doświadczenia umożliwiające określenie roli orf63 oraz orf73 w regulacji rozwoju fagów lambdoidalnych. Określono, że produkty białkowe obu otwartych ramek odczytu biorą udział w decyzji o wyborze drogi rozwojowej fagów: liza czy lizogenia oraz w indukcji profaga pod wpływem induktorów takich jak: promieniowanie UV czy nadtlenek wodoru. Przetestowano koktajle fagowe o różnorodnym składzie pod względem skuteczności eliminowania bakterii *Salmonella* w formie planktonicznej i biofilmu. Wybrano trzy fagi najbardziej efektywne do koktajlu, którego skuteczność i bezpieczeństwo przetestowano w hodowli eksperymentalnej kurcząt. Wybrano i przeprowadzono klonowanie genu kodującego polimerazę DNA faga namnażającego się na szczepach *Enterococcus faecalis* do systemu pET27.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Ad 1. Zaświadczenie o udziale aparatu endosomalno-lizosomalnego w chorobach zapalnych skóry: znaczenie dla łuszczycy, a także wskazanie na jego potencjalny związek w dysregulacją komórkowych szlaków sygnalizacyjnych zależnych od aktywności determinantów cytoplazmatycznych i jądrowych czynników transkrypcyjnych oraz stresu retikulum endoplazmatycznego.

Ad 2. Uzyskanie modelu współhodowli komórkowej *in vitro* o fenotypie „psoriasis-like” inflammation.

Ad 3. Określono rolę i zaproponowano mechanizm działania produktów otwartych ramek odczytu orf 63 oraz orf 73 w regulacji rozwoju fagów lambdoidalnych. Stworzono preparat fagowy eliminujący serowary *Salmonella* w hodowli drobiu gotowy do testowania na skalę przemysłową.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Wyniki badań zostały zaprezentowane na wielu konferencjach, posłużyły jako materiał do wykładów i publikacji.

Publikacje:

5765, 5772, 5780, 5791, 5805, 5883, 5909, 4597/A, 4724/A, 4725/A, 4726/A, 4757/A, 4760/A

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, mgr Aleksandra Głowacka-Rutkowska, doktorantki: mgr Agnieszka Bednarek, mgr Aleksandra Woltyńska (do maja 2019)

Cel badania:

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

Opis realizowanych prac:

Poszukując biologicznego sensu kodowania przez bakteriofaga P1 o szerokiej specyficzności złożonego zestawu białek związanych z lizą komórki identyfikowano szczepy reprezentujące inne rodzaje bakterii niż *Escherichia coli* i wrażliwe na infekcję przez P1. Do badań wybrano szczep *Enterobacter cloacae*, który umożliwiał zarówno rozwój lityczny P1 jak i tworzenie lizogenów. Porównywano kinetykę lizy lizogenów *E. coli* i *E. cloacae* zawierających profaga P1. Komórki *E. coli* i *E. cloacae* zlizogenizowano

pochodnymi P1 zawierającymi różne mutacje inaktywujące poszczególne geny systemu litycznego lub pary tych genów. Zaobserwowano istotne różnice w kinetyce lizy komórek po indukcji rozwoju litycznego określonych mutantów profaga P1 w *E. coli* i *E. cloacae*. Na tej podstawie określono, że holina LydA niezbędna dla lizy komórek *E. coli* pełni jedynie funkcję towarzyszącą dla holin LydC i LydD w lizie komórek *E. cloacae*. Wykryte różnice wskazują na istotny udział złożonego systemu funkcji litycznych bakteriofaga P1 w zdolności P1 do lizy komórek różnych gospodarzy bakteryjnych. Wyjaśnienie molekularnych podstaw szerokiego zakresu gospodarzy P1 pozwoli na lepsze zrozumienie mechanizmów odpowiedzialnych za szeroki rozsiew pochodnych tego faga w antybiotykoopornych szczepach klinicznych izolatów bakterii, w których pochodne P1 wykrywane są jako wektory niosące determinanty antybiotykooporności. W poszukiwaniu bakterii innych rodzajów do badań systemu lizy P1 analizowano przyczyny braku zdolności P1 do lizogenizacji komórek szczepu *Pantoea agglomerans*, które są infekowane przez P1. W szczepie tym wykryto trzy plazmidy. Dwa okazały się kodować determinanty niekompatybilności z profagiem P1. Wyleczono badany szczep z dwóch plazmidów. W badaniach nad systemem genów litycznych bakteriofagów rodzaju *Kayvirus* skupiono się na białku Tgl – dalekim homologue gronkowcowych czynników wirulencji. Gen *tgl* sklonowano. Wykazano, że jego produkt jest transportowany przez błonę cytoplazmatyczną, a produkcja Tgl powoduje lizę komórek *Staphylococcus aureus*. Wykazano, że białko Tgl ma aktywność muralityczną w stosunku do ściany komórkowej *S. aureus*, a transkrypcja genu *tgl* rozpoczyna się wcześniej w rozwoju litycznym kaywirusów i zachodzi z udziałem bakteryjnej polimerazy RNA. Zaproponowano, że gen *tgl* koduje dodatkową endolizynę kaywirusów i wraz *lysK*, kodującym główną endolizynę, należy do kasety litycznej kaywirusów. Wykazano, że w przeciwieństwie do białka SceD – homologue Tgl, którego nadprodukcja wiąże się ze zmniejszoną wrażliwością *S. aureus* na wankomycynę, nadprodukcja Tgl zmniejsza wrażliwość *S. aureus* na wankomycynę. Białko Tgl postrzegane dotąd, jako jedyny potencjalny czynnik wirulencji kaywirusów, nie jest więc czynnikiem wirulencji, co jest zgodne z obserwacjami wskazującymi na bezpieczeństwo stosowania kaywirusów w fagoterapii.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Wykazanie preferencyjnego wykorzystania różnych białek litycznych bakteriofaga P1 w lizie komórek bakterii różnych taksonów. Identyfikacja dodatkowej endolizyny (Tgl) bakteriofagów rodzaju *Kayvirus* i wykazanie jej aktywności muralitycznej wobec ścian komórkowych *S. aureus*.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Nowo zidentyfikowane białko bakteriofagów rodzaju *Kayvirus* o aktywności muralitycznej wobec ścian komórkowych *S. aureus* będzie mogło być wykorzystane jako składnik koktajli przeciwostronkowcowych w kombinacji z innymi lizynami trawiącymi inne wiązania w peptydoglikanie ścian komórkowych niż Tgl.

Publikacje:

5758, 4683/A, 4758/A

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)

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 katalityczną BRM w sterowaniu i koordynacji procesów rozwojowych u roślin. Prace nad funkcjami histonu H1 polegały głównie na: 1) uzyskaniu roślin *Arabidopsis* pozbawionych genów kodujących H1 za pomocą techniki Crispr/Cas9. 2) analizach wpływu H1 na powstawanie chromocentów oraz wyciszanie transkrypcyjne transpozonów. 3)

analizach wpływu H1 na gęstość nukleosomów, a także mobilność i regularną dystrybucję mikrodomen chromatynowych. 4) analizach efektów usunięcia H1 na wzór rozmieszczenia znaczników epigenetycznych oraz na globalną ekspresję genów. 5) analizach efektów usunięcia H1 na przebieg kluczowych przejść rozwojowych Arabidopsis, takich jak inicjacja korzeni bocznych, wytwarzanie korzeni włóśnikowych i rozmieszczenie aparatów szparkowych oraz czas zakwitania. Prace nad funkcjami kompleksu SWI/SNF i jego podjednostki katalitycznej BRM polegały głównie na: 1) analizach w systemie przejściowym mutacji punktowych, które wprowadziliśmy do domeny katalitycznej podjednostki BRM w konkretnych pozycjach aminokwasowych na podstawie modelowania 3D. 2) analizach efektów mutacji w podjednostkach BRD kompleksu SWI/SNF, w szczególności w odniesieniu do odpowiedzi na kwas abscysynowy. 3) analizach mutantów wielokrotnych posiadających mutacje typu null w trzech podjednostkach BRD oraz mutację hipomorficzną w podjednostce katalitycznej BRM. 4) uzyskaniu delekcji bromodomeny w podjednostce BRM za pomocą systemu Crispr/Cas9.

Opis najważniejszych osiągnięć:

1. Wykazanie, że warianty H1 pełnią w chromatynie rolę czynników architektonicznych niezbędnych do utrzymywania jej nano- i mikroorganizacji.
2. Wykazanie, że warianty H1 współuczestniczą w epigenetycznych przemianach w chromatynie podczas kluczowych przejść rozwojowych Arabidopsis.
3. Wykazanie, że delekcja bromodomeny w podjednostce BRM za pomocą systemu Crispr/Cas9 wywołuje umiarkowane, ale widoczne efekty fenotypowe.
4. Wykazanie, że bromodomeny są niezbędne dla pełnej aktywności kompleksu SWI/SNF.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Wyniki badań zostały przedstawione w doniesieniach konferencyjnych oraz wejdą w skład publikacji naukowych.

Publikacje:

5644, 5753, 5840

Temat nr 35: Szczepionki DNA oraz białka o znaczeniu terapeutycznym

Zespół: prof. dr hab. Agnieszka Sirko, dr Anna Góra-Sochacka

Cel badania:

Porównawcza analiza zmian transkryptomicznych w śledzionach kur różnych ras po immunizacji szczepionką DNA kodującą hemaglutyninę wirusa grypy.

Opis realizowanych prac:

Przeanalizowano profil zmian transkryptomicznych w śledzionach kur typu nieśnego Rosa 1 i White Leghorn oraz typu mięsnego Ross 308 po immunizacji szczepionką DNA. Immunizacja była przeprowadzona według schematu: (1) grupa pierwsza: Rosa 1 jedna dawka szczepionki; (2) grupa druga: Rosa 1 dwie dawki szczepionki; (3) grupa trzecia: White Leghorn 2 dawki szczepionki; (4) grupa czwarta: Ross 308 dwie dawki szczepionki; (5) grupa kontrolna. Przeprowadzono analizę porównawczą zmian transkryptomu pomiędzy kurami typu nieśnego i mięsnego po siedmiu dniach po podaniu drugiej dawki szczepionki oraz pomiędzy kurami typu nieśnego Rosa 1 po szczepieniu jedną i dwiema dawkami. Największe zmiany profilu ekspresji genów zaobserwowano w przypadku brojlerów (Ross 308), natomiast najmniejsze w przypadku niosek White Leghorn. U niosek Rosa 1 znacznie większe zmiany w ekspresji genów obserwowano po podaniu pierwszej dawki niż po dwóch.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Wykazano różnice na poziomie zmian ekspresji genów po immunizacji szczepionką DNA w zależności od rasy kur oraz dawek szczepionki.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Wyniki badań zostały oraz zostaną wykorzystane w publikacjach naukowych oraz pracy doktorskiej.

Publikacje:

5764, 5861

Temat nr 37: Mechanizmy kontrolujące proces patogenezy komórek roślinnych.

Zespół: prof. dr hab. Jacek Hennig, dr Marta Grech-Baran, dr Małgorzata Lichocka, mgr Adam Gorczyca

Cel badania:

Prowadziliśmy badania mające na celu charakterystykę cytoplazmatycznego białka receptorowego Ry_{sto} oraz sekwencji genomowej kodującej to białko. Receptor ten należy do rodziny białek TIR-NB-LRR, warunkujący odporność typu krańcowego (ang. Extreme Resistance, ER) na infekcję wirusem Y ziemniaka (PVY). Ponadto, kontynuowaliśmy badania udziału białka Aneksyny-5 z *Arabidopsis thaliana* w procesie rozwoju pyłku.

Opis realizowanych prac:

Wyizolowaliśmy cDNA genu Ry_{sto}(c630) i wzbogaciliśmy go o sekwencję kodującą białka będące fluorochromem DsRed, co umożliwiło przyżyciowe obserwacje fuzyjnego białka Ry_{sto}:DsRed. Przeprowadzone obserwacje wskazały na cytoplazmatyczno-jądrową lokalizację badanego białka. Nie stwierdziliśmy wewnątrzkomórkowej translokacji białka Ry_{sto}:DsRed podczas odpowiedzi obronnej po infekcji PVY.

Wyizolowaliśmy 5,0 kb fragment chromosomu XII ziemniaka obejmujący allel Ry-f_{sto}, genu Ry. Wykonując analizę porównawczą alleli Ry_{sto} i Ry-f_{sto} stwierdziliśmy brak zmian w sekwencji nukleotydowej zarówno w obrębie obszarów kodujących, jak i niekodujących (intronów) oraz sekwencji 5' i 3' regulatorowych. Stu procentową konserwatywność sekwencji obejmującej gen Ry potwierdziliśmy poprzez izolację homologicznych fragmentów DNA z 10 losowo wybranych odmian ziemniaka, charakteryzujących się odpornością typu ER po infekcji PVY.

W niezależnie prowadzonych badaniach stwierdziliśmy, że plastydowa lokalizacja białka Aneksyny-5 jest krytyczna dla procesu dojrzewania i funkcjonalności pyłku u *Arabidopsis thaliana*.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Wyizolowaliśmy i poznaliśmy sekwencję kodującą i regulatorową. allelu Ry-f_{sto}, genu Ry, który ze względu na łatwość krzyżowania, jest bardzo często wykorzystywany w programach hodowlanych ziemniaka.

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:

5754, 5864, 4638/A, 4639/A, 4640/A, 4665/A, 4675/A, 4717/A

Zamknięcie z 31.12.2018

Temat nr 41: Oksydacyjne uszkodzenia DNA.

Zespół: prof. dr hab. Barbara Tudek (do 1 marca 2019), dr hab. Elżbieta Speina, dr Jolanta Czerwińska (do 30 czerwca 2019), mgr Ewelina Borsuk (do 30 września 2019), dr Konrad Kosicki (UW), dr Somayeh Shahmoradi Ghahe (doktorant UW), mgr Milena Bażlekowa-Karaban (doktorant UW)

Cel badania:

1. Próba znalezienia czynnika warunkującego oporność na terapię fotodynamiczną (PDT) na podstawie analizy transkryptomu linii glejaka U87 wrażliwej i odpornej na terapię.
2. Wyjaśnienie roli białka naprawy DNA, AP endonukleazy 1 (APE1/Ref-1), w regulacji transkrypcji genów w mysich komórkach nowotworowych poddanych PDT.
3. Poszukiwanie nowych klas związków małowcząsteczkowych, które mogłyby stać się nowymi potencjalnymi lekami w chemioterapii.

Opis realizowanych prac:

Przeprowadzono analizę mikromacierzy oraz ilościowy PCR i badania biochemiczne na ludzkich komórkach glejaka mózgu U-87 MG opornych na terapię fotodynamiczną oraz na mysich komórkach chłoniaka CH12F3, zarówno typu dzikiego, jak i z usuniętym z genem endonukleazy miejsce pozbawionych zasady, APE1/Ref-1, przed i po leczeniu PDT. Oceniono rolę APE1/Ref-1 w regulacji transkrypcji genów w tych komórkach. Zbadano mechanizm aktywacji transkrypcji poprzez identyfikację domen białka APE1 niezbędnych do wiązania czynników transkrypcyjnych z DNA.

Przeprowadzono ponadto badania przesiewowe nowo zsyntetyzowanych w Zakładzie Biofizyki IBB PAN (we współpracy z dr. Adamem Mieczkowskim) związków małowcząsteczkowych pod kątem działania genotoksycznego/cytotoksycznego przy użyciu szerokiego panelu komórek nowotworowych i nienowotworowych.

Opis najważniejszych osiągnięć:

W komórkach U-87 MGR znaleziono wyższy poziom zmian epigenetycznych, w tym hipermetylację DNA (5-mC i 5-hmC), pozytywną regulację niekodujących RNA (rodzina SNORD) i deregulację ekspresji niektórych miRNA oraz nadekspresję histonu H1F0 i HDAC10, co może mieć silny wpływ na regulację ekspresji genów zaangażowanych w nabywanie oporności na PDT.

Pokazano, że AP endonukleaza 1 ssaków reguluje transkrypcję ok. 260 genów, działając na końcowym etapie, poprzez aktywację innych czynników transkrypcyjnych. Odkryto, że APE1/Ref-1 bierze też udział w regulacji adhezji i inwazji komórek nowotworowych, a także nieznaną do tej pory funkcję APE1/Ref-1 w regulacji transkrypcji genów zaangażowanych w syntezę cholesterolu, a więc również w budowę i funkcjonowanie błon komórkowych. Wykazano, że w komórkach CH12F3 wyrażających APE1/Ref-1, poddanych działaniu PDT, dochodzi do wzrostu poziomu białka N-kadheryny. Uzyskane wyniki zdają się potwierdzać, że synteza białek adhezyjnych może być zależna od obecności APE1/Ref-1. W związku z tym enzym ten stanowi obiecujący cel terapeutyczny mogący zwiększyć efektywność PDT.

Odkryto, że nowy rodzaj związków, unikalne dimery benzodiazepinowe typu B (B1 i B2), wykazują wyjątkowo silny efekt cytotoksyczny w stosunku do komórek nowotworowych, szczególnie w kierunku linii komórek raka skóry A-431 (rak naskórka), jelita HCT116p53 i kości U-2 OS (osteosarcoma). Szczególnie interesujące jest to, że związek B1 był bardziej toksyczny dla komórek HCT116p53^{-/-} pozbawionych funkcjonalnego białka TP53 niż powszechnie stosowany klasyczny środek chemoterapeutyczny – cisplatyna. Zjawiska tego nie obserwowano w linii komórek wyjściowych HCT116. Przeciwnie, komórki HCT116 wyrażające białko TP53 były bardziej wrażliwe na cisplatynę. Zaobserwowano również, że linie komórkowe z deficytem białka TP53, takie jak HeLa i HEK293T, były bardziej wrażliwe na B1 niż na cisplatynę, co wskazuje na wyższą swoistość B1 w stosunku do komórek z wadliwym TP53. Jako, że w komórkach nowotworowych gen supresorowy nowotworu *TP53* jest inaktywowany częściej niż w jakichkolwiek innych, nasze wyniki mogą stanowić podstawę do konstruowania czynników chemioterapeutycznych, które będą bardziej skuteczne i będą powodowały mniej działań niepożądanych.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

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

Publikacje:

5867, 5879, 5894, 4763/A, 4764/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 inż. Anna Detman, mgr Tomasz Pilżys, mgr Damian Garbicz, mgr Michał Marcinkowski

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. Wpływ zanieczyszczenia środowiska wodnego związkami alkilującymi, cyklofosfamidem i cisplatyną na historię życia i proteom skorupiaków z rodzaju *Daphnia*.
4. Ekspresja białka FTO w tkankach świni w zależności od wieku i zastosowanej diety.
5. Określenie składu konsorcjów bakteryjnych zdolnych do przeprowadzania transformacji mleczanu i octanu do maślanu oraz warunków środowiska istotnych dla tego procesu.
6. Zbadanie wpływu produktów kwasogenezy na szlaki syntezy metanu oraz skład konsorcjów mikroorganizmów w bioreaktorach metanogennych.

Opis realizowanych prac:

Ad 1. Wyniki badań opublikowano w Scientific Reports (5848).

Ad 2. Przebadano kolejne nowo zsyntetyzowane pochodne oksepin i stilbenów (współpraca z prof. Krawczyk, Wydział Chemii Politechniki Warszawskiej), które opisano w publikacji: Garbicz D., Tobiasz P., Borys F., Pilzys T., Marcinkowski M., Poterała M., Grzesiuk E., Krawczk H. „The stilbene and dibenzo[*b,f*] oxepine derivatives as anticancer compounds” *Biomedicine& Pharmacotherapy* 123 (2020) 109781.

Ad 3. Wykazano wpływ spotykanych w środowisku wodnym stężeń alkilacyjnych czynników antynowotworowych, cyklofosfamidu i cisplatyny, na *Daphnia* na trzech poziomach: populacyjnym, osobniczym i poziomie proteomu. Wyniki badań opublikowano w *Aquatic Toxicology* (5849).

Ad 4. Stwierdzono podwyższony poziom białka FTO w tkankach nowo narodzonych świń, który z wiekiem spada. Najwyższy poziom FTO stwierdzono w mózdzku i śliniankach. Okazało się również, że pomimo niskiego ogólnego poziomu FTO w trzustce, komórki β stanowiące 2% komórek trzustki, zawierają wysoki poziom tego białka.

Ad 5. Przeprowadzono szereg doświadczeń w układach stacjonarnych (z ang. batch cultures). Stosowano podłoże minimalne z dodatkiem źródła węglowodanów (sacharoza lub melasa) i/lub mleczanem oraz octanem sodu. Badano niegazowe produkty końcowe fermentacji, zmiany bioróżnorodności i pH w trakcie prowadzenia procesu. Wyniki wskazują, iż istotna jest swoista równowaga pomiędzy bakteriami mlekowymi oraz fermentacji masłowej. Kluczowym elementem dla procesu transformacji jest pH środowiska.

Ad 6. Badano procesy przemian substratów bogatych w mleczan, octan, maślan i propionian. Uzyskane wyniki wskazują: i) podobną wydajność metagenizacji poszczególnych substratów po odpowiednio długim okresie adaptacji; (ii) brak zahamowania procesów metanogenezy przez propionian. Co ciekawe w wielu doniesieniach literaturowych wykazuje się, że propionian jest czynnikiem hamującym proces metagenizacji; (iii) zróżnicowanie szlaków syntezy metanu oraz składu konsorcjów metanogennych w zależności od stosowanych produktów.

Opis najważniejszych osiągnięć:

1. Wykazano nadekspresję 7 z 9 homologów AlkB w HNSCC i stwierdzono pro-kancerogenne działanie niektórych z tych białek, szczególnie FTO.
2. Proces transformacji mleczanu i octanu stymuluje wydajność mikrobiologicznej produkcji wodoru.
3. Główne produkty kwasogenezy warunkują szlaki syntezy metanu w beztlenowym rozkładzie materii organicznej oraz skład konsorcjów metanogennych.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

1. Odkrycie powiązania białek ALKBH z rozwojem nowotworów a następnie znalezienie ich inhibitorów stwarza nowe możliwości dla terapii antynowotworowej.
2. Dokładne poznanie mechanizmów przemian zachodzących w bioreaktorach fermentacji wodorowych i metanowych jest kluczowe dla optymalizacji i opłacalności ekonomicznej pozyskiwania wodoru i metanu w celach energetycznych z biomasy odpadowej.
3. Analizując wspólnoty bakterii fermentacji wodorowych można dostrzec wiele analogii do mikrobiomu przewodu pokarmowego. Poznanie oddziaływań pomiędzy mikroorganizmami w przewodzie pokarmowym może otworzyć nowe kierunki diagnozy i leczenia schorzeń układu pokarmowego.

Publikacje:

5742, 5770, 5844, 5848, 5849, 5900, 4671/A, 4685/A, 4719/A, 4720/A, 4735/A, 4736/A, 4737/A, 4738/A, 4739/A, 984/N

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

Zespół: prof. dr hab. Grażyna Jagura-Burdzy, dr hab. Aneta Bartosik, dr Adam Kawalek, dr Paweł Wawrzyniak, 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 adaptacji tych plazmidów do odległych filogenetycznie gospodarzy m.in. mechanizmów regulacji ekspresji genów (w module replikacji, stabilności i transferu koniugacyjnego). Celem drugiego kierunku naszych badań jest wyjaśnienie pleiotropowego działania chromosomalnie kodowanych białek ParA i ParB (homologów plazmidowych białek partycyjnych) w *Pseudomonas aeruginosa*.

Opis realizowanych prac:

Poprzednie badania nad modulem stabilizacyjnym plazmidu o szerokim spektrum gospodarzy RA3 (IncU) zdefiniowały sieć regulatorową i organizację transkrypcyjną, co doprowadziło do identyfikacji nowego mechanizmu regulacji ekspresji genów zależnego m.in. od lokalizacji genu wewnątrz modułu (gene transcript dosage). Modulacja ekspresji poszczególnych genów modułu stabilizacyjnego warunkuje adaptację tego plazmidu do różnych gatunków gospodarzy. Szczególną rolę w stabilizacji plazmidu RA3 w szerokim spektrum bakterii odgrywa białko alfa-helikalne KfrA, mające zdolność specyficznego i niespecyficznego oddziaływania z DNA i tworzenia długich filamentów. Wykazano interakcje KfrA z cytoszkieletałnym białkiem MreB w *Escherichia coli*, a także wspólnie z partnerem KfrC z kompleksem partycyjnym RA3, białkami IncC i KorB. Zmapowano domeny interakcji KfrC i VirD4 z aparatu koniugacyjnego plazmidu RA3 i potwierdzono oddziaływanie KfrC z białkami błonowymi. Drugi kierunek naszych badań koncentruje się na hipotezie udziału białka ParB w regulacji ekspresji genów poprzez zmiany topologii chromosomu *P. aeruginosa*. Przygotowano szereg mutantów chromosomalnych ze zmodyfikowanymi miejscami wiązania ParB. Mutanty te będą wykorzystane w analizie konformacji genomu metodą HiC. Równocześnie badany jest poziom ParB w komórkach w różnych warunkach wzrostu i udział proteaz w jego degradacji. Kontynuowane są badania nad regulatorami transkrypcji wchodzącymi w interakcje z ParB lub których poziom w komórce jest zależny od ParB. Regulony białek PA1196, PA2121, PA2577, PA3027, PA3458 oraz PA3973 zostały zweryfikowane przy pomocy ChIP-seq, RT-qPCR, badań *in vitro* i *in vivo* oraz prowadzona jest analiza służąca identyfikacji białek partnerskich badanych regulatorów oraz białek zaangażowanych w regulację ich ekspresji (metodą typu pull-down).

Opis najważniejszych osiągnięć:

1. Wykazano zdolność tworzenia długich filamentów przez alfahelikalne białka typu KfrA z plazmidów o szerokim spektrum gospodarzy, R751 i RA3. Potwierdzenie oddziaływań kompleksu KfrA-KfrC z plazmidu RA3 z cytoszkieletałnym białkiem MreB, z kompleksem partycyjnym plazmidu IncC-KorB oraz aparatem koniugacyjnym RA3 potwierdza hipotezę o roli ścisłej korelacji procesów segregacji plazmidu i transferu do nowych gospodarzy z cyklem komórkowym gospodarza (cytoskielet, nukleoid) determinującej stabilność tych plazmidów w różnych gospodarzach.
2. Przeprowadzono analizę strukturalno-funkcjonalną białka regulatorowego MexZ, jednego z partnerów ParB, uczestniczącego w determinacji oporności *P. aeruginosa* na antybiotyki.
3. Zidentyfikowano miejsca wiązania badanych regulatorów transkrypcji w genomie *P. aeruginosa*. Potwierdzono udział badanych czynników transkrypcyjnych w regulacji ekspresji genów zaangażowanych w metabolizm związków węgla: pochodnych argininy (PA1196), glicerolu (PA3027), glutaminy (PA3458) oraz w transport (PA2577) oraz odpowiedź na stres (PA3973).

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Uzyskane wyniki badań są podstawą 1 publikacji naukowej oraz dwóch przyjętych do druku (BMC Genomics i Microorganisms), kolejna publikacja jest odesłana do redakcji AEM po rewizji. Wyniki zostały przedstawione w formie 6 posterów na międzynarodowych konferencjach naukowych.

Publikacje:

5887, 4591/A, 4592/A, 4593/A, 4641/A, 4643/A, 4644/A, 992/N

Temat nr 47: Rozwój metod i narzędzi bioinformatyki i biologii systemów

Zespół: prof. dr hab. Piotr Zielenkiewicz, dr hab. Szymon Kaczanowski, prof. IBB, dr hab. Piotr Pawłowski, dr hab. Paweł Siedlecki, dr Norbert Odolczyk, dr Dorota Niedziałek, mgr Agnieszka Gromadka, doktoranci: mgr Małgorzata Habich, mgr Dariusz Izak

Cel badania:

Celem badań jest wykorzystanie metod informatycznych do generowania wiedzy i testowalnych eksperymentalnie hipotez w obszarach obejmowanych przez bioinformatykę i biologię systemów

Opis realizowanych prac:

Opracowano wyniki następujących doświadczeń ewolucyjnych: (i) roczny eksperyment konkurencyjny komórek wykonany przy użyciu komórek ludzkich nowotworowymi Hela i przy użyciu komórek embrionalnych HEK293; (ii) ewolucja eksperymentalna mutantów komórek drożdżowych zawierających mutacje delecyjną genu NUP133 i COG7. Wykonano analizę dopasowania sekwencji do struktury białek przy użyciu parametrów statystycznych podobnych do energii i entropii. Kontynuowano badania własności sieci interakcji genetycznych i fizycznych.

Prowadzono dalsze badania nad wykorzystaniem uczenia głębokiego w projektowaniu inhibitorów niskocząsteczkowych i modelowaniu ich oddziaływań z białkami. Kontynuowano pracę dotyczącą adnotacji funkcjonalnej nowo zsekencjonowanych genomów alg z rodzaju Chlorellaceae. Testowano nowe cząsteczki w celu opracowania wydajnego i bezpiecznego preparatu chwastobójczego.

Wykonano porównanie symulacji optymalizowania na poziomie mechaniki molekularnej zestawu struktur RNA z jonami generowanymi metodą Monte Carlo z symulacjami optymalizacji tych samych struktur RNA z jonami poruszonymi metodą Monte Carlo z pozycji otrzymanych ze struktur PDB. Wykonano benchmark funkcjonalów chemii kwantowej do badań nad pochodnymi azobenzenu koordynującymi jony metali.

W oparciu o analizę podstawowych kanałów transportu transbłonowego, tzn., receptorowo, ATP, napięciowo i stresu – zależnych, opracowano matematyczny model generacji siły elektromotorycznej w układzie tętnica -żyła udowa. Został on z powodzeniem zastosowany do opisu przebiegu czasowego oscylacji zarejestrowanych w węźle pachwinowym świni, w warunkach narkozy.

Zbadano wpływ wybranych siRNA (srsf2, cwc22) na profil transkryptomiczny organizmu ludzkiego oraz, w konsekwencji, powiązane z nimi czynniki regulatorowe oraz ścieżki kanoniczne.

Przeprowadzono powtórny analizę i interpretację ekspresji oraz alternatywnego splicingu genów u pacjentów z chorobą niedokrwienną serca w oparciu o zaktualizowane bazy danych.

Przeprowadzono analizę porównawczą ekspresji genów drożdży typu dzikiego oraz mutantu (fmp40) w różnych temperaturach. Przygotowano serię skryptów do obliczeń wielkoskalowych.

Przy współpracy z prof. Grażyną Faure-Kuzminska z Instytutu Pasteur'a (Unité Récepteurs-Canaux, Institut Pasteur, Paryż, Francja) oraz firmą SANOFI-AVENTIS RECHERCHE & DEVELOPPEMENT (Paryż, Francja) zaprojektowano nowe serie peptydów, które mogą wiązać się do powierzchni zmutowanego białka $\Delta F508$ -CFTR. Nowo zaprojektowane peptydy wykazują zdolność do korygowania defektu białka $\Delta F508$ -CFTR, co może doprowadzić do opracowania nowego mechanizmu interwencji farmakologicznej u osób chorych na mukowiscydozę.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Zaprojektowanie nowej serii potencjalnych leków dla osób chorych na mukowiscydozę.

Publikacje:

5779, 5796, 5825, 5855, 5866, 5902, 4764/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, Lilia Żukowa

Cel badania:

Temat poświęcony jest badaniom własności strukturalnych białkowych układów o tendencjach agregacyjnych i wysokiej zawartości dynamicznych struktur. 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 nieustrukturowanych regionów. Uda 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 stosujemy 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 nieustrukturowane. Ze względu na silne własności agregacyjne i wysoką dynamikę (obecność regionów natywnie nieustrukturowanych) badania strukturalne tych asocjatów białkowych napotykają na duże trudności, dlatego stosowanie nieklasycznych metod badań strukturalnych jest nieodzowne.

Opis realizowanych prac:

Uzyskano drogą nadekspresji w bakteriach pełną formę receptora RAGE, zawierająca region transbłonowy i część cytoplazmatyczną. Scharakteryzowano status oligomeryzacyjny dla tego konstruktu i wykazano silny wkład regionu transbłonowego i domeny C2 w tworzenie oligomerów (5910). Wskazało to na rozłożenie regionów odpowiedzialnych za powstawanie oligomerycznych form receptora wzdłuż całej sekwencji białka. Zakończono też badania punktowych mutacji w peptydzie Abeta i wykazano silny i zależny od pozycji wpływ reszt histydynowych w pozycjach 6,13,14 na równowagi oligomeryczne tego peptydu (5829). W badaniach oligomeryzujących toksyn bakteryjnych scharakteryzowano wpływ kilku mutacji punktowych na proces tworzenia porów błonowych (5745, 5843) wskazując, że punktowe mutacje mogą, drogą oddziaływań allosterycznych drastycznie zmieniać stabilność form strukturalnych białka nawet w odległych regionach. Pokazano też, że mutacja Y181A bezpośrednio zaburza przejście od formy pre-poru do poru poprzez nadmierną stabilizację regionu, który musi zachować podatność na zmianę konformacji, by transformacja do struktury poru mogła się powieść. W pierwszej publikacji dotyczącej oligomeryzacji kompleksu białkowego heEF1B wskazaliśmy regiony nieustrukturowane w N-końcowej części podjednostki beta tego kompleksu (5757).

Opis najważniejszych osiągnięć:

1. Wskazanie roli reszty Y181 natywnie destabilizującej region β 1 w perfringolizynie i tym samym umożliwiającej transformację strukturalną tego regionu podczas tworzenia porów błonowych.
2. Wykazanie silnego wpływu domeny C2 i TM w oligomeryzacji receptora RAGE.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Uzyskane rezultaty wejdą w skład publikacji.

Publikacje:

5745, 5757, 5829, 5843, 5910, 4587/A, 4588/A, 4590/A, 4715/A, 4600/A

Temat nr 49: Metabolizm cukrów u bakterii mlekowych

Zespół: prof. dr hab. Jacek Bardowski, dr hab. Tamara Aleksandrak-Piekarczyk, dr hab. Magdalena Kowalczyk, dr Agnieszka Szczepankowska, dr Joanna Radziwiłł-Bieńkowska, doktoranci: mgr inż. Jakub Boreczek, mgr Magdalena Chmielewska-Jeznach, mgr Katarzyna Kosiorek, mgr Anna Radulewicz, mgr Agnieszka Różga, mgr Przemysław Sałański, mgr Aleksandra Tymoszewska, mgr Anastasiya Vasileuskaya

Cel badania:

Poszerzenie wiedzy o bakteriach kwasu mlekowego (LAB – z ang. Lactic Acid Bacteria) w obszarze biologii molekularnej komórki, w aspekcie poznawczym i aplikacyjnym.

Opis realizowanych prac:

Wielokierunkowe badania prowadzone nad bakteriami mlekowymi obejmowały:

1. Identyfikację mechanizmów oporności na wybrane bakteriocyny.
2. Charakterystykę plazmidowych systemów replikacyjnych u LAB.
3. Charakterystykę hipotetycznych regulatorów transkrypcji u *Lactococcus lactis*.

4. Porównanie bioróżnorodności mikroorganizmów złożonych ekosystemów:
 - pełnoziarnistych orkiszowych zakwasów spontanicznych z zakwasami wzbogacanymi kulturą starterową do produkcji pieczywa orkiszowego (zgłoszenie patentowe P. 426477),
 - pełnoziarnistych spontanicznych zakwasów piekarskich na bazie mąki pszennej zwyczajnej z zakwasami uzyskanymi z udziałem kultur starterowych zawierających szczepy wyizolowane z mąki żytniej (zgłoszenie patentowe P.422852) oraz z mąki pszennej zwyczajnej.
5. Badanie podstawowych cech probiotycznych i bezpieczeństwa szczepów LAB, analizę antyproliferacyjnych zdolności szczepów LAB w hodowlach tkankowych, badania wpływu LAB na poziom miRNA w wybranych liniach nowotworowych.
6. Oczyszczanie i analizę funkcjonalną fagowych białek z domeną AAA-25 potencjalnie zaangażowanych w proces replikacji DNA u fagów *L. lactis*, poszukiwanie białek towarzyszących, charakterystykę fagów *Lactococcus* z grupy c2 pod kątem czynników wpływających na ich zdolności infekcyjne, analizę porównawczą sekwencjonowanych fagów ze środowisk mleczarskich.

Opis najważniejszych osiągnięć:

1. Identyfikacja trójkomponentowego systemu regulacyjnego LiaFSR jako czynnika warunkującego oporność na aureocyno A53- i enterocyno L50-podobne bakteriocydy.
2. Potwierdzenie funkcjonalności dwóch nowych systemów replikacyjnych pochodzących z *L. lactis* i *Pediococcus parvulus* w innych gatunkach LAB.
Optymalizacja wektora ekspresyjnego pIBB-JZK poprzez zmianę markera selekcyjnego uniwersalnego dla szerokiego zakresu gospodarzy.
3. Przypisanie funkcji hipotetycznym regulatorom transkrypcji:
 - białku YugA w regulacji aktywności operonu Leloir'a,
 - białku RgrA w regulacji aktywności operonów dedykowanych metabolizmowi trehalozy i beta-glukozydów.
4. Wykazanie, że struktura mikrobioty i jej aktywność fermentacyjna w zakwasie piekarskim zależy od matrycy użytej do fermentacji (rodzaj mąki) oraz pochodzenia zastosowanych bakterii.
Potwierdzenie zasadności zastosowania badanych kultur starterowych do fermentacji mąki w celu wytworzenia zakwasów piekarskich o odpowiednim składzie mikroorganizmów.
Zdeponowanie w kolekcji IBB PAN szczepów LAB wyizolowanych z ziaren kefirowych, oscypka i zakwasów piekarskich.
5. Wytypowanie szczepów LAB o potencjalnych właściwościach probiotycznych. Określenie zdolności antyproliferacyjnej wybranych szczepów LAB względem komórek nowotworowych i wykazanie, iż cecha ta jest szczepozależna.
6. Analiza porównawcza 10 zsekwencjonowanych genomów fagów *Lactococcus* z jak dotąd słabo poznanej grupy c2virus i korelacja zakresu gospodarza z typem zakodowanego białka warunkującego długość ogonka.
Określenie wpływu wybranych warunków fizyko-chemicznych na infekcyjność fagów *Lactococcus* z grupy sk1virus i c2virus.
Wykazanie funkcji helikazy białka GP21 faga *Lactococcus* 94p4 oraz wstępne ustalenie partnerów białkowych.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Uzyskane wyniki zostały w części przedstawione w publikacjach naukowych oraz rozprawach habilitacyjnych. Część wyników stanowić będzie podstawę przygotowywanych publikacji, prac magisterskich, doktorskich, rozprawy habilitacyjnej oraz nowych badań podstawowych jak również aplikacyjnych.

Publikacje:

5759, 5802, 5838, 5859, 5899, 4582/A, 4711/A, 4712/A, 4713/A, 4718/A, 4759/A, 973/N, 977/1/N

Temat nr 50: Przewodzenie sygnału stresu osmotycznego w roślinach

Zespół: prof. dr hab. Grażyna Dobrowolska, 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 (do 30.11.2019), mgr Justyna Maszkowska; doktoranci: mgr Julia Rachowka, mgr Adrian Kasztelan; magistranci: Zuzanna Guzik, Oliwia Hawryluk, Kacper Mańk, Daniel Szelański, Krystyna Szumbarzka

Cel badania:

Celem prowadzonych badań było:

1. Poznanie roli kinaz SnRK2 (SNF1-related protein kinases 2), kinaz CDPK (Calcium-dependent protein kinases) w odpowiedzi roślin na stresy środowiskowe.
2. Zbadanie mechanizmu działania dwóch białkowych inhibitorów aktywności SnRK2: SCS (SnRK2-interacting Calcium Sensor) oraz PMI1 (Plastid Movement Impaired 1).
3. Zrozumienie mechanizmów fizjologicznych i molekularnych działania aneksyn na modelu aneksyny 1 (ANNAT1), 3 (ANNAT3) i 4 (ANNAT4) z *Arabidopsis thaliana*.

Opis realizowanych prac:

1. Na podstawie wyników sekwencjonowania małych RNA w mutantach *snrk2 Arabidopsis thaliana* i roślin typu dzikiego wykazaliśmy, że kinazy SnRK2 grupy 1, nieaktywowane przez kwas abscysynowy (ABA), biorą udział w regulacji biogenezy miRNA w korzeniach roślin poddanych działaniu stresu zasolenia. Przypuszczalnie wynika to z zaburzonej fosforylacji białek wiążących RNA zaangażowanych w biogenezę miRNA: HYL1, SE i GRP7/8; białka te są substratami SnRK2.
2. Wykazano, że kinazy SnRK2.4 i SnRK2.10 regulują akumulację H₂O₂ w korzeniach w odpowiedzi rośliny na zasolenie.
3. Nasze wcześniejsze wyniki sugerowały, że kinazy SnRK2 grupy 1 uczestniczą w regulacji starzenia roślin w warunkach zasolenia. W ostatnim roku sprawozdawczym zidentyfikowaliśmy w liściach *Arabidopsis thaliana* szereg czynników transkrypcyjnych z rodzin WRKY oraz ANAC oraz genów przez nie regulowanych, których ekspresja znajduje się pod kontrolą szlaków sygnałowych kinazy SnRK2.10 podczas długotrwałego zasolenia.
4. W poprzednich latach wykazaliśmy udział kinazy ZmCPK11 w odpowiedzi roślin na stres zasolenia, jak również regulację ekspresji czynnika transkrypcyjnego ZAT6 przez tę kinazę w roślinach poddanych działaniu stresu soli. Obecnie wykazaliśmy, że białko ZAT6 jest fosforylowane *in vitro* przez ZmCPK11 oraz przez dwie najbardziej homologiczne do ZmCPK11 kinazy z rzodkiewnika, AtCPK4 i AtCPK11. Zidentyfikowaliśmy za pomocą spektrometrii mas oraz ukierunkowanej mutagenyzy miejsca fosforylacji w ZAT6 dla tych kinaz.
5. Prowadzono badania dotyczące udziału kinaz CDPK w interakcji ziemniak/patogen *Phytophthora infestans*. Zbadano ekspresję wszystkich 23 genów z rodziny kinaz CDPK w liniach ziemniaka nie zawierających genów odporności na ten patogen, roślin zawierających gen odporności *Rpi-phul* albo *Rpi-Smiral* albo oba te geny w odpowiedzi na infekcję patogenem *P. infestans*. Zaobserwowano zróżnicowaną ekspresję różnych *StCDPK* w liniach ziemniaka traktowanych różnymi izolatami *P. infestans*. Najbardziej istotny wzrost ekspresji stwierdzono w przypadku kinazy *StCDPK4*.
6. Wykazano, że białko SCS reguluje wrażliwość roślin na suszę. Nasze wyniki wskazują, że białko to jest inhibitorem kinaz SnRK2 aktywowanych przez ABA.
7. W celu zmapowania fragmentu białka PMI1 odpowiedzialnego za inhibicję kinaz SnRK2 przygotowano konstrukty pozwalające na wydajną ekspresję poszczególnych fragmentów w bakteriach, a następnie zoptymalizowano metody ich ekspresji i oczyszczania.
8. Kontynuowano badanie roli aneksyny ANNAT1 w przeciwdziałaniu akumulacji nadtlenu wodoru i tlenu singletowego – badanie transkryptomu roślin w stresie nadmiernego oświetlenia. Ponadto rozpoczęto badania roli ANNAT1 w metabolizmie kwasu askorbinowego.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Wykazano, że kinazy SnRK2 grupy 1, nieaktywowane przez ABA, uczestniczą w regulacji biogenezy miRNA zarówno w warunkach kontrolnych jak i w odpowiedzi na stres zasolenia.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

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

Publikacje:

5755, 5774, 5854, 5863, 4669/A, 4679/A, 4691/A, 4693/A, 4765/A, 4768/A, 4771/A

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

Zespół: dr Aleksandra Wyslouch-Cieszyńska, mgr Magdalena Polakowska

Cel badania:

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

Opis realizowanych prac:

Poprzez odpowiednio zoptymalizowaną chemiczną modyfikację rekombinowanych białek w warunkach denaturujących lub niedenaturujących uzyskano kilka form kalprotektyny z dwiema lub pojedynczymi grupami tiolowymi modyfikowanymi przez S-glutathionylację oraz modyfikowaną wimentynę. Uzyskane proteoformy opisano i porównano z niemodyfikowanymi białkami wykorzystując szeroką gamę metod analizy białek. W szczególności opisano wynikające z modyfikacji potranslacyjnych zmiany oligomeryzacji, dynamiki strukturalnej oraz wiązania jonów wapnia i cynku.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Identyfikacja charakterystycznych zmian w dynamice strukturalnej kalprotektyny, które mogą być miarą niektórych biologicznych właściwości różnych proteoform.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Uzyskane wyniki wejdą w skład publikacji i doniesień konferencyjnych

Publikacje:

4622/A, 4734/A, 4715/A

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

Zespół: dr hab. Elżbieta Kraszewska, doktoranci: mgr Joanna Drabińska, mgr Mateusz Zięcina

Cel badania:

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

Opis realizowanych prac:

Analiza skonstruowanych mutantów delecyjnych nudix ΔPA0990, ΔPA2769, ΔPA3180, ΔPA3470, ΔPA3755, ΔPA4400, ΔPA4841 oraz ΔPA5176 c.d.

Ustalono, że najbardziej widoczne zmiany fenotypowe wykazywały mutanty *nudix* ΔPA3470, ΔPA3754 i ΔPA4400. W porównaniu do szczepu rodzicielskiego charakteryzowały się one podwyższoną produkcją piocyjaniny, były bardziej odporne na β-laktamowy antybiotyk piperacyklinę oraz wykazywały większą wrażliwość na stres oksydacyjny. Mutanty ΔPA4400, i ΔPA5176 wykazywały poważny defekt w ruchliwości typu swarming oraz obniżoną wirulencję w testach z użyciem *Caenorhabditis elegans*. Mutanta ΔPA4841 od szczepu rodzicielskiego odróżniała podwyższona wrażliwość na stres oksydacyjny. Oprócz ΔPA4400, w żadnym z pozostałych mutantów *nudix* z podwyższoną wrażliwością na stres oksydacyjny nie zaobserwowano wzrostu tempa mutacji spontanicznych. Wszystkie obserwowane zmiany fenotypowe w/w mutantów zanikały po wprowadzeniu do zmutowanych szczepów plazmidów

niosących prawidłowe kopie genów co wskazuje na to, że zmiany powstały na skutek braku odpowiedniego białka Nudix w komórkach bakteryjnych.

Ponadto ustalono, że białko PA4400 oprócz funkcji „Nudix” posiada dodatkową funkcję związaną ze szlakiem biosyntezy tiaminy.

Opis najważniejszych osiągnięć:

1. Ustalenie, że białka PA3470, PA3754 i PA4400 biorą udział w odpowiedzi komórek na stres oksydacyjny.
2. Ustalenie, że hydrolazy PA4400 i PA5176 biorą udział w patogenezie *P. aeruginosa*.
3. Ustalenie, że białko PA4400 jest dwufunkcjonalne.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Uzyskane wyniki są treścią pracy: „Individual Nudix hydrolases affect diverse features of *Pseudomonas aeruginosa*” (w poprawkach po rewizji), a także będą stanowiły podstawę pracy doktorskiej mgr. M. Zięciny.

Publikacje:

4642/A, 4625/A

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

Zespół: prof. dr hab. Wojciech Bał, dr hab. Marcin Grynberg, dr Igor Zhukov, dr Adam Mieczkowski, dr Krzysztof Drabikowski, dr Magdalena Kulma (do 31.08.2019), dr Piotr Skrobecki (do 30. 09. 2019), dr Irena Paczkowska, dr Dorota Radecka (od 1.10. 2019), mgr Aleksandra Witkiewicz-Kucharczyk, mgr Dawid Płonka, mgr Karolina Bossak, mgr Tomasz Żurawik, mgr Ewelina Stefaniak, mgr Radosław Kotuniak, mgr Krzysztof Strzałkowski (do 30.09. 2019), mgr Maciej Plichta (od 1.07.2019), mgr Marta Wiśniewska (od 1.06.2019), mgr Joanna Ziemska-Legińska (od 1.10.2019), mgr Urszula Majcher-Seledyn (od 1.10.2019), prof. dr hab. Magdalena Fikus

Cel badania:

Celem badań jest poznanie mechanizmów molekularnych leżących u podłoża procesów fizjologicznych z udziałem jonów metali, szczególnie miedzi, srebra i cynku oraz procesów toksycznych z udziałem jonów metali ciężkich i kancerogennych, w tym: niklu, kobaltu, kadmu, srebra i palladu. Zwrócona zostanie również uwaga na praktyczne wykorzystanie uzyskiwanych wyników.

Opis realizowanych prac:

Kontynuowano prace nad reakcją hydrolizy wiązania peptydowego pod wpływem jonów metali (artykuły w przygotowaniu), a także badania eksperymentalne i teoretyczne oddziaływań jonów Cu(II) z peptydami biologicznymi z rodziny Aβ (5756, 5829, 5872, 5897, 294/M), modelami peptydowymi receptora hCtrl (5888) i peptydami modelowymi (5824), współpracując z partnerami zagranicznymi i krajowymi. W dziedzinie fizjologii molekularnej cynku opublikowano artykuł na temat modulacji fluorescencji sensorów ZinPyr-1 i Zinbo-5 przez metabolity komórkowe (5898). Ponadto dr hab. M. Grynberg we współpracy międzynarodowej badał zagadnienie błędów w bazach danych sekwencji (5895), genomikę porównawczą *Lactobacillus* (5899), wziął także udział w wyjaśnieniu mechanizmu działania podjednostki delata bakteryjnej polimerazy DNA (5878). Dr A. Mieczkowski we współpracy z grupami krajowymi opublikował dwa artykuły z dziedziny syntezy organicznej (5833) i badań białka ALKBH jako targetu terapii nowotworowych (5848). Dr I. Zhukov we współpracy z różnymi ośrodkami opublikował pięć artykułów z dziedziny badań strukturalnych NMR białek, w tym dwa na temat białka prionowego (5775, 5788, 5831, 5832, 5846). Dr K. Drabikowski opublikował artykuł na temat funkcji teneuryn *Caenorhabditis elegans* (5547).

Opis najważniejszych osiągnięć:

1. Udział M. Grynberga w publikacji wyjaśniającej działanie polimerazy RNA (5878).
2. Przedstawienie koncepcji roli peptydów Aβ4-x w fizjologii mózgu (5872).

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Uzyskano dwa patenty krajowe związane z zastosowaniami chitozanu (PL233402 B1) i jego pochodnej, chitinationu (PL234156 B1).

Publikacje:

5756, 5775, 5783, 5788, 5824, 5829, 5831, 5832, 5833, 5846, 5848, 5872, 5878, 5888, 5895, 5897, 5898, 5899, 294/M

Temat nr 55: Analiza genetyczna podstaw wybranych chorób dziedzicznych.

Zespół: dr hab. Beata Burzyńska, prof. IBB PAN, dr Monika Góra, mgr Karolina Maciak, Katarzyna Konieczna (magistrantka)

Cel badania:

Zespół realizował następujące cele badawcze:

1. Badania genetyczne pacjentów z wrodzonymi niedokrwistościami hemolitycznymi.
2. Kontynuowanie badań dotyczących uwarunkowań genetycznych rozwoju pozawałowej niewydolności serca.
3. Identyfikacja miRNA z surowicy krwi powiązanych z migotaniem przedsionków oraz próba znalezienia miRNA, które może być traktowane jako predyktor skuteczności przeprowadzenia ablacji u pacjentów.

Opis realizowanych prac:

Ad 1. Została przeprowadzona re-ewaluacja kliniczna pacjentów, u których pierwotnie została zdiagnozowana sferocytoza wrodzona, natomiast badania genetyczne nie potwierdziły tego rozpoznania. Wykryliśmy nowe mutacje w genie kodującym białko kanału błonowego PIEZO1, co umożliwiło zmianę diagnozy na stomatocytozę wrodzoną. Jest to ogromnie istotne, ponieważ splenektomia standardowo wykonywana w przypadkach sferocytozy wrodzonej nie jest zalecana w stomatocytozie, gdyż jest nieskuteczna oraz zwiększa ryzyko zagrażającej życiu zakrzepicy.

Ad 2. Opracowany algorytm rozwoju pozawałowej niewydolności serca został zwalidowany na większej grupie pacjentów. Przeprowadzono techniczną walidację metody oraz opracowano oceny zgodności dla wyrobów medycznych IVD.

Ad 3. Zanalizowano profil ekspresji krążących miRNA w surowicy u pacjentów z migotaniem przedsionków poddanych po raz pierwszy zabiegowi ablacji oraz u grupy kontrolnej na podstawie wyników z sekwencjonowania NGS. Wykonano optymalizację warunków oznaczania poziomu ekspresji miRNA przy użyciu emulsyjno-kropelkowego PCR (ddPCR, ang. digital droplet PCR).

Opis najważniejszych osiągnięć:

Scharakteryzowanie nowych, dotychczas nie opisanych mutacji w genie *PIEZO1*, odpowiedzialnych za stomatocytozę wrodzoną. Przeprowadzanie analizy korelacji genotyp – fenotyp oraz modelowania molekularnego.

Opracowanie wieloczynnikowego testu do diagnostyki *in vitro* oznaczającego poziom ekspresji siedmiu biomarkerów transkryptomicznych w pełnej krwi. HTTest jest skierowany do pacjentów, u których wystąpił zawał serca typu STEMI (ostry zespół wieńcowy z uniesieniem odcinka ST).

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Wyniki zostały przedstawione w formie 6 posterów na krajowych i międzynarodowych konferencjach naukowych oraz w publikacji. Wyniki zostały wykorzystane w dokumentacji technicznej Heart Trans Testu (HTTest) w Urzędzie Rejestracji Produktów Leczniczych, Wyrobów Medycznych i Produktów Biobójczych.

Publikacje:

5739, 4584/A, 4586/A, 4603/A, 4702/A, 4714/A, 4721/A, 291/M

Temat nr 56: Genomika *Paramecium tetraurelia*

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

Cel badania:

Paramecium (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 maczyнным makronukleusie oraz nowym makronukleusie.

Głównym celem badań jest poznanie mechanizmów związanych z syntezą i metabolizmem niekodujących transkryptów z wykorzystaniem 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 regulacji rearanżacji DNA w *Paramecium* zależnej od niekodujących RNA.

Opis realizowanych prac:

Kontynuowaliśmy analizę funkcjonalną białek homologicznych do czynników elongacyjnych Spt4 i Spt5. Punktem wyjścia do dalszych eksperymentów było wcześniejsze potwierdzenie istnienia powiązanego z polimerazą RNA II kompleksu Spt4-Spt5, który jest odpowiedzialny za syntezę RNA w jądrze generatywnym podczas mejozy. Analiza z wykorzystaniem spektrometrii mas wykazała, że białko Spt5m najprawdopodobniej występuje w kompleksie z wiążącym RNA białkiem Ptiwi01/09. Ponadto, wyciszanie genów *SPT5m* i *SPT4* prowadzi do zmiany lokalizacji Ptiwi09. Białko nie lokalizuje się, jak w komórkach dzikich, ani wewnątrz maczynych ani nowych makronukleusów, tylko pozostaje w cytoplazmie.

Wśród białek, które zostały współcyszczzone z Spt5m i Spt4mA zidentyfikowaliśmy szereg czynników związanych z modyfikacją transkryptów (poliadenylacją, splicingiem) oraz transportem pomiędzy jądrem a cytoplazmą (min. β i α importyny). Pozwoliło to postawić hipotezy dotyczące udziału czynników elongacji transkrypcji w posttranslacyjnej modyfikacji niekodujących transkryptów oraz powstawaniu kompleksu scnRNA z białkiem PIWI jak również transporcie RNA z jądra.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Odkrycie fizycznego i funkcjonalnego powiązania pomiędzy kompleksem Spt4-Spt5 a białkiem Ptiwi01/09.

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

Zespół: dr hab. Urszula Zielenkiewicz, dr hab. Anna Muszewska, mgr Joanna Klim, mgr Tomasz Walter, mgr Małgorzata Orłowska, mgr Vandana Kaushal

Cel badania:

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

Opis realizowanych prac:

W bazie danych GenBank NCBI uzupełniono i poprawiono adnotację zdeponowanej sekwencji genomu (w tym 10 plazmidów) środowiskowego szczepu *Acinetobacter lwoffii* ZS207. Sekwencję genomu uzupełniono poprzez uzyskanie długich odczytów za pomocą sekwencjatora genomowego MinION. Kontynuując charakterystykę tego szczepu wykazano eksperymentalnie funkcjonalność plazmidowych genów oporności na jony arsenu *arsB* i *arsC*, poprzez ich sklonowanie i ekspresję w komórkach *Escherichia coli*.

Na potrzeby prowadzonych szerokich analiz meta-omicznych wielogatunkowych mikrobiot środowiskowych utworzono własną specjalną bazę danych do analiz proteomicznych. Bazę utworzono z wykorzystaniem zbiorów sekwencji meta-genomów oraz meta-transkryptomów badanych bioreaktorów i innych biologicznych osadów beztlenowych, zgromadzonych w wyniku wcześniej prowadzonych badań. Zawiera ona obecnie ponad 9,5 mln rekordów (ok. 60% adnotowanych) i jest systematycznie powiększana.

Opracowano metodologię przygotowania materiału z meta-proteomów z różnych osadów biologicznych do analiz LC-MS.

Przeprowadzono również pogłębioną analizę bioróżnorodności oraz potencjału metabolicznego skrajnie oligotroficznej maty wodnej rozwijającej się w zalanych wodą szybach nieczynnej kopalni uranu Pogórze.

Wyizolowano kolejne szczepy z różnych środowisk antropogenicznych, w tym *Roseomonas sp.* i *Brevibacterium aurantiacum*.

Pośród szczepów własnej kolekcji, wytypowano na podstawie morfologii komórek, barwy wydzielanych pigmentów oraz charakterystyki środowiska, z którego były izolowane, 5 szczepów mogących mieć zastosowanie w badaniach astrobiologii. We współpracy z Instytutem Lotnictwa Sieci Badawczej Łukasiewicz przeprowadzono testy detekcji komórek ww szczepów przez autorskiej konstrukcji kamerę wielospektralną w komorze próżniowej w warunkach imitujących otoczenie satelity Saturna.

We współpracy z Zakładem Bioinformatyki przeprowadzane są analizy eksperymentalnej ewolucji genomów z wykorzystaniem organizmu modelowego *Saccharomyces cerevisiae*.

Pleśniakowce są jedną z grup organizmów pionierskich, uważanych za mało skomplikowane metabolicznie. Prowadzone we współpracy między Wydziałem Biologii UW a IBB PAN badania wykazały zaskakującą wszechstronność metaboliczną analizowanych szczepów *Mucoromycotina* i ich zdolność do wzrostu na zróżnicowanych źródłach węgla.

Opis najważniejszych osiągnięć:

1. Wykazanie funkcjonalności plazmidowych genów *arsB* i *arsC* szczepu *A. lwoffii* ZS207.
2. Utworzenie własnej bazy danych do analiz proteomicznych mikrobiot beztlenowych osadów biologicznych.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Uzyskane wyniki zostały wykorzystane w publikacjach naukowych, przygotowywanych manuskryptach oraz są podstawą jednej zrealizowanej pracy magisterskiej.

Publikacje:

5794, 5815, 5826, 5838, 5860, 5781, 4647/A, 4672/A, 4595/A, 4703/A, 4704/A, 997/N

Temat nr 60: Mechanizmy podziałów komórkowych.

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

Cel badania:

Badania prowadzone we współpracy. (1) Współpraca z dr hab. A. Skoneczną (IBB PAN) dotyczyła poznania podstaw niestabilności genetycznej, natomiast (2) współpraca z dr. hab. Sz. Kaczanowskim (IBB PAN) miała na celu testowanie jednej z hipotez dotyczących mechanizmów ewolucji, mianowicie

stabilności modułów funkcjonalnych. W obu wypadkach modelowym organizmem były drożdże *Saccharomyces cerevisiae*.

Opis realizowanych prac:

1. Kontynuowano badanie roli białka Swi6 i stwierdzono, że jego brak prowadzi do bardzo szybkiej rearanżacji genomu co spowodowane jest niewydajnym przekazywaniem sygnału o uszkodzeniu DNA.
2. Analizowano los modułów funkcjonalnych w szczepach *S. cerevisiae* pozbawionych genów *COG7* i *NUP133* poddanych eksperymentalnej ewolucji w chemostacie. Analizowano zmiany na poziomie transkrypcyjnym.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Stwierdzono, że zarówno zmiany na poziomie DNA jak też poziomu ekspresji genów nie potwierdzają słuszności hipotezy zakładającej, że utrata funkcji jednego z elementów tzw. 'modułu funkcjonalnego' często prowadzi do inaktywacji innego, również będącego jego częścią, co kompensuje stratę tego pierwszego.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Wyniki prezentowano na konferencjach i są przygotowywane do publikacji.

Publikacje:

4580/A, 4647/A, 4648/A, 4672/A, 4746/A

Temat nr 61: Dynamika transkryptomu w normie i stresie.

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

Cel badania:

Poznanie roli i mechanizmu działania czynników splicingowych w regulacji ekspresji genów na poziomie transkrypcji i alternatywnego składania genów w komórkach zmienionych nowotworowo.

Opis realizowanych prac:

Do badań wykorzystano linię jasno-komórkowego raka nerki (ang. clear cell renal cell carcinoma, ccRCC), w której za pomocą siRNA w dwóch niezależnych eksperymentach obniżono poziom czynników splicingowych CWC22 i SRSF2. O tych białkach wiadomo, że zmiany ich poziomu mają negatywny wpływ na przeżywalność pacjentów, u których stwierdzono występowanie ccRCC. Przy użyciu mikromacierzy DNA zbadano zmiany na poziomie transkryptomu i alternatywnych form splicingowych w liniach z obniżoną ekspresją CWC22 i SRSF2.

Obecnie prowadzone są analizy funkcjonalne genów o zmienionej regulacji w komórkach z obniżoną ekspresją badanych czynników w stosunku do linii niezmienionej.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Uzyskanie linii ccRCC z obniżoną ekspresją CWC22 i SRSF2.

Zbadanie zmian transkryptomu komórek o zmienionej ekspresji czynników splicingowych.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Wyniki będą przedstawione w formie publikacji naukowych.

Zamknięcie z 31.12.2018

Temat nr 63: Dodekahedron adenowirusa jako platforma szczepionkowa.

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

Cel badania:

Celem prowadzonych badań jest skonstruowanie innowacyjnej szczepionki przeciw grypie, w której cząstka wirusopodobna – dodekahedron adenowirusa (Dd), pełni rolę poliwalentnego nośnika dostarczającego wybrane antygeny oraz dodatkowo rolę adjuwantu.

Opis realizowanych prac:

W celu uzyskania preparatu szczepionkowego umożliwiającego uzyskanie ochrony w stosunku do większości szczepów wirusa grypy, jako antygeny wykorzystywane są fragmenty o niezmienniej (konserwowanej) sekwencji, pochodzące z dwóch białek wirusowych. Są to epitopy białka M1 o stabilnej sekwencji, które zapewniają indukcję immunologicznej odpowiedzi komórkowej, oraz wybrane fragmenty hemaglutyniny o sekwencji niezmienniej w białkach wirusów różnych szczepów, stymulujące układ immunologiczny do produkcji przeciwciał neutralizujących.

Nasze wcześniejsze badania w modelu zwierzęcym wykazały, że preparat dodekahedronów niosących epitopy białka M1, włączone do struktury cząstki na drodze manipulacji genetycznej, skutecznie indukował silną immunologiczną odpowiedź komórkową, bez użycia adjuwantów. W ciągu roku sprawozdawczego otrzymywano preparat szczepionkowy zawierający oba antygeny. Antygen HA produkowano w postaci białka fuzyjnego zawierającego poza silnie konserwowanymi fragmentami hemaglutyniny domenę trymerzacyjną, pochodzącą z białka kodowanego przez faga T4, oraz N-końcowy (94 aa) fragment trymerycznego białka włókna adenowirusa, który jest odpowiedzialny za przyłączenie do pentamerów białka podstawy pentonu, z którego zbudowany jest Dd. Analizy z zastosowaniem metod elektroforetycznych oraz spektrometrii mas wykazały integralność białka fuzyjnego. Jego poprawną oligomeryzację potwierdziła analiza z zastosowaniem filtracji żelowej. Natomiast, w przeciwieństwie do niemodyfikowanych dodekahedronów oraz cząstek zawierających epitopy M1, wydajność produkcji i oczyszczania opracowanego wariantu rekombinowanej hemaglutyniny jest bardzo niska. Wysoki koszt produkcji białek w systemie bakulowirusa ogranicza możliwość otrzymywania zaprojektowanej szczepionki w ilościach umożliwiających przeprowadzenie testów jej funkcjonalności *in vivo*.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Opracowanie metody przyłączania białek do dodekahedronów składających się z pentamerów białka podstawy pentonu przy użyciu linkera w postaci fragmentu białka włókna adenowirusa otrzymywanego w formie trymerycznej.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Powyższe wyniki są przedmiotem pracy magisterskiej.

Publikacje:

4624/A, 995/N

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

Zespół: dr hab. Magdalena Krzymowska, dr Magdalena Górecka, dr Marcin Piechocki, dr Patrycja Zembek, mgr Bartosz Baranowski (doktorant zatrudniony z projektu NCN), doktoranci: mgr inż. Jakub Kwiatkowski, mgr Dominika Kamrowska

Cel badania:

Wyjaśnienie funkcji HopBF1, jednego z białek efektorowych wydzielanych przez bakterie *Pseudomonas syringae*.

Opis realizowanych prac:

Fitopatogenne bakterie wydzielają do komórki gospodarza zestaw białek, zwanych efektorami, które pomagają im zasiedlić nowe środowisko. Ich działanie polega m.in. na pozyskiwaniu składników pokarmowych. Jednak dużo ważniejszą rolę pełnią one w tłumieniu odpowiedzi obronnej gospodarza. W naszym zespole od lat prowadzimy badania, których celem jest poznanie mechanizmu działania poszczególnych efektorów na poziomie molekularnym.

Analiza bioinformatyczna wykazała, że jeden z efektorów *Pseudomonas syringae* – HopBF1 przypuszczalnie jest kinazą białkową o nietypowej strukturze. W zgodzie z tą hipotezą, HopBF1 wyrażany w komórkach bakteryjnych lub roślinnych ulegał autofosforylacji. Ekspresja HopBF1 w komórkach roślinnych prowadziła do nekrotyzacji tkanki, w procesie zależnym od obecności nienaruszonego hipotetycznego centrum katalitycznego. We współpracy z grupą dr. Tagliabracii (Univ.

Texas Southwestern, USA) udało się nam pokazać, że również w innych systemach efektor ten miał właściwości cytotoksyczne. Nasze badania ujawniły, że celem działania HopBF1 w komórce gospodarza jest HSP90. Analiza mutantów wykazała, że efektor wiąże to białko opiekuńcze wykorzystując pętlę, która przypomina domenę konserwowaną wśród klasycznych substratów HSP90. Zakładamy, że w konsekwencji konformacja białka HopBF1 przyjmuje dojrzałą formę. Co istotne pokazaliśmy, że w warunkach *in planta* HopBF1 fosforyluje konserwowaną resztę seryny w białku HSP90 zaangażowaną w koordynację ATP i w ten sposób inhibuje aktywność ATPazy. Ponieważ białko HSP90 wraz białkami odporności R wchodzi w skład kompleksów receptorowych, sprawdziliśmy, czy HopBF1 interferuje z ich działaniem. W tym celu testowaliśmy wpływ HopBF1 na działanie konstytutywnie aktywnego wariantu białka odporności RPM1. Obecność efektora hamowała odpowiedź obronną roślin, podczas gdy ekspresja nieczynnych katalitycznych wariantów HopBF1, nie zakłócała przebiegu reakcji odpornościowej. Reasumując, wyniki naszych doświadczeń wskazują, że HopBF1 w komórce gospodarza przybiera dojrzałą konformację na drodze interakcji z białkiem HSP90, następnie fosforyluje białko opiekuńcze i w konsekwencji hamuje jego aktywność, co z kolei zaburza działanie kompleksów receptorowych zaangażowanych w odpowiedź obronną.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Nasze badania pokazały, że HopBF1 jest białkiem założycielskim dla nowej rodziny kinaz białkowych. Zaproponowany przez nas model zakłada, że efektor ten po dostarczeniu do komórki gospodarza udaje substrat dla białka opiekuńczego HSP90, następnie fosforyluje powszechnie konserwowaną serynę w centrum aktywnym HSP90, co blokuje jego aktywność ATPazy i w konsekwencji prowadzi do zaburzenia odpowiedzi obronnej.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Ze względu na obecność HopBF1 wśród patogenów roślin i zwierząt, zrozumienie mechanizmu działania tego efektora, przyczyniło się do wyjaśnienia uniwersalnych mechanizmów wirulencji, co może pomóc w wypracowaniu nowych strategii w walce z patogenami. W dalszej perspektywie, zdolność HopBF1 do specyficznego unieczynnienia białka HSP90, które, jak wcześniej dowiedziono, wspomaga proliferację komórek nowotworowych, można potencjalnie wykorzystać w terapii przeciwnowotworowej.

Publikacje:

5864, 4638/A, 4639/A, 4675/A, 981/N

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

Zespół: prof. dr hab. Jarosław Poznański, dr Kinga Mieczkowska, dr Daniel Paprocki, doktoranci: mgr Anna Szymaniec-Rutkowska, mgr Ewa Marzec, mgr Sławomir Kasperowicz, mgr Anna Stefaniuk

Cel badania:

Celem realizacji tematu jest udoskonalenie procedur umożliwiających ustalanie zależności między strukturą a funkcją biologiczną. Badania opierają się przede wszystkim na analizie struktur budowanych w oparciu o dane 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 wiązania halogenowego w relacji do innych efektów związanych z wprowadzeniem atomu halogenu do cząsteczki liganda.** Opracowano i wykonano syntezę serii pochodnych kwasów hydroksamowych, zawierających polihalogenowany podstawnik fenyłowy, różniących się od siebie długością łańcucha alkilowego, jako potencjalnych bimodalnych inhibitorów CK2/HDAC. Przeprowadzono syntezę wszystkich 10 izomerów heterogennie podstawionych perhalogenowanych pochodnych benzotriazolu oraz

zaprojektowano i później uzyskano znaczną liczbę związków zawierających różne atomy halogenu (F, Cl, Br, I). Badania termodynamiczne wiązania tych związków do docelowego białka pozwalają na separację wkładów oddziaływań hydrofobowych i elektrostatycznych od specyficznych oddziaływań halogen-białko (5842, 4626/A, 4627/A, 4628/A, 4629/A, 4677/A, 4682/A, 4686/A, 4692/A, 4695/A, 4729/A, 4730/A). We współpracy z dr M. Winiewską-Szajewską (UW) zaprojektowano i przetestowano serię bisubstratowych inhibitorów kinazy CK2 (5831).

2. **Analiza profilu aktywności dziewięciu ludzkich odpowiedników białek z rodziny AlkB** – współpraca z grupami prof. E. Grzesiuk i dr hab. A. Maciejewskiej. Przeprowadzony został szereg pomiarów umożliwiających określenie warunków niezbędnych dla badania aktywności białek *in vitro*, w szczególności metody testowania potencjalnych substratów (5848, 4685/A, 4708/A, 4720/A, 4737/A, 4738/A, 4739/A).
3. **Interpretacja danych biochemicznych w kontekście danych strukturalnych o badanych obiektach** – prace prowadzone we współpracy z różnymi grupami (5801, 5809, 5829, 5858, 4603/A, 4639/A, 4676/A, 4731/A).

Opis najważniejszych osiągnięć:

Zaprojektowano i przeprowadzono syntezę serii halogenowanych pochodnych benzotriazolu o właściwościach fizykochemicznych zaprojektowanych w taki sposób, aby umożliwić rozdzielanie wkładów elektrostatycznego i hydrofobowego do energii swobodnej oddziaływania białko-ligand. Udało się wprowadzić nową skalę hydrofobowości opartą na pomiarach densymetrycznych (5842, 4626/A, 4628/A).

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

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

Publikacje:

5801, 5809, 5829, 5831, 5842, 5848, 5858, 5902, 4603/A, 4626/A, 4627/A, 4628/A, 4629/A, 4639/A, 4676/A, 4677/A, 4682/A, 4685/A, 4686/A, 4692/A, 4695/A, 4708/A, 4720/A, 4729/A, 4730/A, 4731/A, 4737/A, 4738/A, 4739/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. Analiza sekwencji genomów bakterii *Streptococcus pneumoniae* w celu scharakteryzowania inwazyjnego serotypu 19A w Polsce.
2. Sekwencjonowanie i analiza sekwencji genomów bakterii *Streptococcus pyogenes* należących do wybranych grup szczepów (serotypów) tego gatunku, w których zaobserwowano nielosowy związek z opornością na stosowane antybiotyki z klasy makrolidów i linkozamidów a udziałem podobnych szczepów wśród krążącej populacji w ramach projektu „Charakterystyka klonów *Streptococcus pyogenes* opornych na makrolidy”.
3. Określenie składu gatunkowego mykrobiomu ludzkiej skóry u pacjentów z atopowym zapaleniem skóry.
4. Analiza sekwencji ludzkich genomów mitochondrialnych uzyskanych za pomocą technologii Oxford Nanopore i rozpoczęcie badań porównawczych.
5. Kontynuacja sekwencjonowania genomów polskiej rodziny z wykorzystaniem aparatu Oxford Nanopore MinION w celu określenia wariantów strukturalnych w badanych genomach.
6. Uzyskanie kompletnej mapy fizycznej genomu bakterii z rodzaju *Nostoc* sp.
7. Analiza kompletnej sekwencji genomu algi *Prototheca wickerhamii* DBVPG w celu zidentyfikowania potencjalnych genów wirulencji.

Opis realizowanych prac:

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

Zoptymalizowano procedurę przygotowania bibliotek i z powodzeniem zsekwencjonowano 6 ludzkich genomów 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 sekwencjonowania: DNA totalnego z 174 szczepów bakterii z rodzaju *Streptococcus pneumoniae*; DNA totalnego 32 szczepów bakterii z rodzaju *Streptococcus pyogenes*; 76 próbek mykobiomu skóry pobranego od pacjentów, a także jeden genom sinicy z rodzaju *Nostoc* sp. Dla każdej próbki bakteryjnego DNA uzyskano około 0,5 miliona sparowanych odczytów o długościach 300 nukleotydowych (metoda Paired End-Illumina), czyli średnio 300 milionów par zasad na próbkę. Łącznie uzyskano ponad 62 miliardy par zasad. Pozwoliło to na złożenie pełnych genomów jak również obecnych w komórkach plazmidów.

Ustalono kompletne mapy fizyczne genomów mitochondrialnego oraz plastydowego algi *Prototheca wickerhamii* DBVPG dzięki zastosowaniu strategii hybrydowej wykorzystując wyniki sekwencjonowania II i III generacji. Oba genomy zostały zadnotowane i zweryfikowane manualnie.

Opis najważniejszych osiągnięć:

1. Uzyskanie wysokiej jakości złożenia genomu bakterii *Nostoc* sp. z wykorzystaniem strategii hybrydowej, a także skonstruowanie biblioteki fosmidowej badanego genomu pozwoli na rozpoczęcie prac nad analizą funkcjonalną wybranych operonów.
2. Optymalizacja metodyki sekwencjonowania III generacji z wykorzystaniem technologii Oxford Nanopore. Pozwoliło to uzyskać mapy wariantów strukturalnych dla sześciu ludzkich genomów z co najmniej 7-krotnym pokryciem przy pomocy długich odczytów.
3. Otrzymanie kompletnych map fizycznych o wysokiej jakości genomów organelli *Prototheca wickerhamii* DBVPG. Z wykorzystaniem wyników sekwencjonowania RNA zostały wykonane wysokiej wiarygodności pełne adnotacja badanych organelli.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Określenie składu mykobiomu skóry pacjentów z atopowym zapaleniem skóry pozwoli na opracowanie nowych metod leczenia badanego schorzenia.

Publikacje:

5758, 5836, 5841, 5852, 5899, 4669/A, 4683/A, 4718/A, 4758/A

Temat nr 67: Metabolizm siarki w roślinach.

Zespół: prof. dr hab. Agnieszka Sirko, dr Jerzy Brzywczy, dr Marzena Sieńko, dr Leszek Tarnowski, dr Anna Wawrzyńska, mgr Anna Niemirowa (doktorantka)

Cel badania:

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

Opis realizowanych prac:

Prowadzono dalszą analizę transkryptomyczną korzeni i pędów roślin nadprodukcujących NBR1 (NBR1-OX). W roślinach NBR1-OX stwierdzono aktywację szlaku sygnalizacji ABA, ale sam poziom ABA był niższy w pędach lub niezmiennym w nasionach. Fenotypy linii NBR1-OX (opóźnienie kiełkowania, zwiększona ilość zamkniętych aparatów szparkowych) wskazują na powiązania NBR1 z sygnalizacją ABA, co dodatkowo zostało potwierdzone zdolnością do oddziaływania NBR1 z kluczowymi czynnikami transkrypcyjnymi szlaku, czyli ABI3, ABI4 i ABI5. Dodatkowo dostrzeżliśmy w roślinach

NBR1-OX zmienioną kompozycję białek rybosomalnych w odpowiedzi na głodzenie siarkowe. Wykonano wstępne analizy profili rybosomów dla *Arabidopsis* typu dzikiego i linii NBR1-OX, ale uzyskano znaczne rozbieżności w proporcji podjednostek rybosomalnych do kompletnych rybosomów oraz polisomów w kolejnych powtórzeniach. Wykazano też zdolność do oddziaływania NBR1 z rybosomalnym białkiem RPS6. Uzyskano stabilne linie mutantów delecyjnych *nbr1* oraz przygotowano materiał do analiz transkryptomicznych, które są obecnie w trakcie realizacji. Trwają prace nad stabilizacją linii mutantów *lsu1&3*, *lsu1*, *lsu2&4*, krzyżowaniem mutantów i uzyskaniem linii wielokrotnych mutantów delecyjnych. Została przeprowadzona analiza transkryptomiczna roślin *Arabidopsis rpt2a* z uszkodzonym proteasomem hodowanych w niedoborze siarki. Geny związane z metabolizmem siarki są w mniejszym stopniu regulowane w mutancie *rpt2a*, podczas gdy geny kodujące tRNA i snoRNA są silnie indukowane. Kilka genów kodujących ligazy E3 jest specyficznie regulowanych przez niedobór siarki. Ponieważ przejściowa ekspresja w *Nicotiana benthamiana* 10 konstruktów zawierających geny wyselekcjonowanych E3 ligaz celem wyszukania ich białek docelowych nie dała wyniku, wybrano kilka z nich do konstrukcji transgenicznych linii *Arabidopsis*. Linie te są aktualnie stabilizowane.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Zaobserwowanie możliwości modulacji roślinnego szlaku sygnalizacyjnego ABA oraz kompozycji rybosomów przez NBR1. Wykazanie udziału degradacji proteasomalnej w odpowiedzi transkryptomu *Arabidopsis* na głodzenie siarkowe. Uzyskanie mutantów delecyjnych dla NBR1, niektórych LSU oraz SLIM1.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Wyniki prezentowano na trzech konferencjach naukowych oraz są opisane w czterech publikacjach, których manuskrypty są aktualnie recenzowane.

Publikacje:

4585/A, 4716/A, 4751/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:

Kontynuowano analizy transkryptomiczne i funkcjonalne w mutantach *Candida albicans* pozbawionych funkcji głównego kompleksu odpowiadającego za degradację RNA w mitochondriach – mtEXO. Kontynuowano także badania nad wiązaniem pochodzącego z *Saccharomyces cerevisiae* białka Dmr1 będącego czynnikiem stabilizującym mitochondrialny RNA z docelowym miejscem wiązania w rRNA małej podjednostki mitorybosomu.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Wykazano, że obok obecności transkryptów z niekodujących obszarów międzygenowych, jednym z fenotypów dysfunkcji kompleksu mtEXO jest akumulacja antysensownych transkryptów obszarów kodujących (tzw. RNA lustrzanych). Przeprowadzono też analizy aktywności enzymatycznej kompleksów systemu fosforylacji oksydacyjnej w mitochondriach mutantów *C. albicans* z defektem degradacji RNA przez kompleks mtEXO, wykazując wyraźny defekt aktywności kompleksu III i IV, przy zachowanej aktywności kompleksu I i V.

Na podstawie modelu struktury przestrzennej białka Dmr1 *S. cerevisiae* i zidentyfikowanej wcześniej wiązanej sekwencji RNA odtworzono hipotetyczną zależność pomiędzy wybranymi resztami aminokwasowymi powtarzalnych motywów PPR w sekwencji białka a rozpoznawaniem nukleotydem purynowym lub pirymidynowym w wiążanym RNA, co stanowi uproszczony odpowiednik znanego

u roślin tzw. kodu PPR. Na tej podstawie przewidziano *in silico* miejsce wiązane przez inne białko PPR – Cbp1 i opracowano plan eksperymentalnej weryfikacji tej predykcji.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Wyniki dotyczące mtEXO i *C. albicans* weszły w skład manuskryptu, który zostanie w najbliższym czasie wysłany do redakcji. Manuskrypt dotyczący wiązania Dmr1 z mtEXO jest obecnie w trakcie recenzji. Wyniki predykcji miejsca wiązania Cbp1p z mRNA posłużą do opracowania nowego wniosku grantowego.

Temat nr 69: Metabolizm RNA u Eucaryota.

Zespół: prof. dr hab. Andrzej Dziembowski, dr hab. Rafał Tomecki, dr hab. Roman Szczęsny, dr Jolanta Czerwińska, dr Sylwia Czarnomska, dr Marta Jedynak (od 01-12-2019), dr Agnieszka Tudek, dr Bartek Tarkowski, dr Anna Hojka-Osińska, dr Tomasz Kuliński, mgr Agata Jabczyńska (Jędruszkowiak), mgr Anna Kotrys, mgr Karolina Wróbel, mgr Joanna Jabłońska, mgr Kamil Kobylecki, mgr Michał Brouze, mgr Salvador Alonso-Martinez, mgr Janina Durys, mgr Kamila Affek, mgr Aleksander Chlebowski, mgr Aneta Pawlukiewicz, mgr Jakub Gruchota, mgr Monika Olejnik, mgr Katarzyna Prokop (Kowalska), magistranci: Jan Brancewicz (UW), Wojciech Krzyżanowski (UW)

Cel badania:

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

Opis realizowanych prac:

Analiza kompleksu procesywnych egzorybonukleaz

Wykorzystując przeszkania bibliotekami siRNA zidentyfikowaliśmy geny funkcjonalnie oddziałujące z głównymi rybonukleazami zaangażowanymi w degradację i obróbkę RNA.

Analiza roli mutacji w DIS3 w patogenezie szpiczaków mnogich

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

Analiza mechanizmu aktywacji kompleksu egzozomu przez kompleks SKI w cytoplazmie

Opracowaliśmy metodę oczyszczania kompleksu SKI po nadprodukcji w komórkach ludzkich. Uzyskaliśmy obiecujące obrazy kompleksu w mikroskopie elektronowym po barwieniu negatywowym. Kompleks został poddany mrożeniu i obecnie trwa analiza danych z kriomikroskopii elektronowej, która powinna pozwolić na rekonstrukcję 3D kompleksu. Wykonaliśmy również szereg doświadczeń typu ko-immunoprecypitacji oraz frakcjonowania polisomów w celu potwierdzenia oddziaływania między wariantami białka HBS1L z kompleksem SKI, egzozomem i rybosomami. Zapoczątkowane zostały także analizy mające na celu ustalenie funkcji białka WDR61, działającego jako składnik dwóch różnych kompleksów – SKI oraz PAF1.

Metabolizm RNA w mitochondriach

Prowadzone są prace mające na celu identyfikację i charakterystykę funkcjonalną białek zaangażowanych w ekspresję genomu mitochondrialnego. Kontynuowano analizę mechanizmów degradacji ludzkiego RNA mitochondrialnego. Wykazaliśmy, że posttranskrypcyjna adenylacja mitochondrialnego RNA jest niezbędna do wydajnej degradacji dwuniciowego RNA w mitochondriach. Przeprowadziliśmy badania, które wykazały udział białek zaangażowanych w obróbkę pierwotnych mitochondrialnych RNA w kontrolę poziomu dwuniciowego RNA w mitochondriach. Jako pierwsi opisaliśmy białko c6orf203 jako białko wiążące RNA, które uczestniczy w utrzymaniu prawidłowego poziomu mitochondrialnych transkryptów w warunkach zaburzonej ekspresji genomu mitochondrialnego. Na podstawie naszych badań białko to zostało nazwane MTRES1 (mitochondrial transcription rescue factor 1).

Analiza niekanonicznych poli(A) polimeraz z rodziny TENT5.

Odkryliśmy specyficzną dla zwierząt rodzinę poli(A) polimeraz TENT5C (FAM46). Badamy ich funkcję wykorzystując transgeniczne myszy i nicienia *Caenorhabditis elegans*. Zidentyfikowaliśmy szereg bardzo interesujących fenotypów, które są w tej chwili intensywnie badane. Między innymi wykazaliśmy, że TENT5C reguluje ekspresję przeciwciał u myszy

Analizy metagenomiczne

Kontynuowano również analizy metagenomiczne gleb antropogenicznych. Badania zaowocowały publikacją.

Opis najważniejszych osiągnięć:

1. Odkrycie MTRES1 (c6orf203) – białka uczestniczącego w utrzymaniu prawidłowego poziomu transkryptów mitochondrialnych w warunkach zaburzonej ekspresji genomu mitochondrialnego (publikacja Kotrys i wsp., Nucleic Acids Research).
2. Odkrycie roli TENT5C w regulacji ekspresji przeciwciał (Praca Bilaska i inni w rewizji w Nature Communications).

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Wyniki badań zostaną wykorzystane w publikacjach naukowych.

Publikacje:

5827, 5785, 5851, 5853, 4609/A, 4611/A, 4616/A, 4617/A, 4618/A, 4631/A, 4632/A, 4636/A, 4635/A

Regulacja ekspresji genów w komórkach eukariotycznych

(Obszar tematyczny: Replikacja, Rekombinacja i Metabolizm kwasów nukleinowych.)

Zespół: dr Damian Graczyk, dr Talimur Reza, mgr Aneta Jurkiewicz, mgr Hitha Gopalan Nair, mgr Neuton Gorjão

Cel badania:

Celem prac naszego zespołu jest badanie mechanizmów odpowiedzialnych za regulację aktywności RNA polimerazy III w komórkach ssaków oraz określenie jak deregulacja tego enzymu wpływa na fizjologię komórki w odpowiedzi na patogeny, a także w stanach patologicznych takich jak nowotworzenie.

Opis realizowanych prac:

Nasze badania obejmują dwa wątki. Pierwszy dotyczy regulacji ekspresji tRNA w komórkach wrodzonego układu odpornościowego – makrofagach. W warunkach naśladujących infekcję bakteryjną lub wirusową, makrofagi zwiększają aktywność RNA polimerazy III, a tym samym syntezę tRNA. Zwiększenie tej aktywności jest niezbędne do prawidłowej odpowiedzi makrofagów na warunki stresowe jakimi są infekcje. Obecnie zajmujemy się identyfikacją, które ze szlaków sygnałowych odpowiadają za regulację RNA polimerazy III w tych warunkach.

Zaobserwowaliśmy także, że kwas mykofenolowy, lek immunosupresyjny powszechnie stosowany w transplantologii i u chorych na choroby autoimmunologiczne, powoduje szybkie zahamowanie aktywności RNA polimerazy III w mysiej linii makrofagowej i ludzkich komórkach nowotworowych. Co ciekawe, efektu tego nie obserwujemy w przypadku pierwotnych mysich makrofagów uzyskanych ze szpiku kostnego. Może to mieć ogromne znaczenie w transplantologii i w leczeniu chorób autoimmunologicznych, gdyż makrofagi odgrywają w nich ważną rolę.

Drugi wątek naszych badań obejmuje określenie roli jaką odgrywa w procesie nowotworzenia białko POLR1D, wspólna podjednostka RNA polimerazy I i III. Dane literaturowe oraz te uzyskane w naszej pracowni sugerują, że ekspresja POLR1D jest znacznie podwyższona w komórkach raka jelita grubego. Wykazaliśmy, że obniżenie ekspresji POLR1D hamuje proliferację i migrację komórek raka jelita grubego. Obecnie skupiamy się na badaniu mechanizmu tego zjawiska.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Wykazaliśmy, że białko MafI bierze udział w regulacji RNA polimerazy III w makrofagach stymulowanych lipopolisacharydami (składnikami ścian komórkowych bakterii). Wykazaliśmy, że pierwotne makrofagi są niewrażliwe na lek immunosupresyjny, kwas mykofenolowy. Wykazaliśmy, że obniżenie ekspresji POLR1D wpływa na właściwości nowotworowe komórek raka jelita grubego.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Wyniki uzyskane podczas prac nad wpływem kwasu mykofenolowego na aktywność RNA polimerazy III weszły w skład publikacji, która została październiku 2019 zaakceptowana do druku (publikacja ukazała się w styczniu 2020).

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

Zespół: prof. dr hab. Matthias Bochtler, dr Humberto Fernandes

Cel badania:

Głównym celem badań prowadzonych w roku 2019 było znalezienie i scharakteryzowanie nowych endonukleaz zależnych od modyfikacji oraz ich analiza biochemiczna i strukturalna.

Opis realizowanych prac:

We współpracy z grupą dr. Shuang-Yong Xu z firmy New England Biolabs, przeszukaliśmy sekwencyjne bazy danych, w wyniku czego znaleźliśmy szereg białek zbudowanych z domen potencjalnie wiążących modyfikowane zasady DNA w połączeniu z domenami endonukleazowymi. Najciekawsze z wybranych białek poddaliśmy analizie biochemicznej i próbom krystalizacyjnym. Określiśmy wysokorozdzielcze struktury krystaliczne dwóch prototypowych enzymów.

Ponadto zrealizowaliśmy plany przedstawione w ubiegłym roku:

1. Określiśmy strukturę swoistego kompleksu endonukleazy AvaII z DNA, wysłaliśmy ponownie manuskrypt do redakcji *Nucleic Acids Research*, obecnie prowadzimy ostatnie badania zasugerowane przez recenzentów.
2. Wykazaliśmy skuteczność kompleksów CRISPR Csm w degradacji RNA w organizmach żywych. Jesteśmy w trakcie wprowadzania ostatnich poprawek do manuskryptu, który zostanie ponownie wysłany do redakcji *Cell Reports*.
3. Określiśmy strukturę regulatora kompleksu CRISPR hydrolizującego RNA (WYL1). Niestety nasze wyniki zostały uprzedzone publikacją analogicznej struktury przez inną grupę badawczą (Zhang i wsp., *Nucleic Acids Research*, 2019).

Opis najważniejszych osiągnięć:

We współpracy z grupą dr. Shuang-Yong Xu, znaleźliśmy dużą grupę endonukleaz zależnych od modyfikacji zbudowanych z domen typu PUA odpowiadających za swoistość w stosunku do modyfikacji oraz domen nukleazowych typu HNH. Nowoodkryte domeny wiążące modyfikowane zasady były uprzednio kojarzone jedynie z metabolizmem i wykrywaniem modyfikowanych zasad RNA. Nasze badania wykazały, że te same domeny, wykazujące odległe podobieństwo do domen typu SRA, odgrywają również rolę w wiązaniu modyfikacji DNA. Aby wyjaśnić podstawy swoistości w stosunku do modyfikowanych zasad, określiliśmy struktury krystaliczne prototypowego enzymu z tej grupy zarówno w formie związanej z DNA, jak i wolnej od kwasów nukleinowych. Ponadto, scharakteryzowaliśmy strukturalnie sposób wiązania modyfikowanego DNA do domeny o nowym sposobie zwinięcia – N-końcowej domeny endonukleazy EcoKMcrA. Enzym ten rozpoznaje symetrycznie metylowane DNA w kontekście dwuniciowej helisy (bez wywijania modyfikowanych zasad) w nieznany dotąd sposób, inny od obserwowanego w przypadku domen typu palca cynkowego oraz białek MBD.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Firma New England Biolabs bada obecnie możliwość wykorzystania niektórych z nowoodkrytych enzymów do mapowania miejsc występowania modyfikowanych zasad w DNA.

Publikacje:

5763, 5796, 5816, 5865, 5893, 4613/A, 4633/A

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:

Badania przesiewowe metodami genomiki funkcjonalnej wskazały wśród szczepów z kolekcji mutantów delecyjnych *Saccharomyces cerevisiae*, szczepy niestabilne genetycznie, m.in. mające tendencję do aneuploidii. Szczególną subkategorię wśród tych szczepów stanowią szczepy pozbawione genów kodujących białka zaangażowane w transport wewnątrzkomórkowy. Celem badań jest poznanie powiązań pomiędzy białkami transportu wewnątrzkomórkowego a mechanizmami gwarantującymi utrzymanie stabilnego genomu.

Opis realizowanych prac:

Wskazane w doświadczeniach przesiewowych szczepy z defektami transportu wewnątrzkomórkowego analizowano ze względu na: integralność DNA, częstość powstawania w komórkach ognisk reperacyjnych angażujących białko Rad52, częstość powstawania rejonów jednoniciowych w DNA, częstość powstawania anomalii morfologicznych jądra komórkowego oraz anomalii cyklu komórkowego. Dla wybranych, na podstawie wyników przeprowadzonych analiz, szczepów przeprowadzono badanie poziomów wybranych białek związanych z rekombinacyjną naprawą uszkodzeń DNA oraz testy indukcji autofagii.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Wykazano różnice w poziomie białka Rad51 oraz białka Atg13 pomiędzy analizowanymi szczepami, co przekłada się odpowiednio na różną zdolność badanych szczepów do prowadzenia efektywnej i bezbłędnej naprawy na drodze rekombinacji homologicznej oraz aktywacji indukowanej stresem genotoksycznym autofagii.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Opracowanie metodyki badania fragmentacji DNA w komórkach drożdży (test kometkowy dla drożdży). Uzyskane wyniki przedstawione zostały na kilku konferencjach międzynarodowych w postaci plakatów i wystąpień ustnych, a na ich podstawie przygotowywany jest manuskrypt publikacji naukowej.

Publikacje:

5905, 4580/A, 4648/A, 4649/A, 4650/A, 4655/A, 4679/A, 4696/A, 4744/A, 4745/A, 4746/A, 4770/A, 998/N

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

Zespół: dr hab. Marek Skoneczny, dr Anna Chelstowska, mgr Łukasz Rymer (do 30.09.2019), mgr Zuzanna Frydzińska (od 1.10.2019)

Cel badania:

1. Analiza roli i lokalizacji wewnątrzkomórkowej Hsp31p, białka odpowiedzi na stres o aktywności glioksalazy III w drożdżach *Saccharomyces cerevisiae*.
2. Analiza odpowiedzi komórek drożdży *Saccharomyces cerevisiae* na stres wysokiego stężenia etanolu.
3. Poznanie nowej drogi importu białek do peroksosomów, organelli uczestniczących w ochronie przed stresem oksydacyjnym.

Opis realizowanych prac:

Ad 1. Poprzednio ustaliliśmy, że Hsp31p jest białkiem drożdży *S. cerevisiae* chroniącym przed stresami środowiskowymi. Określiliśmy warunki stresowe powodujące podwyższenie produkcji tego białka i czynniki transkrypcyjne odpowiedzialne za regulację ekspresji genu *HSP31* w odpowiedzi na te stresy (BBA, 2017, 1864:39). Najsilniej działającym stresem okazał się etanol, a podwyższona produkcja

Hsp31p w odpowiedzi na niego sugeruje udział tego białka w ochronie przed stresem etanolem. Żaden z analizowanych czynników transkrypcyjnych nie uczestniczy w odpowiedzi *HSP31* na ten stres. Kontynuując badania nad rolą Hsp31p w komórce wykonaliśmy analizę transkryptomu komórek drożdży pozbawionych tego białka poddanych stresowi etanolowemu, w celu znalezienia jego powiązań funkcjonalnych. Okazało się, że brak Hsp31p ma wpływ na funkcjonowanie szeregu procesów, w tym zlokalizowanych w błonie plazmatycznej i na zewnątrz komórki, co jest zgodne z wcześniejszymi ustaleniami na temat lokalizacji tego białka.

Ad 2. Odpowiedź komórek drożdży na stres etanolowy jest zagadnieniem ważnym z punktu widzenia praktycznego (m. in. produkcja bio-paliw), i jest studiowana w licznych laboratoriach, ale nikt dotąd nie ustalił czynnika transkrypcyjnego zarządzającego odpowiedzią komórki drożdży na ten stres. Wykonaliśmy analizę transkryptomu odpowiedzi komórek na stres etanolowy w czasie. Okazało się, że odpowiedź komórki na ten stres jest niejednorodna. Można wyróżnić różne fazy tej odpowiedzi i w każdej z nich indukcji ekspresji podlegają odrębne podzbiory genów. Zatem należy się spodziewać, że regulacja odpowiedzi komórek drożdży *S. cerevisiae* na stres etanolowy jest złożona.

Ad 3. Kontynuowaliśmy eksperymenty analizujące fenotypy podstawień aminokwasowych w polipeptydzie oksydazy acylo-CoA (AOx), które jak wcześniej ustaliliśmy, zaburzą oddziaływanie tego białka z receptorem importu do peroksysomów – Pex5p. Zastosowaliśmy do tego celu plazmidy kodujące AOx z podstawieniami wyznakowane metką GFP i mikroskopię fluorescencyjną.

Skonstruowaliśmy również zestaw plazmidów do eksperymentu analizującego oddziaływanie AOx z Pex5p metodą kroslinkowania. Wykonaliśmy pierwsze, wstępne eksperymenty sprawdzające ich poprawność.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Brak Hsp31p w komórce drożdży *S. cerevisiae* ma wpływ na niektóre funkcje części peryferycznej komórki, co zgadza się z poprzednio pokazaną periplazmatyczną lokalizacją tego białka.

Podstawienia aminokwasowe w polipeptydzie AOx zaburzają jej oddziaływanie z receptorem peroksysomalnym Pex5p zaburzają również import AOx *in vivo*, co przybliżyło nas do scharakteryzowania sygnału PTS3.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

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

Publikacje:

5786, 4580/A, 4647/A, 4648/A, 4649/A, 4650/A, 4655/A, 4672/A, 4679/A, 4744/A, 4745/A, 4746/A

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

Zespół: dr hab. Robert Bialik, prof. IBB PAN, dr Małgorzata Korczak-Abshire, dr Jakub Grzesiak, mgr Anna Znój, dr Joanna Plenzler, dr Marta Potocka, mgr Kornelia Wójcik, mgr Michał Dziembowski, mgr Maria Osińska

Zadanie 1: Badanie dynamiki zmian w ekosystemach polarnych wywołanych gwałtownym ocieplaniem się klimatu w rejonie Półwyspu Antarktycznego

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.

Opis realizowanych prac:

Oceniono skutki gwałtownych zmian środowiskowych na różne elementy ekosystemów morskich i lądowych Zachodniej Antarktyki. Kontynuowano prace nad badaniem mechanizmów adaptacji do nowych/zmieniających się warunków środowiska roślin inwazyjnych w Antarktyce. Kontynuowano badania zasięgów występowania, liczebności oraz kondycji populacji pingwinów i ssaków płetwonogich,

co poszerza wiedzę na temat gatunków wskaźnikowych zależnych od kryla (*Euphausia superba*). 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 regionach polarnych nakładają dodatkową nagłą potrzebę rozpoznania, w jaki sposób te zmiany mogą wpłynąć, obok eksploatacji, na liczebność populacji poszczególnych gatunków i równowagę w ekosystemach morskich Antarktyki. Wykorzystano zdjęcia lotnicze uzyskane podczas lotu BVLOS (Beyond Visual Line of Sight) do analizy zbiorowisk Antarktycznej fauny na terenach trudno dostępnych. Przeprowadzono analizę danych telemetrycznych pozyskanych z wykorzystaniem satelitarnego systemu ARGOS, dotyczących migracji pingwinów *Pygoscelis antarcticus*. Badania prowadzone we współpracy międzynarodowej umożliwiły lokalizację żerowisk i śledzenie wędrówek zimowych w populacjach rozmieszczonych wzdłuż Półwyspu Antarktycznego. Dokonano analizy występowania oraz zachowania lęgowego osobników *Aptenodytes patagonicus*, gatunku nierodzimego dla Szetlandów Południowych. Kontynuowano analizy wybranych aspektów behawioralnych populacji *Arctocephalus gazella* w monitorowanych obszarach chronionych. Gatunek ten jest ważnym konsumentem kryla antarktycznego. W szerokiej współpracy międzynarodowej przygotowano autorskie oprogramowanie do analizy obrazów uzyskanych z sieci kamer naziemnych rejestrujących zmiany w populacji awifauny Antarktyki.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Zidentyfikowano cechy morfologiczne zwiększające inwazyjność *Poa annua*, rośliny inwazyjnej w Antarktyce takie, jak alokacja biomasy w części podziemnej i zdolność do tworzenia funkcjonalnego banku nasion. Wykazano tendencje w liczebności populacji poszczególnych gatunków fauny antarktycznej w regionach trudnodostępnych z zastosowaniem samolotów bezzałogowych i autorskich metod teledetekcji. Zastosowanie bezzałogowych samolotów do pozyskania danych w znacznym stopniu poszerzyło obszar badawczy. Wykazano indywidualne zróżnicowanie ruchów migracyjnych pingwinów *P. antarcticus* i preferowanych obszarów zimowych siedlisk, po raz pierwszy dla tego gatunku.

Opracowano oprogramowanie SPPYCAMS *Seabird & Penguin Population dYnamics Camera Analysis & Monitoring Software* do analizy obrazów z sieci kamer naziemnych.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Uzyskane wyniki badań zostały opublikowane w czasopiśmie naukowym. Opublikowane dane zasilają bazę CCAMLR *Ecosystem Monitoring Programme* i służą członkom Komisji ds. Zachowania Żywych Zasobów Morskich Antarktyki w procesie podejmowania decyzji w sprawie prowadzenia zrównoważonego rybołówstwa na wodach Oceanu Południowego oraz opracowaniu strategii zarządzania za pomocą sprzężenia zwrotnego, tzw. *feedback strategy*. Oprogramowanie SPPYCAMS do automatycznej analizy obrazów i monitorowania populacji pingwinów oraz innych ptaków morskich jest dostępne na serwerze <https://data.aad.gov.au/aadc/sppycams> i służy społeczności SC-CCAMLR do analizy danych pozyskanych z terenów trudnodostępnych.

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

Cel badania:

Celem była analiza genomów zimnolubnych szczepów bakterii produkujących polihydroksykwas (PHA), jak również izolacja zespołów bakterii związanych z porostami antarktycznymi.

Opis realizowanych prac:

Zsekwencjonowano i zadnotowano 20 genomów bakteryjnych zawierających aparat genetyczny warunkujący produkcję PHA. Z szeregu porostów antarktycznych wyizolowano i policzono komórki bakteryjne. Uzyskano także DNA z tego materiału i poddano sekwencjonowaniu. Wyprowadzono również żywe kultury bakterii na specjalnie modyfikowanych podłożach. Sporządzono manuskrypt artykułu pt.: „A smelly business: microbiology of Adélie penguin guano (Point Thomas rookery, Antarctica)”, który następnie wysłano do redakcji czasopisma *Science of Total Environment*.

Opis najważniejszych osiągnięć:

W badanych genomach udało się odnaleźć geny kodujące 3 klasy syntaz PHA, a także geny kodujące hipotetyczne syntazy o nieznanym właściwościach. Liczebność bakterii w plechach porostów wahała się w granicach 10^7 - 10^9 komórek na gram świeżej masy. Wysokoprzepustowe sekwencjonowanie wykazało, iż plechy porostów zamieszkiwane są przez kilkanaście typów bakterii, zwłaszcza Bacteroidetes i Proteobacteria. Żywe kultury bakterii udało się z sukcesem namnożyć i zabezpieczyć ok 400 izolatów.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Wyniki analizy genomowych posłużą konstrukcji mutantów szczepów zimnolubnych i transformantów *Escherichia coli* celem dalszej analizy, co w konsekwencji pozwoli na publikację wyników i sporządzenie rozprawy doktorskiej mgr Małgorzaty Rogali. Wyniki analiz liczebności, różnorodności i aktywności bakterii porostowych pozwolą na sporządzenie publikacji oraz rozprawy doktorskiej mgr Aleksandry Woltyńskiej. Wymieniona publikacja wejdzie w skład rozprawy habilitacyjnej dr Jakuba Grzesiaka.

Publikacje:

5738, 5747, 5748, 5817, 5896, 4706/A, 4741/A, 4742/A, 4756/A

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

Zespół: dr hab. Tomasz Sarnowski prof. IBB, dr Szymon Kubala, dr Anna Maassen, mgr inż. Paweł Ćwiek, dr Dorota Zugaj (do listopada 2019), mgr inż. Paulina Oksińska, mgr inż. Jarosław Steciuk, mgr inż. Magdalena Zaborowska, mgr Magdalena Wilga, Jakkapong Kluebsoongnoen (od listopada 2019), mgr inż. Paweł Kowalewski (do lutego 2019), Joanna Kosior, Emilia Staszór (od września 2019)

Cel badania:

Głównym celem badań w 2019 roku była identyfikacja istotnych procesów regulacyjnych zależnych od funkcji kompleksów SWI/SNF u Eukariota a także określenie roli zaburzeń w funkcjonowaniu tych kompleksów w różnych typach nowotworów, m.in. w jasnokomórkowym raku nerki i gruczołowo-torbielowatym raku ślinianki.

Opis realizowanych prac:

W badaniach wykorzystane zostały rośliny Arabidopsis i ludzkie linie komórkowe – dwa wartościowe układy modelowe. Wstępnie określony został wpływ zaburzeń maszynarii kontrolujących strukturę chromatyny na nukleosomową strukturę chromatyny a także na splicing, inicjację transkrypcji, wybór alternatywnych miejsc startu transkrypcji itp. W badaniach wykorzystane zostały najnowocześniejsze metody biologii molekularnej m.in. analizy wysokoprzepustowe za pomocą techniki Illumina, identyfikacje składu białkowego za pomocą technik proteomicznych, a także zaawansowane techniki inżynierii genetycznej, metabolomiki oraz analizy fizjologiczne. W toku dalszych badań nad funkcją remodelingu chromatyny u Eukariota wykorzystany został kolejny układ modelowy – krewetka.

Opis najważniejszych osiągnięć:

1. Ustalono, że zaburzenie funkcjonalności kompleksów remodelujących chromatynę typu SWI/SNF ma istotny wpływ na rozwój charakterystycznych cech gruczołowo-torbielowatego raka ślinianki.
2. Oceniono zaburzenia w ekspresji genów kodujących główne podjednostki kompleksu SWI/SNF w różnych liniach jasnokomórkowego raka nerki.
3. Wykazano istotną rolę ATPazy BRM w procesie nowotworzenia.
4. Potwierdzono funkcjonalność nowego znacznika biochemicznego.
5. Wykazano istnienie zależnego od niskiej temperatury mechanizmu regulacji ekspresji genów przez kompleks typu SWI/SNF.
6. Oceniono wpływ zaburzeń w działaniu kompleksów SWI/SNF na alternatywny splicing u Arabidopsis i w wybranych typach nowotworów.
7. Określono status wodny podczas kiełkowania kondycjonowanych rzepaku.
8. Przeprowadzono klonowanie sekwencji kodujących podjednostki kompleksu SWI/SNF z krewetki.

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 ujęte zostały w pracy magisterskiej, posłużyły do konstrukcji publikacji naukowych, które zostały opublikowane w międzynarodowych czasopismach naukowych, nowych projektów badawczych a także wykorzystane zostały podczas popularyzujących naukę zajęć z uczniami szkół podstawowych i ponadpodstawowych a także podczas zajęć w przedszkolu.

Publikacje:

5750, 5870, 5886, 4601/A, 4604/A, 4605/A, 4606/A, 4607/A, 4659/A, 4661/A, 4663/A, 4664/A, 4666/A, 4670/A, 4674/A, 4678/A, 4680/A, 4581/A, 4684/A, 4687/A, 4688/A, 4689/A, 4690/A, 4694/A, 4697/A, 287/M, 986/N, 994/N

Temat nr 75: Biomechaniczne właściwości roślin wodnych i antarktycznych.

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

Cel badania:

Celem badań była ocena wpływu makrofitów występujących powszechnie w wodach polskich, m.in. *Potamogeton crispus* L., *Myriophyllum alterniflorum* L. oraz *Myriophyllum spicatum* L. na pole prędkości przepływającej wokół roślin wody.

Opis realizowanych prac:

Przeprowadzono serię eksperymentów terenowych, w tym w szczególności pomiarów prędkości wody, wokół wybranych makrofitach występujących powszechnie w wodach polskich oraz dokonano statystycznej analizy otrzymanych wyników. Przeprowadzono serię testów biomechanicznych na wybranych roślinach zakorzenionych w wodzie. Przygotowano oprogramowanie do analizy powyższych pomiarów w oprogramowaniu Matlab.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Wykazano poprawność i ograniczenie pomiaru prędkości z użyciem akustycznego prędkościomierza dopplerowskiego typu Vectrino Profile w naturalnej rzece. Wskazano, że cechy biomechaniczne i morfologia roślin mają wpływ na obserwowane za zbiorowiskami zaburzenia przepływu. Pokazano również, że giętkość roślin i intensywność turbulencji są ze sobą istotnie skorelowane.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Wyniki badań opublikowano w czasopismach naukowych oraz weszły w skład pracy doktorskiej mgr. Łukasza Przyborowskiego, realizowanej w Instytucie Geofizyki PAN pod opieką dr hab. Roberta Bialika.

Publikacje:

5776, 5797, 5810, 5820, 5823, 5862

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, dr Ewa Krzywińska, doktoranci: mgr Grzegorz Brzyżek, mgr Ce Wang, mgr Ferran Sanchez, mgr Aleksandra Kmera, mgr Miguel Coelho, studenci: Katarzyna Jędrzejewska, Emilia Cepowska, Małgorzata Dobrzańska,

Cel badania:

Celem naszych badań jest poznanie molekularnych mechanizmów kontroli czasu spoczynkowego nasion u *Arabidopsis thaliana*.

Opis realizowanych prac:

W ujętym w tym sprawozdaniu okresie zakończyliśmy publikacją część badań dotyczących percepcji światła przez rośliny. W pracy tej we współpracy z zespołem z Argentyny opisaliśmy mechanizm regulacji elongacji DNA zależnej Polimerazy RNA II (PolII) na genach z alternatywnymi miejscami splicingowymi. Publikacja ta jako jedna z pierwszych opisuje fizjologiczną rolę mechanizmu zwanego jako kinetic-coupling czyli kinetyczne powiązanie tempa elongacji polimerazy II ze splicingiem. Nasze wyniki zostały dobrze przyjęte przez społeczność naukową i trafiły na okładkę czasopisma Molecular Cell.

W omawianym okresie kontynuowaliśmy też inne wątki naszych badań. Jednym z ciekawszych kierunków okazał się projekt dotyczący mechanizmów pamięci transkrypcyjnej w Arabidopsis. Nasze badania pokazały, że u roślin pamięć transkrypcyjna stresu zależy od czynników odpowiedzialnych za tworzenie pętli genowych czy struktur przestrzennych powodujących fizyczną bliskość terminatorów z promotorami genów. Uzyskane wyniki z analiz NGS pokazały że uzyskaliśmy mutanty specyficznym wpływające na pamięć transkrypcyjną i wykazujące w minimalnym stopniu zaburzenia w ekspresji innych genów. Aktualnie trwają analizy zmian struktury chromatyny we współpracy z zespołem z Niemczech przy użyciu metody HiC.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Pokazanie fizjologicznej roli mechanizmu kinetyczne powiązanie tempa elongacji polimerazy II ze splicingiem.

Uzyskanie ciekawego materiału badawczego/ mutantów specyficznym zaburzających pamięć transkrypcyjną.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Publikacja jak niżej oprócz tego wykłady:

1. 2019.07 Co-chair/Speaker FEBS, Cracow, Poland
2. 2019.09 Invited Speaker, 6th Workshop on the Molecular Aspects of Seed Dormancy and Germination, Volendam, Netherlands
3. 2019.12 PhD Defence, Invited lecture, Copenhagen, Denmark
4. 2019.12 Invited lecture, Kórnik, Poland
5. 2020.01 Invited Speaker, IBMP symposium: non-coding RNA biology, Strasburg Germany

Publikacje:

5777

Pracownia Analiz Mikromacierzy

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

Cel działania:

Analizy z zastosowaniem mikromacierzy DNA i sekwencjonowania wysokoprzepustowego.

Opis realizowanych prac:

W 2019 roku w Pracowni Analiz Mikromacierzy przeprowadzono eksperymenty z użyciem technologii mikromacierzy, NGS i analiz PCR oraz wykonano szereg analiz bioinformatycznych wcześniej uzyskanych danych.

Lista Naukowców IBB PAN współpracujących z Pracownią w 2019 r.:

1. Dr Anna Góra – Podsumowanie analizy bioinformatycznej danych RNA-seq
2. Dr hab. Róża Kucharczyk, prof. IBB PAN – wykonanie 24 mikromacierzy typu GeneChip Yeast Genome 2.0
3. Dr hab. Elżbieta Speina – analiza bioinformatyczna wykonanych w poprzednim roku mikromacierzy DNA
4. Prof. dr hab. Agnieszka Sirko – analiza mikromacierzowa transkryptomu *Arabidopsis thaliana*.
5. Prof. dr hab. Małgorzata Łobocka –uczestnictwo w opracowaniu planu doświadczenia z zastosowaniem technologii mikromacierzy

Naukowcy, z którymi Pracownia współpracowała naukowo w 2019 r.:

1. Dr hab. Anna Bielak – Instytut Biologii Doświadczalnej im. M. Nenckiego PAN
2. Dr hab. Agnieszka Piekiełko-Witkowska – Centrum Medycznego Kształcenia Podyplomowego
3. Dr hab. Agnieszka Ługowska – Zakład Genetyki, Instytut Psychiatrii i Neurologii
4. Prof. dr hab. Leszek Pączek – Warszawski Uniwersytet Medyczny
5. Dr Marta Nieckarz – Wydział Biologii, Uniwersytetu Warszawskiego
6. Dr hab. Renata Matlakowska – Wydział Biologii, Uniwersytetu Warszawskiego
7. Dr hab. Edyta Brzóska-Wójtowicz – Wydział Biologii, Uniwersytet Warszawski

Pracownia Analiz Mikromacierzy wykonała zlecenia otrzymane z następujących jednostek badawczych:

1. Instytut Biologii Doświadczalnej im. M. Nenckiego PAN
2. Uniwersytet Przyrodniczo-Humanistyczny w Siedlcach
3. Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Uzyskane wyniki zostały opublikowane w międzynarodowych czasopismach i zaprezentowane w formie plakatu na konferencji.

Publikacje:

5877, 5798, 5840, 5812, 5889, 5890, 4764/A

Serwis Bakulowirusa

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

W 2019 roku w pracowni nadprodukowano w komórkach owadzych (system Bac-To-Bac oraz FlashBac):

1. Białka ludzkie: FTO, kalmodulinę, fosfodiesterazę 5 (PDE5), *receptor produktów zaawansowanej glikacji (RAGE)*.
2. Białka wirusowe: białko podstawy pentonu adenowirusa typu 3 oraz dwa warianty hemaglutyniny wirusa ptasiej grypy w fuzji z N-końcowym fragmentem białka włókna oraz domeną trymerzacyjną. Otrzymane rekombinowane białka były wykorzystywane do realizacji tematów statutowych IBB PAN.

Pracownia Hodowli Komórkowych

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

W 2019 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, IBB PAN).
2. Analiza stężeń miedzi w komórkach typu HEK293, badana z rozdzielczością pojedynczych komórek (mgr Maciej Plichta – grupa prof. dr hab. Wojciecha Bala, Zakład Biofizyki, IBB PAN)
3. Charakterystyka procesu aktywacji receptora RAGE w obecności lizeniny – toksyny wiążącej sfingomielinę tratw lipidowych (grupa prof. dr hab. Wojciecha Bala, Zakład Biofizyki, IBB PAN).
4. Badanie właściwości biologicznych, w tym efektu cytotoksycznego, dla nowych pochodnych dibenzodiazocynowych (dr Adam Mieczkowski, mgr Bartosz Bieszczad – grupa prof. dr. hab. Wojciecha Bala, Zakład Biofizyki, IBB PAN; mgr Damian Garbicz – grupa prof. dr hab. Elżbiety Grzesiuk, Zakład Biologii Molekularnej, IBB PAN).
5. Rola peroksydacji lipidów w chorobach rzadkich oraz poszukiwanie nowych leków przeciwnowotworowych (grupa dr hab. Elżbiety Speiny, Zakład Biologii Molekularnej, IBB PAN).
6. Wykorzystanie linii komórkowych do badań właściwości nowo syntetyzowanych antynowotworowych/antybakteryjnych związków z grupy antrachinonów, stilbenów i dibenzodiazepin (grupa prof. dr hab. Elżbiety Grzesiuk, Zakład Biologii Molekularnej, IBB PAN).
7. 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, IBB PAN).
8. Identyfikacja epigenetycznych mechanizmów regulujących ekspresję kluczowych supresorów nowotworzenia w jasnokomórkowym raku nerki (grupa dr. hab. Tomasza Sarnowskiego, prof. IBB PAN, Zakład Biosyntezy Białka, IBB PAN).
9. Zastosowanie cząstki wirusopodobnej – dodekahedronu adenowirusowego jako nośnika dla czynników o potencjalnym działaniu terapeutycznym (grupa dr hab. Ewy Szolajskiej, Zakład Biosyntezy Białka, IBB PAN).
10. Badanie procesu programowanej śmierci komórki w mutantach drożdży *Saccharomyces cerevisiae* (grupa dr hab. Róży Kucharczyk prof. IBB, Zakład Genetyki, IBB PAN).
11. Badanie regulacji ekspresji tRNA w komórkach nowotworowych i makrofagach (dr Damian Graczyk, Zakład Genetyki, IBB PAN).
12. Analiza zawartości DNA w komórkach drożdżowych niosących mutacje w genach kodujących białka zaangażowane w replikację DNA i kontrolę cyklu komórkowego (grupa prof. dr hab. Iwony Fijałkowskiej, Pracownia Mutagenyzy i Reperacji DNA, IBB PAN).
13. Wykorzystanie metod cytometrii przepływowej do analizy zawartości DNA genomowego, w testach apoptozy oraz do ilościowego oznaczania reaktywnych form tlenu w komórkach drożdży *Saccharomyces cerevisiae*, w celu zbadania uwarunkowanych genetycznych bądź środowiskowo przyczyn niestabilności genetycznej tych organizmów (dr hab. Adrianna Skoneczna, mgr Justyna Antoniuk-Majchrzak, mgr Anna Długajczyk, mgr Tuguldur Enkhbaatar, Pracownia Mutagenyzy i Reperacji DNA, IBB PAN).
14. Badanie regulacji poziomu polimeraz DNA rodziny Y w cyklu komórkowym *Saccharomyces cerevisiae* (grupa prof. dr hab. Ewy Śledziewskiej-Gójskiej, Pracownia Mutagenyzy i Reperacji DNA, IBB PAN).
15. Opracowanie metod proteomicznych wspomagających diagnostykę raka piersi opartych na celowanych metodach spektrometrii mas (dr Dominik Domański, Środowiskowe Laboratorium Spektrometrii Mas, IBB PAN).

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 2019 roku ramach działalności usługowej dla IBB PAN zsyntetyzowano 2 693 oligonukleotydów oraz zsekwencjonowano na aparatach ABI 3730 i ABI 3730xl 15 860 matryc DNA, co przy średniej długości odczytu 850bp daje 13 481 000 zasad.

Dla 113 zleceniodawców spoza IBB PAN zostały zrealizowane zamówienia na zsekwencjonowanie 35 486 matryc i zsyntetyzowano 12 842 oligonukleotydów.

Za pomocą sekwenatora genomowego Illumina zsekwencjonowano dla IBB 172 genomy bakteryjne, 8 genomów drożdży, 1 genom bakteriofaga i 33 próbki środowiskowe uzyskując łącznie 60 GB par zasad.

W ramach współpracy z jednostkami spoza Instytutu zsekwencjonowano: 67 genomów bakteryjnych, 60 plazmidów bakteryjnych, 1 genom wirusa z ziemniaka, 1 genom eugleny, 1 genom grzyba *Aspergillus* sp. oraz 166 próbek środowiskowych a także 6 metagenomów DNA z próbek środowiskowych otrzymując około 164GB par zasad.

Za pomocą sekwenatora genomowego MinION zsekwencjonowano dla IBB PAN 8 genomów bakteryjnych, oraz 1 genom bakteriofaga uzyskując łącznie 5GB par zasad.

W ramach współpracy z jednostkami spoza Instytutu zsekwencjonowano: 10 genomów bakterii, 52 izolaty plazmidowe z bakterii, 5 ludzkich genomów, 1 genom grzyba, otrzymując łącznie około 140GB par zasad.

Dodatkowo w ramach przyznanych minigrantów wykonano 67 sekwencjonowania matryc DNA i 6 912 reakcji analizy polimorfizmu.

Syntezy oligonukleotydów i sekwencjonowanie matryc wykonano dla następujących zakładów IBB:

L.p.	Jednostka	matryce	oligonukleotydy
1.	Zakład Biochemii Drobnoustrojów	3687	210
2.	Zakład Biochemii Lipidów	175	109
3.	Zakład Biochemii Roślin	501	215
4.	Zakład Biologii Antarktyki	421	37
5.	Zakład Biologii Molekularnej	320	220
6.	Zakład Biofizyki	327	150
7.	Zakład Biosyntezy Białka	103	69
8.	Zakład Genetyki	685	229
9.	Pracownia Biologii RNA i Genomiki Funkcjonalnej	4099	520
10.	Pracownia Glikobiologii Grzybów	482	260
11.	Pracownia Mutagenezy i Reperacji DNA	3000	340
12.	Pracownia Sekwencjonowania DNA	130	40
13.	Środowiskowe Laboratorium Spektrometrii Mas	40	18
14.	Instytut Genetyki i Biotechnologii UW	1890	273

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

1	Instytut Biologii Doświadczalnej im. M. Nenckiego, Warszawa
2	Instytut Biologii Medycznej PAN, Łódź
3	Instytut Biotechnologii i Antybiotyków, Warszawa
4	Instytut Biocybernetyki i Inżynierii Biomedycznej PAN, Warszawa
5	Instytut Chemii Bioorganicznej PAN, Poznań
6	Instytut Chemii Fizycznej PAN, Warszawa
7	Instytut Farmakologii PAN, Kraków

8	Instytut Genetyki i Hodowli Zwierząt PAN, Jastrzębiec
9	Instytut Genetyki Roślin PAN, Poznań
10	Instytut Immunologii i Terapii i Doświadczalnej PAN, Wrocław
11	Instytut Medycyny Doświadczalnej i Klinicznej PAN, Warszawa
12	Instytut Medycyny Wsi, Lublin
13	Instytut Rozrodu Zwierząt i Badań Żywności PAN, Olsztynie
14	Zakład Ichtiobiologii i Gospodarki Rybackiej PAN, Gołysz
15	Międzynarodowy Instytut Biologii Molekularnej i Komórkowej, Warszawa
16	Instytut Fizjologii i Patologii Słuchu, Warszawa
17	Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin /oddziały
18	Instytut Matki i Dziecka, Warszawa
19	Instytut Ochrony Roślin PIB, Poznań
20	Instytut Włókien Naturalnych i Roślin Zielarskich, Poznań
21	Instytut Psychiatrii i Neurologii, Warszawa
22	Instytut Zootechniki PIB, Kraków
23	Muzeum i Instytut Zoologii PAN, Warszawa
24	Narodowy Instytut Geriatrii, Reumatologii i Rehabilitacji, Warszawa
25	Narodowy Instytut Leków, Warszawa
26	Narodowy Instytut Zdrowia Publicznego – PZH, Warszawa
27	Państwowy Instytut Weterynaryjny PIB, Puławy
28	Wojskowy Instytut Higieny i Epidemiologii, Warszawa
29	Europejskie Regionalne Centrum Ekohydrologii PAN, Łódź
30	Akademia Wychowania Fizycznego, Poznań
31	Uniwersytet Gdański, Gdańsk
32	Uniwersytet im. A. Mickiewicza, Poznań
33	Uniwersytet Jagielloński, Kraków
34	Uniwersytet Jana Kochanowskiego, Kielce
35	Uniwersytet im. Kardynała Stefana Wyszyńskiego, Warszawa
36	Uniwersytet Kazimierza Wielkiego, Bydgoszcz
37	Uniwersytet Łódzki, Łódź
38	Uniwersytet Mikołaja Kopernika, Toruń
39	Uniwersytet Przyrodniczy, Lublin
40	Uniwersytet Przyrodniczy, Poznań
41	Uniwersytet Przyrodniczy, Wrocław
42	Uniwersytet Przyrodniczo Humanistyczny, Siedlce
43	Uniwersytet Rolniczy, Kraków
44	Uniwersytet Rzeszowski, Rzeszów
45	Uniwersytet Szczeciński, Szczecin
46	Uniwersytet Śląski, Katowice
47	Uniwersytet Technologiczno-Przyrodniczy, Bydgoszcz
48	Uniwersytet Wrocławski, Wrocław
49	Uniwersytet Warszawski, Warszawa
50	Uniwersytet Warmińsko-Mazurski, Olsztyn

51	Uniwersytet Medyczny, Białystok
52	Uniwersytet Medyczny, Lublin
53	Uniwersytet Medyczny, Łódź
54	Uniwersytet Medyczny, Poznań
55	Uniwersytet Medyczny, Wrocław
56	Uniwersyteckie Centrum Kliniczne WUM, Warszawa
57	Gdański Uniwersytet Medyczny, Gdańsk
58	Pomorski Uniwersytet Medyczny, Szczecin
59	Śląski Uniwersytet Medyczny, Katowice
60	Warszawski Uniwersytet Medyczny, Warszawa
61	Zachodniopomorski Uniwersytet Technologiczny, Szczecin
62	Politechnika Gdańska, Gdańsk
63	Politechnika Łódzka, Łódź
64	Politechnika Poznańska, Poznań
65	Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego, Warszawa
66	Wojskowa Akademia Techniczna, Warszawa
67	Centrum Onkologii, Warszawa
68	Wojewódzki Inspektorat Weterynarii, Opole
69	Wojewódzka Stacja Sanitarno-Epidemiologiczna, Bydgoszcz
70	Wojewódzka Stacja Sanitarno-Epidemiologiczna, Lublin
71	Wojewódzki Szpital Specjalistyczny, Wrocław
72	Zakład Ichtiobiologii i Gospodarki Rybackiej PAN, Gołysz
73	Fundacja Bioedukacji, Warszawa
74	Fundacja Uniwersytet Dzieci, Kraków
75	Adamed Pharma S.A., Pieńków
76	Alab Laboratoria sp. z o.o., Warszawa
77	Alchem sp.z o.o., Poznań
78	Analityk Ewa Kowalczyk, Warszawa
79	Analityk Genetyka sp. z o.o., Warszawa
80	Animal-Lab Laboratorium weterynaryjne, Łódź
81	A-Z Medica sp. z o.o., Gdańsk
82	Bacto-Tech sp. z o.o., Toruń
83	Bioceltix sp. z o.o. Wrocław
84	Bioton SA, Warszawa
85	Cellis sp.z o.o. Warszawa
86	CELON PHARMA SA
87	Centra Genetyki Medycznej Genesis sp. z o.o., Poznań
88	Celther Polska sp. z o.o., Zakroczym
89	Curiosity Diagnostics sp. z o.o., Warszawa
90	EURx sp. z o.o.
91	Genoplast, Rokocin
92	Hurt-Chem Hurtownia Odczynników Chemicznych, Duchnice
93	Instytut Bioinfobank sp z o.o., Poznań

94	Krakchemia SA, Kraków
95	Laboratorium Dermatologiczne Derma-Lab sp. z o.o. sp., Wrocław
96	Laboratorium Badań Genetycznych sp. z o.o., Lublin
97	Medycyna Diagnostyczna PUM sp. z o. o., Szczecin
98	Onco Arendi Therapeutics SA, Warszawa
99	Oncogene Diagnostics sp. z o.o., Kraków
100	Personather sp. z o.o., Konstantynów Łódzki
101	Read Gene SA, Szczecin
102	RDLS sp. z o.o., Warszawa
103	Rex Company, Wrocław
104	RYVU-Therapeutis SA, Kraków
105	Szpital Kliniczny Dzieciątka Jezus, Warszawa
106	Samodzielny Publiczny Centralny Szpital Kliniczny ,Warszawa
107	Salus Medycyna sp. z o.o. Siedlce
108	Selvita SA Kraków
109	Stowarzyszenie dla Natury Wilk, Godziszka
110	Stowarzyszenie Polskiej Grupy ds Leczenia Białaczek u Dorosłych, Gliwice
111	SoftSystem sp.z o.o., Rzeszów
112	Synevo Polska

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 Samborowska, mgr Mariusz Radkiewicz, mgr Agata Malinowska, mgr Michał Kistowski, mgr Katarzyna Dąbrowska, mgr Katarzyna Bąk, mgr Agnieszka Fatalska, mgr Bianka Świdarska, mgr Dominik Cysewski, mgr Jakub Dąbrowski, mgr Marta Tomkiewicz, mgr Aleksandra Robak, mgr Weronika Puchała

Cel działania:

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 ze znakowaniem iTRAQ i w ujęciu „label free” pozwoliły na przykład na zaproponowanie białka C6orf1/MTRES1 jako czynnika podtrzymującego ekspresję mtDNA w warunkach stresowych (5853). Używając znakowania trans-SILAC wykazaliśmy istnienie międzykomórkowego transferu białek przez tunelujące nanorurki – długie, cienkie struktury błonowe, pośredniczące w przenoszeniu pęcherzyków komórkowych z komórek stromowych do komórek białaczkowych (5880). Identyfikacja przedłużenia sekwencji białkowej regionu sygnałowego w butylocholinoesterazie pozwoliła zaproponować synergę z wariantem białka APOE-4, najważniejszego znanego czynnika ryzyka genetycznego dla późnej postaci choroby Alzheimera (5790). Metodami proteomicznymi zidentyfikowano interaktory białek KEAP1 i NFR1, ważnych regulatorów odpowiedzi na stres komórkowy (5789). Przez koimmunoprecypitację i MS zidentyfikowano nowy substrat białkowy COA7 podlegający importowi do mitochondriów na ścieżce MIA (5801). Mapowanie modyfikacji potranslacyjnych zastosowano do identyfikacji miejsca fosforylowania przez kinazę CK2a reduktazy dihydrofolanowej, ważnego celu molekularnego w chemioterapii przeciwnowotworowej, antybakteryjnej, antyprotozoanowej i immunosupresyjnej (5795). Wykazano też,

u *Arabidopsis thaliana*, fosforylację dehydryn przez aktywowane stresem zasolenia kinazy SnRK2 (5774).

Część laboratorium odpowiedzialna za analizy substancji niskocząsteczkowych kontynuowała projekty rozpoczęte w poprzednich latach, jak: oznaczanie leków immunosupresyjnych we krwi pełnej, aktywnego metabolitu leflunomidu (Sandoz), wolnych i całkowitych kwasów tłuszczowych w osoczu (prof. Pierzynowski). We współpracy z zespołem prof. L. Pączka oznaczono stężenia cyklosporyny A, i serii jej metabolitów u 102 pacjentów po przeszczepieniu nerki (5803). Wykazano związek choroby wieńcowej / zawału mięśnia sercowego, SVA, hTG, nadwagi / otyłości i podwyższonego ciśnienia tętniczego z wyższymi MR AM1, AM4N, dMC-CsA, DiH-CsA i TriH-CsA. Analizowano też w grupie 506 pacjentów: 318 po przeszczepieniu nerki i 188 po przeszczepieniu wątroby stężenia kwasu mykofenolowego takrolimusu, cyklosporyny i ich metabolitów (5856). Wykazano, że rutynowych w użyciu w praktyce klinicznej oznaczeń nie można uznać za parametry bezpośrednio odzwierciedlające szybkość wytwarzania głównych metabolitów cyklosporyny i takrolimusu (ale nie kwasu mykofenolowego), zarówno u biorców wątroby, jak i nerki. W ramach współpracy z zespołami dr hab. R. Oleka (AWFiS Gdańsk) (5828) i prof. dr hab. M. Ufnala (WUM) wykonano oznaczenia metabolitów bakterii jelitowych: trimetyloaminy (TMA) i jej tlenku (TMAO) w osoczu oraz krótkołańcuchowych kwasów tłuszczowych (KŁKT) w próbkach osocza, moczu i ekstraktu kału. Wykazano m. in., że wzrost stężenia kwasu masłowego w okrężnicy ma działanie hipotensyjne i może on być jednym z mediatorów pomiędzy mikroflorą jelitową a układem krążenia (5892).

Opis najważniejszych osiągnięć:

1. Identyfikacja białka C6orf1/MTRES1 jako czynnika podtrzymującego ekspresję mtDNA w warunkach stresowych (5853).
2. Identyfikacja nowego substratu białkowego COA7 podlegającego importowi do mitochondriów na ścieżce MIA (5801).
3. Wykazanie fosforylacji dehydryn przez aktywowane stresem zasolenia kinazy SnRK2 (5774).

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Publikacja uzyskanych wyników.

Publikacje:

5745, 5758, 5760, 5774, 5789, 5790, 5795, 5801, 5803, 5821, 5826, 5829, 5828, 5843, 5847, 5849, 5853, 5856, 5857, 5880, 5892, 5910, 4761/A, 4762/A, 4676/A, 4633/A, 4600/A, 4715/A, 4590/A, 4589/A, 4588/A, 4587/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*, *Brassica napus*, *Nicotiana tabacum*, *Nicotiana benthamiana*), bakterii (np. z rodzaju *Pseudomonas*, *Bacillus*), drożdży (*Saccharomyces cerevisiae*), pierwotniaków (*Paramecium caudatum*), oraz ssaczych 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 353 godz. przez samodzielnych użytkowników.

Mikroskop konfokalny Nikon C1 wykorzystano ogółem w wymiarze 517 godz. przez samodzielnych użytkowników po przeszkoleniu a także w ramach usług i współpracy naukowej.

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

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

Opis najważniejszych osiągnięć:

We współpracy z zespołem prof. Grażyny Dobrowolskiej opracowano metodę przyżyciowego obrazowania dynamiki reaktywnych form tlenu w korzeniu *Arabidopsis* w warunkach stresu solnego indukowanego 150 mM roztworem chlorku sodu. Otrzymane wyniki zamieszczono w publikacji (Szymańska et al. (2019) *Int J Mol Sci.*).

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:

5755, 5771, 5774

Kolekcja Szczepów IBB PAN „COLIBB”

Utworzona w 2000 roku w Instytucie Biochemii i Biofizyki kolekcja plazmidów oraz szczepów bakteryjnych i drożdżowych COLIBB zawiera szczepy i wektory skonstruowane przez pracowników i studentów IBB w ramach badań prowadzonych w Instytucie. W roku 2012 do zasobów kolekcji włączono podgrupę psychrofilnych szczepów Arktycznych i Antarktycznych.

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

Obecnie przechowujemy 3709 szczepów bakteryjnych, 3882 drożdżowych i 2280 plazmidów, 162 izolaty środowiskowe oraz 2953 szczepów psychrofilnych.

Gatunki bakterii zdeponowane w kolekcji to m.in:

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

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

Gatunek drożdży zdeponowany w kolekcji:
Saccharomyces cerevisiae

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

Lista seminariów w roku 2019

L.p.	Data	Prelegent	Tytuł seminarium
1.	08.01.2019	dr Pierre Chymkowitz Department of Microbiology, Oslo University Hospital, Norway	Transcription And Chromatin Dynamics – Regulation By Cyclin-Dependent Kinases and Sumo
2.	14.01.2019	prof. Ryszard Kole Dyrektor Ercole Consulting, Chapel Hill, NC USA	Składanie mRNA i dwie choroby rzadkie: talasemia i dystrofia mięśniowa Duchenne’a.
3.	15.01.2019	dr Stefanie Rosa Department of Plant Biology and Forest Genetics, Swedish University of Agricultural Sciences	Single Molecule RNA FISH: quantitative applications for gene expression analysis.
4.	05.02.2019	dr Paulina Jackowiak Zakładu Biologii Molekularnej i Systemowej Instytut Chemii Bioorganicznej PAN	RNA fragments – identification and functional potential.
5.	14.02.2019	dr Youngwook Kim Sungkyunkwan University School of Medicine, Seoul, Korea	Comprehensive genomic characterization of mitochondria in human cancer.
6.	19.02.2019	dr. ing. Leonie Bentsink Department of Plant Sciences, Wageningen University and Research, Holland	How does nature control seed germination?
7.	26.02.2019	prof. dr hab. Wojciech Bal Zakład Biofizyki, IBB PAN	A good A β ? Bioinorganic perspective on the toxicity and physiological role of beta-amyloid peptides.
8.	12.03.2019	mgr Tomasz Pilżys Zakład Biologii Molekularnej, IBB PAN	The activity of AlkB family proteins under homeostasis and pathological conditions.
9.	26.03.2019	mgr Anton Slyvka Laboratorium Biologii Strukturalnej, Międzynarodowy Instytut Biologii Molekularnej i Komórkowej	Cytosine modifications and interacting proteins.
10.	02.04.2019	mgr Milena Denkiewicz-Kruk Pracownia Mutagenazy i Reperacji DNA, IBB PAN	The role of the GINS complex in the maintenance of genomic stability in the <i>Saccharomyces cerevisiae</i> cells.
11.	09.04.2019	mgr inż. Jakub Boreczek Zakład Biochemii Drobnoustrojów, IBB PAN	Microbial biodiversity of spontaneous sourdoughs and sourdoughs supplemented with selected lactic acid bacteria.
12.	16.04.2019	dr inż. Małgorzata Korczak-Abshire Zakład Biologii Antarktyki, IBB PAN	Vertebrate fauna population changes in the region of South Shetlands in relation to anthropogenic stress increase in the Antarctic.
13.	25.04.2019	dr Piotr Gawroński Katedra Genetyki Roślin, Hodowli i Biotechnologii SGGW	Translation of the psbA is regulated by mRNA secondary structure changes.
14.	08.05.2019	Martin Teichmann, M.D. University of Bordeaux, France	Regulation of RNA polymerase III transcription during tumoral transformation.

15.	09.05.2019	prof. Giorgio Dieci University of Parma, Italy	Alu RNA profiling unveils a new facet of epigenetic dysregulation in cell transformation and cancer.
16.	10.05.2019	prof. Andrzej Dziembowski Pracownia Biologii RNA i Genomiki Funkcjonalnej, IBB PAN	Cytoplasmic polyadenylation as a key regulator of physiological processes.
17.	14.05.2019	mgr Anna Kotrys Pracownia Biologii RNA i Genomiki Funkcjonalnej, IBB PAN	Functional analysis of C6orf203 protein, a new factor involved in RNA metabolism in human mitochondria.
18.	16.05.2019	prof. dr. Thomas Cremer Ludwig-Maximilians-University (LMU) in Munich, Germany	Higher order chromatin organization and the interchromatin compartment – an integrated concept of the dynamics of nuclear architecture and function.
19.	21.05.2019	mgr inż. Anna Detman Zakład Biologii Molekularnej, IBB PAN	Acidogenic and acetogenic steps of anaerobic digestion – analysis of the selected interactions between microorganisms.
20.	28.05.2019	mgr Ewa Lewicka Zakład Biochemii Drobnoustrojów, IBB PAN	How to be a promiscuous IncU plasmid?
21.	04.06.2019	dr Honorata Czapińska Laboratorium Biologii Strukturalnej, Międzynarodowy Instytut Biologii Molekularnej i Komórkowej	Molecular mechanisms of protein-DNA interactions. How do restriction-modification systems select their targets?
22.	11.06.2019	mgr inż. Piotr Soczewka Zakład Genetyki, IBB PAN	Using yeast vps13Δ chorea-acanthocytosis model for genetic and chemical suppressor screens.
23.	18.06.2019	prof. dr hab. Mariusz Gagoś Zakład Biologii Komórki, Wydział Biologii i Biotechnologii UMCS	Jak można zwiększyć siłę działania antybiotyku zmniejszając jego toksyczność (Amfoterycyna B – stary lek, nowe idee).
24.	27.06.2019	prof. dr hab. Oliver Kohlbacher Center for Bioinformatics, University of Tuebingen Germany	XL-MS for All: Protein-Protein, Protein-DNA, and Protein-RNA Cross-Linking Analysis with OpenMS.
25.	05.07.2019	prof. Andrei Chabes Umea University, Sweden	dNTPs and maintenance of genome stability.
26.	05.07.2019	dr Etienne Schwob Institut de Génétique Moléculaire de Montpellier, France	Chromosome replication dynamics and genome (in)stability in normal and cancer cells.
27.	05.07.2019	dr Julia Zinsmeister Centre for Research in Agricultural Genomics CRAG, Spain	Regulation of the acquisition of seed quality, from academic to applied research.
28.	24.09.2019	prof. Daniel Klionsky Life Sciences Institute, University of Michigan, USA	The mechanism and regulation of autophagy in yeast.
29.	24.09.2019	dr Wojciech Panek Department of Clinical Sciences, North Carolina State University, USA	Targeted therapy for brain tumors: Recent developments and new strategies for overcoming challenges ahead.
30.	10.10.2019	prof. Mi Hee Lim Korea Advanced Institute of Science and Technology, Daejeon, Korea	Chemical Approaches to Study Multiple Facets in Alzheimer's Disease.

31.	15.10.2019	mgr Małgorzata Jędrychowska Pracownia Mutagenyzy i Reperacji DNA, IBB PAN	Proper functioning of the GINS complex influences the stability of repetitive DNA sequences in <i>Saccharomyces cerevisiae</i> .
32.	22.10.2019	mgr inż. Dawid Owsian Pracownia Sekwencjonowania DNA i Syntezy Oligonukleotydów, IBB PAN	Role of Spt4/Spt5 complex in non-coding RNA synthesis and development.
33.	05.11.2019	mgr Damian Kołakowski Zakład Genetyki, IBB PAN	Characterization and function of selected domains of chorein and yeast Vps13 protein.
34.	19.11.2019	dr hab. Roman Szczęsny Pracownia Biologii RNA i Genomiki Funkcjonalnej, IBB PAN	Degradacja antysensownego RNA w mitochondriach człowieka. Wykład z okazji otrzymania Nagrody im. J.K. Parnasa.
35.	26.11.2019	dr Wojciech Pokrzywa Laboratorium Metabolizmu Białek w Rozwoju i Starzeniu, Międzynarodowy Instytut Biologii Molekularnej i Komórkowej, IBB PAN	From ubiquitin to exopher: Proteostasis from different perspectives.
36.	03.12.2019	mgr Mateusz Zięcina Zakład Biochemii Roślin, IBB PAN	Functional analysis of Nudix proteins of <i>Pseudomonas aeruginosa</i> .
37.	17.12.2019	mgr Joanna Klim Zakład Biochemii Drobnoustrojów, IBB PAN	Experimental evolution of apoptosis and genetic functional modules – yeast model.

5739

SZMIDT M., STANKIEWICZ A., URBAŃSKA K., JAWORSKI S., KUTWIN M., WIERZBICKI M., GRODZIK M., BURZYŃSKA B., GÓRA M., CHWALIBOG A., SAWOSZ E.
Graphene oxide down-regulates genes of the oxidative phosphorylation complexes in a glioblastoma.
BMC Molecular Biology (2019) 20: 2(9 p.)

DOI: 10.1186/s12867-018-0119-2

IF 2.568

5740

KUCHARCZYK R., DAUTANT A., GODARD F., TRIBOUILLARD-TANVIER D., DI RAGO J.-P.
Functional investigation of an universally conserved leucine residue in subunit a of ATP synthase targeted by the pathogenic m.9176 T > G mutation.

Biochimica et Biophysica Acta - Bioenergetics (2019) 1860(1): 52-59

DOI: 10.1016/j.bbabi.2018.11.005

IF 4.441

5741

POTOCKA M., BAYER R.C., POTOCKI M.
Plastic pollution affects american lobsters, *Homarus americanus*.

Marine Pollution Bulletin (2019) 138: 545-548

DOI: 10.1016/j.marpolbul.2018.12.017

IF 3.782

5742

MARYNOWSKI L., GORYL M., BUCHA M., SMOLAREK-LACH J., DETMAN A., SIKORA A., CHOJNACKA A., SIMONEIT B.R.T.
Trehalose, mannitol and arabitol as indicators of fungal metabolism in Late Cretaceous and Miocene deposits.

International Journal of Coal Geology (2019) 201: 51-61

DOI: 10.1016/j.coal.2018.11.003

IF 5.330

5743

BACIOR M., HARAŃCZYK H., NOWAK P., KIJAK P., MARZEC M., FITAS J., OLECH M.A.
Low-temperature immobilization of water in Antarctic *Turgidosculum complicatulum* and in *Prasiola crispa*. Part I. *Turgidosculum complicatulum*.

Colloids and Surfaces B: Biointerfaces (2019) 173: 869-875

DOI: 10.1016/j.colsurfb.2018.10.059

IF 3.973

5744

LEŚNIEWSKA E., CIEŚLA M., BOGUTA M.
Repression of yeast RNA polymerase III by stress leads to ubiquitylation and proteasomal degradation of its largest subunit, C160.

Biochimica et Biophysica Acta – Gene Regulatory Mechanisms (2019) 1862(1): 25-34

DOI: 10.1016/j.bbagrm.2018.10.007

IF 4.599

5745

KULMA M., KACPRZYK-STOKOWIEC A., TRACZYK G., KWIATKOWSKA K., DADLEZ M.
Fine-tuning of the stability of β -strands by Y181 in perfringolysin O directs the prepore to pore transition.

Biochimica et Biophysica Acta - Biomembranes (2019) 1861(1): 110-122

DOI: 10.1016/j.bbamem.2018.08.008

IF 3.790

5746

PIOTROWSKA-NOWAK A., KOSIOR-JARECKA E., SCHAB A., WRÓBEL-DUDZIŃSKA D., BARTNIK E., ŻARNOWSKI T., TOŃSKA K.

Investigation of whole mitochondrial genome variation in normal tension glaucoma.

Experimental Eye Research (2019) 178: 186-197

DOI: 10.1016/j.exer.2018.10.004

IF 2.998

5747

KORCZAK-ABSHIRE M., ZMARZ A., RODZEWICZ M., KYCKO M., KARSZNIA I., CHWEDORZEWSKA K.J.

Study of fauna population changes on Penguin Island and Turret Point Oasis (King George Island, Antarctica) using an unmanned aerial vehicle.

Polar Biology (2019) 42(1): 217-224

DOI: 10.1007/s00300-018-2379-1

IF 2.002

5748

RUDAK A., WÓDKIEWICZ M., ZNÓJ A., CHWEDORZEWSKA K.J., GALERA H.

Plastic biomass allocation as a trait increasing the invasiveness of annual bluegrass (*Poa annua* L.) in Antarctica.

Polar Biology (2019) 42(1): 149-157

DOI: 10.1007/s00300-018-2409-z

IF 2.002

5749

PIOTROWSKA-NOWAK A., ELSON J.L., SOBCZYK-KOPCIOŁ A., PIWOŃSKA A., PUCH-WALCZAK A., DRYGAS W., PŁOSKI R., BARTNIK E., TOŃSKA K.

New mtDNA association model, MutPred variant load, suggests individuals with multiple mildly deleterious mtDNA variants are more likely to suffer from atherosclerosis.

Frontiers in Genetics (2019) 9: 702 (10 p.)

DOI: 10.3389/fgene.2018.00702

IF 3.517

5750

JAGIELSKA B., SARNOWSKA E., RUSETSKA N., JANCEWICZ I., DURZYŃSKA M., KUBALA S., CHMIELIK E., PAUL P., RUTKOWSKI T., SARNOWSKI T.J., SIEDLECKI J.A.

Advanced adenoid cystic carcinoma (ACC) is featured by SWI/SNF chromatin remodeling complex aberrations.

Journal of Cancer Research and Clinical Oncology (2019) 145(1): 201-211

DOI: 10.1007/s00432-018-2783-5

IF 3.332

5751

MISIAK M., KOŹMIŃSKI W., WÓJCIK J., SICIŃSKI R.R., WICHA J.

Structural analysis of 25-hydroxycholesterol stereoisomers differing in configuration in position 17 and 20, by three-dimensional NMR spectra.

Steroids (2019) 143: 49-52

DOI: 10.1016/j.steroids.2018.12.005

IF 2.136

5752

KUSZA S., NAGY K., LANSZKI J., HELTAI M., SZABÓ C., CZARNOMSKA S.D.

Moderate genetic variability and no genetic structure within the European golden jackal (*Canis aureus*) population in Hungary.

Mammal Research (2019) 64(1): 63-69

DOI: 10.1007/s13364-018-0390-0

IF 1.119

5753

PLUSKOTA W.E., PUPEL P., GŁOWACKA K., OKORSKA S.B., JERZMANOWSKI A.,
NONOGAKI H., GÓRECKI R.J.

Jasmonic acid and ethylene are involved in the accumulation of osmotin in germinating tomato seeds.

Journal of Plant Physiology (2019) 232: 74-81

DOI: 10.1016/j.jplph.2018.11.014

IF 2.825

5754

SYKŁOWSKA-BARANEK K., RYMASZEWSKI W., GAWEL M., ROKICKI P., PILAREK M., GRECH-
BARAN M., HENNIG J., PIETROSIUK A.

Comparison of elicitor-based effects on metabolic responses of *Taxus x media* hairy roots in
perfluorodecalin-supported two-phase culture system.

Plant Cell Reports (2019) 38(1): 85-99

DOI: 10.1007/s00299-018-2351-0

IF 3.499

5755

SZYMAŃSKA K.P., POLKOWSKA-KOWALCZYK L., LICHOCKA M., MASZKOWSKA J.,
DOBROWOLSKA G.

SNF1-related protein kinases SnRK2.4 and SnRK2.10 modulate ROS homeostasis in plant response to salt
stress.

International Journal of Molecular Sciences (2019) 20(1): 143 (24 p.)

DOI: 10.3390/ijms20010143

IF 4.183

5756

BOSSAK-AHMAD K., MITAL M., PŁONKA D., DREW S.C., BAL W.

Oligopeptides generated by neprilysin degradation of β -amyloid have the highest Cu(II) affinity in the whole
 $A\beta$ family.

Inorganic Chemistry (2019) 58(1): 932-943

DOI: 10.1021/acs.inorgchem.8b03051

IF 4.850

5757

BONDARCHUK T.V., LOZHKO D.M., SHALAK V.F., FATALSKA A., SZCZEPANOWSKI R.H.,
DADLEZ M., NEGRUTSKII B.S., EL'SKAYA A.V.

The protein-binding N-terminal domain of human translation elongation factor 1B β possesses a dynamic α -
helical structural organization.

International Journal of Biological Macromolecules (2019) 126: 899-907

DOI: 10.1016/j.ijbiomac.2018.12.220

IF 4.784

5758

GŁOWACKA-RUTKOWSKA A., GOZDEK A., EMPEL J., GAWOR J., ŻUCHNIEWICZ K., KOZIŃSKA A.,
DĘBSKI J., GROMADKA R., ŁOBOCKA M.

The ability of lytic Staphylococcal podovirus vB_SauP_phiAGO1.3 to coexist in equilibrium with its host
facilitates the selection of host mutants of attenuated virulence but does not preclude the phage
antistaphylococcal activity in a nematode infection model.

Frontiers in Microbiology (2019) 9: 3227 (17 p.)

DOI: 10.3389/fmicb.2018.03227

IF 4.259

5759

ALEKSANDRZAK-PIEKARCZYK T., PUZIA W., ŻYLIŃSKA J., CIEŚLA J., GULEWICZ K.A.,
BARDOWSKI J.K., GÓRECKI R.K.

Potential of *Lactobacillus plantarum* IBB3036 and *Lactobacillus salivarius* IBB3154 to persistence in chicken after *in ovo* delivery.

MicrobiologyOpen (2019) 8(1): e00620 (12 p.)

DOI: 10.1002/mbo3.620

IF 2.738

5760

KUNCEWICZ K., SPODZIEJA M., SIERADZAN A., KARCZYŃSKA A., DĄBROWSKA K., DADLEZ M.,
SPEISER D.E., DERRE L., RODZIEWICZ-MOTOWIDŁO S.

A structural model of the immune checkpoint CD160–HVEM complex derived from HDX-mass spectrometry and molecular modeling.

Oncotarget (2019) 10(4): 536-550

DOI: 10.18632/oncotarget.26570

IF -

5761

DMUCHOWSKI W., BRĄGOSZEWSKA P., GOZDOWSKI D., BACZEWSKA-DĄBROWSKA A.B.,
CHOJNACKI T., JÓŹWIAK A., ŚWIEŻEWSKA E., GWOREK B., SUWARA I.

Strategy of *Ginkgo biloba* L. in the mitigation of salt stress in the urban environment.

Urban Forestry & Urban Greening (2019) 38: 223-231

DOI: 1016/j.ufug.2019.01.003

IF 3.043

5762

REICHERT M., ŁUKASIK A., ZIELENKIEWICZ P., MATRAS M., MAJ-PALUCH J., STACHNIK M.,
BORZYM E.

Host microRNA analysis in cyprinid Herpesvirus-3 (CyHV-3) infected common carp.

BMC Genomics (2019) 20: 46 (16 p.)

DOI: 10.1186/s12864-018-5266-9

IF 3.501

5763

TAMULAITIENE G., MANAKOVA E., JOVAISAITE V., TAMULAITIS G., GRAZULIS S.,
BOCHTLER M., SIKSNYS V.

Unique mechanism of target recognition by PfoI restriction endonuclease of the CCGG-family.

Nucleic Acids Research (2019) 47(2): 997-1010

DOI: 10.1093/nar/gky1137

IF 11.147

5764

STACHYRA A., GÓRA-SOCHACKA A., RADOMSKI J.P., SIRKO A.

Sequential DNA immunization of chickens with bivalent heterologous vaccines induce highly reactive and cross-specific antibodies against influenza hemagglutinin.

Poultry Science (2019) 98(1): 199-208

DOI: 10.3382/ps/pey392

IF 2.027

5765

TOPKA G., BLOCH S., NEJMAN-FALEŃCZYK B., GAŚIOR T., JURCZAK-KUREK A., NECEL A.,
DYDECKA A., RICHERT M., WĘGRZYN G., WĘGRZYN A.

Characterization of bacteriophage vB-EcoS-95, isolated from urban sewage and revealing extremely rapid lytic development.

Frontiers in Microbiology (2019) 9: 3326 (15 p.)

DOI: 10.3389/fmicb.2018.03326

IF 4.259

5766

SOCZEWKA P., KOŁAKOWSKI D., SMACZYŃSKA-de ROOIJ I., RZEPNIKOWSKA W., AYSCOUGH K.R., KAMIŃSKA J., ŻOŁĄDEK T.

Yeast-model-based study identified myosin- and calcium-dependent calmodulin signalling as a potential target for drug intervention in chorea-acanthocytosis.

Disease Models and Mechanisms (2019) 12(1): dmm036830

DOI: 10.1242/dmm.036830

IF 4.028

5767

WOJCZULANIS-JAKUBAS K., PLENZLER J., JAKUBAS D.

Indications of contagious behaviours in the southern elephant seal: an observational study.

Behaviour (2019) 156(1): 59-77

DOI: 10.1163/1568539X-00003530

IF 1.401

5768

KOPERA E., ZDANOWSKI K., URANOWSKA K., KOSSON P., SĄCZYŃSKA V., FLORYS K., SZEWCZYK B.

High-titre neutralizing antibodies to H1N1 influenza virus after mouse immunization with yeast expressed H1 antigen: a promising influenza vaccine candidate.

Journal of Immunology Research (2019) 2019: 2463731 (10 p.)

DOI: 10.1155/2019/2463731

IF 3.404

5769

GRACZYK-JARZYŃKA A., GORAL A., MUCHOWICZ A., ZAGOŹDŻON R., WINIARSKA M., BAJOR M., TRZECIECKA A., FIDYT K., KRUPKA J.A., CYRAN J., SZCZYGIEŁ K., EFREMOV D.G., GOBESSI S., JAGIELSKI A., SIUDAKOWSKA K., BOBROWICZ M., KŁOPOTOWSKA M., BARANKIEWICZ J., MALEND A., LECH-MARANDA E., MIAZEK-ZAPAŁA N., SKARŻYŃSKI P.H., DOMAGAŁA A., GOŁĄB J., FIRCUK M.

Inhibition of thioredoxin-dependent H₂O₂ removal sensitizes malignant Bcells to pharmacological ascorbate.

Redox Biology (2019) 21: 101062 (7 p.)

DOI: 10.1016/j.redox.2018.11.020

IF 7.793

5770

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

Cell factories converting lactate and acetate to butyrate: *Clostridium butyricum* and microbial communities from dark fermentation bioreactors.

Microbial Cell Factories (2019) 18 :36 (12 p.)

DOI: 10.1186/s12934-019-1085-1

IF 4.402

5771

NOWAKOWSKA M., WRZESIŃSKA M., KAMIŃSKI P., SZCZUCHURA W., LICHOCKA M., TARTANUS M., KOZIK E.U., NOWICKI M.

Alternaria brassicicola – *Brassicaceae* pathosystem: insights into the infection process and resistance mechanisms under optimized artificial bio-assay.

European Journal of Plant Pathology (2019) 153(1): 131-151

DOI: 10.1007/s10658-018-1548-y

IF 1.744

5772

PIERZYNOWSKA K., PODLACHA M., GAFFKE L., MAJKUTEWICZ I., MANTEJ J. WĘGRZYN A., OSIADŁY M., MYŚLIŃSKA D., WĘGRZYN G.

Autophagy-dependent mechanism of genistein-mediated elimination of behavioral and biochemical defects in the rat model of sporadic Alzheimer's disease.

Neuropharmacology (2019) 148: 332-346

DOI: 10.1016/j.neuropharm.2019.01.030

IF 4.367

5773

ŁUKASIK A., ZIELENKIEWICZ P.

An overview of miRNA and miRNA target analysis tools.

Chapter 5 in: **Plant MicroRNAs: Methods and Protocols, Methods in Molecular Biology**, Ed. S. de Folter, vol. 1932; ISBN 978-1-4939-9041-2 [363 p.] 2019, p.65-87

DOI: 10.1007/978-1-4939-9042-9_5

5774

MASZKOWSKA J., DĘBSKI J., KULIK A., KISTOWSKI M., BUCHOLC M., LICHOCKA M., KLIMECKA M., SZTATELMAN O., SZYMAŃSKA K.P., DADLEZ M., DOBROWOLSKA G.

Phosphoproteomic analysis reveals that dehydrins ERD10 and ERD14 are phosphorylated by SNF1-related protein kinase 2.10 in response to osmotic stress.

Plant, Cell and Environment (2019) 42(3): 931-946

DOI: 10.1111/pce.13465

IF 5.624

5775

KARSKA N., GRAUL M., SIKORSKA E., ZHUKOV I., ŚLUSARZ M.J., KASPRZYKOWSKI F., LIPÍŃSKA A.D., RODZIEWICZ-MOTOWIDŁO S.

Structure determination of UL49.5 transmembrane protein from bovine herpesvirus 1 by NMR spectroscopy and molecular dynamics.

Biochimica et Biophysica Acta - Biomembranes (2019) 1861(5): 926-938

DOI: 10.1016/j.bbamem.2019.02.005

IF 3.790

5776

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

Two simultaneously occurring *Potamogeton* species: similarities and differences in seasonal changes of biomechanical properties.

Polish Journal of Environmental Studies (2019) 28(1): 237-253

DOI: 10.15244/pjoes/85202

IF 1.186

5777

GODOY HERZ M.A., KUBACZKA M.G., BRZYŻEK G., SERVI L., KRZYSZTOŃ M., SIMPSON C., BROWN J., ŚWIEŻEWSKI S., PETRILLO E., KORNBLIHTT A.R.

Light regulates plant alternative splicing through the control of transcriptional elongation.

Molecular Cell (2019) 73(5): 1066-1074.e3

DOI: 10.1016/j.molcel.2018.12.005

IF 14.548

5778

PŁONKA M., WAWRZYCKA D., WYSOCKI R., BOGUTA M., CIEŚLA M.

Coupling of RNA polymerase III assembly to cell cycle progression in *Saccharomyces cerevisiae*.

Cell Cycle (2019) 18(4): 500-510

DOI: 10.1080/15384101.2019.1578134

IF 3.259

5779

RYDZANICZ M., WACHOWSKA M., COOK E.C., LISOWSKI P., KUŹNIEWSKA B., SZYMAŃSKA K., DIECKE S., PRIGIONE A., SZCZAŁUBA K., SZYBIŃSKA A., KOPPOLU A., PIENKOWSKI V.M., KOSIŃSKA J., WIWEGER M., KOSTRZEWA G., BRZOZOWSKA M., DOMAŃSKA-PAKIEŁA D., JURKIEWICZ E., STAWIŃSKI P., GROMADKA A., ZIELENKIEWICZ P., DEMKOW U., DZIEMBOWSKA M., KUŹNICKI J., CREAMER T.P., PŁOSKI R.

Novel calcineurin A (*PPP3CA*) variant associated with epilepsy, constitutive enzyme activation and downregulation of protein expression.

European Journal of Human Genetics (2019) 27(1): 61-69

DOI: 10.1038/s41431-018-0254-8

IF 3.650

5780

MOSKOT M., JAKÓBKIEWICZ-BANECKA J., KŁOSKA A., PIOTROWSKA E., NARAJCZYK M., GABIG-CIMIŃSKA M.

The role of dimethyl sulfoxide (DMSO) in gene expression modulation and glycosaminoglycan metabolism in lysosomal storage disorders on an example of *Mucopolysaccharidosis*.

International Journal of Molecular Sciences (2019) 20(2): 304 (18 p.)

DOI: 10.3390/ijms20020304

IF 4.183

5781

MUSZEWSKA A., STECZKIEWICZ K., STĘPNIEWSKA-DZIUBIŃSKA M., GINALSKI K.

Transposable elements contribute to fungal genes and impact fungal lifestyle.

Scientific Reports (2019) 9(1): 4307(10 p.)

DOI: 10.1038/s41598-019-40965-0

IF 4.011

5782

McINTYRE J., SOBOLEWSKA A., FEDOROWICZ M., McLENIGAN M.P., MACIAS M., WOODGATE R., ŚLEDZIEWSKA-GÓJSKA E.

DNA polymerase ϵ is acetylated in response to S_N2 alkylating agents.

Scientific Reports (2019) 9(1): 4789 (14 p.)

DOI: 10.1038/s41598-019-41249-3

IF 4.011

5783

TOPF U., DRABIKOWSKI K.

Ancient function of teneurins in tissue organization and neuronal guidance in the nematode *Caenorhabditis elegans*.

Frontiers in Neuroscience (2019) 13: 205 (7 p.)

DOI: 10.3389/fnins.2019.00205

IF 3.648

5784

URBANOWICZ A., ZAGOŹDŻON R., CISZEK M.

Modulation of the immune system in chronic hepatitis C and during antiviral interferon free therapy.

Archivum Immunologiae et Therapiae Experimentalis (2019) 67(2): 79-88

DOI: 10.1007/s00005-018-0532-8

IF 2.878

5785

TUDEK A., SCHMID M., JENSEN T.H.

Escaping nuclear decay: the significance of mRNA export for gene expression.

Current Genetics (2019) 65(2): 473-476

DOI: 10.1007/s00294-018-0913-x

IF 3.464

5786

DĄBROWSKA M., SKONECZNY M., URAM Ł. RODE W.

Methotrexate-induced senescence of human colon cancer cells depends on p53 acetylation, but not genomic aberrations.

Anti-Cancer Drugs (2019) 30(4): 374-382

DOI: 10.1097/CAD.0000000000000731

IF 1.801

5787

MASŁOWSKA K.H., MAKIEŁA-DZBEŃSKA K., FIJAŁKOWSKA I.J.

The SOS system: a complex and tightly regulated response to DNA damage.

Environmental and Molecular Mutagenesis (2019) 60(4): 368-384

DOI: 10.1002/em.22267

IF 2.528

5788

NOWAKOWSKI M., CZAPLA-MASZTAFIAK J., ZHUKOV I., ZHUKOVA L., KOZAK M., KWIATEK W.M.
Electronic properties of a PrPC–Cu(II) complex as a marker of 5-fold Cu(II) coordination.

Metallomics (2019) 11(3): 632-642

DOI: 10.1039/c8mt00339d

IF 3.571

5789

KLÓSKA D., KOPACZ A., CYSEWSKI D., AEPFELBACHER M., DULAK J., JÓZKOWICZ A.,
GROCHOT-PRZĘCZEK A.

Nrf2 sequesters Keap1 preventing podosome disassembly: a quintessential duet moonlights in endothelium.

Antioxidants and Redox Signalling (2019) 30(14): 1709-1730

DOI: 10.1089/ars.2018.7505.

IF 5.828

5790

JASIECKI J., LIMON-SZTENCEL A., ŻUK M., CHMARA M., CYSEWSKI D., LIMON J., WASĄG B.

Synergy between the alteration in the N-terminal region of butyrylcholinesterase K variant and apolipoprotein E4 in late-onset Alzheimer's disease.

Scientific Reports (2019) 9: 5223 (7 p.)

DOI: 10.1038/s41598-019-41578-3

IF 4.011

5791

SMOLIŃSKA E., WĘGRZYN G., GABIG-CIMIŃSKA M.

Genistein modulates gene activity in psoriatic patients.

Acta Biochimica Polonica (2019) 66(1): 101-110

DOI: 10.18388/abp.2018_2772

IF 1.626

5792

KAMIŃSKA J., STOPIŃSKI M., MUCHA K., JĘDRZEJCZAK A., GOŁĘBIOWSKI M., NIEWCZAS M.A.,
PĄCZEK L., FORONCEWICZ B.

IL 6 but not TNF is linked to coronary artery calcification in patients with chronic kidney disease.

Cytokine (2019) 120: 9-14

DOI: 10.1016/j.cyto.2019.04.002

IF 3.078

5793

WÓJCIK J., EJCHART A., NOWAKOWSKI M.

Shape adaptation of quinine in cyclodextrin cavities: NMR studies.

Physical Chemistry Chemical Physics (2019) 21(13): 6925-6934

DOI: 10.1039/c9cp00590k

IF 3.567

5794

SZAFRANEK-NAKONIECZNA A., WOLIŃSKA A., ZIELENKIEWICZ U., KOWALCZYK A.,
STĘPNIEWSKA Z., BŁASZCZYK M.

Activity and identification of methanotrophic bacteria in arable and no-tillage soils from Lublin region (Poland).

Microbial Ecology (2019) 77(3): 701-712

DOI: 10.1007/s00248-018-1248-3

IF 3.611

5795

SKIERKA K., WILAMOWSKI P., WIELECHOWSKA M., CYSEWSKI D., SENKARA E., WIŃSKA P.,
BRETNER M., CIEŚLA J.

Human dihydrofolate reductase is a substrate of protein kinase CK2 α .

Biochemical and Biophysical Research Communications (2019) 513(2): 368-373

DOI: 10.1016/j.bbrc.2019.03.186

IF 2.705

5796

MITKOWSKI P., JAGIELSKA E., NOWAK E., BUJNICKI J.M., STEFANIAK F., NIEDZIAŁEK D.,
BOCHTLER M., SABAŁA I.

Structural bases of peptidoglycan recognition by lysostaphin SH3b domain.

Scientific Reports (2019) 9(1): 5965

DOI: 10.1038/s41598-019-42435-z

IF 4.011

5797

PRZYBOROWSKI Ł., ŁOBODA A.M., BIALIK R.J., VÄSTILÄ K.

Flow field downstream of individual aquatic plants — experiments in a natural river with *Potamogeton crispus* L. and *Myriophyllum spicatum* L.

Hydrological Processes (2019) 33(9): 1324-1337

DOI: 10.1002/hyp.13403

IF 3.189

5798

ŁUGOWSKA A., HETMAŃCZYK-SAWICKA K., IWANICKA-NOWICKA R., FOGTMAN A., CIEŚLA
J., PURZYCKA-OLEWIECKA J.K., SITARSKA D., PŁOSKI R., FILOCAMO M., LUALDI S.,
BEDNARSKA-MAKARUK M., KOBLOWSKA M.

Gene expression profile in patients with Gaucher disease indicates activation of inflammatory processes.

Scientific Reports (2019) 9(1): 6060 (14 p.)

DOI: 10.1038/s41598-019-42584-1

IF 4.011

5799

TOPF U., USZCZYŃSKA-RATAJCZAK B., CHACIŃSKA A.

Mitochondrial stress-dependent regulation of cellular protein synthesis.

Journal of Cell Science (2019) 132(8): jcs226258 (11 p.)

DOI: 10.1242/jcs.226258

IF 4.517

5800

NOWACKA M., FERNANDES H., KILISZEK A., BERNAT A., LACH G., BUJNICKI J.M.

Specific interaction of zinc finger protein Com with RNA and the crystal structure of a self-complementary RNA duplex recognized by Com.

PLOS ONE (2019) 14(4): e0214481 (19 p.)

DOI: 10.1371/journal.pone.0214481

IF 2.776

5801

MOHANRAJ K., WASILEWSKI M., BENINCÁ C., CYSEWSKI D., POZNAŃSKI J., SAKOWSKA P., BUGAJSKA Ż., DECKERS M., DENNERLEIN S., FERNANDEZ-VIZARRA E., REHLING P., DADLEZ M., ZEVIANI M., CHACIŃSKA A.

Inhibition of proteasome rescues a pathogenic variant of respiratory chain assembly factor COA7.

EMBO Molecular Medicine (2019) 11(5): e9561 (21 p.)

DOI: 10.15252/emmm.201809561

IF 10.624

5802

ALEKSANDRZAK-PIEKARCZYK T., SZATRAJ K., KOSIOREK K.

GlaR (YugA)-a novel RpiR-family transcription activator of the Leloir pathway of galactose utilization in *Lactococcus lactis* IL1403.

MicrobiologyOpen (2019) 8(5): e00714 (11 p.)

DOI: 10.1002/mbo3.714

IF 2.738

5803

HRYNIEWIECKA E., ŻEGARSKA J., ŻOCHOWSKA D., SAMBOROWSKA E., JAŻWIEC R., KOSIERADZKI M., NAZAREWSKI S., DADLEZ M., PĄCZEK L.

Cyclosporine metabolites' metabolic ratios may be markers of cardiovascular disease in kidney transplant recipients treated with cyclosporine A-based immunosuppression regimens.

Cardiovascular Toxicology (2019) 19(3): 255-263

DOI: 10.1007/s12012-018-9492-9

IF 2.630

5804

NYKIEL M., LISIK P., DĘBSKI J., FLOREA B., RYBKA K.

Chl *a* fluorescence and proteomics reveal protection of the photosynthetic apparatus to dehydration in tolerant but not in susceptible wheat cultivars.

Biologia Plantarum (2019) 63(1): 287-297

DOI: 10.32615/bp/2019.033

IF 1.384

5805

BOCHEŃSKA K., MOSKOT M., MALINOWSKA M., JAKÓBKIEWICZ-BANECKA J., SZCZERKOWSKA-DOBOSZ A., PURZYCKA-BOHDAN D., PIENKOWSKA J., SŁOMIŃSKI B., GABIG-CIMIŃSKA M.

Lysosome alterations in the human epithelial cell line HaCaT and skin specimens: relevance to psoriasis.

International Journal of Molecular Sciences (2019) 20(9): e2255 (23 p.)

DOI: 10.3390/ijms20092255

IF 4.183

5806

OSTROWSKI J., GORYCA K., ŁAZOWSKA I., ROGOWSKA A., PAZIEWSKA A., DĄBROWSKA M., AMBROŹKIEWICZ F., KARCZMARSKI J., BALABAS A., KLUSKA A., PIĄTKOWSKA M., ZEBER-LUBECKA N., KULECKA M., HABIOR A., MIKUŁA M., WALEWSKA-ZIELECKA B., KRAWCZYK M., CICHÓZ-LACH H., MILKIEWICZ P., KOWALIK A., MUCHA K., ET AL.

Common functional alterations identified in blood transcriptome of autoimmune cholestatic liver and inflammatory bowel diseases.

Scientific Reports (2019) 9: 7190 (11 p.)

DOI: 10.1038/s41598-019-43699-1

IF 4.011

5807

CHUDZICKA-ORMANIEC P., MACIOS M., KOPER M., WEEDALL G.D., CADDICK M.X., WĘGLEŃSKI P., DZIKOWSKA A.

The role of the GATA transcription factor AreB in regulation of nitrogen and carbon metabolism in *Aspergillus nidulans*.

FEMS Microbiology Letters (2019) 366(6): fnz066 (11 p.)

DOI: 10.1093/femsle/fnz066

IF 1.994

5808

AUGUSTYNIAK J., LENART J., GAJ P., KOLANOWSKA M., JAŹDŹEWSKI K., STĘPIEŃ P.P., BUŻAŃSKA L.

Bezafibrate upregulates mitochondrial biogenesis and influence neural differentiation of human-induced pluripotent stem cells.

Molecular Neurobiology (2019) 56(6): 4346-4363

DOI: 10.1007/s12035-018-1368-2

IF 4.586

5809

KWAŚNIK A., WANG V.Y-F., KRZYSZTOŃ M., GOZDEK A., ZAKRZEWSKA-PŁACZEK M., STĘPNIAK K., POZNAŃSKI J., TONG L., KUFEL J.

Arabidopsis DXO1 links RNA turnover and chloroplast function independently of its enzymatic activity.

Nucleic Acids Research (2019) 47(9): 4751-4764

DOI: 10.1093/nar/gkz100

IF 11.147

5810

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

Effect of two distinct patches of *Myriophyllum* species on downstream turbulence in a natural river.

Acta Geophysica (2019) 67(3): 987-997

DOI: 10.1007/s11600-019-00292-4

IF 0.917

5811

DONFRANCESCO V., CIUCCI P., SALVATORI V., BENSON D., ANDERSEN L.W., BASSI E., BLANCO J.C., BOITANI L., CANIGLIA R., CANU A., CAPITANI C., CHAPRON G., CZARNOMSKA S.D., ET AL.

Unravelling the scientific debate on how to address wolf-dog hybridization in Europe.

Frontiers in Ecology and Evolution (2019) 7: 175 (13 p.)

DOI: 10.3389/fevo.2019.00175

IF 2.686

5812

ZARYCHTA-WIŚNIEWSKA W., BURDZIŃSKA A., ZIELNIOK K., KOBLOWSKA M., GALA K., PĘDZISZ P., IWANICKA-NOWICKA R., FOGTMAN A., AKSAMIT A., KULESZA A., ZOŁOCIŃSKA A., PĄCZEK L.

The influence of cell source and donor age on the tenogenic potential and chemokine secretion of human mesenchymal stromal cells.

Stem Cells International (2019) 2019: 1613701 (14 p.)

DOI: 10.1155/2019/1613701

IF 3.902

5813

CZARNECKA A.M., BRODZIAK A., SOBCZUK P., DENDEK C., LABOCHKA D., KORNILUK J., BARTNIK E., SZCZYLIK C.

Metastatic tumor burden and loci as predictors of first line sunitinib treatment efficacy in patients with renal cell carcinoma.

Scientific Reports (2019) 9(1): 7754 (10 p.)

DOI: 10.1038/s41598-019-44226-y

IF 4.011

5814

WEZYNFELD N.E., VILENO B., FALLER P.

Cu(II) binding to the N-terminal model peptide of the human Ctr2 transporter at lysosomal and extracellular pH.

Inorganic Chemistry (2019) 58(11): 7488-7498

DOI: 10.1021/acs.inorgchem.9b00711

IF 4.850

5815

GRYZ E., PERLIŃSKA-LENART U., GAWARECKA K., JÓŹWIAK A., PIŁSYK S., LIPKO A., JEMIOŁA-RZEMIŃSKA M., BERNAT P., MUSZEWSKA A., STECZKIEWICZ K., GINAŁSKI K., DŁUGOŃSKI J., STRZAŁKA K., ŚWIEŻEWSKA E., KRUSZEWSKA J.S.

Poly-saturated dolichols from filamentous fungi modulate activity of dolichol-dependent glycosyltransferase and physical properties of membranes.

International Journal of Molecular Sciences (2019) 20(12): 3043 (24 p.)

DOI: 10.3390/ijms20123043

IF 4.183

5816

CZAPIŃSKA H., SIWEK W., SZCZEPANOWSKI R.H., BUJNICKI J.M., BOCHTLER M., SKOWRONEK K.J.

Crystal structure and directed evolution of specificity of NlaIV restriction endonuclease.

Journal of Molecular Biology (2019) 431(11): 2082-2094

DOI: 10.1016/j.jmb.2019.04.010

IF 5.067

5817

GALERA H., RUDAK A., CZYŻ E. A., CHWEDORZEWSKA K.J., ZNÓJ A., WÓDKIEWICZ M.

The role of the soil seed store in the survival of an invasive population of *Poa annua* at Point Thomas Oasis, King George Island, maritime Antarctica.

Global Ecology and Conservation (2019) 19: e00679 (16 p.)

DOI: 10.1016/j.gecco.2019.e00679

IF 2.751

5818

MICHELSEN R.J., AUSEMS A.N.M.A., JAKUBAS D., PEŁTICKI M., PLENZLER J., SHAMOUN-BARANES J., WOJCZULANIS-JAKUBAS K.

Nest characteristics determine nest microclimate and affect breeding output in an Antarctic seabird, the Wilson's storm-petrel.

PLOS ONE (2019) 14(6): e0217708 (23 p.)

DOI: 10.1371/journal.pone.0217708

IF 2.776

5819

BRENNECKE P., RASINA D., AUBI O., HERZOG K., LANDSKRON J., CAUTAIN B., VICENTE F., QUINTANA J., MESTRES J., STECHMANN B., ELLINGER B., BREA J., KOLANOWSKI J.L., PILARSKI R., ORZAEZ M., PINEDA-LUCENA A., LARAIA L., NAMI F., ZIELENKIEWICZ P., PARUCH K., HANSEN E., VON KRIES J.P., NEUENSCHWANDER M., SPECKER E., BARTUNEK P., SIMOVA S., LEŚNIKOWSKI Z., KRAUSS S., LEHTIÖ L., BILITEWSKI U., BRÖNSTRUP M., TASKÉN K., JIRGENSONS A., LICKERT H., CLAUSEN M.H., ANDERSEN J.H., VICENT M.J., GENILLOUD O., MARTINEZ A., NAZARÉ M., FECKE W., GRIBBON P.

EU-OPENSREEN: a novel collaborative approach to facilitate chemical biology.

SLAS Discovery (2019) 24(3): 398-413 (Special Issue)

DOI: 10.1177/2472555218816276

IF 2.192

5820

SZOPIŃSKA M., SZUMIŃSKA D., BIALIK R.J., DYMERSEKI T., ROSENBERG E., POLKOWSKA Ż. Determination of polycyclic aromatic hydrocarbons (PAHs) and other organic pollutants in freshwaters on the western shore of Admiralty Bay (King George Island, Maritime Antarctica).

Environmental Science and Pollution Research (2019) 26(18): 18143-18161

DOI: 10.1007/s11356-019-05045-w

IF 2.914

5821

STADNICKA K., DĘBOWSKA M., DĘBSKI J., BAJEK A.

Secreting oviduct epithelial cells of *Coturnix coturnix japonica* (QOEC) and changes to their proteome after nonviral transfection.

Journal of Cellular Biochemistry (2019) 120(8): 12724-12739

DOI: 10.1002/jcb.28541

IF 3.448

5822

KUCHARCZYK R., DAUTANT A., GOMBEAU K., GODARD F., TRIBOUILLARD-TANVIER D., DI RAGO J.-P.

The pathogenic *MT-ATP6* m.8851T>C mutation prevents proton movements within the n-side hydrophilic cleft of the membrane domain of ATP synthase.

Biochimica et Biophysica Acta - Bioenergetics (2019) 1860(7): 562-572

DOI: 10.1016/j.bbabo.2019.06.002

IF 4.441

5823

PLENZLER J., BUDZIK T., PUCZKO D., BIALIK R.J.

Climatic conditions at Arctowski Station (King George Island, West Antarctica) in 2013-2017 against the background of regional changes.

Polish Polar Research (2019) 40(1): 1-27

DOI: 10.24425/ppr.2019.126345

IF 1.118

5824

GONZALEZ P., BOSSAK-AHMAD K., VILENO B., WEZYNFELD N.E., EL KHOURY Y., HELLWIG P., HUREAU CH., BAL W., FALLER P.

Triggering Cu-coordination change in Cu(II)-Ala-His-His by external ligands.

Chemical Communications (2019) 55(56): 8110-8113

DOI: 10.1039/c9cc03174j

IF 6.164

5825

WÓJCIKOWSKI M., KUKIELKA M., STĘPNIEWSKA-DZIUBIŃSKA M.M., SIEDLECKI P.

Development of a protein-ligand extended connectivity (PLEC) fingerprint and its application for binding affinity predictions.

Bioinformatics (2019) 35(8): 1334-1341

DOI: 10.1093/bioinformatics/bty757

IF 4.531

5826

GODLEWSKA R., KLIM J., DĘBSKI J., WYSZYŃSKA A., ŁASICA A.

Influence of environmental and genetic factors on proteomic profiling of outer membrane vesicles from *Campylobacter jejuni*.

Polish Journal of Microbiology (2019) 68(2): 255-261

DOI: 10.33073/pjm-2019-027

IF 0.776

5827

PŁOCIŃSKI P., MACIOS M., HOUGHTON J., NIEMIEC E., PŁOCIŃSKA R., BRZOSTEK A., SŁOMKA M., DZIADEK J., YOUNG D., DZIEMBOWSKI A.

Proteomic and transcriptomic experiments reveal an essential role of RNA degradosome complexes in shaping the transcriptome of *Mycobacterium tuberculosis*.

Nucleic Acids Research (2019) 47(11): 5892-5905

DOI:10.1093/nar/gkz251

IF 11.147

5828

SAMULAK J.J., SAWICKA A.K., SAMBOROWSKA E., OLEK R.A.

Plasma trimethylamine-N-oxide following cessation of L-carnitine supplementation in healthy aged women.

Nutrients (2019) 11(6): 1322 (8 p.)

DOI: 10.3390/nu11061322

IF 4.171

5829

PRZYGOŃSKA K., PACEWICZ M., SADOWSKA W., POZNAŃSKI J., BAL W., DADLEZ M.

His6, His13, and His14 residues in A β 1–40 peptide significantly and specifically affect oligomeric equilibria.

Scientific Reports (2019) 9: 9449 (13 p.)

DOI: 10.1038/s41598-019-45988-1

IF 4.011

5830

WIŃSKA P., WIDŁO Ł., SKIERKA K., KRZYŚKO A., KORONKIEWICZ M., CIEŚLA J.M., CIEŚLA J., BRETNER M.

Simultaneous inhibition of protein kinase CK2 and dihydrofolate reductase results in synergistic effect on acute lymphoblastic leukemia cells.

Anticancer Research (2019) 39(7): 3531-3542

DOI:10.21873/anticanres.13499

IF 1.935

5831

WINIEWSKA-SZAJEWSKA M., PŁONKA D., ZHUKOV I., POZNAŃSKI J.

Rational drug-design approach supported with thermodynamic studies — a peptide leader for the efficient bi-substrate inhibitor of protein kinase CK2.

Scientific Reports (2019) 9: 11018 (13 p.)

DOI: 10.1038/s41598-019-47404-0

IF 4.011

5832

GIELNIK M., PIETRALIK Z., ZHUKOV I., SZYMAŃSKA A., KWIATEK W.M., KOZAK M.

PrP (58–93) peptide from unstructured N-terminal domain of human prion protein forms amyloid-like fibrillar structures in the presence of Zn²⁺ ions.

RSC Advances (2019) 9: 22211-22219

DOI: 10.1039/c9ra01510h

IF 3.049

5833

MIECZKOWSKI A., KIEROZALSKA A., BIAŁEK-PIETRAS M., GOSZCZYŃSKI T.M., JANCZAK S., OLEJNICZAK A.B., STUDZIŃSKA M., PARADOWSKA E., LEŚNIKOWSKI Z.J.

Comparative study of inorganic, boron-rich cluster and organic, phenyl adenosine modifications: synthesis and properties.

Future Medicinal Chemistry (2019) 11(11): 1267-1284

DOI: 10.4155/fmc-2018-0517

IF 3.617

5834

MOSTOWIK K., SIWEK J., KISIEL M., KOWALIK K., KRZYSIK M., PLENZLER J., RZONCA B.

Runoff trends in a changing climate in the Eastern Carpathians (Bieszczady Mountains, Poland).

Catena (2019) 182: 104174 (10 p.)

DOI: 10.1016/j.catena.2019.104174

IF 3.851

5835

PIEKUTOWSKA-ABRAMCZUK D., KALISZEWSKA M., SUŁEK A., JURKOWSKA N., OŁTARZEWSKI M., JABŁOŃSKA E., TRUBICKA J., GŁOWACKA A., CIARA E., KOWALSKI P., LANGIEWICZ-WOJCIECHOWSKA K., TESAROVA M., ZEMAN J., KIERDASZUK B., KUCZYŃSKI D., CHMIELEWSKI D., SZYMAŃSKA E., BAKUŁA A., ŁUSAKOWSKA A., LIPOWSKA M., BRODACKI B., PERA J., DOROBK M., RYDZANICZ M., PŁOSKI R., CHRZANOWSKA K.H., BARTNIK E., PLACHA G., KAMIŃSKA A., KOSTERA-PRUSZCZYK A., KRAJEWSKA-WALASEK M., TOŃSKA K., PRONICKA E.

The frequency of mitochondrial polymerase gamma related disorders in a large Polish population cohort.

Mitochondrion (2019) 47: 179-187

DOI: 10.1016/j.mito.2018.11.004

IF 3.449

5836

KOWAL K., ŚLĄSKA B., BOWNIK A., HORECKA B., GAWOR J., ŚMIECH A., TKACZYK A.

Analysis of mitochondrial genome from Labrador (*Canis lupus familiaris*) with mammary gland tumour reveals novel mutations and polymorphisms.

Annals of Animal Science (2019) 19(3): 619-632

DOI: 10.2478/aoas-2019-0027

IF 1.515

5837

PODLECKA-PIĘTOWSKA A., KACKA A., ZAKRZEWSKA-PNIEWSKA B., NOJSZEWSKA M., ZIEMIŃSKA E., CHALIMONIUK M., TOCZYŁOWSKA B.

Altered cerebrospinal fluid concentrations of hydrophobic and hydrophilic compounds in early stages of multiple sclerosis-metabolic profile analyses.

Journal of Molecular Neuroscience (2019) 69(1): 94-105

DOI: 10.1007/s12031-019-01336-6

IF 2.577

5838

PAWŁOWSKA J., OKRASIŃSKA A., KISŁO K., ALEKSANDRZAK-PIEKARCZYK T., SZATRAJ K., DOLATABADI S., MUSZEWSKA A.

Carbon assimilation profiles of mucoralean fungi show their metabolic versatility.

Scientific Reports (2019) 9(1): 11864 (8 p.)

DOI: 10.1038/s41598-019-48296-w.

IF 4.011

5839

SUROWIECKI P., ONYŚK A., MAŃKO K., ŚWIEŻEWSKA E., SURMACZ L.

Long-chain polyisoprenoids are synthesized by AtCPT1 in *Arabidopsis thaliana*.

Molecules (2019) 24(15): 2789 (14 p.)

DOI: 10.3390/molecules24152789

IF 3.060

5840

RUTOWICZ K., LIRSKI M., MERMAZ B., TEANO G., SCHUBERT J., MESTIRI I., KROTEŃ M.A., FABRICE T.N., FRITZ S., GROB S., RINGLI CH., CHERKEZYAN L., BARNECHE F., JERZMANOWSKI A., BAROUX C.

Linker histones are fine-scale chromatin architects modulating developmental decisions in *Arabidopsis*.

Genome Biology (2019) 20(1): 157 (22 p.)

DOI: 10.1186/s13059-019-1767-3

IF 14.028

5841

STANISZEWSKA A., KUNICKA-STYCZYŃSKA A., OTLEWSKA A., GAWOR J., GROMADKA R., ŻUCHNIEWICZ K., ZIEMIŃSKI K.

High-throughput sequencing approach in analysis of microbial communities colonizing natural gas pipelines.

MicrobiologyOpen (2019) 8(8): e00806 (9 p.)

DOI: 10.1002/mbo3.806

IF 2.738

5842

SZYMANIEC-RUTKOWSKA A., BUGAJSKA E., KASPEROWICZ S., MIECZKOWSKA K., MACIEJEWSKA A.M., POZNAŃSKI J.

Does the partial molar volume of a solute reflect the free energy of hydrophobic solvation?

Journal of Molecular Liquids (2019) 293: 111527

DOI: 10.1016/j.molliq.2019.111527

IF 4.561

5843

KULMA M., DADLEZ M., KWIATKOWSKA K.

Insight into the structural dynamics of the lysenin during prepore-to-pore transition using hydrogen-seuterium exchange mass spectrometry.

Toxins (2019) 11(8): 462 (24 p.)

DOI: 10.3390/toxins11080462

IF 3.895

5844

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

Searching for metabolic pathways of anaerobic digestion: A useful list of the key enzymes.

Chapter in: **Anaerobic Digestion**. Ed. J. Rajesh Banu, IntechOpen 2019;

ISBN 978-1-83881-850-0; (19p.)

DOI: 10.5772/intechopen.81256

IF-

5845

SZPILA M., WALEWSKA A., SABAT-POŚPIECH D., STRĄCZYŃSKA P., ISHIKAWA T., MILEWSKI R., SZCZEPAŃSKA K., AJDUK A.

Postovulatory ageing modifies sperm-induced Ca²⁺ oscillations in mouse oocytes through a conditions-dependent, multi-pathway mechanism.

Scientific Reports (2019) 9(1): 11859 (17 p.)

DOI: 10.1038/s41598-019-48281-3

IF 4.011

5846

SZUTKOWSKI K., SIKORSKA E., BAKANOVYCH I., CHOUDHURY A.R., PERDIH A., JURGA S., NOVIČ M., ZHUKOV I.

Structural analysis and dynamic processes of the transmembrane segment inside different micellar environments-implications for the TM4 fragment of the bilirubinoxidase protein.

International Journal of Molecular Sciences (2019) 20(17): 4172 (21 p.)

DOI: 10.3390/ijms20174172

IF 4.183

5847

LEBECKA R., KISTOWSKI M., DĘBSKI J., SZAJKO K., MURAWSKA Z., MARCZEWSKI W.

Quantitative proteomic analysis of differentially expressed proteins in tubers of potato plants differing in resistance to *Dickeya solani*.

Plant and Soil (2019) 441(1-2): 317-329

DOI: 10.1007/s11104-019-04125-7

IF 3.259

5848

PILŹYS T., MARCINKOWSKI M., KUKWA W., GARBICZ D., DYLEWSKA M., FERENC K., MIECZKOWSKI A., KUKWA A., MIGACZ E., WOŁOSZ D., MIELECKI D., KLUNGLAND A., PIWOWARSKI J., POZNAŃSKI J., GRZESIUK E.

ALKBH overexpression in head and neck cancer: potential target for novel anticancer therapy.

Scientific Reports (2019) 9:13249 (16 p.)

DOI: 10.1038/s41598-019-49550-x

IF 4.011

5849

GRZESIUK M., BEDNARSKA A., MIELECKI D., GARBICZ D., MARCINKOWSKI M., PILŹYS T., MALINOWSKA A., ŚWIDERSKA B., GRZESIUK E.

Anticancer agents found in environment affect *Daphnia* at population, individual and molecular levels.

Aquatic Toxicology (2019) 215: 105288 (9 p.)

DOI: 10.1016/j.aquatox.2019.105288

IF 3.794

5850

FORONCEWICZ B., MUCHA K., FLORCZAK M., SZYMAŃSKA A., CISZEK M., DURLIK M., GÓRSKI A., KIESZEK R., KOSIERADZKI M., NAZAREWSKI S., GAŁĄZKA Z., PĄCZEK L.

Long-term outcome of renal transplantation: a 10-year follow-up of 765 recipients.

Polish Archives of Internal Medicine (2019) 129(7-8): 476-483

DOI: 10.20452/pamw.14914

IF 2.882

5851

KAMIŃSKI M.A., SOBCZAK A., DZIEMBOWSKI A., LIPIŃSKI L.

Genomic analysis of γ -hexachlorocyclohexane-degrading *Sphingopyxis lindanitolerans* ws5a3p strain in the context of the pangenome of *Sphingopyxis*.

Genes (2019) 10(9): 688 (15 p.)

DOI: 10.3390/genes10090688

IF 3.331

5852

JAGIELSKI T., BAKUŁA Z., GAWOR J., MACISZEWSKI K., KUSBER W.-H., DYŁĄG M., NOWAKOWSKA J., GROMADKA R., KARNKOWSKA A.

The genus *Prototheca* (Trebouxiophyceae, Chlorophyta) revisited: implications from molecular taxonomic studies.

Algal Research (2019) 43: 101639 (19 p.)

DOI: 10.1016/j.algal.2019.101639

IF 3.723

5853

KOTRYS A.V., CYSEWSKI D., CZARNOMSKA S.D., PIETRAS Z., BOROWSKI Ł.S., DZIEMBOWSKI A., SZCZĘSNY R.J.

Quantitative proteomics revealed C6orf203/MTRES1 as a factor preventing stress-induced transcription deficiency in human mitochondria.

Nucleic Acids Research (2019) 47(14): 7502-7517

DOI: 10.1093/nar/gkz542

IF 11.147

5854

KOPEĆ K., PĘDZIWIATR M., GRONT D., SZTATELMAN O., SŁAWSKI J., ŁAZICKA M., WORCH R., ZAWADA K., MAKAROVA K., NYK M., GRZYB J.

Comparison of α -helix and β -sheet structure adaptation to aquantum dot geometry: toward the identification of an optimal motif for a protein nanoparticle cover.

ACS Omega (2019) 4(8): 13086-13099

DOI: 10.1021/acsomega.9b00505

IF 2.584

5855

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

Building machine-learning scoring functions for structure-based prediction of intermolecular binding affinity.

Chapter 1 in: **Docking Screens for Drug Discovery, Methods in Molecular Biology**, Ed. de Azevedo Jr. W., vol 2053; ISBN 978-1-4939-9751-0 [286 p.] 2019, p.1-12

DOI: 10.1007/978-1-4939-9752-7_1

5856

HRYNIEWIECKA E., ŻEGARSKA J., ŻOCHOWSKA D., SAMBOROWSKA E., JAŻWIEC R., KOSIERADZKI M., NAZAREWSKI S., DADLEZ M., PĄCZEK L.

Dose-adjusted and dose/kg-adjusted concentrations of mycophenolic acid precursors reflect metabolic ratios of their metabolites in contrast with tacrolimus and cyclosporine.

Bioscience Reports (2019) 39(9): BSR20182031 (7 p.)

DOI: 10.1042/BSR20182031

IF 2.535

5857

RADOM M., MACHNICKA M.A., KRZAWICZ J., BUJNICKI J.M., FORMANOWICZ P.

Petri net-based model of the human DNA base excision repair pathway.

PLOS ONE (2019) 14(9): e0217913 (26 p.)

DOI: 10.1371/journal.pone.0217913

IF 2.776

5858

GÓRECKA K.M., KREPL M., SZLACHCIC A., POZNAŃSKI J., ŠPONER J., NOWOTNY M.

RuvC uses dynamic probing of the Holliday junction to achieve sequence specificity and efficient resolution.

Nature Communications (2019) 10: 4102 (10 p.)

DOI: 10.1038/s41467-019-11900-8

IF 11.878

5859

GIENTKA I., ALEKSANDRZAK-PIEKARCZYK T., BZDUCHA-WRÓBEL A., SYNOWIEC A., BŁAŻEJAK S.

Deproteinized potato wastewater as a sustainable nitrogen source in *Trichosporon domesticum* yeast lipids biosynthesis—a concept of valorization of wastewater from starch industry.

Potato Research (2019) 62(3): 221-237

DOI: 10.1007/s11540-018-9408-x

IF 0.863

5860

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

Actinobacteria structure in autogenic, hydrogenic and lithogenic cultivated and non-cultivated soils: a culture-independent approach.

Agronomy-Basel (2019) 9: 598 (22 p.)

DOI: 10.3390/agronomy9100598

IF 2.259

5861

MAŁECKA K., ŚWIĘTOŃ E., VERWILST P., STACHYRA A., SIRKO A., DEHAEN W., RADECKI J., RADECKA H.

Ultrasensitive electrochemical genosensor for direct detection of specific RNA sequences derived from avian influenza viruses present in biological samples.

Acta Biochimica Polonica (2019) 66(3): 299-304

DOI: 10.18388/abp.2019_2774

IF 1.626

5862

POTOCKA M., KIDAWA A., PANASIUK A., BIELECKA L., WAWRZYNEK-BOREJKO J., PATUŁA W., WÓJCIK K.A., PLENZLER J., JANECKI T., BIALIK R.J.

The effect of glacier recession on benthic and pelagic communities: case study in Herve Cove, Antarctica.

Journal of Marine Science and Engineering (2019) 7(9): 285 (16 p.)

DOI: 10.3390/jmse7090285

IF 1.732

5863

SZTATELMAN O., KOPEĆ K., PĘDZIWIATR M., TROJNAR M., WORCH R., WIELGUS-KUTROWSKA B., JEMIOŁA-RZEMIŃSKA M., BZOWSKA A., GRZYB J.

Heterodimerizing helices as tools for nanoscale control of the organization of protein-protein and protein-quantum dots.

Biochimie (2019) 167: 93-105

DOI: 10.1016/j.biochi.2019.09.015

IF 3.362

5864

LOPEZ V.A., PARK B.C., NOWAK D., SREELATHA A., ZEMBEK P., FERNANDEZ J., SERVAGE K.A., GRADOWSKI M., HENNIG J., TOMCHICK D.R., PAWŁOWSKI K., KRZYMOWSKA M., TAGLIABRACCI V.S.

A bacterial effector mimics a host HSP90 client to undermine immunity.

Cell (2019) 179(1): 205-218

DOI: 10.1016/j.cell.2019.08.020

IF 36.216

5865

LUTZ T., FLODMAN K., COPELAS A., CZAPIŃSKA H., MABUCHI M., FOMENKOV A., HE X., BOCHTLER M., XU S-Y.

A protein architecture guided screen for modification dependent restriction endonucleases.

Nucleic Acids Research (2019) 47(18): 9761-9776

DOI: 10.1093/nar/gkz755

IF 11.147

5866

PAWŁOWSKI P.H.

The smooth evolution of the universal genetic code. Main episodes.

International Journal of Sciences (2019) 8: 28-51

DOI: 10.18483/ijSci.2180

IF -

5867

METERA A., DŁUSKA E., MARKOWSKA-RADOMSKA A., TUDEK B., KOSICKI K.

Surface functionalized emulsion for selective drugs transport.

Izvestiya Vysshikh Uchebnykh Zavedenii, Khimiya i Khimicheskaya Tekhnologiya (2019) 62(8): 113-119

DOI: 10.6060/ivkkt.20196208.5925

IF -

5868

JANIK A., NIEWIADOMSKA M., PERLIŃSKA-LENART U., LENART J., KOŁAKOWSKI D., SKORUPIŃSKA-TUDEK K., ŚWIEŻEWSKA E., KRUSZEWSKA J.S., PALAMARCZYK G.

Inhibition of dephosphorylation of dolichyl diphosphate alters the synthesis of dolichol and hinders protein *N*-glycosylation and morphological transitions in *Candida albicans*.

International Journal of Molecular Sciences (2019) 20(20): 5067 (19 p.)

DOI: 10.3390/ijms20205067

IF 4.183

5869

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

Candida albicans ; exploring glycosylation pathway in the search of targets for antimicrobial agents and yeast to hyphae transition.

Medical Research Archives (2019) 7(9): 11 p.

DOI: 10.18103/mra.v7i9.1968

IF -

5870

HU Z., GHOSH A., STOLZE S.C., HORVÁTH M., BAI B. SCHAEFER S., ZÜNDORF S., LIU S., HARZEN A., HAJHEIDARI M., SARNOWSKI T.J., NAKAGAMI H., KONCZ Z., KONCZ C.

Gene modification by fast-track recombineering for cellular localization and isolation of components of plant protein complexes.

The Plant Journal (2019) 100(2): 411-429

DOI: 10.1111/tpj.1445

IF 5.726

5871

MUCHA K., FORONCEWICZ B., DĘBSKA-ŚLIZIEŃ A., DURLIK M., GREŃDA R., HORBAN A., FIEDOR P., KRAJEWSKA M., KWIATKOWSKI A., LERUT J., MAŁYSZKO J., MAŁYSZKO J., PRZYBYŁOWSKI P., ZIENIEWICZ K., CISZEK M., KAMIŃSKA D., KOSIERADZKI M., PERKOWSKA-PTASIŃSKA A., CZERNIAWSKA J., DĘBORSKA D., KWIECIŃSKI R., KWAPISZ M., MOSZCZUK B., PĄCZEK L.

Specific issues in management of viral infections in transplant recipients.

Polish Archives of Internal Medicine (2019) 129 (special issue 3): 23-33

IF 2.882

5872

STEFANIAK E., BAL W.

Cu^{II} binding properties of N-truncated Aβ peptides: in search of biological function.

Inorganic Chemistry (2019) 58(20): 13561-13577

DOI: 10.1021/acs.inorgchem.9b01399

IF 4.850

5873

BARCZAK-BRZYŻEK A., BRZYŻEK G., KOTER M., GAWROŃSKI P., FILIPECKI M.

Exposure to high-intensity light systemically induces micro-transcriptomic changes in *Arabidopsis thaliana* roots.

International Journal of Molecular Sciences (2019) 20(20): 5131 (14 p.)

DOI: 10.3390/ijms20205131

IF 4.183

5874

MUCHA K., FORONCEWICZ B., DĘBSKA-ŚLIZIEŃ A., DURLIK M., GREŃDA R., HORBAN A., FIEDOR P., KRAJEWSKA M., KWIATKOWSKI A., LERUT J., MAŁYSZKO J., MAŁYSZKO J., PRZYBYŁOWSKI P., ZIENIEWICZ K., CISZEK M., KAMIŃSKA D., KOSIERADZKI M., PERKOWSKA-PTASIŃSKA A., CZERNIAWSKA J., DĘBORSKA D., KWIECIŃSKI R., KWAPISZ M., MOSZCZUK B., PĄCZEK L.

General overview of major viral infections.

Polish Archives of Internal Medicine - Polskie Archiwum Medycyny Wewnętrznej (2019) 129 (special issue 3): 7 - 22

IF 2.882

5875

MAKIEŁA-DZBEŃSKA K., MASŁOWSKA K.H., KUBAŃ W., GAWEŁ D., JONCZYK P., SCHAAPER R.M., FIJAŁKOWSKA I.J.

Replication fidelity in *E. coli*: Differential leading and lagging strand effects for dnaE antimutator alleles.

DNA Repair (2019) 83: 102643

DOI: 10.1016/j.dnarep.2019.102643

IF 3.711

5876

BRODACZEWSKA K.K., BIELECKA Z.F., MALISZEWSKA-OLEJNICZAK K., SZCZYLIK C., PORTA C., BARTNIK E., CZARNECKA A.M.

Metastatic renal cell carcinoma cells growing in 3D on poly-D-lysine or laminin present a stem-like phenotype and drug resistance.

Oncology Reports (2019) 42: 1878-1892

DOI: 10.3892/or.2019.7321

IF 3.041

5877

GÓRA-SOCHACKA A., WIĘSYK A., FOGTMAN A., LIRSKI M., ZAGÓRSKI-OSTOJA W.

Root transcriptomic analysis reveals global changes induced by systemic infection of *Solanum lycopersicum* with mild and severe variants of potato spindle tuber viroid.

Viruses (2019) 11(11): 992 (24 p.)

DOI:10.3390/v11110992

IF 3.811

5878

KUBÁŇ V., SRB P., ŠTEGNEROVÁ H., PADRTA P., ZACHRDLA M., JASEŇÁKOVÁ Z., SANDEROVÁ H., VÍTOVSKÁ D., KRÁSNÝ L., KOVAL T., DOHNÁLEK J., ZIEMSKA-LEGIECKA J., GRYNBERG M., JARNOT P., GRUCA A., JENSEN M.R., BLACKLEDGE M., ŽIDEK L.

Quantitative conformational analysis of functionally important electrostatic interactions in the intrinsically disordered region of delta subunit of bacterial RNA polymerase.

Journal of the American Chemical Society (2019) 141(42): 16817-16828

DOI: 10.1021/jacs.9b07837

IF 14.695

5879

BAŹLEKOWA-KARABAN M., PROROK P., BACONNAIS S., TAIPAKOVA S., AKISHEV Z.,

ZEMBRZUSKA D., POPOV A.V., ENDUTKIN A.V., GROISMAN R., ISHCENKO A.A.,

MATKARIMOV B.T., BISSINBAEV A., LE CAM E., ZHARKOV D.O., TUDEK B., SAPARBAEV M.

Mechanism of stimulation of DNA binding of the transcription factors by human apurinic/aprimidinic endonuclease 1, APE1.

DNA Repair (2019) 82: 102698 (18 p.)

DOI: 10.1016/j.dnarep.2019.102698

IF 3.711

5880

KOLBA M.D., DUDKA W., ZAREBA-KOZIOŁ M., KOMINEK A., RONCHI P., TUROS L., CHROŚCICKI P., WŁODARCZYK J., SCHWAB Y., KLEJMAN A., CYSEWSKI D., SRPAN K., DAVIS D.M., PIWOCKA K.

Tunneling nanotube-mediated intercellular vesicle and protein transfer in the stroma-provided imatinib resistance in chronic myeloid leukemia cells.

Cell Death and Disease (2019) 10: 817 (16 p.)

DOI: 10.1038/s41419-019-2045-8

IF 5.959

5881

BRODZIAK A., SOBCZUK P., BARTNIK E., FIEDOROWICZ M., PORTA C., SZCZYLIK C., CZARNECKA A.M.

Drug resistance in papillary RCC: from putative mechanisms to clinical practicalities.

Nature Reviews Urology (2019) 16(11): 655–673

DOI: 10.1038/s41585-019-0233-z

IF 9.333

5882

HERMANOWICZ P., BANAS A.K., SZTATELMAN O., GABRYŚ H., ŁABUZ J.
UV-B induces chloroplast movements in a phototropin-dependent manner.
Frontiers in Plant Science (2019) 10:1279 (13 p.)
DOI: 10.3389/fpls.2019.01279
IF 4.106

5883

ŁUBOWSKA N., GRYGORCEWICZ B., KOSZNIK-KWAŚNICKA K., ZAUSZKIEWICZ-PAWLAK A.,
WĘGRZYN A., DOŁĘGOWSKA B., PIECHOWICZ L.
Characterization of the three new Kayviruses and their lytic activity against multidrug-
resistant *Staphylococcus aureus*.
Microorganisms (2019) 7(10): 471 18 p.)
DOI: 10.3390/microorganisms7100471
IF 4.167

5884

MARHELAVA K., PILCH Z., BAJOR M., GRACZYK-JARZYŃKA A., ZAGOŹDŻON R.
Targeting negative and positive immune checkpoints with monoclonal antibodies in therapy of cancer.
Cancers (2019) 11(11): 1756 (21 p.)
DOI: 10.3390/cancers11111756
IF 6.162

5885

KAZIMIERCZYK M., JĘDROSZKOWIAK A., KOWALCZYKIEWICZ D., SZYMAŃSKI M.,
IMIOŁCZYK B., CIESIOŁKA J., WRZESIŃSKI J.
tRNA-derived fragments from the *Sus scrofa* tissues provide evidence of their conserved role in mammalian
development.
Biochemical and Biophysical Research Communications (2019) 520(3): 514-519
DOI: 10.1016/j.bbrc.2019.10.062
IF 2.705

5886

JANCEWICZ I., SIEDLECKI J.A., SARNOWSKI T.J., SARNOWSKA E.
BRM: the core ATPase subunit of SWI/SNF chromatin-remodelling complex-a tumour suppressor or
tumour-promoting factor?
Epigenetics & Chromatin (2019) 12(1): 68 (17 p.)
DOI: 10.1186/s13072-019-0315-4.
IF 4.185

5887

KAWAŁEK A., MODRZEJEWSKA M., ZIENIUK B., BARTOSIK A.A., JAGURA-BURDZY G.
Interaction of ArmZ with the DNA-binding domain of MexZ induces expression of mexXY multidrug efflux
pump genes and antimicrobial resistance in *Pseudomonas aeruginosa*.
Antimicrobial Agents and Chemotherapy (2019) 63(12): e01199-19 (16 p.)
DOI: 10.1128/AAC.01199-19
IF 4.715

5888

CARLOTTO S., BONNA A., BOSSAK-AHMAD K., BAL W., PORCHIA M., CASARIN M., TISATO F.
Coordinative unsaturated Cu^I entities are crucial intermediates governing cell internalization of copper. A
combined experimental ESI-MS and DFT study.
Metallomics (2019) 11(11): 1800-1804
DOI: 10.1039/c9mt00236g
IF 3.571

5889

BOGUSŁAWSKA J., POPLAWSKI P., ALSEEKH S., KOBLOWSKA M., IWANICKA-NOWICKA R., RYBICKA B., KĘDZIERSKA H., GŁUCHOWSKA K., HANUSEK K., TAŃSKI Z., FERNIE A.R., PIEKIEŁKO-WITKOWSKA A.

MicroRNA-mediated metabolic reprogramming in renal cancer.

Cancers (2019) 11(12): 1825 (21 p.)

DOI: 10.3390/cancers11121825

IF 6.162

5890

KASPRZYCKA P., ARCHACKA K., KOWALSKI K., MIERZEJEWSKI B., ZIMOWSKA M., GRABOWSKA I., PIOTROWSKI M., RAFAŁKO M., RYŻKO A., IRHASHAVA A., SENDEROWSKI K., GOŁĄBEK M., STREMIŃSKA W., JAŃCZYK-ILACH K., KOBLOWSKA M., IWANICKA-NOWICKA R., FOGTMAN A., JANOWSKI M., WALCZAK P., CIEMERYCH M.A., BRZOSKA E.

The factors present in regenerating muscles impact bone marrow-derived mesenchymal stromal/stem cell fusion with myoblasts.

Stem Cell Research & Therapy (2019) 10: 343 (17 p.)

DOI: 10.1186/s13287-019-1444-1

IF 4.627

5891

GASTALDO C., LIPKO A., MOTSCH E., ADAM P., SCHAEFFER P., ROHMER M.

Biosynthesis of isoprene units in *Euphorbia lathyris* laticifers vs. other tissues: MVA and MEP pathways, compartmentation and putative endophytic fungi contribution.

Molecules (2019) 24(23): E4322 (21 p.)

DOI: 10.3390/molecules24234322

IF 3.060

5892

ONYSZKIEWICZ M., GAWRYŚ-KOPCZYŃSKA M., KONOPELSKI P., ALEKSANDROWICZ M., SAWICKA A., KOŹNIEWSKA E., SAMBOROWSKA E., UFNAL M.

Butyric acid, a gut bacteria metabolite, lowers arterial blood pressure via colon-vagus nerve signaling and GPR41/43 receptors.

Pflügers Archiv: European Journal of Physiology (2019) 471 (11-12): 1441-1453

DOI: 10.1007/s00424-019-02322-y

IF 3.377

5893

SLYVKA A., ZAGORSKAITE E., CZAPIŃSKA H., SASNAUSKAS G., BOCHTLER M.

Crystal structure of the EcoKMcrA N-terminal domain (NEco): recognition of modified cytosine bases without flipping.

Nucleic Acids Research (2019) 47(22): 11943-11955

DOI: 10.1093/nar/gkz1017

IF 11.147

5894

DŁUSKA E., METERA A., MARKOWSKA-RADOMSKA A., TUDEK B.

Effective cryopreservation and recovery of living cells encapsulated in multiple emulsions.

Biopreservation and Biobanking (2019) 17(5): 468-476

DOI: 10.1089/bio.2018.0134

IF 1.362

5895

TØRRESEN O.K., STAR B., MIER P., ANDRADE-NAVARRO M.A., BATEMAN A., JARNOT P., GRUCA A., GRYNBERG M., KAJAVA A.V., PROMPONAS V.J., ANISIMOVA M., JAKOBSEN K.S., LINKE D.

Tandem repeats lead to sequence assembly errors and impose multi-level challenges for genome and protein databases.

Nucleic Acids Research (2019) 47(21): 10994-11006

DOI: 10.1093/nar/gkz841

IF 11.147

5896

HINKE J.T., SANTOS M.A., KORCZAK-ABSHIRE M., MILINEVSKY G., WATTERS G.M.

Individual variation in migratory movements of chinstrap penguins leads to widespread occupancy of ice-free winter habitats over the continental shelf and deep ocean basins of the Southern Ocean.

PLOS ONE (2019) 14(12): e0226207 (19 p.)

DOI: 10.1371/journal.pone.0226207

IF 2.776

5897

PUSHIE M.J., STEFANIAK E., SENDZIK M.R., SOKARAS D., KROLL T., HAAS K.L.

Using N-terminal coordination of Cu(II) and Ni(II) to isolate the coordination environment of Cu(I) and Cu(II) bound to His13 and His14 in amyloid- β (4–16).

Inorganic Chemistry (2019) 58(22): 15138-15154

DOI: 10.1021/acs.inorgchem.9b01940

IF 4.850

5898

MARSZALEK I., GOCH W., BAL W.

Ternary Zn(II) complexes of fluorescent zinc probes zinpyr-1 and zinbo-5 with the low molecular weight component of exchangeable cellular zinc pool.

Inorganic Chemistry (2019) 58(21): 14741-14751

DOI: 10.1021/acs.inorgchem.9b02419

IF 4.850

5899

KORYSZEWSKA-BAGIŃSKA A., GAWOR J., NOWAK A., GRYNBERG M., ALEKSANDRZAK-PIEKARCZYK T.

Comparative genomics and functional analysis of a highly adhesive dairy *Lactobacillus paracasei* subsp. *paracasei* IBB3423 strain.

Applied Microbiology and Biotechnology (2019) 103(18): 7617-7634

DOI: 10.1007/s00253-019-10010-1

IF 3.670

5900

SIKORA A., DETMAN A., CHOJNACKA A., MIELECKI D.

Selected issues of anaerobic digestion based on the studies on hydrogen- and methane yielding bioreactors.

Eco-Energetics: technologies, environment, law and economy (2019) 2: 129-134

DOI: 10.24426/eco-energetics.v2i2.118

IF-

5901

WALSH E., HENRIKUS S.S. VAISMAN A., MAKIEŁA-DZBEŃSKA K., ARMSTRONG T. J., ŁAZOWSKI K., MCDONALD J.P., GOODMAN M.F. van OIJEN A.M., JONCZYK P., FIJAŁKOWSKA I.J., ROBINSON A.R., WOODGATE R.

Role of RNase H enzymes in maintaining genome stability in *Escherichia coli* expressing a steric-gate mutant of pol V_{ICE391}.

DNA Repair (2019) 84: 102685

DOI: 10.1016/j.dnarep.2019.102685

IF 3.711

5902

PAWŁOWSKI P.H., SZCZĘSNY P., REMPOŁA B., POZNAŃSKA A., POZNAŃSKI J.

Combined *in silico* and ¹⁹F NMR analysis of 5-fluorouracil metabolism in yeast at low ATP conditions.

Bioscience Reports (2019) 39(12): BSR20192847 (16 p.)

DOI: 10.1042/BSR20192847

IF 2.535

5903

WÓJCIK K.A., BIALIK R.J., OSIŃSKA M., FIGIELSKI M.

Investigation of sediment-rich glacial meltwater plumes using a high-resolution multispectral sensor mounted on an unmanned aerial vehicle.

Water (2019) 11(11): 2405 (21 p.)

DOI: 10.3390/w11112405

IF 2.524

5904

GAWEŁ A.M., GODLEWSKA M., GRECH-BARAN M., STACHURSKA A., GAWEŁ D.

MIX2: a novel natural multi-component modulator of multidrug-resistance and hallmarks of cancer cells.

Nutrition and Cancer (2019) 71(2): 334-347

DOI: 10.1080/01635581.2018.1560480

IF 2.029

5905

JĘDRYCHOWSKA M., DENKIEWICZ-KRUK M., ALABRUDZIŃSKA M., SKONECZNA A.,

JONCZYK P., DMOWSKI M., FIJAŁKOWSKA I.J.

Defects in the GINS complex increase the instability of repetitive sequences via a recombination-dependent mechanism.

PLOS Genetics (2019) 15(12): e1008494 (31 p.)

DOI: 10.1371/journal.pgen.1008494

IF 5.224

5906

KODROŃ A., HAJIEVA P., KULICKA A., PATERCZYK B., JANKAUSKAITĖ E., BARTNIK E.,

Analysis of BNIP3 and BNIP3L/Nix expression in cybrid cell lines harboring two LHON-associated mutations.

Acta Biochimica Polonica (2019) 66(4): 427-435

DOI: 10.18388/abp.2019_2837

IF 1.626

5907

VERMA M., CHOI J., COTTRELL K.A., LAVAGNINO Z., THOMAS E.N., PAVLOVIC-DJURANOVIC S.,

SZCZĘSNY P., PISTON D.W., ZAHER H.S., PUGLISI J.D., DJURANOVIC S.

A short translational ramp determines the efficiency of protein synthesis.

Nature Communications (2019) 10: 5774 (15 p.)

DOI: 10.1038/s41467-019-13810-1

IF 11.878

5908

LICHANCOVÁ H., HODOROVÁ V., SIENKIEWICZ K., PENIR S.M.U., AFANASYEV P., BOCECK D., BONNIN S., HAKOBYAN S., KRAWCZYK P.S., SMYCZYNSKA U., ZHIVKOPLIAS E., ZLATOHURSKA M., ODRZYWOLSKI A., TRALLE E., FROLOVA A., PRYSZCZ L.P., BREJOVÁ B., VINAŘ T. NOSEK J.

Genome sequence of flavor-producing yeast *Saprochaete suaveolens* NRRL Y-17571.

Microbiology Resource Announcements (2019) 8(9): e00094-19 (3 p.)

DOI: 10.1128/MRA.00094-19

IF -

5909

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

Role of *orf73* in the development of lambdoid bacteriophages during infection of the *Escherichia coli* host.

Acta Biochimica Polonica (2019): 66(4): 589-596

DOI: 10.18388/abp.2019_2886

IF 1.626

5910

MOYSA A., DIETMAR H., SZCZEPANOWSKI R.H., SOBOTT F., DADLEZ M.

Enhanced oligomerization of full-length RAGE by synergy of the interaction of its domains.

Scientific Reports (2019) 9: 20332 (15 p.)

DOI: 10.1038/s41598-019-56993-9

IF 4.011

5911

POKRZYWA A., AMBROZIAK U., FORONCEWICZ B., MACECH M., PĄCZEK L., FLORCZAK M., MUCHA K., BEDNARCZUK T.,

Detecting adrenal insufficiency in patients with immunoglobulin A nephropathy, lupus nephritis, and transplant recipients qualified for glucocorticoid withdrawal.

Polish Archives of Internal Medicine (2019) 129(12): 874-882

DOI: 10.20452/pamw.15091

IF 2.882

ABSTRAKTY 2019

4580/A

ANTONIUK-MAJCHRZAK J., KRÓL K., SKONECZNY M., SIENKO M., JĘDRYSEK J., RUMIENČZYK I., HAŁAS A., KURLANDZKA A., SKONECZNA A.

Lack of G1/S control in *swi6Δ* mutants destabilizes the budding yeast genome through replication stress-induced DSBs and Rad5 1p-mediated illegitimate recombination.

DNA Replication and Genome Instability: From Mechanism to Disease, Snowbird, USA, 13-17 January 2019

Abstracts, poster 1007

4581/A

LUDWICZAK J., KOZAK M., SZUTKOWSKI K., ZHUKOV I.

Changes in secondary structure of human prion protein peptide 30-90 under the influence of selected dicationic and anionic surfactants.

63rd Annual Meeting of the Biophysical Society, Baltimore, USA, 2-6 March 2019

Biophysical Journal 2019 116(3): 425a 2099-Pos

4582/A

CHMIELEWSKA-JEZNACH M., BARDOWSKI J.K., SZCZEPANKOWSKA A.K.

Microbiological and molecular characteristics of 936-type lactococcal bacteriophages infecting the dairy environment.

Bacell Meeting, Ljubljana, Slovenia, 9-10 April 2019

Program and Abstract Book P8, p.61

4583/A

KOPACZ A., KLÓSKA D., CYSEWSKI D., PERSONNIC N., DULAK J., JÓZKOWICZ A., GROCHOT-PRZĘCZEK A.

Keap-1-dependent interplay between S-nitrosylation and protein aggregation in ageing endothelium.

3rd Joint Meeting of the European-Society-for-Microcirculation (ESM) and the European-Vascular-Biology-Organization (EVBO), Maastricht, the Netherlands, 15-18 April 2019

Journal of Vascular Research (2019) 56(suppl. 1): 65

4584/A

BURZYŃSKA B.

Badania genetyczne rzadkich chorób krwinek czerwonych.

Dzień Chorób Rzadkich: Diagnostyka, Leczenie i Opieka, Warszawa 28 luty 2019

Abstrakty BS

4585/A

TARNOWSKI L., BRZYWCZY J., WAWRZYŃSKA A., SIRKO A.

Selective autophagy receptor NBR1 from *Arabidopsis thaliana* controls a part of plant response to sulfur deficit.

3rd Nordic Autophagy Society (NAS) Conference, Utrecht, the Netherlands, 22-24 May 2019

Abstracts B24 p.66

4586/A

KILISZEK M., MACIAK K., MACIEJAK A., KRZYŻANOWSKI K., GÓRA M., BURZYŃSKA B., SKROBOWSKI A.

MicroRNA as a predictor of successful atrial fibrillation ablation.

The Annual Congress of the European Heart Rhythm Association, Lisbon, Portugal, 17-19 March 2019

Final Programme P385

4587/A

FATALSKA A., DADLEZ M., GLOVER D.M.

HDX- MS of centriolar protein complex: dmGorab-Sas6.

2nd International Conference on HDX-MS, Banff, Canada, 21-24 May 2019

Final Program, Poster Presentation 28, p.87

4588/A

DĄBROWSKA K., GROCHOWINA I., JELEŃ M., DUTKIEWICZ R., CYSEWSKI D., MARSZAŁEK J., DADLEZ M.

Structural studies of chaperone/cochaperone/scaffold complex (SSQ1/ISU1/JAC1) using HR-HDX-MS, protein cross-linking and molecular modeling.

2nd International Conference on HDX-MS, Banff, Canada, 21-24 May 2019

Final Program, Poster Presentation 56, p.115

4589/A

CYSEWSKI D., BADACZEWSKA-DAWID A., PUCHAŁA W., BURDUKIEWICZ M., KISTOWSKI M., DĄBROWSKA K., DADLEZ M.

Refinement of an algorithm for High-Resolution HDX-MS data analysis, and implementation for protein modeling in SURPASS algorithm combined with HaDeX - online software for HDX data representation.

2nd International Conference on HDX-MS, Banff, Canada, 21-24 May 2019

Final Program, Poster Presentation 57, p.116

4590/A

FATALSKA A., RICHTER M.M., KOVACS L., DADLEZ M., GLOVER D.M.

Structural studies of the centriolar protein complex (Gorab-Sas6) using Hydrogen-Deuterium Exchange monitored by mass spectrometry (HDX-MS).

5th International Conference of Cell Biology, Kraków, Poland, 10-12 May 2019

Book of Abstracts, Oral Presentation, p.37

4591/A

KOTECKA K., KAWAŁEK A., BARTOSIK A.A.

Characterization of transcriptional regulator PA3458 from *Pseudomonas aeruginosa*.

8th Congress of European Microbiologists, Glasgow, Scotland, 7-11 July 2019

Abstract Book PT334, p.1050

4592/A

MODRZEJEWSKA M., KAWAŁEK A., BARTOSIK A.A.

Studies on PA2121 - a LysR-type transcriptional regulator from *Pseudomonas aeruginosa*.

8th Congress of European Microbiologists, Glasgow, Scotland, 7-11 July 2019

Abstract Book PT304, p.1020

4593/A

MITURA M., LEWICKA E., JAGURA-BURDZY G.

Alpha-helical KfrC protein is a linker between relaxosome and active partitioning complexes in RA3 plasmid from IncU group.

8th Congress of European Microbiologists, Glasgow, Scotland, 7-11 July 2019

Abstract Book PT222, p.935

4594/A

KERN-ZDANOWICZ I., DMOWSKI M.

Construction of an antibacterial tool based on mobilization by the conjugative system of the IncM plasmid pCTX-M3.

8th Congress of European Microbiologists, Glasgow, Scotland, 7-11 July 2019

Abstract Book PT376, p. 1091

4595/A

KLIM J., WALTER T., JURKOWSKI M., SŁODOWNIK M., ZIELENKIEWICZ U.
Acinetobacter lwoffii - environmental strain with unusual characteristics.
8th Congress of European Microbiologists, Glasgow, Scotland, 7-11 July 2019
Abstract Book PW063, p. 1196

4596/A

GRYZ E., PERLIŃSKA-LENART U., PIŁSYK S., LIPKO A., ŚWIEŻEWSKA E., KRUSZEWSKA J.S.
Characterization of Trichoderma dfg10 deletion mutant altered in dolichol saturation.
8th Congress of European Microbiologists, Glasgow, Scotland, 7-11 July 2019
Abstract Book PW470, p. 1606

4597/A

KOSZNIK-KWAŚNICKA K., GRABOWSKI Ł., NOWAK-ZALESKA A., JURCZAK-KUREK A.,
NECEL A., DYDECKA A., WĘGRZYN A.
Antibiotic resistance of bacetria responsible for foodborne diseases derived from poultry farms with different
levels of antibiotics use.
8th Congress of European Microbiologists, Glasgow, Scotland, 7-11 July 2019
Abstract Book PW167, p. 1301

4598/A

GUTKOWSKA M., ROJEK J., ZAJBT-ŁUCZNIEWSKA M., LICHOCKA M., ONYŚK A., RAMESH V.,
SOJKA M., SPOLNIK G., ŚWIEŻEWSKA E.
Rab vesicular transport downturn and sterol biosynthesis disorder have opposite effects on Arabidopsis
shoot, flower and ovule development.
XV Cell Wall Meeting, Cambridge, United Kingdom, 7-12 July 2019
Abstract Book P166, p. 296

4599/A

FEDEROWICZ M., McINTYRE J., ŚLEDZIEWSKA-GÓJSKA E.
Randka w ciemno z polimerazą jota, kandydat nr 1 - RNF2.
V edycja Kuźni Młodych Talentów Akademii Młodych Uczonych PAN, Jabłonna, 2-5 lipca 2019
Abstrakty BS

4600/A

CIEPLAK-ROTOWSKA M.K., STELMACHOWSKA A., FABIAN M.R., TARNOWSKI K., DADLEZ M.,
SONENBERG N., NIEDŹWIECKA A.
HDX MS and pull -down analysis reveal the competition between human GW182 and tristetraprolin for
binding to CNOT1.
Joint 12th EBSA European Biophysics Congress / 10th IUPAP International Conference on Biological Physics
(ICBP), Madrid, Spain, 20-24 July 2019
European Biophysics Journal with Biophysics Letters (2019) 48 (Suppl 1): S150, P-286

4601/A

SARNOWSKA E., ĆWIEK P., SACHAROWSKI S.P., KUBALA S., STECIUK J., HUETTEL B., CIEŚLA M.,
NOWICKA K., MAASSEN A., KONDRAK P., JANCEWICZ I., ROLICKA A.T., ALSEEKH S., BUCIOR E.,
FRANZEN R., KLEPACZ A., DOMAGALSKA M.A., AMAR S., SIEDLECKI J.A., FERNIE A.R., DAVIS S.J.,
SARNOWSKI T.J.
Nuclear function of Arabidopsis ERECTA family leucine-rich repeat receptor like kinases (LRR-RLKs).
The 44th FEBS Congress, Kraków, Poland, 6-11 July 2019
FEBS Open Bio (2019) 9 (supplement 1): LB-06-05

4602/A

JURKIEWICZ A., GRACZYK D.

tRNA transcription regulation in LPS-activated macrophages.

The 44th FEBS Congress, Kraków, Poland, 6-11 July 2019

FEBS Open Bio (2019) 9 (supplement 1): LB-09-02

4603/A

MACIAK K., ADAMOWICZ-SALACH A., SIWICKA A., POZNAŃSKI J., GÓRA M., BURZYŃSKA B.

The c.1495 T>>C and c.1529 G>>A mutations of the red blood cell pyruvate kinase gene are responsible for life-threatening hereditary chronic anemia.

The 44th FEBS Congress, Kraków, Poland, 6-11 July 2019

FEBS Open Bio (2019) 9 (supplement 1): LB-18-02

4604/A

ĆWIEK P., KUBALA S., JAGIELSKA B., LESZCZYŃSKI M., SZYMAŃSKI M., RUSETSKA N., JANCEWICZ I., STECIUK J., MAASSEN A., OKSIŃSKA P., SZARKOWSKA J., STACHOWIAK M., DURZYŃSKA M., CHMIELIK E., PAUL P., ROLICKA A.T., BUCIOR E., KOSIOR J., BALCERAK A., CHRZAN A., ARAÚJO W.L., ALSEEKH S., DEMKOW T., RUTKOWSKI T., FERNIE A.R., SIEDLECKI J.A., SARNOWSKA E., SARNOWSKI T.J.

Chromatin remodeling, mRNA splicing and metabolism-separate processes or precise control system.

The 44th FEBS Congress, Kraków, Poland, 6-11 July 2019

FEBS Open Bio (2019) 9 (supplement 1): LB-35-06

4605/A

ĆWIEK P., SARNOWSKA E., KUBALA S., FERNIE A.R., KONCZ C., SIEDLECKI J.A., SARNOWSKI T.J.

New insights into nuclear function of evolutionarily conserved TOR kinsases.

The 44th FEBS Congress, Kraków, Poland, 6-11 July 2019

FEBS Open Bio (2019) 9 (supplement 1): LB-37-02

4606/A

GRATKOWSKA-ŻMUDA DOMINIKA M., KUBALA S., SACHAROWSKI S.P., SARNOWSKA E., ĆWIEK P., KONDRAC P., STECIUK J., ZABOROWSKA M., ROLICKA A.T., BUCIOR E., MAASSEN A., FRANZEN R., KONCZ C., SARNOWSKI T.J.

The SWI/SNF ATP-dependent chromatin remodelling complex in Arabidopsis responds to environmental changes in temperature-dependent manner.

The 44th FEBS Congress, Kraków, Poland, 6-11 July 2019

FEBS Open Bio (2019) 9 (supplement 1): LB-37-04

4607/A

KUBALA S., ZABOROWSKA M., KONDRAC P., ĆWIEK P., SACHAROWSKI S.P., ROLICKA A.T., SARNOWSKA E., KONCZ C., SARNOWSKI T.J.

Identification of evolutionary conserved functional interdependence between SWI/SNF-dependent chromatin remodeling and alternative splicing in Arabidopsis.

The 44th FEBS Congress, Kraków, Poland, 6-11 July 2019

FEBS Open Bio (2019) 9 (supplement 1): LB-37-05

4608/A

FEDOROWICZ M., ŚLEDZIEWSKA-GÓJSKA E., McINTYRE J.

RNF2- a candidate ligase responsible for human polymerase iota ubiquitination.

The 44th FEBS Congress, Kraków, Poland, 6-11 July 2019

FEBS Open Bio (2019) 9 (supplement 1): LB-41-05

4609/A

KOBYŁECKI K., KUCHTA K., DZIEMBOWSKI A., GINALSKI K., TOMECKI R.

Biochemical and structural bioinformatics studies of fungal CutA nucleotidyltransferases explain their unusual specificity towards CTP.

The 44th FEBS Congress, Kraków, Poland, 6-11 July 2019

FEBS Open Bio (2019) 9 (supplement 1): P-05-005

4610/A

TAUBE M., ZHUKOV I., SZUTKOWSKI K., JARMOŁOWSKI A., SZWEYKOWSKA-KULIŃSKA Z., KOZAK M.

Structural and biophysical studies of the plant m6A methyltransferase complex.

The 44th FEBS Congress, Kraków, Poland, 6-11 July 2019

FEBS Open Bio (2019) 9 (supplement 1): P-05-006

4611/A

JABŁOŃSKA J., GROCHOWSKI M., ŁABĘDZKA-DMOCH K., GOLIK P., SZCZĘSNY R.J.

Defects in cytochrome c oxidase biogenesis negatively affects the activity of complex III respiratory chain.

The 44th FEBS Congress, Kraków, Poland, 6-11 July 2019

FEBS Open Bio (2019) 9 (supplement 1): P-07-017

4612/A

WIŚNIEWSKA M., KUBERSKA R., ŚLEDZIEWSKA-GÓJSKA E., KANIAK-GOLIK A.

How does the activated Mec1/Tel1/Rad53/Dun1 pathway control the mitochondrial DNA stability?

The 44th FEBS Congress, Kraków, Poland, 6-11 July 2019

FEBS Open Bio (2019) 9 (supplement 1): P-07-029

4613/A

STROYNOWSKA-CZERWIŃSKA A., RAWŁUSZKO-WIECZOREK A., PASTOR M.,

SCHUHMACHER M., JELTSCH A., BOCHTLER M.

Multiple PHD domains of mixed lineage leukaemia protein (MLL1/KMT2A) target active chromatin regions.

The 44th FEBS Congress, Kraków, Poland, 6-11 July 2019

FEBS Open Bio (2019) 9 (supplement 1): P-08-011

4614/A

JĘDRYCHOWSKA M., ALABRUDZIŃSKA M., DMOWSKI M., DENKIEWICZ-KRUK M., JONCZYK P., FIJAŁKOWSKA I.J.

CMGE complex influences the stability of repetitive DNA sequences in yeast cells.

The 44th FEBS Congress, Kraków, Poland, 6-11 July 2019

FEBS Open Bio (2019) 9 (supplement 1): P-10-003

4615/A

DMOWSKI M., JĘDRYCHOWSKA M., TALAREK N., JONCZYK P., SCHWOB E., FIJAŁKOWSKA I.J.

The non-catalytic components of the CMGE complex and their influence on genome stability.

The 44th FEBS Congress, Kraków, Poland, 6-11 July 2019

FEBS Open Bio (2019) 9 (supplement 1): P-10-013

4616/A

KOTRYS A.V., CYSEWSKI D., CZARNOMSKA S.D., PIETRAS Z., BOROWSKI Ł.S., DZIEMBOWSKI A., SZCZĘSNY R.J.

Quantitative proteomic screen revealed MTRES as a factor preventing stress-induced transcription deficiency in human mitochondria.

The 44th FEBS Congress, Kraków, Poland, 6-11 July 2019

FEBS Open Bio (2019) 9 (supplement 1): P-16-001

4617/A

JĘDROSZKOWIAK A., DZIEMBOWSKI A., SZCZĘSNY R.J.

Identification of novel RNA-binding proteins in human mitochondria with focus on poly(A)-binding proteins.

The 44th FEBS Congress, Kraków, Poland, 6-11 July 2019

FEBS Open Bio (2019) 9 (supplement 1): P-16-003

4618/A

WRÓBEL K., SZCZĘSNY R.J., CHLEBOWSKI A., AFFEK K., DZIEMBOWSKI A.

Searching for functional interactors of XRN2 in human cells.

The 44th FEBS Congress, Kraków, Poland, 6-11 July 2019

FEBS Open Bio (2019) 9 (supplement 1): P-16-009

4619/A

SOCZEWKA P., TRIBOUILLARD-TANVIER D., DI RAGO J.-P., KAMIŃSKA J., ŻOŁĄDEK T.

Using yeast chorea-acanthocytosis model for drug screening.

The 44th FEBS Congress, Kraków, Poland, 6-11 July 2019

FEBS Open Bio (2019) 9 (supplement 1): P-18-001

4620/A

JARDANOWSKA M., MOZOLEWSKA M.A., MACHNICKA M.A., DZIEDZIC A., WILCZYŃSKI B., DĄBROWSKI M.J.

Analysis of transcription factor motifs discovered in glioma grade-specific enhancers.

The 44th FEBS Congress, Kraków, Poland, 6-11 July 2019

FEBS Open Bio (2019) 9 (supplement 1): P-19-008

4621/A

ZARYCHTA-WIŚNIEWSKA W., GALA K., BURDZIŃSKA A., ZIELNIOK K., SIENNICKA K., PĘDZISZ P., AKSAMIT A., PĄCZEK L.

The impact of the mesenchymal stromal cells origin on their tenogenic potential.

The 44th FEBS Congress, Kraków, Poland, 6-11 July 2019

FEBS Open Bio (2019) 9 (supplement 1): P-25-022

4622/A

POLAKOWSKA M., WYSŁOUCH-CIESZYŃSKA A.

Proteoforms of human S100A8 and S100A9 – a differential HDex-MS study.

The 44th FEBS Congress, Kraków, Poland, 6-11 July 2019

FEBS Open Bio (2019) 9 (supplement 1): P-27-084

4623/A

ZHUKOV I., SZYMAŃSKA A., JURCZAK P., BAL W., KOZAK M.

Structural analysis and molecular dynamic processes in the human cystatin C at presence of human serum albumin (HSA) by means NMR spectroscopy.

The 44th FEBS Congress, Kraków, Poland, 6-11 July 2019

FEBS Open Bio (2019) 9 (supplement 1): P-27-098

4624/A

JEDYNAK M., SUZUKI T., CHARNEAU J., PODSIADŁA-BIAŁOSKÓRSKA M., CHROBOCZEK J., NAKATSURA T., SZOŁAJSKA E.

Structural modifications of adenoviral dodecahedron virus-like particle provide a universal platform for tumor-associated antigen delivery.

The 44th FEBS Congress, Kraków, Poland, 6-11 July 2019

FEBS Open Bio (2019) 9 (supplement 1): P-36-043

4625/A

ZIĘCINA M., DRABIŃSKA J., KRASZEWSKA E.

Deciphering the role of the *Pseudomonas aeruginosa* PA4400 Nudix protein in various metabolic pathways.
The 44th FEBS Congress, Kraków, Poland, 6-11 July 2019

FEBS Open Bio (2019) 9 (supplement 1): P-41-034

4626/A

SZYMANIEC-RUTKOWSKA A., BUGAJSKA E., KASPEROWICZ S., MIECZKOWSKA K.,
MACIEJEWSKA A.M., POZNAŃSKI J.

Physicochemical characterisation of ligands of human protein kinase CK2– a tool to assess thermodynamic contribution of a halogen bond.

The 44th FEBS Congress, Kraków, Poland, 6-11 July 2019

FEBS Open Bio (2019) 9 (supplement 1): P-41-048

4627/A

BUGAJSKA E., SZYMANIEC-RUTKOWSKA A., POZNAŃSKI J.

Effect of the host molecule on the guest activity. Binding of halogenated benzotriazoles to the catalytic subunit of human protein kinase CK2 in the presence of cyclodextrin.

The 44th FEBS Congress, Kraków, Poland, 6-11 July 2019

FEBS Open Bio (2019) 9 (supplement 1): P-41-049

4628/A

STEFANIUK A., SZYMANIEC-RUTKOWSKA A., POZNAŃSKI J.

Does the ionic state of the solute affect organization of the solvation shell? Study of the pH – dependence of experimentally measured partial molar volume of 1H – Benzotriazole.

The 44th FEBS Congress, Kraków, Poland, 6-11 July 2019

FEBS Open Bio (2019) 9 (supplement 1): P-41-050

4629/A

KASPEROWICZ S., BUGAJSKA E., POZNAŃSKI J., MIECZKOWSKA K.

Heterogeneously halogenated benzotriazoles: promising inhibitors of protein kinase CK2.

The 44th FEBS Congress, Kraków, Poland, 6-11 July 2019

FEBS Open Bio (2019) 9 (supplement 1): P-41-051

4630/A

ŚWIEŻEWSKI S.

Antisense transcription in plants.

The 44th FEBS Congress, Kraków, Poland, 6-11 July 2019

FEBS Open Bio (2019) 9 (supplement 1): S-09-2

4631/A

DZIEMBOWSKI A.

Regulation of gene expression by non-canonical poly(A) and poly(U) polymerases.

The 44th FEBS Congress, Kraków, Poland, 6-11 July 2019

FEBS Open Bio (2019) 9 (supplement 1): S-16-2

4632/A

BOROWSKI Ł.S., CHLEBOWSKI A., PIETRAS Z., OWCZAREK E.P., AFFEK K., KOTRYS A.V., DHIR A.,
PROUDFOOT N.J., DZIEMBOWSKI A., SZCZĘSNY R.J.

RNAi screen revealed mitochondrial RNA degrading and processing enzymes as factors controlling human mitochondrial double-stranded RNA, a potent trigger of inappropriate interferon response.

The 44th FEBS Congress, Kraków, Poland, 6-11 July 2019

FEBS Open Bio (2019) 9 (supplement 1): ShT-07-2

4633/A

SLYVKA A., OŁĘDZKI J., SKOWRONEK K., DADLEZ M., BOCHTLER M.
Oxidized pyrimidine 2'-deoxynucleosides as a source of single strand DNA breaks.
The 44th FEBS Congress, Kraków, Poland, 6-11 July 2019
FEBS Open Bio (2019) 9 (supplement 1): ShT-08-2

4634/A

DENKIEWICZ-KRUK M., JĘDRYCHOWSKA M., DMOWSKI M., JONCZYK P., ARAKI H.,
FIJAŁKOWSKA I.J.
Psf1 and Cdc45 components of CMG complex - new players involved in the maintenance of genomic
stability in the *Saccharomyces cerevisiae* cells.
The 44th FEBS Congress, Kraków, Poland, 6-11 July 2019
FEBS Open Bio (2019) 9 (supplement 1): ShT-10-2

4635/A

KUŹNIEWSKA B., CYSEWSKI D., SAKOWSKA P., MILEK J., WASILEWSKI M., WINIARSKI M.,
KULIŃSKI T.M., KOZIELEWICZ P., KNAPSKA E., CHACIŃSKA A., DZIEMBOWSKI A.,
DZIEMBOWSKA M.
Mitochondria biogenesis in the synapse is supported by local translation.
The 44th FEBS Congress, Kraków, Poland, 6-11 July 2019
FEBS Open Bio (2019) 9 (supplement 1): ShT-15-2

4636/A

PIETRAS Z., WÓJCIK M., BOROWSKI Ł.S., SZEWCZYK M., KULIŃSKI T., CYSEWSKI D., STĘPIEŃ P.P.,
DZIEMBOWSKI A., SZCZĘSNY R.J.
Dedicated surveillance mechanism controls G-quadruplex forming non-coding RNAs in human
mitochondria.
The 44th FEBS Congress, Kraków, Poland, 6-11 July 2019
FEBS Open Bio (2019) 9 (supplement 1): ShT-16-2

4637/A

YATUSEVICH R., ŚWIEŻEWSKI S.
Regulation of the regulators: unravelling novel regulators of non-coding RNA at DOG1 gene locus in
Arabidopsis.
The 44th FEBS Congress, Kraków, Poland, 6-11 July 2019
FEBS Open Bio (2019) 9 (supplement 1): ShT-23-2

4638/A

GÓRECKA M., ZEMBEK P., PAWŁOWSKI K., HENNIG J., KRZYMOWSKA M.
The two faces of an effector. Does HopAG1 exert contrasting activities?
IS-MPMI XVIII Congress, Glasgow, Scotland, 14-18 July 2019
Molecular Plant-Microbe Interactions (2019) 32(10 S): S1.159

4639/A

ZEMBEK P., DANILECKA A., HOSER R., ESCHEN-LIPPOLD L., BENICKA M., GRECH-BARAN M.,
PIECHOCKI M., POZNAŃSKI J., LEE J., HENNIG J., KRZYMOWSKA M.
Natural variation of HopQ1 effector from *Pseudomonas syringae*.
IS-MPMI XVIII Congress, Glasgow, Scotland, 14-18 July 2019
Molecular Plant-Microbe Interactions (2019) 32(10 S): S1.171

4640/A

GRECH-BARAN M., WITEK K., JONES J.DG., HENNIG J.
Coat protein of conserved structure from multiple potyviruses triggers Rysto-mediated immunity.
IS-MPMI XVIII Congress, Glasgow, Scotland, 14-18 July 2019
Molecular Plant-Microbe Interactions (2019) 32(10 S): S1.68

4641/A

BARTOSIK A.A., KOTECKA K., MODRZEJEWSKA M., KAWAŁEK A., JAGURA-BURDZY G.
Towards survival – logarithmic versus stationary phase studies on *Pseudomonas aeruginosa*.
International Biennial Conference Pseudomonas 2019, Kuala Lumpur, Malaysia, 22-26 July 2019
Program and Proceedings PA-2019-073, p.108

4642/A

DRABIŃSKA J., ZIĘCINA M., MODZELAN M., JAGURA-BURDZY G., KRASZEWSKA E.
Characterization of *Pseudomonas aeruginosa* Nudix hydrolases mutants.
International Biennial Conference Pseudomonas 2019, Kuala Lumpur, Malaysia, 22-26 July 2019
Program and Proceedings PA-2019-094, p. 129

4643/A

KOTECKA K., KAWAŁEK A., BARTOSIK A.A.
Studies on PA3027 – the AraC family transcriptional activator.
International Biennial Conference Pseudomonas 2019, Kuala Lumpur, Malaysia, 22-26 July 2019
Program and Proceedings PA-2019-124, p.159

4644/A

MODRZEJEWSKA M., KAWAŁEK A., BARTOSIK A.A.
PA2577: a Lrp/AsnC-type transcriptional regulator from *Pseudomonas aeruginosa*.
International Biennial Conference Pseudomonas 2019, Kuala Lumpur, Malaysia, 22-26 July 2019
Program and Proceedings PA-2019-132, p. 167

4645/A

ŻOŁĄDEK T., SOCZEWKA P., KOŁAKOWSKI D., SMACZYŃSKA-de ROOIJ I., RZEPNIKOWSKA W.,
AYSCOUGH K., KAMIŃSKA J.
Yeast-model-based study identified myosin- and calcium-dependent calmodulin signalling as a potential
target for drug intervention in Chorea-acanthocytosis.
XXIX International Conference on Yeast Genetics and Molecular Biology, Göteborg, Sweden, 18-22 August
2019
Programme 49

4646/A

SOCZEWKA P., TRIBOUILLARD-TANVIER D., DI RAGO J.-P., KAMIŃSKA J., ŻOŁĄDEK T.
Using yeast chorea - acanthocytosis model for drug screening.
XXIX International Conference on Yeast Genetics and Molecular Biology, Göteborg, Sweden, 18-22 August
2019
Programme 50

4647/A

KLIM J., SKONECZNY M., KURLANDZKA A., ZIELENKIEWICZ U., KACZANOWSKI S.
Study of functional modules stability - transcriptomic analysis of *Saccharomyces cerevisiae* genomes during
the laboratory evolution.
XXIX International Conference on Yeast Genetics and Molecular Biology, Göteborg, Sweden, 18-22 August
2019
Programme 58

4648/A

SKONECZNA A., ANTONIUK-MAJCHRZAK J., KRÓL K., SIEŃKO M., KURLANDZKA A.,
SKONECZNY M.
Loss of control at G1/s phase border of cell cycle in *swi6Δ* cells of *S. cerevisiae* leads to genome instability
through replication stress-induced DSBs and rad51-mediated illegitimate recombination.
XXIX International Conference on Yeast Genetics and Molecular Biology, Göteborg, Sweden, 18-22 August
2019
Programme 165

4649/A

DLUGAJCZYK A., KRÓL K., SKONECZNY M., SKONECZNA A.

Efficient vesicular trafficking protects yeast *Saccharomyces cerevisiae* genome from fragmentation.

XXIX International Conference on Yeast Genetics and Molecular Biology, Göteborg, Sweden, 18-22 August 2019

Programme 166

4650/A

SKONECZNY M., NATKAŃSKA U., SKONECZNA A.

Transcriptome analysis reveals the moon-lighting role of Hsp31p in the budding yeast cell defense against fermentation-related stresses.

XXIX International Conference on Yeast Genetics and Molecular Biology, Göteborg, Sweden, 18-22 August 2019

Programme 337

4651/A

GAWARECKA K., LIPKO A., JÓŹWIAK A., HOFFMAN-SOMMER M., WÓJCIK J., SUROWIECKI P., SAGAMI H., VAN GELDER K., AKHTAR T.A., ROHMER M., SPOLNIK G., DANIKIEWICZ W., IHNATOWICZ A., SURMACZ L., ŚWIEŻEWSKA E.

Glycinoprenols are synthesized in the plastids of Arabidopsis leaves.

TERPNET 2019: the 14th International Meeting on Biosynthesis, Function and Synthetic Biology of Isoprenoids, Halle (Saale), Germany, 26-30 August 2019

Program and Abstracts Poster Session 1, S-V-1, p. 81

4652/A

SKORUPIŃSKA-TUDEK K., ZAWADZKA A., CZARNOCKI Z., ŚWIEŻEWSKA E.

Selective hydrogenation of plant polyprenol - the way to obtain (S)-dolichol.

TERPNET 2019: the 14th International Meeting on Biosynthesis, Function and Synthetic Biology of Isoprenoids, Halle (Saale), Germany, 26-30 August 2019

Program and Abstracts Poster Session II, S-VII-2, p.129

4653/A

GAWARECKA K., SURMACZ L., ŚWIEŻEWSKA E., AHN J.H.

Terpenes – plausible new aspect on flowering time in Arabidopsis thaliana.

TERPNET 2019: the 14th International Meeting on Biosynthesis, Function and Synthetic Biology of Isoprenoids, Halle (Saale), Germany, 26-30 August 2019

Program and Abstracts Poster Session II, S-VIII-1, p.130

4654/A

SOCZEWKA P., KOŁAKOWSKI D., SMACZYŃSKA-de ROOIJ I., RZEPNIKOWSKA W., AYSCOUGH K., KAMIŃSKA J., ŻOŁĄDEK T.

Yeast-model-based study identified myosin- and calcium- dependent calmodulin signalling as a potential target for drug intervention in chorea- acanthocytosis.

8th Intercollegiate Biotechnology Symposium, Warsaw University of Technology, Warsaw, Poland 17-19 May 2019

Book of Abstracts [018] p.106

4655/A

DLUGAJCZYK A., KRÓL K., SKONECZNY M., SKONECZNA A.

Efficient vesicular trafficking protects yeast *Saccharomyces cerevisiae* genome from fragmentation.

8th Intercollegiate Biotechnology Symposium, Warsaw University of Technology, Warsaw, Poland 17-19 May 2019

Book of Abstracts [P08] p.130

4656/A

ZHUKOV I., SZUTKOWSKI K., ZHUKOVA L., KOZAK M.

Influence of the N-terminal domain on dynamic processes and structural stability of the human prion protein.
21st ISMAR-15th EUROMAR Joint Conference, Berlin, Germany, 25-30 August 2019

Posters P531, p.737

4657/A

ZHUKOV I., EJCHART A., TAUBE M., JARMOŁOWSKI A., SZWEYKOWSKA-KULIŃSKA Z., KOZAK M.

Analysis molecular dynamic processes on base 15N relaxation data sets acquired at one magnetic field.
21st ISMAR-15th EUROMAR Joint Conference, Berlin, Germany, 25-30 August 2019

Posters P533, p.739

4658/A

ŚWIEŻEWSKI S.

Dormancy and drought – One antisense to rule them all?

9th Conference of the Polish Society of Experimental Plant Biology, Toruń, Poland, 9–12 September 2019

Book of Abstracts, Oral S3-OR3, p.56

4659/A

GRATKOWSKA-ŻMUDA DOMINIKA M., KUBALA S., SACHAROWSKI S.P., SARNOWSKA E., ĆWIEK P., KONDRAK P., STECIUK J., ZABOROWSKA M., ROLICKA A.T., BUCIOR E., MAASSEN A., FRANZEN R., KONCZ C., SARNOWSKI T.J.

The SWI/SNF ATP-dependent chromatin remodelling complex in *Arabidopsis* responds to environmental changes in temperature-dependent manner.

9th Conference of the Polish Society of Experimental Plant Biology, Toruń, Poland, 9–12 September 2019

Book of Abstracts, Oral S3-OR4, p.57

4660/A

KWAŚNIK A., GOZDEK A., KRZSZTOŃ M., KUFEL J.

DXO1 links nuclear gene expression and chloroplast function in *Arabidopsis thaliana*.

9th Conference of the Polish Society of Experimental Plant Biology, Toruń, Poland, 9–12 September 2019

Book of Abstracts, Poster S3-PO05, p.63

4661/A

OKSIŃSKA P., SACHAROWSKI S.P., SARNOWSKI T.J.

Identification of evolutionarily conserved interplay between the SWI/SNF-type chromatin remodeling complex and BRCA1 in *Arabidopsis thaliana*.

9th Conference of the Polish Society of Experimental Plant Biology, Toruń, Poland, 9–12 September 2019

Book of Abstracts, Poster S3-PO09, p.67

4662/A

SACHAROWSKI S.P., BRZYŻEK G., ŚWIEŻEWSKI S.

You can't teach an old dog new tricks? Story about newly discovered lincRNA involved in seed dormancy.

9th Conference of the Polish Society of Experimental Plant Biology, Toruń, Poland, 9–12 September 2019

Book of Abstracts, Poster S3-PO10, p.68

4663/A

STECIUK J., CIEŚLA M., ROLICKA A.T., SARNOWSKI T.J.

Investigation of SWI/SNF chromatin remodeling complex composition using classical genetic and molecular biology approaches.

9th Conference of the Polish Society of Experimental Plant Biology, Toruń, Poland, 9–12 September 2019

Book of Abstracts, Poster S3-PO11, p.69

4664/A

KUBALA S., ZABOROWSKA M., KONDRAK P., ĆWIEK P., SACHAROWSKI S.P., ROLICKA A.T., SARNOWSKA E., KONCZ C., SARNOWSKI T.J.

Identification of evolutionary conserved functional interdependence between SWI/SNF-dependent chromatin remodeling and alternative splicing in *Arabidopsis*.

9th Conference of the Polish Society of Experimental Plant Biology, Toruń, Poland, 9–12 September 2019

Book of Abstracts, Poster S3-PO13, p.71

4665/A

GRECH-BARAN M., WITEK K., JONES J.D.G., HENNIG J.

Coat protein (CP) of conserved structure from multiple Potyviruses triggers Rysto-mediated immunity.

9th Conference of the Polish Society of Experimental Plant Biology, Toruń, Poland, 9–12 September 2019

Book of Abstracts, Oral, S4-OR3

4666/A

SOBIESZCZUK-NOWICKA E., WRZESIŃSKI T., BAGNIEWSKA-ZADWORNA A., KUBALA S., RUCIŃSKA-SOBKOWIAK R., POLCYN W., MISZTAŁ L., MATTOO A.K.

Physio-genetic dissection of stress-induced leaf senescence and timing its reversal in barley.

9th Conference of the Polish Society of Experimental Plant Biology, Toruń, Poland, 9–12 September 2019

Book of Abstracts, Plenary Lecture S5-LE2, p.104-105

4667/A

RACHOWKA J., MAŃK K., KONOPKA-POSTUPOLSKA D.

In search for annexin 1 scavenging activity in *Arabidopsis*: the case of *vtc* mutant.

9th Conference of the Polish Society of Experimental Plant Biology, Toruń, Poland, 9–12 September 2019

Book of Abstracts, Poster S5-PO08, p.122

4668/A

TANWAR U., SZELAĞOWSKI D., GIECZEWSKA K., RACHOWKA J., KONOPKA-POSTUPOLSKA D.

In search for annexin 1 scavenging activity in *Arabidopsis*: the case of *flu* mutant.

9th Conference of the Polish Society of Experimental Plant Biology, Toruń, Poland, 9–12 September 2019

Book of Abstracts, Poster S5-PO09, p.123

4669/A

GROMADKA R., CIEŚLA J., SZCZEGIELNIAK J., MUSZYŃSKA G., POLKOWSKA-KOWALCZYK L.
Genome-wide identification of calcium-dependent protein kinases (CDPKs) in *Solanum tuberosum*, their expression profiles in organs and in response to abiotic stresses.

9th Conference of the Polish Society of Experimental Plant Biology, Toruń, Poland, 9–12 September 2019

Book of Abstracts, Poster S5-PO28, p.144

4670/A

SARNOWSKA E., ĆWIEK P., KUBALA S., SACHAROWSKI S.P., OKSIŃSKA P., STECIUK J., MAASSEN A., HUETTEL B., CIEŚLA M., NOWICKA K., JANCEWICZ I., ROLICKA A.T., ALSEEKH S., BUCIOR E., FRANZEN R., DOMAGALSKA M., AMAR S., FERNIE A.R., DAVIS S.J., SARNOWSKI T.J.

A non-canonical nuclear function of ERECTA family proteins in *Arabidopsis*.

9th Conference of the Polish Society of Experimental Plant Biology, Toruń, Poland, 9–12 September 2019

Book of Abstracts, Oral, S6-OR1

4671/A

GRZESIUK M., BEDNARSKA A., MIELECKI D., GRZESIUK E.,

Pharmaceutical contaminations of freshwater ecosystems influences *Daphnia* population on individual and molecular level.

7th Polish Evolutionary Conference, Gdańsk, Poland, 18-20 September 2019

Book of Abstracts P48, p.66

4672/A

KLIM J., SKONECZNY M., KURLANDZKA A., ZIELENKIEWICZ U., KACZANOWSKI S.,
Study of functional modules stability - transcriptomic analysis of *Saccharomyces cerevisiae*.
7th Polish Evolutionary Conference, Gdańsk, Poland, 18-20 September 2019

Book of Abstracts P26, p.73

4673/A

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

The lagging strand is more accurate but lives dangerously.

50th Annual Meeting of the Environmental Mutagenesis and Genomics Society (EMGS) - The Next Fifty Years, Washington, USA, 19-23 September 2019

Environmental and Molecular Mutagenesis (2019) 60 (suppl 1): 65, P22, p.65

4674/A

ĆWIEK P., KUBALA S., JAGIELSKA B., LESZCZYŃSKI M., SZYMAŃSKI M., RUSETSKA N.,
JANCEWICZ I., STECIUK J., MAASSEN A., OKSIŃSKA P., SZARKOWSKA J., STACHOWIAK M.,
DURZYŃSKA M., CHMIELIK E., PAUL P., ROLICKA A.T., BUCIOR E., KOSIOR J., BALCERAK A.,
CHYZAN A., ARAÚJO W.L., ALSEEKH S., DEMKOW T., RUTKOWSKI T., FERNIE A.R.,
SIEDLECKI J.A., SARNOWSKA E., SARNOWSKI T.J.

Targeting of chromatin remodeling complexes and metabolome-related kinases in cancer.

10th Inhibitors of Protein Kinases Conference, Challenges in Molecular Biology, Biophysics and Biomedicine Meeting, Warsaw, Poland, 14-19 September 2019

Book of Abstracts L03, p.2

4675/A

LOPEZ V.A., PARK B.C., NOWAK D., SREELATHA A., ZEMBEK P., FERNANDEZ J., SERVAGE
K.A., GRADOWSKI M., HENNIG J., TOMCHICK D.R., PAWŁOWSKI K., KRZYMOWSKA M.,
TAGLIABRACCI V.S.

A bacterial effector kinase mimics a host HSP90 client to compromise immunity.

10th Inhibitors of Protein Kinases Conference, Challenges in Molecular Biology, Biophysics and Biomedicine Meeting, Warsaw, Poland, 14-19 September 2019

Book of Abstracts L13, p.8

4676/A

BUCHOLC M., TARNOŃSKI K., KLIMECKA M., GOCH G., CIESIELSKI A., FEDAK H.,
POZNAŃSKI J., LICHOCKA M., ENGH R.A., DADLEZ M., DOBROWOLSKA G.

The negative regulation of SnRK2s protein kinases activity by two isoforms of plant –specific calcium sensor SCS.

10th Inhibitors of Protein Kinases Conference, Challenges in Molecular Biology, Biophysics and Biomedicine Meeting, Warsaw, Poland, 14-19 September 2019

Book of Abstracts P02, p.37-38

4677/A

BUGAJSKA E., POZNAŃSKI J., PAPROCKI D.

Thermodynamic contribution of iodine to protein-ligand interactions: synthesis of heterogeneously halogenated benzotriazoles and their binding to the catalytic subunit of human protein kinase CK2.

10th Inhibitors of Protein Kinases Conference, Challenges in Molecular Biology, Biophysics and Biomedicine Meeting, Warsaw, Poland, 14-19 September 2019

Book of Abstracts P03, p.38-39

4678/A

ĆWIEK P., SARNOWSKA E., KUBALA S., FERNIE A.R., KONCZ C., SIEDLECKI J.A., SARNOWSKI T.J.
New insights into nuclear function of evolutionarily conserved TOR kinases.

10th Inhibitors of Protein Kinases Conference, Challenges in Molecular Biology, Biophysics and Biomedicine Meeting, Warsaw, Poland, 14-19 September 2019

Book of Abstracts P05, p.40

4679/A

ANTONIUK-MAJCHRZAK J., DENKIEWICZ-KRUK M., DŁUGAJCZYK A., KRÓL K., DMOWSKI M., SKONECZNY M., SKONECZNA A.

The checkpoint activation in replication deficient mutants is rescued in temperature-dependent manner.

10th Inhibitors of Protein Kinases Conference, Challenges in Molecular Biology, Biophysics and Biomedicine Meeting, Warsaw, Poland, 14-19 September 2019

Book of Abstracts P07, p.42

4680/A

DUBIAŃSKI R., STACHOWIAK M., PALCZ J., KONOPIŃSKI R., LESZCZYŃSKI M., KUBALA S., OLSZEWSKI W., RUSETSKA N., JAGIEŁŁO-GRUSZFELD A.I., SIEDLECKI J.A., NOWECKI Z.I., SARNOWSKI T.J., SARNOWSKA E.

HER2-positive breast cancer resistance to trastuzumab is associated with metabolic switch.

10th Inhibitors of Protein Kinases Conference, Challenges in Molecular Biology, Biophysics and Biomedicine Meeting, Warsaw, Poland, 14-19 September 2019

Book of Abstracts P08, p.42-43

4681/A

JANCEWICZ I., RUSETSKA N., ARMATOWSKA A., MACECH-KLICKA E., POGODA K., NIWIŃSKA A., OLSZEWSKI W., NOWECKI Z., SARNOWSKI T.J., SARNOWSKA E., SIEDLECKI J.A.

The role of SWI/SNF chromatin remodelling complex ATPase subunit – BRM, in triple negative breast cancer.

10th Inhibitors of Protein Kinases Conference, Challenges in Molecular Biology, Biophysics and Biomedicine Meeting, Warsaw, Poland, 14-19 September 2019

Book of Abstracts P12, p.45-46

4682/A

KASPEROWICZ S., BUGAJSKA E., POZNAŃSKI J., MIECZKOWSKA K.,

Perhalogenated benzotriazoles as ligands of protein kinase CK2. Synthesis and thermodynamic study.

10th Inhibitors of Protein Kinases Conference, Challenges in Molecular Biology, Biophysics and Biomedicine Meeting, Warsaw, Poland, 14-19 September 2019

Book of Abstracts P13, p.46

4683/A

WOLTYŃSKA A., KARASIEWICZ M., GAĞAŁA U., GIERMASIŃSKA K., GAWOR J., GAŁECKA K., PAWŁOWSKI K., GROMADKA R., ŁOBOCKA M.

A search for the physiological function of SelO AMPylase homolog in *Escherichia coli*.

10th Inhibitors of Protein Kinases Conference, Challenges in Molecular Biology, Biophysics and Biomedicine Meeting, Warsaw, Poland, 14-19 September 2019

Book of Abstracts P16, p.48-49

4684/A

MAASSEN A., KOSIOR J., ŚWIĄTEK M., JANCEWICZ I., RUSETSKA N., SZARKOWSKA J., STACHOWIAK M., LESZCZYŃSKI M., SZYMAŃSKI M., CHRZAN A., DEMKOW T., SIEDLECKI J.A., SARNOWSKA E., SARNOWSKI T.J.

The role of SWI/SNF-type chromatin remodeling complex in clear cell renal cell carcinoma tumorigenesis.

10th Inhibitors of Protein Kinases Conference, Challenges in Molecular Biology, Biophysics and Biomedicine Meeting, Warsaw, Poland, 14-19 September 2019

Book of Abstracts P17, p.49-50

4685/A

MARCINKOWSKI M., PILŻYS T., GARBICZ D., GRZESIUK E., POZNAŃSKI J.,

FTO phosphorylation influences the protein stability and its catalytic activity.

10th Inhibitors of Protein Kinases Conference, Challenges in Molecular Biology, Biophysics and Biomedicine Meeting, Warsaw, Poland, 14-19 September 2019

Book of Abstracts P20, p.51-52

4686/A

BUGAJSKA E., POZNAŃSKI J., MIECZKOWSKI A.

Halogenation of natural flavonoids enhances their affinity to human protein kinase CK2.

10th Inhibitors of Protein Kinases Conference, Challenges in Molecular Biology, Biophysics and Biomedicine Meeting, Warsaw, Poland, 14-19 September 2019

Book of Abstracts P23, p.54

4687/A

OKSIŃSKA P., SACHAROWSKI S.P., SARNOWSKI T.J.

Identification of evolutionarily conserved interplay between the SWI/SNF-type chromatin remodeling complex and BRCA1 in *Arabidopsis thaliana*.

10th Inhibitors of Protein Kinases Conference, Challenges in Molecular Biology, Biophysics and Biomedicine Meeting, Warsaw, Poland, 14-19 September 2019

Book of Abstracts P24, p.54-55

4688/A

ŚWIĄTEK M., JANCEWICZ I., MAASSEN A., SIEDLECKI J.A., SARNOWSKI T.J., SARNOWSKA E.

Functions of the alternative forms of HIF-1 α protein in ccRCC cells.

10th Inhibitors of Protein Kinases Conference, Challenges in Molecular Biology, Biophysics and Biomedicine Meeting, Warsaw, Poland, 14-19 September 2019

Book of Abstracts P31, p.60-61

4689/A

SARNOWSKA E., ĆWIEK P., SACHAROWSKI S.P., KUBALA S., STECIUK J., HUETTEL B., CIEŚLA M., NOWICKA K., MAASSEN A., OKSIŃSKA P., JANCEWICZ I., ROLICKA A.T., ALSEEKH S., BUCIOR E., FRANZEN R., KLEPACZ A., DOMAGALSKA M., AMAR S., SIEDLECKI J.A., FERNIE A.R., DAVIS S.J., SARNOWSKI T.J.,

Nuclear function of Arabidopsis ERECTA family leucine-rich repeat receptor like kinases (LRR-RLKs).

10th Inhibitors of Protein Kinases Conference, Challenges in Molecular Biology, Biophysics and Biomedicine Meeting, Warsaw, Poland, 14-19 September 2019

Book of Abstracts P35, p.63-64

4690/A

SZARKOWSKA J., SYGOCKA J., RUSETSKA N., FORMA E., SIEDLECKI J.A., SARNOWSKI T.J., SARNOWSKA E.

The impact of O-GlcNAc transferase in development of clear cell renal cell carcinoma.

10th Inhibitors of Protein Kinases Conference, Challenges in Molecular Biology, Biophysics and Biomedicine Meeting, Warsaw, Poland, 14-19 September 2019

Book of Abstracts P36, p.64

4691/A

SZTATELMAN O., DOBROWOLSKA G.

Linking light and osmotic stress signaling in plants via inhibition of osmotic stress activated kinases.

10th Inhibitors of Protein Kinases Conference, Challenges in Molecular Biology, Biophysics and Biomedicine Meeting, Warsaw, Poland, 14-19 September 2019

Book of Abstracts P37, p.65

4692/A

SZYMANIEC-RUTKOWSKA A., BUGAJSKA E., KASPEROWICZ S., MIECZKOWSKA K., MACIEJEWSKA A.M., POZNAŃSKI J.

Protein kinase CK2 as an attractive biomolecular target to study contribution of hydrophobic effect to overall free energy of protein-ligand interactions.

10th Inhibitors of Protein Kinases Conference, Challenges in Molecular Biology, Biophysics and Biomedicine Meeting, Warsaw, Poland, 14-19 September 2019

Book of Abstracts P38, p.65-66

4693/A

SZYMAŃSKA K., POLKOWSKA-KOWALCZYK L., LICHOCKA M., DOBROWOLSKA G.,
Modulation of ROS homeostasis – yet another role of SnRK2s in response to salinity?
10th Inhibitors of Protein Kinases Conference, Challenges in Molecular Biology, Biophysics and
Biomedicine Meeting, Warsaw, Poland, 14-19 September 2019
Book of Abstracts P39, p.66-67

4694/A

SZYMAŃSKI M., ORNOCH A., STACHOWIAK M., RUSETSKA N., JANCEWICZ I., CHRZAN A.,
DEMKOW T., SIEDLECKI J.A., SARNOWSKI T.J., SARNOWSKA E.
The alteration in metabolism, DNA repair and SWI/SNF complex in advanced bladder cancer.
10th Inhibitors of Protein Kinases Conference, Challenges in Molecular Biology, Biophysics and
Biomedicine Meeting, Warsaw, Poland, 14-19 September 2019
Book of Abstracts P40, p.67-68

4695/A

WINIEWSKA-SZAJEWSKA M., PŁONKA D., MIECZKOWSKA K., POZNAŃSKI J.
Designing an efficient bi-substrate inhibitor of protein kinase CK2 based on thermodynamics studies of low-
mass ligands coupled to a single amino acid residue.
10th Inhibitors of Protein Kinases Conference, Challenges in Molecular Biology, Biophysics and
Biomedicine Meeting, Warsaw, Poland, 14-19 September 2019
Book of Abstracts P44, p.70-71

4696/A

JĘDRYCHOWSKA M., DENKIEWICZ-KRUK M., ALABRUDZIŃSKA M., SKONECZNA A.,
JONCZYK P., DMOWSKI M., FIJAŁKOWSKA I.J.
CMGE dysfunctions and their influence on genome stability.
4th International Conference on Molecular Biology and Nucleic Acids, Chicago, USA, October 7-8, 2019
Book of Abstracts p.19

4697/A

KUBALA S., ZABOROWSKA M., OKSIŃSKA P., ĆWIEK P., SACHAROWSKI S.P., ROLICKA A.T.,
SARNOWSKA E., KONCZ C., SARNOWSKI T.J.
Identification of evolutionary conserved functional interdependence between SWI/SNFdependent chromatin
remodeling and alternative splicing in Arabidopsis.
10th Inhibitors of Protein Kinases Conference, Challenges in Molecular Biology, Biophysics and
Biomedicine Meeting, Warsaw, Poland, 14-19 September 2019
Book of Abstracts P47, p.72-73

4698/A

RACHOWKA J., MAŃK K., KONOPKA-POSTUPOLSKA D.
In search for annexin 1 scavenging activity in Arabidopsis: the case of *vtc* mutant.
10th International Conference on Annexins (Annexins 2019), Münster, Germany, 15-18 September 2019
Book of Abstracts, S5, PO08

4699/A

TANWAR U., SZELAĞOWSKI D., GIECZEWSKA K., RACHOWKA J., KONOPKA-POSTUPOLSKA D.
In search for annexin 1 scavenging activity in Arabidopsis: the case of *flu* mutant.
10th International Conference on Annexins (Annexins 2019), Münster, Germany, 15-18 September 2019
Book of Abstracts, S5-PO09

4700/A

KONOPKA-POSTUPOLSKA D., TANWAR U., RACHOWKA J., SZELAĞOWSKI D., MAŃK K.,
GIECZEWSKA K.
The role of annexin 1 from *Arabidopsis thaliana* in oxidative stress.
10th International Conference on Annexins (Annexins 2019), Münster, Germany, 15-18 September 2019
Book of Abstracts, Poster 5, p.63

4701/A

ZIMBRES F.M., VALENCIANO A.L., MERINO E.F., HOLDERMAN N.R., FLORENTIN A., HE G., GAWARECKA K., SKORUPIŃSKA-TUDEK K., FERNANDEZ-MURGA M.L., ŚWIEŻEWSKA E., WANG X., MURALIDHARAN V., CASSERA M.B.

Metabolomics profiling reveals new aspects of dolichol biosynthesis in *Plasmodium falciparum*.

1st Annual Metabolomics Association of North America Conference, Atlanta, USA, 15-17 November 2019

Abstracts BS

4702/A

KILISZEK M., MACIAK K., MACIEJAK A., KOSTARSKA-SROKOSZ E., GIERLAK W., KUCH M., DŁUŻNIEWSKI M., MARCHEL M., OPOLSKI G., SEGIET A., GÓRA M., BURZYŃSKA B.

The utilization of transcriptomic biomarkers for prediction of heart failure development in post-infarction patients with the use of the ddPCR method.

XXIII International Congress of the Polish Cardiac Society, Katowice, Poland, 26-28 September 2019

Abstracts BS

4703/A

MUSZEWSKA A., STECZKIEWICZ K., STĘPNIEWSKA-DZIUBIŃSKA M., GINALSKI K.

Transposable elements in fungal genomes.

18th Congress of European Mycologists, Warsaw-Białowieża, Poland, 16-21 September 2019

Abstract Book OS p.19

4704/A

ZIELIŃSKA M., MUSZEWSKA A.

Revision of A1 family of aspartic proteinases in basal fungi.

18th Congress of European Mycologists, Warsaw-Białowieża, Poland, 16-21 September 2019

Abstract Book PS p.28

4705/A

JANIK A., NIEWIADOMSKA M., SKORUPIŃSKA-TUDEK K., PERLIŃSKA-LENART U., LENART J., KOŁAKOWSKI D., ŚWIEŻEWSKA E., KRUSZEWSKA J.S., PALAMARCZYK G.

Role of dephosphorylation of dolichyl diphosphate in protein glycosylation and morphological transitions in *Candida albicans*.

18th Congress of European Mycologists, Warsaw-Białowieża, Poland, 16-21 September 2019

Abstract Book PS p.155

4706/A

PIŁSYK S., PERLIŃSKA-LENART U., GRZESIAK J., ZNÓJ A., CHWEDORZEWSKA K.J., AJCHLER-ADAMSKA M., GLIZIA K., KRUSZEWSKA J.S.

Comparative metagenomic analysis of fungi inhabiting roots of *Deschampsia antarctica* and *Poa annua*, two grass species collected in Antarctica.

18th Congress of European Mycologists, Warsaw-Białowieża, Poland, 16-21 September 2019

Abstract Book PS p.216

4707/A

PERLIŃSKA-LENART U., PIŁSYK S., GRYZ E., TURŁO J., HILSZCZAŃSKA D., KRUSZEWSKA J.S.

Microbiome of fruiting bodies of Burgundy truffle (*Tuber aestivum* Vittad).

18th Congress of European Mycologists, Warsaw-Białowieża, Poland, 16-21 September 2019

Abstract Book PS p. 238

4708/A

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

The role of *E. coli* AlkB and its human homolog-ALKBH3 dioxygenases and *E. coli* glycosylase AlkA in repair of acrolein adducts to adenine and cytosine.

The 44th FEBS Congress, Kraków, Poland, 6-11 July 2019

FEBS Open Bio (2019) 9 (supplement 1): P-02-035

4709/A

DĄBROWA K., KOŹMIŃSKI P., MIECZKOWSKI A., WIECZOREK G., NIEDZIAŁEK D.
Photocontrolled slicing of amyloid beta fibrils as a potential therapeutic strategy against Alzheimer's disease.
The 44th FEBS Congress, Kraków, Poland, 6-11 July 2019
FEBS Open Bio (2019) 9 (supplement 1): P-24-035

4710/A

HOFFMAN-SOMMER M., ŚWIEŻEWSKA E.
Characterization of the TRAPP complex subunits AtTRAPPC2 and AtTRAPPC8 in *Arabidopsis thaliana*.
International Workshop on Plant Membrane Biology, Glasgow, Scotland, 7-12 July 2019
Program and Abstracts P1.81 p.127

4711/A

SZCZEPANKOWSKA A.K., KASAREŁŁO K., KWIATKOWSKA-PATZER B., BARDOWSKI J.K.
Mucosally-induced effects of *Lactococcus lactis* bacteria expressing myelin epitopes in animal multiple sclerosis model.
7th ISM World Congress on Targeting Microbiota, Kraków, Poland, 10-11 October 2019
Abstracts p.34

4712/A

RADZIWIŁŁ-BIEŃKOWSKA J.M., ROBERT V., SZCZĘSNY P., ALEKSANDRZAK-PIEKARCZYK T.,
CHAIN F., CHERBUY C., LOUBIÈRE P., LANGELLA P., THOMAS M., BARDOWSKI J.K.,
MERCIER-BONIN M., KOWALCZYK M.
Identification of two proteins involved in adhesion of *Lactococcus lactis* IBB477 to the intestinal mucosa.
7th ISM World Congress on Targeting Microbiota, Kraków, Poland, 10-11 October 2019
Abstracts p.79

4713/A

BARDOWSKI J.K.
Nowe technologie i wiedza z obszaru mikrobiologii molekularnej w produkcji bezpiecznej żywności.
Zarządzanie Bezpieczeństwem i Jakością Żywności -11, Zakopane, 13-15 października 2019
Materialy konferencyjne str. 49-62

4714/A

KILISZEK M., MACIAK K., MACIEJAK A., KRZYŻANOWSKI K., BURZYŃSKA B., GÓRA M.,
SKROBOWSKI A.
MicroRNA in patients undergoing atrial fibrillation ablation.
XXIII International Congress of the Polish Cardiac Society, Katowice, Poland, 26-28 September 2019
Abstracts P 021

4715/A

KAUS-DROBEK M., WYSŁOUCH-CIESZYŃSKA A., MÜCKE N., HERRMANN H., DADLEZ M.
Glutathionylation of the single cysteine in vimentin impact assembly kinetics and the physical integrity of the mature filaments.
The 44th FEBS Congress, Kraków, Poland, 6-11 July 2019
FEBS Open Bio (2019) 9 (supplement 1): P-17-017

4716/A

WAWRZYŃSKA A., SIRKO A.
Sulfur deficiency stress in *Arabidopsis* and selective ubiquitination-based protein degradation.
The 2nd International Conference on Plant & Molecular Biology, Amsterdam, the Netherlands, 23-25 October 2019
Abstracts, P.57

4717/A

GRUDEN K., LUKAN T., POMPE-NOVAK M., ZNIDARIC M.T., KLADNIK A., BLEJEC A., ZAGORSCAK M., COLL A., MORGIEWICZ K., HENNIG J., BAEBLER Š.

Spatiotemporal analysis of potato hypersensitive response-conferred resistance to Potato Virus Y: RBOHD is required for successful virus arrest.

IS-MPMI XVIII Congress, Glasgow, Scotland, 14-18 July 2019

Molecular Plant-Microbe Interactions (2019) 32(10 S): S1.204

4718/A

BORECZEK J., GAWOR J., IZAK D., BARDOWSKI J.K., GROMADKA R., KOWALCZYK M.

Spontaneous vs. supplemented wholemeal spelt sourdoughs: analysis of sourdough microbial community determined by culture-independent approach.

5th International Conference on Microbial Diversity, Catania, Italy, 25-27 September 2019

Abstracts PS1-4, p.157-158

4719/A

MOSZCZUK B., KRATA N., PILŹYS T., GARBICZ D., MARCINKOWSKI M., FORONCEWICZ B., ZAGOŹDŹON R., CYSEWSKI D., PĄCZEK L., MUCHA K.

Urinary proteomic markers of IgA nephropathy, lupus nephritis and membranous nephropathy.

56th Congress of the European-Renal-Association (ERA)-European-Dialysis-and-Transplant-Association (EDTA), Budapest, Hungary, 13-16 June 2019

Nephrology Dialysis Transplantation (2019) 34 (supl 1): SP282

4720/A

MARCINKOWSKI M., PILŹYS T., GARBICZ D., PIWOWARSKI J., WINIEWSKA M., PRZYGOŃSKA K., GIELNIK M., GRZESIUK E., POZNAŃSKI J.

New partners of FTO protein – biophysical and biochemical studies.

16th Horizons in Molecular Biology, Göttingen, Germany, 9-12 September 2019

Book of Abstracts, P88, p.167

4721/A

ADAMOWICZ-SALACH A., BURZYŃSKA B., MACIAK K., SIWICKA A., MATYSIAK M.

Zastosowanie badań genetycznych w rozpoznawaniu stomatocytozy wrodzonej u dzieci.

XXVIII Zjazd Polskiego Towarzystwa Hematologów i Transfuzjologów, Łódź, 12-14 września

Zeszyt streszczeń, s. 33-34

4722/A

KERN-ZDANOWICZ I., DMOWSKI M.

The antibacterial system based on conjugative mobilization by the IncM plasmid pCTX-M3.

8th Congress of European Microbiologists, Glasgow, Scotland, 7-11 July 2019

Abstracts BS

4723/A

ŻOŁĄDEK T., SOCZEWKA P., TRIBOUILLARD-TANVIER D., DI RAGO J.-P., KAMIŃSKA J.

Using yeast-based-model to identify drugs for VPS13-dependent rare neurodegenerative diseases.

35th International Specialised Symposium on Yeasts: Yeast Cornucopia: Yeast for Health and Wellbeing, Antalya, Turkey, 21-25 October 2019

Abstracts P103

4724/A

PLEŃKOWSKA J., BOCHEŃSKA K., MOSKOT M., GABIG-CIMIŃSKA M.

Quantity of LAMP1 in models mimicking psoriatic inflammation.

9th International Conference on Biotechnology and Bioengineering, Poznań, Poland, 25-28 September 2019

Program and Abstract Book SP-13 p.26-27

4725/A

BOCHEŃSKA K., MOSKOT M., GABIG-CIMIŃSKA M.

Analiza udziału lizosomu w chorobach zapalnych skóry: znaczenie dla łuszczycy.

III Konferencja Doktorantów Nauk Przyrodniczych, Gdańsk, 25-28 czerwca 2019

Abstrakty str.21

4726/A

PLEŃKOWSKA J., BOCHEŃSKA K., MOSKOT M., GABIG-CIMIŃSKA M.

Analiza organelli przedziału endosomalno-lizosomalnego w hodowli keratynocytów HaCaT, naśladujących łuszczycowy stan zapalny.

III Konferencja Doktorantów Nauk Przyrodniczych, Gdańsk, 25-28 czerwca 2019

Abstrakty str. 117

4727/A

McINTYRE J.

DNA polymerase iota is acetylate in response to alkylating agents.

10th Central European Genome Stability and Dynamics, Bratislava, Slovakia, 26-27 September 2019

Abstracts Oral Presentation

4728/A

FEDOROWICZ M., ŚLEDZIEWSKA-GÓJSKA E., McINTYRE J.

RNF2 - ubiquitin ligase responsible for human polymerase iota ubiquitination?

10th Central European Genome Stability and Dynamics, Bratislava, Slovakia, 26-27 September 2019

Abstracts Poster Presentation

4729/A

KASPEROWICZ S., BUGAJSKA E., POZNAŃSKI J., MIECZKOWSKA K.

Halogenation improves affinity towards biomolecules. Spectroscopic study of the binding of heterogeneously halogenated benzotriazoles at the ATP-binding site of protein kinase CK2.

Polish Photoscience Seminar, Świętokrzyska Polana, 16-19 czerwca 2019

Books of Abstracts P12

4730/A

KASPEROWICZ S., BUGAJSKA E., POZNAŃSKI J., MIECZKOWSKA K.

Does fluorine activate proximal halogen bonds - the thermodynamic study of ligand binding to the target protein.

19th European Symposium on Fluorine Chemistry, Warsaw, Poland, 25-31 August 2019

Book of Abstracts Posters p.357

4731/A

HAŁAS A., KANIAK-GOLIK A., POZNAŃSKI J., PŁOSKI R., ŚLEDZIEWSKA-GÓJSKA E.

Characterization of cellular effects of novel mutation REV3LT2753R connected with rare human neurological syndrome.

10th Central European Genome Stability and Dynamics Meeting, Bratislava, Slovakia, 26-27 September, 2019

Book of Abstracts BS

4732/A

SOBOLEWSKA A.

The regulation of the levels of Y-family TLS polymerases in response to DNA damage in budding yeast.

10th Central European Genome Stability and Dynamics Meeting, Bratislava, Slovakia, 26-27 September, 2019

Book of Abstracts BS

4733/A

KRAWCZYK M., ŚLEDZIEWSKA-GÓJSKA E.

Polymerase zeta dependent promutagenic activity of yeast Mms2.

10th Central European Genome Stability and Dynamics Meeting, Bratislava, Slovakia, 26-27 September, 2019

Book of Abstracts BS

4734/A

POLAKOWSKA M., WYSŁOUCH-CIESZYŃSKA A.

S-glutathionylation in the calprotectin complex – an HDX MS analysis.

9th Symposium on Structural Proteomics, Göttingen, Germany, 3-6 November, 2019

Abstract Book / Poster P22 p.72

4735/A

DETMAN A., MIELECKI D., SIKORA A.

Lactate transformation in acetogenic and methanogenic steps of anaerobic digestion.

16th IWA World Conference on Anaerobic Digestion, Accelerating Natural Cycles, Delft University of Technology, Delft, The Netherlands, 23-27 June 2019

Book of Abstracts p.1-4

4736/A

SIKORA A., DETMAN A.

A list of the key enzymes useful in searching for metabolic pathways of anaerobic digestion.

16th IWA World Conference on Anaerobic Digestion, Accelerating Natural Cycles, Delft University of Technology, Delft, The Netherlands, 23-27 June 2019

Abstract Books 4p.

4737/A

PILŹYS T., MARCINKOWSKI M., GARBICZ D., KUKWA W., MIECZKOWSKI A., FERENC K., POZNAŃSKI J., GRZESIUK E.

ALKBH dioxygenases overexpressed in HNSCC - new target for anticancer therapy.

7th Trends in Head & Neck Oncology, Athens, Greece, 7-9 November 2019

Abstracts p.57

4738/A

MARCINKOWSKI M., PILŹYS T., GARBICZ D., WINIEWSKA M., PRZYGOŃSKA K., GIELNIK M., GRZESIUK E., POZNAŃSKI J.

Biophysical characterization of human FTO protein - HNSCC related dioxygenase.

7th Trends in Head & Neck Oncology, Athens, Greece, 7-9 November 2019

Abstracts p.60

4739/A

GARBICZ D., PILŹYS T., MARCINKOWSKI M., MIECZKOWSKI A., DYLEWSKA M., POZNAŃSKI J., GRZESIUK E.

Antrachinones as ALKBH inhibitors may serve as new anticancer compounds in head and neck cancer.

7th Trends in Head & Neck Oncology, Athens, Greece, 7-9 November 2019

Abstracts p.64

4740/A

WIŚNIEWSKA M., KUBERSKA R., ŚLEDZIEWSKA-GÓJSKA E., KANIAK-GOLIK A.

Putative regulation of mitochondria by the activated Mec1/Tel1 pathway: analysis of selected mitochondrial proteins.

10th Central European Genome Stability and Dynamics Meeting, Bratislava, Slovakia, 26 – 27 September 2019

Abstracts BS

4741/A

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

UAV operations on King George Island (Antarctica).

The 12th Polish-Czech-Slovak Geographical Seminar. Re-thinking Geography after the Digital Turn:
Changes and Challenges in Central Europe, Łochów, Poland, 12-14 June 2019.

Abstracts, Oral Presentation.

4742/A

ZMARZ A., RODZEWICZ M., KORCZAK-ABSHIRE M., CHWEDORZEWSKA K.J.

Application of UAV BVLOS flights to monitor polar regions.

DroneTech World Meeting, Toruń, Poland, 18-19 October

Abstracts, Oral Presentation

4743/A

KUBERSKA R., SZWAJCZAK E., ŚLEDZIEWSKA-GÓJSKA E., KANIAK-GOLIK A.

The role of ζ polymerase in maintaining the stability of the mitochondrial genome.

10th Central European Genome Stability and Dynamics Meeting, Bratislava, Slovakia, 26-27 September 2019

Abstracts, poster

4744/A

SKONECZNY M., NATKAŃSKA U., SKONECZNA A.

Transcriptome analysis of the *Saccharomyces cerevisiae* cells reveals early and late events in their response
to high concentration of ethanol.

35th International Specialised Symposium on Yeasts: Yeast Cornucopia: Yeast for Health and Wellbeing,
Antalya, Turkey, 21-25 October 2019

Abstracts, Poster Presentation 228, p.155

4745/A

SKONECZNA A., DŁUGAJCZYK A., KRÓL K., SKONECZNY M.

Defects in vesicular trafficking leads to loss of genome integrity.

35th International Specialised Symposium on Yeasts: Yeast Cornucopia: Yeast for Health and Wellbeing,
Antalya, Turkey, 21-25 October 2019

Abstracts, Poster Presentation 231, p.156

4746/A

ANTONIUK-MAJCHRZAK J., KRÓL K., KURLANDZKA A., SKONECZNY M., SKONECZNA A.

Inefficient DNA damage signaling contribute to genome instability of *Saccharomyces cerevisiae* swi6 Δ
cells.

10th Central European Genome Stability and Dynamics, Bratislava, Slovakia, 26-27 September 2019

Abstracts BS

4747/A

CIEŚLA M., FORETEK D., SKOWRONEK E., BOGUTA M.

Regulation of tRNA transcription involves interaction with translation elongation machinery.

RNA Meeting, Kraków, 11-16 June 2019

Abstracts BS

4748/A

GRACZYK D., JURKIEWICZ A.

tRNA transcription regulation in LPS-activated macrophages.

RNA Meeting, Kraków, 11-16 June 2019

Abstracts BS

4749/A

RUDZIŃSKA I., ARMATOWSKA A., LEŚNIEWSKA E., TUROWSKI T., CIEŚLA M., BOGUTA M.,
The role of Rbs1 protein in control of general response to defects in tRNA biosynthesis in
yeast *Saccharomyces cerevisiae*.

The 44th FEBS Congress, Kraków, Poland, 6-11 July 2019

FEBS Open Bio (2019) 9 (supplement 1): LB-09-01

4750/A

SZOPIŃSKA M., RUMAN M., BIALIK R., POLKOWSKA Ż.,

Examination of fresh water chemistry in maritime Antarctica during austral summer 2017.

International Conference of Computational Methods in Sciences and Engineering, Rhodes, Greece, 1-5 May 2019

AIP Conference Proceedings (2019) 2186: 120010

4751/A

WAWRZYŃSKA A., SIRKO A.

Selective ubiquitination-based protein degradation during sulfur deficiency stress in *Arabidopsis*.

3rd TRANSAUTOPHAGY CA15138 Annual Meeting, Sofia, Bulgaria, 23-25 April 2019

Abstracts nr 30.

4752/A

SURMACZ L., SUROWIECKI P.

The role of *Arabidopsis* *cis*-prenyltransferase CPT1 in polyisoprenoid biosynthesis - studies in yeast and plant systems.

9th European Symposium on Plant Lipids, Marseille, France, 7-10 July 2019

Book of Abstracts, PO-28, p.95

4753/A

SUROWIECKI P., ŚWIEŻEWSKA E., SURMACZ L.

Interaction of CPT with Lew1 is necessary for dolichol biosynthesis in *Arabidopsis*.

9th European Symposium on Plant Lipids, Marseille, France, 7-10 July 2019

Book of Abstracts, PO-27, p.94

4754/A

ZAJBT-ŁUCZNIEWSKA M., GUTKOWSKA-STRONKOWSKA M., BUSZEWICZ D., RADKIEWICZ M., KRAWCZAK J., ŚWIEŻEWSKA E.

Effects of disrupted vesicular transport on plastidial isoprenoid biosynthesis.

9th European Symposium on Plant Lipids, Marseille, France, 7-10 July 2019

Book of Abstracts, PO-26, p.93

4755/A

BUSZEWICZ D., MAZUR R., KOWALEWSKA Ł., SOSNOWSKA K., WELC R., SURMACZ L., ZAJBT-ŁUCZNIEWSKA M., ARCHACKI R., KOBLOWSKA M., GRUSZECKI W. I., ŚWIEŻEWSKA E.
Heat stress-inducible plastidial polyprenols affect photosynthesis performance and ultrastructure of chloroplasts in *Arabidopsis*.

9th European Symposium on Plant Lipids, Marseille, France, 7-10 July 2019

Book of Abstracts, PO-25, p.92

4756/A

SOUTHWELL C., SIKKA A., CUSICK J., ACHURCH H., LASHKO A., NEWBERY K., SALTON M., KOOL J., HINKE J., WATTERS G., SANTOS M., MILINEVSKY G., KORCZAK-ABSHIRE M., RATCLIFFE N., TRATHAN P., BARBOSA A., EMMERSON L.

Final report of the CEMP Special Fund project to develop an image processing software tool (SPPYCAMS) for analysis of camera network monitoring data.

39th Meeting of the Scientific Committee for the Conservation of Antarctic Marine Living Resources (CCAMLR), Working Group on Ecosystem Monitoring and Management, Concarneau, France, 24 June-5 July 2019 **Abstracts BS**

Habilitacje 2019

969/N

MUSZEWSKA ANNA

Różnice w trybie życia grzybów znajdują odzwierciedlenie w składzie ich genomów.

Differences in fungal lifestyle are reflected in the composition of their genomes.

2019-01-24

Awarding of the degree of Doctor Habilitatus - January 24, 2019

Research done in IBB PAS.

970/N

KERN-ZDANOWICZ IZABELA

Struktura, rozprzestrzenianie i ewolucja plazmidów warunkujących oporność na antybiotyki.

The structure, dissemination, and evolution of plasmids conferring antibiotic resistance.

2019-03-19

Awarding of the degree of Doctor Habilitatus - March 19, 2019

Research done in IBB PAS.

971/N

MACIEJCZYK MACIEJ

Opracowanie teoretyczne, projektowanie i implementacja gruboziarnistych modeli kwasów nukleinowych oraz ich zastosowanie do badania procesu formowania się podwójnej helisy DNA.

Theoretical development, design and implementation of coarse-grained models of nucleic acids and their application to study of the process of formation of DNA double helix.

2019-04-16

Awarding of the degree of Doctor Habilitatus - April 16, 2019

Research done in IBB PAS.

972/N

SZCZĘSNY ROMAN J.

Degradacja i kontrola jakości RNA w mitochondriach człowieka.

RNA degradation and surveillance in human mitochondria.

2019-10-08

Awarding of the degree of Doctor Habilitatus - October 8, 2019

Research done in IBB PAS.

973/N

KOWALCZYK MAGDALENA

Analiza bioróżnorodności mikroorganizmów i oddziaływań środowiskowych w złożonych ekosystemach ze szczególnym uwzględnieniem bakterii fermentacji mlekowej.

Analysis of bacterial biodiversity and environmental interactions in complex ecosystems with a special regard to lactic acid bacteria.

2019-10-08

Awarding of the degree of Doctor Habilitatus - October 8, 2019

Research done in IBB PAS.

974/N

IWANICKA-NOWICKA ROKSANA

Charakterystyka molekularna i funkcjonalna głównych regulatorów transkrypcji prokaryotycznych genów metabolizmu siarkowego CysB i SsuR.

Molecular and functional characteristics of major transcription regulators of prokaryotic sulfur metabolism genes: CysB and SsuR.

2020-00-10

Awarding of the degree of Doctor Habilitatus - December 10, 2019

Research done in IBB PAS.

975/N

SIEDLECKI PAWEŁ

Przewidywanie powinowactwa związków niskocząsteczkowych do receptorów białkowych. Zastosowanie w badaniach przesiewowych.

Affinity prediction of low molecular weight compounds to protein receptors. Application to high throughput screening.

2020-00-10

Awarding of the degree of Doctor Habilitatus - December 10, 2019

Research done in IBB PAS.

976/N

CZAPIŃSKA HONORATA

Badania strukturalne oddziaływań białko-DNA na przykładzie systemów restrykcji-modyfikacji.

Structural studies of restriction-modification systems as a model of protein-DNA interaction.

2020-00-10

Awarding of the degree of Doctor Habilitatus - December 10, 2019

Research done in IBB PAS.

977/N

SABAŁA IZABELA

Charakterystyka strukturalna i biochemiczna enzymów bakteriolitycznych z rodziny M23 oraz ich wykorzystanie biotechnologiczne.

Structural and biochemical characterisation of bacteriolytic enzymes from M23 family and their biotechnological applications.

2020-00-10

Awarding of the degree of Doctor Habilitatus - December 10, 2019

Research done in IBB PAS.

977/1/N

ALEKSANDRZAK-PIEKARCZYK TAMARA

Struktura, funkcjonowanie i regulacja systemów metabolizmu cukrów u bakterii fermentacji mlekowej.

Structure, function and regulation of sugar metabolism systems in lactic acid bacteria.

2019-06-25

Awarding of the degree of Doctor Habilitatus - June 25, 2019

Research done in IBB PAS.

ROZPRAWY DOKTORSKIE 2019

978/N

PERZANOWSKA-DOMAŃSKA ANNA

Analiza cytotkeratynowych markerów nowotworowych przy użyciu ukierunkowanej metody spektrometrii mas wspomagająca diagnostykę raka płuc.

(Mass spectrometry-based targeted analysis of cytokeratin tumor markers to improve lung cancer diagnosis.)

Presented February 26, 2019

Research done in the Mass Spectrometry Laboratory IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Michał Dadlez

[ang]

979/N

RAŻEW MICHAŁ

Badania strukturalne drożdżowego degradosomu mitochondrialnego mtEXO.

(Structural studies of the yeast mitochondrial degradosome mtEXO.)

Presented February 26, 2019

Research done in IIMCB and IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisor: dr hab. Marcin Nowotny

[pol]

980/N

JEDYNAK MARTA

Dodekahedron adenowirusowy, jako skuteczne narzędzie do wewnątrzkomórkowego dostarczania biomolekuł i przezwyciężenia oporności wielolekowej, warunkowanej obecnością Pgp w komórkach nowotworowych.

(Adenoviral dodecahedron, as an effective tool for intracellular delivery of biomolecules and circumvention of Pgp-mediated multidrug resistance in cancer cells.)

Presented April 9, 2019

Research done in Department of Protein Biosynthesis IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisor: dr hab. Ewa Szolajska

[ang]

981/N

PIECHOCKI MARCIN

Analiza ewolucyjna i funkcjonalna homologów bakteryjnego czynnika wirulencji HopQ1 z *Pseudomonas syringae*.

(Evolutional and functional analysis of homologs of bacterial effector HopQ1 from *Pseudomonas syringae*.)

Presented April 9, 2019

Research done in Laboratory of Plant Pathogenesis IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisor: dr hab. Magdalena Krzymowska

[pol]

982/N

PYZIK ADAM

Analiza strukturalna i funkcjonalna konsorcjów mikroorganizmów metanogennych w oparciu o techniki sekwencjonowania wysokoprzepustowego ze szczególnym uwzględnieniem ścieżek metabolicznych zaangażowanych w proces metanogenezy.

(Structural and functional analysis of the consortia of methanogenic microorganisms based on highthroughput sequencing with special regard to metabolic pathways involved in methanogenic process.)

Presented May 7, 2019

Research done in Laboratory of RNA Biology and Functional Genomics IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisors: prof. dr hab. Andrzej Dziembowski, dr Leszek Lipiński

[pol-ang]

983/N

CZERWIŃSKA JOLANTA

Udział peroksydacji lipidów w powstawaniu fenotypu przedwczesnego starzenia myszy z niedoborem białka ERCC1.

(Contribution of lipid peroxidation to the premature aging phenotype of ERCC1 protein deficient mice.)

Presented May 28, 2019

Research done in IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisor: dr hab. Elżbieta Speina

[ang]

984/N

DETMAN ANNA

Analiza wybranych współzależności pomiędzy mikroorganizmami na etapie kwasogenezy i octanogenezy w beztlenowym rozkładzie materii organicznej.

(Acidogenic and acetogenic steps of anaerobic digestion - analysis of the selected interactions between microorganisms.)

Presented September 26, 2019

Research done in Department of Molecular Biology IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisor: dr hab. Anna Sikora.

[pol-ang]

985/N

TOCZYDŁOWSKA-SOCHA DIANA

Badania funkcjonalne ludzkich metylotransferaz związanych z biosyntezą 5'końca mRNA.

(Functional studies of human methyltransferases involved in RNA cap biosynthesis.)

Presented October 17, 2019

Research done in IIMCB and IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisors: prof. dr hab. Janusz M. Bujnicki, dr Filip Stefaniak

[pol-ang]

986/N

ZUGAJ DOROTA ŁUCJA

Charakterystyka funkcjonalna białka ALKBH10B, partnera kompleksu remodelującego chromatynę typu SWI/SNF u *Arabidopsis thaliana*.

(Functional characteristics of ALKBH10B protein a partner of SWI/SNF chromatin remodelling complex in *Arabidopsis thaliana*.)

Presented November 14, 2019

Research done in Department of Protein Biosynthesis IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisors: dr hab. Tomasz Sarnowski, dr Damian Mielecki

[pol]

987/N

SOBIEŚCIAK TOMASZ D.

Mikrowzory oraz klastery białek na chemicznie programowalnych, samoorganizujących monowarstwach.

(Protein micropatterning and clustering on chemically programmable self-assembled monolayers.)

Presented December 12, 2019

Research done in IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Piotr Zielenkiewicz

[ang]

PRACE MAGISTERSKIE 2019

988/N

WARDASZKA PATRYCJA

Badanie w drożdżach powiązań funkcjonalnych między kinazą Slt2, regulatorem kalcyneuryny Rcn2 i białkiem Vps13 zaangażowanym w transport do wakuoli.

(Analysis of functional relations between Slt2 kinase, the calcineurin negative regulator Rcn2 and Vps13 protein involved in trafficking to the vacuole in yeast.)

Presented July 12, 2019

Research done in the Faculty of Chemistry Warsaw University of Technology and IBB PAS.

M.Sc.Thesis Supervisors: dr Monika Wielechowska, dr hab. Joanna Kamińska

989/N

RADULEWICZ ANNA

Analiza funkcjonalna białek potencjalnie zaangażowanych w replikację DNA bakteriofaga typu c2 bakterii *Lactococcus*.

(Functional analysis of proteins potentially involved in the replication c2 type bacteriophage of *Lactococcus* sp.)

Presented July 15, 2019

Research done in the Faculty of Biology University of Warsaw and IBB PAS.

M.Sc.Thesis Supervisors: dr Agnieszka Szczepankowska, dr hab. Agnieszka Kwiatek

990/N

TĄCKIEWICZ MAGDALENA

Wpływ czynników fizykochemicznych na infekcyjność bakteriofagów litycznych wobec bakterii *Lactococcus lactis*.

(The influence of physicochemical factors on the infectivity of lytic bacteriophages against *Lactococcus lactis*.)

Presented July 15, 2019

Research done in SGGW and IBB PAS.

M.Sc. Thesis Supervisors: dr hab. Małgorzata Ziarno, dr Agnieszka Szczepankowska

991/N

ŁUKASZEWSKA PATRYCJA

Identyfikacja miejsca inicjacji replikacji oraz charakterystyka białek zaangażowanych w replikację DNA u bakteriofagów z grupy sk1 *virus* litycznych wobec bakterii z gatunku *Lactococcus lactis*.

(Identification the origin of replication and characterization of proteins involved in DNA replication in lytic *Lactococcus lactis* sk1 *virus* phages.)

Presented July 15, 2019

Research done in SGGW and IBB PAS.

M.Sc. Thesis Supervisors: dr hab. Małgorzata Ziarno, dr Agnieszka Szczepankowska

992/N

SZULC ANNA ELŻBIETA

Poszukiwanie partnerów komórkowych regulatora transkrypcji DdaR w *Pseudomonas aeruginosa*.

(Searching cellular partners of transcription regulator DdaR in *Pseudomonas aeruginosa*.)

Presented July 11, 2019

Research done in the Faculty of Chemistry Warsaw University of Technology and IBB PAS.

M.Sc.Thesis Supervisors: dr inż. Joanna Żylińska-Urban, dr hab. Aneta Bartosik

993/N

HAWRO IZABELA MAGDALENA

Kontrola ekspresji mitochondrialnego genu syntazy ATP *ATP9* przez białka Aep1, Aep2 i Atp25 u drożdży *Saccharomyces cerevisiae*.

(The control of mitochondrial ATP9 gene expression by Aep1, Aep2 and Atp25 proteins in yeast *Saccharomyces cerevisiae*.)

Presented September 26, 2019

Research done in the Faculty of Biology University of Warsaw and IBB PAS.

M.Sc.Thesis Supervisors: prof. dr hab. Paweł Golik, dr hab. Róża Kucharczyk

994/N

KOWALEWSKI PAWEŁ

Ocena zależności funkcjonalnej kompleksu SWI/SNF i potencjalnych białek zewnętrznych będących składnikami różnych szlaków regulacyjnych u *Arabidopsis*.

(Evaluation of the functional interdependence of the SWI/SNF complex and potential external proteins that are components of various regulatory pathways in *Arabidopsis*.)

Presented April 2, 2019

Research done in SGGW and IBB PAS.

M.Sc.Thesis Supervisors: dr hab. Tomasz Sarnowski

995/N

KROMKA PAULINA

Konstrukcja szczepionki przeciw grypie niosącej konserwowaną część hemaglutyniny na platformie dodekahedronu adenowirusowego.

(Developing of influenza vaccine with conservative domain of hemagglutinin on the platform of adenoviral dodecahedron.)

Presented December 19, 2019

Research done in the Faculty of Biology University of Warsaw and IBB PAS.

M.Sc.Thesis Supervisors: dr hab. Ewa Szolajska

286/M

SOCZEWKA P.

First person - Piotr Soczewka.

Disease Models and Mechanisms (2019) 12(1): UNSP dmm039016

DOI: 10.1242/dmm.039016

IF 4.398

287/M

SACHAROWSKI S.P., SARNOWSKI T.J.

Mechanizmy kontrolujące strukturę chromatyny.

Postępy Biochemii (2019) 65(1): 9-20

DOI: 10.18388/pb.2019_252

288/M

SZYMAŃSKI Ł., HELBRECHT I., FIEDOROWICZ M., MATAK D., BARTNIK E., GOLIK P., SZCZYLIK C., CZARNECKA A.M.

Komórki macierzyste raka nerki – pochodzenie i znaczenie.

Postępy Biochemii (2019) 65(2): 95-102

DOI: 10.18388/pb.2019_250

289/M

ZIUZIA-GRACZYK I., BĘBENEK A.

Prymazы prokariotyczne – budowa i funkcje.

Postępy Biochemii (2019) 65(1): 21-30

DOI: 10.18388/pb.2019_253

290/M

ŁAZOWSKI K., MAKIEŁA-DZBEŃSKA K.

Obecność rybonukleotydów w DNA ma antagonistyczne znaczenie dla utrzymania stabilności genetycznej organizmów.

Postępy Biochemii (2019) 65(2): 143-152

DOI: 10.18388/pb.2019_247

291/M

WASILEWSKA E., KACZOROWSKA-HAĆ B., BURZYŃSKA B., MAŁGORZEWICZ S., JASSEM E.

Asthma and hyperbilirubinemia: a new aspect to analyze?

Postępy Dermatologii i Alergologii (2019) 36(5): 639-642

DOI: 10.5114/ada.2019.89511

IF 1.757

292/M

PASZEWSKI A.

„Profesor idealny” – czy realny?

Pauza Akademicka (2019) 485: 2-3

293/M

PASZEWSKI A.

Instrumenty demagoga.

Pauza Akademicka (2019) 487: 1

ARTYKUŁY 2018

5737

KAZUŃ B., MAŁACZEWSKA J., KAZUŃ K., ŻYLIŃSKA-URBAN J., SIWICKI A.K.

Immune-enhancing activity of potential probiotic strains of *Lactobacillus plantarum* in the common carp (*Cyprinus carpio*) fingerling.

Journal of Veterinary Research (2018) 62(4): 485-492

DOI: 10.2478/jvetres-2018-0062

IF 0.811

5738

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

New breeding site and records of king penguins (*Aptenodytes patagonicus*) on King George Island (South Shetlands, Western Antarctic).

Polar Record (2018) 54(4): 275-283

DOI: 10.1017/S0032247418000554

IF 0.712

5738/1

FIEDOROWICZ M., BARTNIK E., SOBCZUK P., TETERYCZ P., CZARNECKA A.M.

Molecular biology of sarcoma.

Oncology in Clinical Practice (2019) 14(6): 307-330

DOI: 10.5603/OCP.2018.0045

IF -

5738/2

MYKOWIECKA A., SZCZĘSNY P., GÓRECKI P.

Inferring gene-species assignments in the presence of horizontal gene transfer.

IEEE/ACM Transactions on Computational Biology and Bioinformatics (2018) 15(5): 1571-1578

DOI: 10.1109/TCBB.2017.2707083

IF 2.896

5738/3

JAGIELSKI T., GAWOR J., BAKUŁA Z., DECEWICZ P., MACISZEWSKI K., KARNKOWSKA A.

cytb as a new genetic marker for differentiation of prototheca species.

Journal of Clinical Microbiology (2018) 56(10): e00584-18 (19 p.)

DOI: 10.1128/JCM.00584-18

IF 4.959

5738/4

HRYNIEWIECKA E., PILECKI T., ZIENIEWICZ K., PĄCZEK L.

Circadian and short-term blood pressure abnormalities after liver transplantation.

Clinical and Experimental Hypertension (2018) 40(8): 730-733

DOI: 10.1080/10641963.2018.1431248

IF 1.522

5738/5

BEM J., GRABOWSKA I., DANISZEWSKI M., ZAWADA D., CZERWIŃSKA A.M., BUGAJSKI Ł.,

PIWOCKA K., FOGTMAN A., CIEMERYCH M.A.

Transient microRNA expression enhances myogenic potential of mouse embryonic stem cells.

Stem Cells (2018) 36(5): 655-670

DOI: 10.1002/stem.2772

IF 5.614

5738/6

HELBRECHT I., SZYMAŃSKI Ł., FIEDOROWICZ M., MATAK D., BARTNIK E., GOLIK P., SZCZYLIK C., CZARNECKA A.M.

Metody izolacji komórek macierzystych raka nerki.

Postępy Biologii Komórki (2018) 45(2): 115-134

IF 0.158

5738/7

RYMASZEWSKI W., DAUZAT M., BEDIÉE A., ROLLAND G., LUCHAIRE N., GRANIER C., HENNIG J., VILE D.

Measurement of *Arabidopsis thaliana* plant traits using the PHENOPSIS phenotyping platform.

Bio-protocol (2018) 8(4): e2739 (15 p.)

DOI: 10.21769/BioProtoc.2739

IF -

ABSTRAKTY 2018

4571/A

MAZUREK T., ARENDARCZYK A., GROMADKA A., MALESA-TARASIUK K., KOBLOWSKA M., WILIMSKI R., CZUB P., FILIPIAK K., ZIELENKIEWICZ P., OPOLSKI G.

Peri-coronary adipose tissue expresses pro-inflammatory activity, which may affect coronary atherosclerosis in patients with coronary artery disease.

30th Annual Symposium on Transcatheter Cardiovascular Therapeutics (TCT), San Diego, USA, 21-25 September 2018

Journal of the American College of Cardiology (2018) 72(13) suppl. B: B341, TCT-856

4572/A

MYKOWIECKA A., MUSZEWSKA A., GÓRECKI P.

Inferring time-consistent and well-supported horizontal gene transfers.

IEEE International Conference on Bioinformatics and Biomedicine, Madrid, Spain, 3-6 December 2018

Proceedings IEEE International Conference on Bioinformatics and Biomedicine-BIBM 2018. Ed.

Zheng H. et al. p. 79-83

4573/A

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

Exposure of *Daphnia* to environmental concentration of pharmaceuticals results in impact on their biology.

XXXIV International Society of Limnology Congress, Nanjing, China, 19-24 August 2018

Book of Abstracts, 01-O, p.49-50

4574/A

MARCINKOWSKI M., PILŹYS T., GARBICZ D., PIWOWARSKI J., WINIEWSKA M., PRZYGONSKA K., GIELNIK M., GRZESIUK E., POZNAŃSKI J.

Biophysical studies of FTO dioxygenase and its interactors.

EMBO Workshop: Cellular Signalling and Cancer Therapy, Cavtat, Croatia, 14-18 September 2018

Abstracts of Poster Presentation P3, p.85

4575/A

GARBICZ D., MIELECKI D., PILŹYS T., MARCINKOWSKI M., DĘBSKI J., KRAWCZYK H., GRZESIUK E.

Newly synthesized stilbene and methoxydibenzo[b,f]azepin derivatives as a potent anti-cancer compounds.

EMBO Workshop: Cellular Signalling and Cancer Therapy, Cavtat, Croatia, 14-18 September 2018

Abstracts of Poster Presentation P97, p.208

4576/A

PILŹYS T., MARCINKOWSKI M., GARBICZ D., KUKWA W., MIECZKOWSKI A., FERENC K., DYLEWSKA M., POZNAŃSKI J., GRZESIUK E.

Correlation studies of ALKBHs overexpression in neck and head cancer and antraquinones as their inhibitors.

EMBO Workshop: Cellular Signalling and Cancer Therapy, Cavtat, Croatia, 14-18 September 2018

Abstracts of Poster Presentation P98, p.209

4577/A

DOMINO M., FERENC K., PILŹYS T., SKRZYPEK P., MATYBA P., WIELGOSZ M., GAJEWSKI Z., GRZESIUK E., ZABIELSKI R.

Changes in IUGR piglets gut and liver metabolism predisposing to preferential use of fatty acids as a source of energy.

14th International Symposium on Digestive Physiology of Pigs, Brisbane, Australia, 21-24 August 2018

Poster Sessions P.232

4578/A

SOCZEWKA P., KAMIŃSKA J., ŻOŁĄDEK T.

Endoplasmic reticulum-plasma membrane contact sites are required for MYO3-N suppression of vps13Δ in yeast model of chorea-acanthocytosis.

EMBO Workshop Membrane Contact Sites in Health and Disease, Arosa, Switzerland, 21–25 September 2018

Abstract Book Poster 103

4579/A

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 (LTx) on health-related quality of life (HRQoL) in patients with PBC.

International Liver Congress, Paris, France, 11-15 April 2018

Journal of Hepatology (2018) 68 (supplement 1): S382 FRI-044

4579/1/A

BOCHTLER M.

The vocabulary of protein-DNA interactions: symmetry, degeneracy, modifications.

31st European Crystallographic Meeting, Oviedo, Spain, 22-27 August 2018

Acta Crystallographica A-Foundation and Advances (2018) 74(supplement S): e2, KN-1

4579/2/A

RUSECKA J., KIERDASZUK B., RYDZANICZ M., STAWIŃSKI P., KOSTERA-PRUSZCZYK A., KAMIŃSKA A., BARTNIK E., PŁOSKI R., TOŃSKA K.

Exome sequencing reveals a novel homozygous mutation in the *RNASEH1* gene in a Polish family with progressive external ophthalmoplegia and ptosis with mitochondrial DNA deletions.

51st Conference of the European-Society-of-Human-Genetics (ESHG) in conjunction with the European Meeting on Psychosocial Aspects of Genetics (EMPAG), Milan, Italy, 16-19 June 2018

European Journal of Human Genetics (2018) 27 (suppl. 1): 934. E-PO6.15

PRACE MAGISTERSKIE 2018

968/N

KROCIN KONRAD

Optymalizacja izolacji DNA oraz wstępna charakterystyka wybranych właściwości szczepów bakterii wyizolowanych z ziaren kefirowych: *Lactobacillus kefiranofaciens* 16, *Lactobacillus kefir* 207 i *Lactobacillus parakefiri* 618.

(Optimisation of DNA isolation and characterisation of selected properties of bacterial strains isolated from kefir grains: *Lactobacillus kefiranofaciens* 16, *Lactobacillus kefir* 207 i *Lactobacillus parakefiri* 618.)

Presented March 15, 2018

Research done in the Faculty of Horticulture, Biotechnology and Landscape Architecture SGGW and IBB PAS.

M.Sc.Thesis Supervisor: dr Magdalena Kowalczyk

MISCELLANEA 2018

283/M

KRÓL K.,

First person - Kamil Król.

Journal of Cell Science (2018) 131(24): jcs228122 (2 p.)

DOI: 10.1242/jcs.228122

IF 4.401

284/M

ADAMOWICZ-SALACH A., BURZYŃSKA B., SIWICKA A., SMALISZ K., MATYSIAK M.,

Nietypowy obraz hemoglobinopatii współistniejącej z talasemią β .

Nowa Pediatria (2018) 22(4): 145-148

DOI: 10.25121/NP.2018.22.4.145

285/M

KACZMAREK W., ŁĘGOSZ P., SZCZEPANIAK R., LIPIŃSKA A., MUCHA K.,

Nowe urządzenie do dynamicznej korekcji kręgosłupa (DKK): wskazania i przeciwwskazania.

Fizjoterapia Polska (2018) 8(4): 62-72

Publikacje nieuwzględnione w 2017

ARTYKUŁY 2017

5530/1

HARAŃCZYK H., CASANOVA-KATNY A., OLECH M., STRZAŁKA K.

Dehydration and freezing resistance of lichenized fungi.

Chapter 3 in: **Plant Adaptation Strategies in Changing Environment**. Ed. Shukla V., Kumar S., Kumar N., Springer; ISBN 978-981-10-6743-3 [386 p.] 2017, p.77-102

DOI: 10.1007/978-981-10-6744-0_3

IF -

5530/2

DĄBROWSKI F., BURDZIŃSKA A., KULESZA A., CHLEBUS M., KALETA B., BORYSOWSKI J., ZOŁOCIŃSKA A., PĄCZEK L., WIELGOŚ M.

Mesenchymal stem cells from human amniotic membrane and umbilical cord can diminish immunological response in an *in vitro* allograft model.

Gynecologic and Obstetric Investigation (2017) 82(3): 267-275

DOI: 10.1159/000449199

IF 1.183

5530/3

PLEŚNIAK Ł., ORION-JĘDRYSEK M., JAKUBIAK M., BUCHA M., KRAJNIAK J., MATUSEWICZ M., KUFKA D., MATYASIK I., JANIGA M., LOJEN S., ZIGON S.

Ocena migracji składników gazu ziemnego w złożu Borzęcin na podstawie wyników analiz izotopów trwałych wodoru i węgla.

Nafta-Gaz (2017) 73(1): 27-35

DOI: 10.18668/NG.2017.01.03

IF –

ABSTRAKTY 2017

4404/1/A

TUREK-JAKUBOWSKA A., DĘBSKI J., JAKUBOWSKI M., SZAHIDEWICZ-KRUPSKA E., GAWRYŚ J., RDZANEK K., DOROSZKO A.

Serum proteins interplaying with ischemic stroke - a LC/MS human proteomic study for biomarkers and potential drug targets.

27th European Meeting on Hypertension and Cardiovascular Protection, Milan, Italy, 16-19 June 2017

Journal of Hypertension (2017) 35 suppl. 2, PP.29.28

4404/2/A

FORONCEWICZ B., MUCHA K., BOCIAN K., WIRKOWSKA A., TRUSZEWSKA A., PERKOWSKA-PTASIŃSKA A., KORCZAK-KOWALSKA G., PĄCZEK L.

Circulating tregs and TH17 cells percentages in class IV differ from other classes of lupus nephritis.

5th ERA-EDTA Congress, Madrid, Spain, 3-6 June 2017

Nephrology Dialysis Transplantation (2017) 32 (suppl. 3): SP116

Informacje o działalności jednostki naukowej PAN w 2019r.
(sporządzane i przekazywane adresatom wyłącznie w wersji elektronicznej)

Adresaci:

- 1) **Wydział PAN** (właściwy merytorycznie i organizacyjnie)
- 2) **Biuro Upowszechniania i Promocji Nauki PAN**

Termin: 14.02.2020r.

I. INFORMACJE ORGANIZACYJNE

I.1.

Nazwa	Instytut Biochemii i Biofizyki Polskiej Akademii Nauk
Status jednostki ¹	Instytut Naukowy
Kategoria jednostki ²	Kategoria A+, Decyzja nr 189/KAT/2017 z dnia 22.11.2017 r.
Dane adresowe ³	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)
(imię i nazwisko, tytuł/stopień naukowy; jeżeli zmiana na stanowisku nastąpiła w ciągu roku sprawozdawczego, należy tę informację podać).

Prof. dr hab. Piotr Zielenkiewicz – do 30.11.2019 r.
Prof. dr hab. Jarosław Poznański – od 01.12.2019 r.

Przewodniczący Rady Naukowej
Prof. dr hab. Andrzej Dziembowski – do 30.11.2019 r.
vacat – 01.12.2019 - 14.01.2020 r.
Prof. dr hab. Wojciech Bal – od 14.01.2020 r.

¹ Instytut naukowy, pomocnicza jednostka naukowa, międzynarodowy instytut naukowy

² Przyznana przez MNiSW, data i numer komunikatu

³ Adres, telefon, adres email, strona internetowa jednostki

I.3. Misja, uprawiane dyscypliny naukowe oraz 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

Nauki biologiczne, nauki chemiczne (biochemia, biofizyka, bioinformatyka, biologia molekularna, genetyka molekularna, genomika, biotechnologia, chemia biologiczna, chemia fizyczna).

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 oraz roślinami. Organizacja Pracowni Kultur Komórkowych rozszerzyła zakres prowadzonych prac i spowodowała, że szereg pracowni do badań wykorzystuje jako model badawczy kultury komórek ludzkich, tym samym przybliżając nas do zrozumienia mechanizmów działających w komórkach człowieka. Poznawane są struktury i mechanizmy ekspresji genów oraz ich produktów – białek i kwasów rybonukleinowych.

Postęp techniczny umożliwia systematyczne rozwijanie prac wykorzystujących analizy wielkoskalowe, tj. **genomiki**, **transkryptomiki** oraz **proteomiki** i **metabolomiki** opartych o spektrometrię mas. Stosowane na szeroką skalę podejście **genomiczne** pozwala na ustalanie sekwencji nukleotydowych wybranych plazmidów, bakteriofagów oraz tworzenie bibliotek mutantów w badanych genach. Analizowane są sekwencje genomów wiroidów i wirusów roślinnych. Prowadzona jest analiza funkcjonalna genomu drożdży oraz *Paramecium tetraurelia*. Badania te są prowadzone wielokierunkowo i obejmują zarówno geny, których funkcje są poznane, jak i te o funkcjach dotychczas nieustalonych.

Planowanym uzupełnieniem tego kierunku badań jest 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). Od kilku lat w Instytucie rozwijane są także badania **metagenomiczne** oparte o analizę sekwencji całkowitego DNA izolowanego z naturalnych środowisk. Metagenomika populacji mikroorganizmów środowiskowych może pozwolić na identyfikację nowych substancji biologicznie czynnych o znaczeniu biotechnologicznym lub medycznym.

Genetyka wybranych procesów metabolicznych poznawana jest m.in. na przykładach przemian związków siarkowych u wybranych bakterii, grzybów niższych 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 drożdże jako modelowe organizmy eukariotyczne, 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. Prace wielu grup badawczych skupiają się nad poznaniem funkcji i struktury złożonych kompleksów białkowych zaangażowanych w procesy replikacji 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 poszczególnych polimeraz DNA w procesie replikacji DNA, a w układach eukariotycznych studiowane są funkcje białek niekatalitycznych wchodzących w skład holoenzymów oraz powiązanie mutagenyzy i naprawy DNA z procesami nowotworowymi. Analizowane są funkcje zarówno znanych, jak i nowo odkrytych genów zaangażowanych w procesy mutagenyzy 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. W celu przeprowadzania różnorodnych badań nad

interakcjami roślina-patogen konstruowane są zarówno pełne infekcyjne genomy wirusowe, jak i rośliny transgeniczne.

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 degradacji różnych klas RNA. Na tej podstawie inicjowane są projekty o znaczeniu aplikacyjnym, których celem jest poszukiwanie nowych leków przeciwnowotworowych. Ważną częścią tych prac jest rozwijanie metodologii służącej do nadprodukcji, oczyszczania 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 (kalorymetria ITC i DSC, potencjometria, termoforeza mikroskalowa) i mechanizmie oddziaływań (spektroskopia UV-Vis, CD, fluorescencyjna; 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. Ostatnio zintensyfikowane zostały badania nad modelowymi układami białko-ligand w celu wprowadzenia racjonalnej metodyki poszukiwania specyficznych inhibitorów – obecnie skupiamy się nad kinazami białkowymi.

Wszystkie omówione badania oparte są na obszernym wykorzystaniu **bioinformatyki**. Rozwijane są teoretyczne metody analizy sekwencji genów, struktur ich produktów, zwijania łańcuchów białkowych, powstawania kryształów białkowych, tworzenia struktur białko-kwas nukleinowy, analiz filogenetycznych, modelowania molekularnego. Prowadzone są prace nad różnicową analizą oddziaływań białko-białko na poziomie komórki (interaktomów), co powinno umożliwić znalezienie kluczowych interakcji dla np. procesów chorobowych. Rozwijane są metody znajdowania inhibitorów oddziaływań białek jako potencjalnych leków w chorobach molekularnych i dla zastosowań w biotechnologii. Badania nad tym zagadnieniem prowadzone są w kierunku opracowania metodologii projektowania takich inhibitorów dającej się zastosować do dowolnych par białek o znanej strukturze. Przeprowadzane są także symulacje kinetyki ekspresji wybranych genów.

W Instytucie działa **Pracownia Analiz Mikromacierzy**. W pracowni tej, we współpracy z innymi laboratoriami, prowadzone są wielkoskalowe badania ekspresji genów.

Stosowanie w Instytucie wielkoskalowych metod genomiki, proteomiki i transkryptomiki, wykorzystywanych w badaniach zespołów Instytutu, w połączeniu z metodami bioinformatycznymi powoduje uzyskiwanie wyników istotnych dla **biologii systemów**.

W latach 2015-2019 IBB PAN koordynował projekt ELIXIR – System Informacyjny o Złożonych Systemach Biologicznych umieszczony na Polskiej Mapie Drogowej. 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 sześciu projektach z Polskiej Mapy Drogowej. IBB PAN jest także zaangażowane w organizację stacji badawczej do pomiarów biofizycznych w projekcie PolFEL – Polski Laser na

Swobodnych Elektronach koordynowanym przez Narodowe Centrum Badań Jądrowych w Otwocku-Świerku.

Lista projektów na Polskiej Mapie Infrastruktury Badawczej (stan na dzień 24.01.2020 r), w których bierze udział IBB PAN.

L.p.	Tytuł	Opis	Koordynator
1	ELIXIR – System Informacyjny o Złożonych Systemach Biologicznych	Krajowy ośrodek badawczy stanowiący część międzynarodowego projektu ELIXIR z mapy drogowej ESFRI (nauki biologiczne)	Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu
2	Polskie Multidyscyplinarne Laboratorium Badań Polarnych (PolarPOL)	Krajowa infrastruktura badawcza stanowiąca wkład w międzynarodowy projekt „SIOS”	Instytut Biochemii i Biofizyki Polskiej Akademii Nauk w Warszawie
3	CePT – Centrum Badań Przedklinicznych	Krajowy ośrodek badawczy (nauki medyczne)	Warszawski Uniwersytet Medyczny
4	POL-OPENSOURCE – Polska Platforma Infrastruktury Skriningowej dla Chemii Biologicznej	Krajowy ośrodek badawczy stanowiący część międzynarodowego projektu EU-OPENSOURCE z mapy drogowej ESFRI (nauki biologiczne)	Instytut Biologii Medycznej PAN w Łodzi
5	SOLARIS – Narodowe Centrum Promieniowania Synchrotronowego	Krajowa infrastruktura badawcza stanowiąca wkład w międzynarodowy projekt „CERIC-ERIC”	Uniwersytet Jagielloński w Krakowie
6	PolFEL – Polski Laser na Swobodnych Elektronach	Krajowa infrastruktura badawcza	Narodowe Centrum Badań Jądrowych w Otwocku-Świerku

II. AKTYWNOŚĆ NAUKOWA JEDNOSTKI

II.1. Publikacje naukowe jednostki (liczbowo)

Liczba ogółem	Monografie naukowe (lub rozdziały) wydane przez wydawnictwa zamieszczone w wykazie wydawnictw	Monografie naukowe (lub rozdziały) wydane przez wydawnictwa niezamieszczone w wykazie wydawnictw	Artykuły naukowe opublikowane w czasopismach naukowych i materiałach z konferencji zamieszczonych w wykazie czasopism	Artykuły naukowe opublikowane w czasopismach naukowych niezamieszczonych w wykazie czasopism	Pozostałe publikacje naukowe
179	2	1	172	3	1

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 <i>czasopisma: drukowane</i>		<i>wyłącznie w wersji elektronicznej</i>	Inne wydawnictwa ciągłe			
liczba tytułów	nakład w egz.	liczba tytułów	nakład w egz.	liczba tytułów	nakład w egz.	liczba tytułów	liczba tytułów	nakład w egz.	liczba tytułów	nakład w egz.
-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-

II.2.2. Czasopisma udostępniane na platformach cyfrowych (De Gruyter Open/Springer; PAN – Czytelnia Czasopism, Elektroniczna Biblioteka; inne platformy)

Liczba tytułów ogółem, w tym:

Tytuł czasopisma, nazwa platformy elektronicznej, na której zostało udostępnione czasopismo.

nie było

II.3. Projekty, prace badawcze realizowane w roku sprawozdawczym

Łączna liczba wszystkich projektów (II.3.1-II.3.5): 114

w tym:

Projekt w ramach		Tytuł projektu	Kierownik projektu	Okres realizacji (rok) od-do		Przyznane środki*	Instytucja finansująca	Partnerzy zagraniczni (kraj, nazwa jednostki), jeśli dotyczy
II.3.1 Projekty finansowane lub dofinansowane ze środków Narodowego Centrum Nauki	1	Multidyscyplinarne kompleksowe badania degradacji i kontroli jakości mitochondrialnego RNA.	Dr hab. Roman Szczęsny	2014	2020	3 000 880 zł	Narodowe Centrum Nauki	
	2	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	2020	678 550 zł	Narodowe Centrum Nauki	
	3	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	2020	1 159 300 zł	Narodowe Centrum Nauki	1) Max Planck Institute for Plant Breeding Research, Niemcy 2) Max Planck Institute of Molecular Plant Physiology, Niemcy
	4	Badanie struktur trudnych układów białkowych z użyciem nowych metod spektrometrii mas.	Prof. dr hab. Michał Dadlez	2015	2020	3 189 880 zł	Narodowe Centrum Nauki	1) Université Paris Descartes, Francja 2) North Carolina University, California Institute of Technology, USA 3) DKFZ Heidelberg, Niemcy 4) Cambridge University, Wielka Brytania
	5	Strukturalne konsekwencje oligomeryzacji lizeiny-toksyny wiążącej sfingomielinę tratw lipidowych.	Dr Magdalena Kulma	2015	2019	711 620 zł	Narodowe Centrum Nauki	
	6	Dynamika subkomórkowa efektora HopQ1 - efektora trzeciego systemu sekrecji z <i>Pseudomonas syringae</i> .	Dr hab. Magdalena Krzymowska	2015	2019	1 105 024 zł	Narodowe Centrum Nauki	
	7	Wykorzystanie techniki zagęszczania celów sprzężonej z sekwencjonowaniem nowej generacji w celu izolacji oraz charakterystyki genu Ry-fst0, warunkującego skrajną odporność roślin ziemniaka (<i>Solanum tuberosum</i> L.) na infekcję PVY.	Prof. dr hab. Jacek Hennig	2015	2019	1 378 670 zł	Narodowe Centrum Nauki	
	8	Rola proteasomalnej degradacji białek w regulacji odpowiedzi roślin na stres niedoboru siarki.	Dr Anna Wawrzyńska	2015	2019	594 340 zł	Narodowe Centrum Nauki	

Załącznik nr 4

9	Regulatory oraz białka docelowe receptora selektywnej autofagii AtNBR1 w różnych fazach niedoboru siarki w roślinach.	Prof. dr hab. Agnieszka Sirko	2015	2019	1 226 140 zł	Narodowe Centrum Nauki	
10	Szlaki naprawy DNA uczestniczące w oporności na terapię fotodynamiczną oraz jako potencjalny cel terapeutyczny.	Dr hab. Elżbieta Speina / Prof. dr hab. Barbara Tudek	2015	2019	1 016 830 zł	Narodowe Centrum Nauki	
11	Funkcjonalna analiza białek Nudix, nieznanych czynników wirulencji, adaptacji i oporności na antybiotyki <i>Pseudomonas aeruginosa</i> .	Prof. dr hab. Grażyna Jagura-Burdzy	2015	2019	679 640 zł	Narodowe Centrum Nauki	
12	Badanie mechanizmów biorących udział w syntezie niekodujących transkryptów.	Dr Jacek Nowak	2016	2019	1 205 200 zł	Narodowe Centrum Nauki	Institute for Integrative Biology of the Cell, Francja
13	LEW1 jako białkowy partner cis-prenylotransferaz w procesie biosyntezy poliizoprenoidów u <i>Arabidopsis</i> .	Mgr Przemysław Surowiecki	2015	2019	150 000 zł	Narodowe Centrum Nauki	
14	Molekularne podstawy amyloidogenezy - struktura i dynamika konformacyjna wybranych kompleksów ludzkiego białka prionowego PrPc z kationami metali.	Dr Igor Zhukov	2015	2019	156 000 zł	Narodowe Centrum Nauki	
15	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	
16	Nieznane szlaki przemian metabolicznych octanu, maślanu, mleczanu i propionianu we wspólnotach mikroorganizmów produkujących metan.	Dr hab. Anna Sikora	2016	2019	970 550 zł	Narodowe Centrum Nauki	
17	Regulacja posttranslacyjnej modyfikacji ludzkiej polimerazy iota.	Dr Justyna McIntyre	2016	2020	703 800 zł	Narodowe Centrum Nauki	
18	Nie-katakityczne domeny DRM2, metylotransferazy DNA kierowanej przez RNA.	Dr Humberto Fernandez	2016	2020	907 200 zł	Narodowe Centrum Nauki	
19	Udział polimerazy delta DNA w replikacji nici wiodącej w komórkach <i>Saccharomyces cerevisiae</i> .	Prof. dr hab. Iwona Fijałkowska	2016	2020	993 600 zł	Narodowe Centrum Nauki	
20	Nowe podejście w projektowaniu inhibitorów bisubstratowych.	Mgr inż. Maria Winiewska	2016	2019	150 000 zł	Narodowe Centrum Nauki	
21	Identyfikacja funkcji biologicznej oraz mechanizmów działania unikalnych dolicholi w komórkach grzybów strzępkowych.	Prof. dr hab. Joanna Kruszewska	2016	2020	653 560 zł	Narodowe Centrum Nauki	
22	Mechanizmy inkorporacji i usuwania rybonukleotydów w komórkach <i>E. coli</i> .	Dr Karolina Makiela-Dzbeńska	2016	2020	549 360 zł	Narodowe Centrum Nauki	National Institutes of Child Health and Human Development, USA

Załącznik nr 4

23	Szczegółowa analiza potencjalnych regulatorów transkrypcji z proteomu <i>Pseudomonas aeruginosa</i> zależnych od ParA/ParB z wykorzystaniem narzędzi biologii systemów.	Dr hab. Aneta Bartosik	2016	2021	1 518 680 zł	Narodowe Centrum Nauki	
24	Wpływ mobilnych elementów na metabolizm bakterii. Dynamiczne polimery alfa-helikalnych białek plazmidowych typu Kfr w organizacji prokariotycznego wrzeciona mitotycznego.	Prof. dr hab. Grażyna Jagura-Burdzy	2016	2019	676 800 zł	Narodowe Centrum Nauki	
25	Regulacja polimerazy III RNA w makrofagach.	Dr Damian Graczyk	2016	2020	776 000 zł	Narodowe Centrum Nauki	
26	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	University of Geneva, Szwajcaria
27	Hydrofobowa solwatacja halogenowych ligandów. Pomiary termodynamiczne umożliwiające określenie energii swobodnej wiązania halogenowego.	Prof. dr hab. Jarosław Poznański	2016	2020	998 100 zł	Narodowe Centrum Nauki	
28	Poszukiwanie aktywowanego przez aneksynę 1 mechanizmu molekularnego ochrony chloroplastów przed stresem oksydacyjnym w <i>Arabidopsis thaliana</i> .	Dr hab. Dorota Konopka-Postupolska	2016	2020	1 213 200 zł	Narodowe Centrum Nauki	
29	Zmiany w profilu transkryptomycznym i proteomicznym oraz elementach historii życia Daphnia w odpowiedzi na związki alkilujące zanieczyszczające środowisko.	Prof. dr hab. Elżbieta Grzesiuk	2017	2020	1 059 740 zł	Narodowe Centrum Nauki	
30	Czy oddziaływania z albuminą są istotne dla metalozależnej toksyczności peptydów beta-amylodowych.	Mgr inż. Ewelina Stefaniak	2017	2020	150 000 zł	Narodowe Centrum Nauki	
31	Badanie roli i biosyntezy poliprenoli typu bakteryjnego w komórkach eukariotycznych.	Dr Liliana Surmacz	2017	2021	900 000 zł	Narodowe Centrum Nauki	
32	Czy mikrobioty ryzosfer antarktycznych roślin kwiatowych zwiększają ich odporność?	Mgr Anna Znój	2017	2020	148 800 zł	Narodowe Centrum Nauki	
33	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	
34	Nowe powiązania funkcjonalne w komórce eukariotycznej: transport pęcherzykowy strażnikiem stabilności genetycznej.	Dr hab. Adrianna Skoneczna	2017	2020	1 069 400 zł	Narodowe Centrum Nauki	

Załącznik nr 4

35	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	2017	2020	1 033 600 zł	Narodowe Centrum Nauki	
36	Mechanizmy onkogenezy związanej z mutacjami w DIS3.	Prof. dr hab. Andrzej Dziembowski	2017	2022	3 490 750 zł	Narodowe Centrum Nauki	
37	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	
38	Promutagenne działanie pseudoubikwitynazy Mms2 w komórkach drożdży <i>S. cerevisiae</i> .	Mgr Michał Krawczyk	2017	2020	149 900 zł	Narodowe Centrum Nauki	
39	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	1) The University of Melbourne, Australia, 2) University of Strasbourg, Francja, University of Saskatchewan, Kanada, 3) Karlsruhe Institute of Technology, Niemcy, 4) St. Mary College, Notre Dame, USA
40	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	1) National Clinical Research Center of Kidney Diseases, Jinling Hospital, Nanjing University School of Medicine, Nanjing, Chiny, 2) Institut de Biochimie et Génétique Cellulaires, CNRS-Bordeaux University (UMR5095), Bordeaux, Francja
41	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	RNA Biology and Molecular Physiology, Faculty of Biology, Bielefeld University, Niemcy
42	Molekularny mechanizm kontroli tempa elongacji PolI przez splicing.	Dr hab. Szymon Świeżewski	2017	2020	1 520 900 zł	Narodowe Centrum Nauki	
43	Polihydroksykwaszy zimnolubnych bakterii z regionów polarnych – rola w adaptacji bakterii do warunków stresowych i potencjał biotechnologiczny.	Dr Jakub Grzesiak	2017	2020	647 116 zł	Narodowe Centrum Nauki	Materials Research Centre, Faculty of Chemistry, Brno University of Technology, Czechy
44	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 hab. Aneta Kaniak-Golik	2018	2021	818 000 zł	Narodowe Centrum Nauki	

Załącznik nr 4

45	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	
46	Badania termodynamiczne wiązania halogenowego w klatce (bio)molekularnej.	Prof. dr hab. Jarosław Poznański	2018	2021	1 398 000 zł	Narodowe Centrum Nauki	
47	Rola HopBF1, efektora podobnego do kinaz białkowych, w wirulencji chorobotwórczych bakterii.	Dr hab. Magdalena Krzymowska	2018	2021	1 767 400 zł	Narodowe Centrum Nauki	Department of Molecular Biology, University of Texas Southwestern Medical Center, USA
48	Analiza wybranych procesów wpływających na architekturę genomów i skład proteomów u grzybów.	Dr hab. Anna Muszewska	2018	2021	403 840 zł	Narodowe Centrum Nauki	
49	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	
50	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	
51	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	University of Cambridge, Wielka Brytania
52	Identyfikacja funkcji jądrowej kinazy TOR u Arabidopsis.	Mgr Paweł Ćwiek	2018	2021	180 000 zł	Narodowe Centrum Nauki	Max Planck Institute of Molecular Plant Physiology, Niemcy
53	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	1) National Institute of Genetics, Japonia 2) Institut de Génétique Moléculaire de Montpellier, Francja
54	Mechanizmy regulacji biosyntezy poliprenoli na poziomie transkrypcji.	Dr Daniel Buszewicz	2018	2021	990 000 zł	Narodowe Centrum Nauki	
55	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	European Molecular Biology Laboratory, Grenoble, Francja
56	Ilościowa ocena transportu osadów z lodowców Szetlandów Południowych na podstawie wybranych metod teledetekcyjnych.	Dr hab. Robert Bialik	2018	2021	898 400 zł	Narodowe Centrum Nauki	Stacja Antarktyczna im. Juana Carlosa I, Chile
57	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	
58	Czy maszyneria apoptotyczna jest starą adaptacją do warunków tlenowych?	Dr hab. Szymon Kaczanowski	2018	2021	786 200 zł	Narodowe Centrum Nauki	

Załącznik nr 4

59	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	
60	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	The Sainsbury Laboratory, University of East Anglia, Wielka Brytania
61	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	The Institute of Cancer Research, Wielka Brytania
62	Rola kinazy TOR w regulacji statusu chromatyny.	Mgr inż. Paweł Ćwiek	2018	2019	83 676 zł	Narodowe Centrum Nauki	Max Planck Institute for Plant Breeding Research, Niemcy
63	Dystrybucja jonów miedzi pomiędzy peptydami amyloidu beta a biomolekułami obecnymi w szczelinie synaptycznej w kontekście neurotoksyczności Choroby Alzheimer.	Mgr inż. Ewelina Stefaniak	2018	2019	122 962 zł	Narodowe Centrum Nauki	The Imperial College of Science, Technology and Medicine, Wielka Brytania
64	Charakterystyka klonów <i>Streptococcus pyogenes</i> opornych na makrolidy.	Dr hab. Izabela Kern-Zdanowicz	2018	2021	1 027 302 zł	Narodowe Centrum Nauki	
65	Mechanizmy chroniące przed uszkodzeniami oksydacyjnymi podczas starzenia.	Dr Ulrike Topf	2018	2019	1 200 800 zł	Narodowe Centrum Nauki	
66	Przygotowanie i charakteryzacja zestawu mutantów <i>Arabidopsis thaliana</i> dla wybranych podjednostek TRAPP - homologów ssaczych białek specyficznych dla kompleksu TRAPP-III.	Dr Marta Hoffman-Sommer	2018	2019	30 430 zł	Narodowe Centrum Nauki	
67	Integracja przekazu sygnału od światła i stresu osmotycznego - funkcje molekularne białka PMI1 z <i>Arabidopsis thaliana</i> .	Mgr Olga Sztatelman	2019	2022	1 242 600 zł	Narodowe Centrum Nauki	
68	Dolichol - super lipid niezbędny dla funkcjonowania komórki eukariotycznej.	Prof. dr hab. Ewa Kula-Świeżewska	2019	2022	1 997 400 zł	Narodowe Centrum Nauki	1) Institute of Experimental Botany, Academy of Sciences of the Czech Republic, Czechy 2) Science for Life Laboratory, Stockholm University, Szwecja 3) Bijvoet Center for Biomolecular Research, Utrecht, Holandia
69	Charakterystyka determinantów genetycznych systemu mannozo-specyficznej fosfotransferazy (Man-PTS) warunkujących wrażliwość na nowo zidentyfikowane bakteriocyyny podklasy IId.	Mgr Aleksandra Tymoszevska	2019	2021	139 800 zł	Narodowe Centrum Nauki	
70	Rola i współdziałanie dehydrogenazy AidB i dioksogenazy AlkB w naprawie uszkodzeń zasad DNA i RNA.	Dr hab. Agnieszka Maciejewska	2019	2022	924 400 zł	Narodowe Centrum Nauki	

Załącznik nr 4

71	Analiza zależności funkcjonalnej pomiędzy organo-specyficznym wyborem alternatywnych miejsc startu transkrypcji (altTSS) a remodelingiem chromatyny zależnym od kompleksu SWI/SNF u <i>Arabidopsis</i> .	Dr Szymon Kubala	2019	2022	1 618 800 zł	Narodowe Centrum Nauki	Max Planck Institute for Plant Breeding Research, Niemcy
72	Ocena funkcji biologicznej podjednostki typu SNF5 kompleksu SWI/SNF u <i>Arabidopsis thaliana</i> z wykorzystaniem nowej linii insercyjnej z inaktywacją genu kodującego tę podjednostkę.	Mgr Jarosław Steciuk	2019	2022	210 000 zł	Narodowe Centrum Nauki	Max Planck Institute for Plant Breeding Research, Niemcy
73	Nowe mechanizmy molekularne w pozakomórkowym transporcie miedzi.	Prof. dr hab. Wojciech Bal	2019	2022	1 522 000 zł	Narodowe Centrum Nauki	1) University of Strasbourg, Francja 2) Technical University Delft, Holandia 3) St. Mary College, Notre Dame, USA 4) Imperial College, Wielka Brytania
74	Charakterystyka determinantów genetycznych biosyntezy kwasu priopionowego oraz analiza ich funkcjonalności w wybranych bakteriach fermentacji mlekowej.	Dr hab. Tamara Aleksandrak-Piekarczyk	2019	2022	623 000 zł	Narodowe Centrum Nauki	
75	Topologia chromosomu <i>Pseudomonas aeruginosa</i> . Rola białka partycyjnego ParB.	Prof. dr hab. Grażyna Jagura-Burdzy	2019	2022	2 100 800 zł	Narodowe Centrum Nauki	
76	Analiza transkryptomiczna genomów <i>Saccharomyces cerevisiae</i> w przebiegu ewolucji prowadzonej w warunkach laboratoryjnych - badanie stabilności modułów funkcjonalnych.	Mgr Joanna Klim	2019	2020	69 900 zł	Narodowe Centrum Nauki	
77	Białko PA2504 - nowy gracz w systemie regulacji egzotoksyny A <i>Pseudomonas aeruginosa</i> .	Mgr Joanna Drabińska	2019	2021	138 720 zł	Narodowe Centrum Nauki	
78	Proteomiczna analiza interakcji białek wirusa Zika z jądrowymi białkami komórek gospodarza.	Prof. dr hab. Michał Dadlez	2019	2021	1 072 126 zł	Narodowe Centrum Nauki	University of Louisville School of Medicine, Department of Neurological Surgery, Department of Microbiology and Immunology, USA
79	Prohepcydyna jako molekularny cel wiązania kadmu.	Mgr Dawid Płonka	2019	2021	69 600 zł	Narodowe Centrum Nauki	Warwick University, Wielka Brytania
80	Badanie zaburzeń homeostazy miedzi w drożdżowym modelu rzadkich chorób neurodegeneracyjnych związanych z deficytem białek VPS13.	Mgr inż. Piotr Soczewka	2019	2021	112 800 zł	Narodowe Centrum Nauki	
81	Regulacja śmierci komórki i aktywności OXPHOS przez AMPylazę Fmp40 u drożdży <i>S. cerevisiae</i> .	Dr hab. Róża Kucharczyk	2019	2022	1 671 600 zł	Narodowe Centrum Nauki	Institut de Biochimie et Génétique Cellulaires, Francja
82	"Bet-hedging" u roślin - wielopoziomowa analiza zmienności czasu spoczynkowego nasion - od pojedynczego nasiona do populacji.	Dr hab. Szymon Świeżewski	2019	2024	3 711 000 zł	Narodowe Centrum Nauki	

Załącznik nr 4

	83	Podstawy kinetyki wymiany miedzi pomiędzy modelowymi peptydami i małymi cząsteczkami.	Mgr Radosław Kotuniak	2019	2021	132 240 zł	Narodowe Centrum Nauki	1) Technical University Delft, Holandia 2) Imperial College, Wielka Brytania
	84	Rola efektora HopAG1 w wirulencji bakteryjnych patogenów roślinnych.	Dr Magdalena Górecka	2019	2022	1 021 800 zł	Narodowe Centrum Nauki	
	85	Projektowanie fotoprzełączalnych rozbrajaczy biomateriałów zbudowanych z włókien amyloidowych.	Dr Dorota Niedziałek	2019	2022	618 600 zł	Narodowe Centrum Nauki	
	86	Identyfikacja nieznanych regulatorów wtórnego czasu spoczynkowego nasion u Arabidopsis.	Dr Ruslan Yatusewich	2019	2022	1 456 400 zł	Narodowe Centrum Nauki	
	87	Biologia i systematyka antarktycznych szczepów bakterii kwasu mlekowego z rodzaju Carnobacterium w świetle analiz fenotypowych i genomicznych.	Mgr inż. Katarzyna Kosiorek	2019	2021	139 980 zł	Narodowe Centrum Nauki	
	88	Platforma oparta o nanociała (VHH) przeciwko podjednostkom kompleksu remodelującego chromatynę typu SWI/SNF jako innowacyjne narzędzie do precyzyjnie kontrolowanej inaktywacji kompleksu i badań w biologii molekularnej.	Dr hab. Tomasz Sarnowski	2019	2022	1 499 400 zł	Narodowe Centrum Nauki	1) University of Leeds, Wielka Brytania 2) Max-Planck Institute of Molecular Plant Physiology, Niemcy
	89	Charakterystyka funkcji i wiązania substratów przez białko opiekuńcze prefoldynę w procesach fizjologicznych i podczas stresu komórkowego.	Dr Ulrike Topf	2019	2022	1 882 500 zł	Narodowe Centrum Nauki	
	90	Mechanizmy zachowania metylacji DNA u ssaków: czas, wierność i podstawy kopiowania wzoru metylacji.	Prof. dr hab. Mathias Bochtler	2019	2022	1 737 600 zł	Narodowe Centrum Nauki	East China Normal University, College of Life Science, Chiny
	91	Analiza wielofunkcyjna białka C6orf203 będącego nowym czynnikiem zaangażowanym w metabolizm ludzkiego RNA mitochondrialnego.	Mgr Anna Kotrys	2019	2020	133 352 zł	Narodowe Centrum Nauki	Department of Molecular Biology at Massachusetts General Hospital and Harvard Medical School, USA
	92	Szlaki transportu niekodujących RNA w czasie mejozy.	Dr Julita Gruchota	2019	2022	999 465 zł	Narodowe Centrum Nauki	Institut de Biologie Intégrative de la Cellule (I2BC), Francja
	93	Identyfikacja czynników wirulencji <i>Streptococcus anginosus</i> .	Dr hab. Izabela Kern-Zdanowicz	2019	2022	1 005 620 zł	Narodowe Centrum Nauki	
	94	Analiza funkcjonalna białek z domeną AAA_25 pod kątem ich udziału w procesie replikacji bakteriofagów <i>Lactococcus lactis</i> wyizolowanych z zaburzonych procesów fermentacyjnych.	Dr Agnieszka Szczepankowska	2019	2020	48 565 zł	Narodowe Centrum Nauki	
II.3.2 Projekty	1	Wykrywanie zagrożenia nagłą śmiercią łóżeczkową.	Dr Paweł Szczęsny	2015	2019	1 199 750 zł	NCBiR	

Załącznik nr 4

finansowane lub dofinansowane ze środków Narodowego 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	NCBiR	
	3	Innowacyjna instalacja produkująca wodór i metan metodą mikrobiologiczną z odpadów i produktów ubocznych przemysłu cukrowniczego wraz z zastosowaniami otrzymywanych gazów i zapewnieniem samowystarczalności energetycznej oczyszczalni ścieków w cukrowni.	Dr hab. Anna Sikora	2016	2020	2 544 270 zł	NCBiR	
	4	Zastosowanie nowych metod rozpoznawania i leczenia padaczki oraz zaburzeń neurorozwojowych u dzieci w oparciu o model kliniczny i komórkowy padaczki zależnej od szlaku mTOR.	Prof. dr hab. Michał Dadlez	2017	2021	3 928 980 zł	NCBiR	
II.3.3 Projekty finansowane przez inne organizacje krajowe (w tym MNiSW, NAWA)	1	Selektywna autofagia w <i>Arabidopsis thaliana</i> .	Prof. dr hab. Agnieszka Sirko	2019	2019	20 000 zł	NAWA	
	2	Badania transportu jonów miedzi przez białko CTRL: chemia koordynacyjna i wymiana jonów miedzi z peptydem amyloid beta.	Dr Nina Wezynfeld	2018	2019	241 500 zł	MNiSW	University of Strasbourg, Francja
	3	POL-OPENSREEN - Polska Platforma Infrastruktury Skriningowej dla Chemii Biologicznej.	Prof. dr hab. Piotr Zielenkiewicz	2018	2023	11 500 000 zł	MNiSW	
	4	Analiza funkcji kompleksów remodelujących chromatynę typu SWI/SNF w kontroli struktur chromatynowych wyższego rzędu.	Mgr Paulina Kondrak	2015	2020	199 980 zł	MNiSW	
	5	Optycznie czynne 4,5dihydrobenzo(b)(1,5)diazocyny, jako nowe struktury uprzywilejowane wykorzystane do projektowania leków przeciwnowotworowych. Projektowanie, synteza i badanie właściwości cytotoksycznych selektywnych i niskotoksycznych, hybrydowych inhibitorów deacetylazy histonowej (HDAC).	Mgr Bartosz Bieszczad	2016	2020	220 000 zł	MNiSW	
	6	Zastosowanie metod bioinformatyki i biologii molekularnej do znajdowania substancji o potencjalnym działaniu na fizjologię człowieka.	Prof. dr hab. Piotr Zielenkiewicz	2017	2021	170 520 zł	MNiSW	
	7	Gene-loops and antisense transcription as mediators of stress memory in plants.	Dr Lien Brzeźniak	2018	2020	800 000 zł	FNP	
	8	Mouse Genome Engineering Facility - generation of animal models for biomedical and preclinical studies.	Prof. dr hab. Andrzej Dziembowski	2018	2021	3 319 980 zł	FNP	
	9	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	FNP	

Załącznik nr 4

	10	Mitochondrial double-stranded RNA: its origin, turnover and involvement in human diseases.	Dr hab. Roman Szczęsny	2018	2021	2 166 850 zł	FNP	
	11	Functional interactions of human proteins involved in post-transcriptional regulatory mechanism.	Prof. dr hab. Andrzej Dziembowski	2016	2019	3 161 000 zł	FNP	
	12	Antisense transcription requirement for plant external environment sensing.	Dr hab. Szymon Świeżewski	2017	2020	2 996 000 zł	FNP	
	13	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	FNP	
	14	The role of POLR1D, a common subunit of RNA polymerases I and III in colorectal cancer.	Dr Damian Graczyk	2018	2021	1 751 616 zł	FNP	
II.3.4. Projekty finansowane przez podmioty/instytucje zagraniczne	1	Regulation of gene expression by non-canonical poly(A) and poly(U) polymerases.	Prof. dr hab. Andrzej Dziembowski	2013	2019	6 194 100 zł	UE	
II.3.5. Inne projekty	1	Identyfikacja epigenetycznych mechanizmów regulujących ekspresję kluczowych supresorów nowotworzenia w jasnokomórkowym raku nerki.	Dr hab. Tomasz Sarnowski	2018	2021	599 000,00 zł	Polpharma	

*środki ogółem przyznane na okres realizacji przez instytucję finansującą projekt

II.3.6. Wyniki prac badawczych:

- Wybrane 2 ważniejsze wyniki uzyskane w ramach projektów/ prac badawczych (wymienić nazwę) realizowanych lub zrealizowanych w roku sprawozdawczym (na każdy opis – maks. 500 znaków ze spacjami).

A Bacterial Effector Mimics a Host HSP90 Client to Undermine Immunity.

Lopez VA, Park BC, Nowak D, Sreelatha A, Zembek P, Fernandez J, Servage KA, Gradowski M, Hennig J, Tomchick DR, Pawłowski K, Krzymowska M, Tagliabracchi VS. Cell. 2019 179(1):205-218. PMID: 31522888

Głównym celem badań prowadzonych w Pracowni Patogenezy Roślin IBB PAN jest opis procesów obronnych komórek roślinnych po infekcji mikroorganizmów patogennych. Pracownicy i doktoranci PPR IBB PAN we współpracy z innymi ośrodkami badawczymi opisali mechanizm działania białka HopBF1, jednego z tzw. białek efektorowych, warunkujących zjadliwość bakterii patogennych. Efektor HopBF1 z fitopatogennych bakterii *Pseudomonas syringae* jest założycielem nieopisanego dotychczas rodziny kinaz. Białko HopBF1 fosforyluje konserwowaną resztę seryny w eukaryotycznych białkach opiekuńczych z rodziny HSP90. W konsekwencji unieczynnia HSP90 i blokuje odpowiedź obronną komórek gospodarza. Badania te nie tylko przyczyniły się do zrozumienia mechanizmów wirulencji bakterii patogennych, lecz dostarczyły narzędzia do badania funkcji HSP90 oraz dezaktywacji tego białka, co mogłoby być wykorzystane m.in. w terapii przeciwnowotworowej (komentarz w Nature [2019, 573, 312–313], a także w Nature Plants [2019, 5, 1110–1111]).

Quantitative proteomics revealed C6orf203/MTRES1 as a factor preventing stress-induced transcription deficiency in human mitochondria.

Kotrys AV, Cysewski D, Czarnomska SD, Pietras Z, Borowski LS, Dziembowski A, Szczesny RJ. Nucleic Acids Res. 2019 47(14):7502-7517. PMID: 31226201

Ekspresja ludzkiego genomu mitochondrialnego wymaga aktywności wyspecjalizowanej maszynery białkowej. Celem prowadzonych prac jest poznanie m.in. mechanizmów molekularnych odpowiedzialnych za regulację ekspresji genomu mitochondrialnego w warunkach stresu. Przeprowadzone badania doprowadziły do identyfikacji nowego czynnika kodowanego przez gen *MTRES1* (*C6ORF203*), który przeciwdziała obniżeniu poziomu mitochondrialnych RNA w warunkach nieprawidłowej ekspresji genomu mitochondrialnego. Wykazano, że białko MTRES1 działa na poziomie transkrypcji. Zaproponowano, że podwyższenie poziomu białka MTRES1 służy jako mechanizm kompensujący zapobiegający skutkom zaburzonej ekspresji genomu mitochondrialnego. Wydaje się, że jest to pierwsze zidentyfikowane ludzkie białko o takiej funkcji.

- Najważniejsze w roku sprawozdawczym osiągnięcie działalności naukowej jednostki o znaczeniu ogólnospołecznym lub gospodarczym, jeżeli zjawisko wystąpiło (maks. 500 znaków ze spacjami).

brak

- 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 US10398665, zagraniczny, przyznany 03.09.2019. „Związki niskocząsteczkowe jako modulatory zmutowanego białka CFTR i ich zastosowanie w leczeniu chorób wywołanych dysfunkcjami białka CFTR.” „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

W opracowaniu wynalazku zastosowano metody modelowania molekularnego, które pozwoliły zaprojektować nowy mechanizm interwencji farmakologicznej w mukowiscydozie. Mechanizm ten został wykorzystany do zaproponowania czterech różnych klas związków niskocząsteczkowych, które wiążąc się do zmutowanego białka CFTR przeciwdziałają jego przedwczesnej degradacji. Przeprowadzone eksperymenty wykazały pożądaną aktywność zaproponowanych związków, stwarzając szansę na opracowanie nowatorskiej terapii w leczeniu mukowiscydozy wywołanej mutacją delF508 w genie CFTR.

II.4. Działalność jednostki o charakterze innowacyjnym, aplikacyjnym

II.4.1. Ochrona własności intelektualnej (dotyczy uprawnień jednostki z tytułu patentu/prawa ochronnego w myśl obowiązujących aktów prawnych z zakresu ochrony własności przemysłowej), w tym:

- wykaz zgłoszeń patentowych i uzyskanych patentów

L.p.	Numer zgłoszenia patentowego	Data zgłoszenia patentowego	Numer prawa wyłącznego	Tytuł	Twórca / Twórcy (nazwisko i imię)	Nazwa uprawnionego z patentu	Kraj lub organizacja gdzie dokonano zgłoszenia
1.	EP 3448410	06.03.2019		Methods and compositions modifying cystic fibrosis transmembrane conductance regulator activity.	Norbert Odolczyk Aleksander Edelman Piotr Zielenkiewicz Grażyna Kuźmińska-Faure	Institut Pasteur Institut National de la Recherche Medicale Instytut Biochemii i Biofizyki PAN	EPO
2.	WO 2019088859	09.05.2019		Sposób oczyszczania środowiska zanieczyszczonego estrami siarkowymi, nowe szczepy bakteryjne, nowe białka, konstrukt kwasu nukleinowego, wektor, komórka gospodarz, sposób wytwarzania szczepów bakteryjnych i nowych białek, kompozycja ich zastosowania oraz sposób bioremediacji środowiska.	Ewa Furmańczyk Michał Kamiński Adam Sobczak Leszek Lipiński	Instytut Biochemii i Biofizyki PAN	WIPO
3.	P-431125	11.09.2019		Zastosowanie tiosangiwamycyny jako substancji chwastobójczej, kompozycja chwastobójcza zawierająca tiosangiwamycynę oraz sposób zwalczania szkodliwych roślin.	Rafał Archacki, Paweł Siedlecki, Maciej Wójcikowski, Katarzyna Sosnowska	Uniwersytet Warszawski Instytut Biochemii i Biofizyki PAN	Polska

Załącznik nr 4

4.	P.431559	22.10.2019		Szczep bakteriofaga oraz zastosowanie szczepu bakteriofaga do fagotypowania i zwalczania bakterii z rodzaju <i>Escherichia</i> , zwłaszcza enterokrwotocznych szczepów <i>Escherichia coli</i> .	Agata Jurczak-Kurek, Sylwia Bloch, Bożena Nejman-Faleńczyk, Agnieszka Necel, Alicja Węgrzyn, Grzegorz Węgrzyn	Uniwersytet Gdański, Instytut Biochemii i Biofizyki PAN	Polska
5.	P.410063	04.11.2014	PL231158 (P-410063)	Szczepionka, kompozycja farmaceutyczna, nośnik kwasów nukleinowych oraz innych substancji aktywnych biologicznie, zastosowanie kompozycji do wytwarzania szczepionki oraz zastosowanie kationowych pochodnych poliprenoli PTAI do wytwarzania substancji immunomodulujących.	Ewa Kula-Świeżewska Monika Rak Zbigniew Madeja Tadeusz Chojnacki Katarzyna Gawarecka Marek Masnyk Marek Chmielewski	Instytut Biochemii i Biofizyki PAN Uniwersytet Jagielloński Instytut Chemii Organicznej PAN	Polska
6.	P.411543	11.03.2015	PL231230 (P-411543)	Czynnik zwiększający efektywność szczepionki DNA skierowanej przeciw wirusowi, preparat plazmidowy DNA, szczepionka DNA, sposób otrzymywania zmodyfikowanego wektora ekspresyjnego oraz zastosowanie sekwencji nukleotydowej rozpoznawanej przez czynnik NF kappa B.	Agnieszka Sirko Włodzimierz Zagórski-Ostoją Patrycja Redkiewicz Chantal Pichon Anna Góra-Sochacka Anna Stachyra Patrik Midoux	Instytut Biochemii i Biofizyki PAN	Polska
7.	EP15797403.1	31.08.2015	3186362	<i>Staphylococcus aureus</i> strains for production of monoclonal phage preparations deprived of contamination with plasmid DNA	Małgorzata Łobocka Monika S. Hejnowicz Kamil Dąbrowski Dariusz Izak Agnieszka Gozdek Aleksandra Głowacka Jan Gawor Jarosław Kosakowski Robert Gromadka Beata Weber-Dąbrowska Andrzej Górski	Instytut Biochemii i Biofizyki PAN, Instytut Immunologii i Terapii Doświadczalnej PAN im. L. Hirszfelda	European Patent Office, Zgłoszenie PCT

Załącznik nr 4

8.	EP15778720.1	31.08.2015	3186361	<i>Enterococcus faecalis</i> strains for production of monoclonal phage preparations.	Małgorzata Łobocka Agnieszka Gozdek Dariusz Izak Agnieszka Zalewska Jan Gawor Kamil Dąbrowski Robert Gromadka Beata Weber-Dąbrowska Andrzej Górski	Instytut Biochemii i Biofizyki PAN, Instytut Immunologii i Terapii Doświadczalnej PAN im. L. Hirszfelda	European Patent Office, Zgłoszenie PCT
9.	P.400236	02.08.2013	PL233402	Sposób oczyszczania ścieków o wysokiej zawartości metali, zwłaszcza srebra i miedzi.	Wojciech Bal Izabela Zawisza	Instytut Biochemii i Biofizyki PAN	Polska
10.	WO2011PL00111	27.10.2011	EP 2633044	A plant homolog to autophagy protein P62.	Katarzyna Zientara-Rytter Grzegorz Moniuszko Anna Wawrzyńska Jolanta Łukomska Agnieszka Sirko	Instytut Biochemii i Biofizyki PAN	EPO
11.	EP15712187	21.12.2016	EP3105350	Transcriptomic biomarkers, method for determination thereof and use of transcriptomic biomarkers for individual risk assessment of developing post-infraction heart failure.	Beata Burzyńska Monika Góra Agata Maciejak Dorota Tułacz Marek Kiliszek Marcin Michalak Grzegorz Opolski Krzysztof Matlak Sławomir Dobrzycki	Instytut Biochemii i Biofizyki PAN Warszawski Uniwersytet Medyczny Uniwersytet Medyczny w Białymstoku	EPO
12.	EPA 10726635.5	09.04.2010	EP2437787	A virus-like particle vector for delivery of pharmaceutical agents, a process for the manufacture thereof, its uses and a pharmaceutical composition.	Ewa Szolajska Jadwiga Chroboczek Monika Żochowska	Instytut Biochemii i Biofizyki PAN	EPO
13.	US 14/969,609	15.12.2015	US10463639	Compounds as modulators of a mutant CFTR protein and their use for treating diseases associated with CFTR protein malfunction	Norbert Odolczyk Piotr Zielenkiewicz Grzegorz Wiczorek Aleksander Edelman Danielle Tondelier Janine Fritsch	Instytut Biochemii i Biofizyki, PAN	USA

Załącznik nr 4

14.	US 14/969,598	15.12.2015	US10420738	Compounds as modulators of a mutant CFTR protein and their use for treating diseases associated with CFTR protein malfunction	Norbert Odolczyk Piotr Zielenkiewicz Grzegorz Wieczorek Aleksander Edelman Danielle Tondelier Janine Fritsch	Instytut Biochemii i Biofizyki, PAN	USA
15.	US 14/969,573	15.12.2015	US10398665	Compounds as modulators of a mutant CFTR protein and their use for treating diseases associated with CFTR protein malfunction	Norbert Odolczyk Piotr Zielenkiewicz Grzegorz Wieczorek Aleksander Edelman Danielle Tondelier Janine Fritsch	Instytut Biochemii i Biofizyki, PAN	USA

– wykaz zgłoszeń i uzyskanych praw ochronnych na wzory użytkowe

L.p.	Numer zgłoszenia	Data zgłoszenia	Numer prawa wyłącznego	Tytuł	Twórca / Twórcy (nazwisko i imię)	Nazwa uprawnionego	Kraj lub organizacja gdzie dokonano zgłoszenia

brak

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)
- doktora habilitowanego (imię i nazwisko pracownika, tytuł rozprawy habilitacyjnej, dziedzina i zakres nadanego stopnia naukowego)

Imię i nazwisko	Tytuł rozprawy habilitacyjnej	Dziedzina i zakres nadanego stopnia naukowego
Anna Muszewska	Różnice w trybie życia grzybów znajdują odzwierciedlenie w składzie ich genomów.	nauki biologiczne dyscyplina biologia
Izabela Kern-Zdanowicz	Struktura, rozprzestrzenianie i ewolucja plazmidów warunkujących oporność na antybiotyki.	nauki biologiczne dyscyplina biochemia
Tamara Aleksandrak-Piekarczyk	Struktura, funkcjonowanie i regulacja genów metabolizmu cukrów u bakterii fermentacji mlekowej ze szczególnym uwzględnieniem katabolizmu laktozy i celobiozy u <i>Lactococcus lactis</i> .	nauki biologiczne dyscyplina biologia
Roman Szczęsny	Degradacja i kontrola jakości RNA w mitochondriach człowieka.	nauki biologiczne dyscyplina biologia
Magdalena Kowalczyk	Analiza bioróżnorodności mikroorganizmów i oddziaływań środowiskowych w złożonych ekosystemach ze szczególnym uwzględnieniem bakterii fermentacji mlekowej.	nauki biologiczne dyscyplina biochemia
Paweł Siedlecki	Przewidywanie powinowactwa związków niskocząsteczkowych do receptorów białkowych. Zastosowanie w badaniach przesiewowych.	nauki biologiczne dyscyplina biofizyka
Roksana Iwanicka-Nowicka	Charakterystyka molekularna i funkcjonalna głównych regulatorów transkrypcji prokariotycznych genów metabolizmu siarkowego CysB i SsuR.	nauki biologiczne dyscyplina biochemia

- doktora (imię, nazwisko pracownika, tytuł rozprawy doktorskiej, dziedzina i zakres nadanego stopnia naukowego)

Imię i nazwisko	Tytuł rozprawy doktorskiej	Dziedzina i zakres nadanego stopnia naukowego
-	-	-

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 rozprawy habilitacyjnej	Dziedzina i zakres nadanego stopnia naukowego
Maciej Maciejczyk	Opracowanie teoretyczne, projektowanie i implementacja gruboziarnistych modeli kwasów nukleinowych oraz ich zastosowanie do badania procesu formowania się podwójnej helisy DNA.	nauki biologiczne dyscyplina biofizyka
Thomas Fricke	Regulacja odpłaszczenia rdzenia HIV-1.	nauki biologiczne dyscyplina biochemia
Paulina Jackowiak	Identyfikacja fragmentów RNA w wybranych układach eukariotycznych oraz charakterystyka zidentyfikowanych cząsteczek w kontekście ich biogenezy i potencjału funkcjonalnego.	nauki biologiczne dyscyplina biologia
Honorata Czapińska	Badania strukturalne oddziaływań białko-DNA na przykładzie systemów restrykcji-modyfikacji.	nauki biologiczne dyscyplina biochemia
Izabela Sabała	Charakterystyka strukturalna i biochemiczna enzymów bakteriologicznych z rodziny M23 oraz ich wykorzystanie biotechnologiczne.	nauki biologiczne dyscyplina biochemia

- doktora

Imię i nazwisko	Tytuł rozprawy doktorskiej	Dziedzina i zakres nadanego stopnia naukowego
Michał Rażew	Badania strukturalne drożdżowego degradosomu mitochondrialnego mtEXO.	nauki biologiczne dyscyplina biochemia
Diana Toczyłowska-Socha	Badania funkcjonalne ludzkich metylotransferaz związanych z biosyntezą 5'końca mRNA.	dziedzina nauki ścisłe i przyrodnicze dyscyplina nauki biologiczne

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 (art. 285 ustawy z dnia 3 lipca 2018r. Przepisy wprowadzające ustawę - Prawo o szkolnictwie wyższym i nauce)
K	M	K	M	K	M	K	M		
86	57	19	10	0	0	0	0		
Liczba uczestników studiów doktoranckich ogółem						w tym: przyjęci w roku sprawozdawczym			
K		M		K		M		120	120
86		57		19		10			

Bliższe informacje o doktorantach niebędących obywatelami polskimi, zwanymi dalej „cudzoziemcami”

Liczba cudzoziemców ogółem		w tym: przyjęci w roku sprawozdawczym	
28		10	
Kraj pochodzenia	Liczba cudzoziemców	Kraj pochodzenia	Liczba cudzoziemców
1) Chiny	2	1) Chiny	1
2) Hiszpania	1	2) Indie	6
3) Indie	17	3) Iran	1
4) Iran	1	4) Turcja	1
5) Litwa	1	5) Włochy	1
6) Niemcy	1		
7) Portugalia	2		
8) Turcja	1		
9) Ukraina	1		
10) Włochy	1		

II.6.4 Szkoły doktorskie - stan na dzień 31 grudnia - *prośba o podanie danych odrębnie dla każdej szkoły doktorskiej*

(w przypadku szkół doktorskich prowadzonych wspólnie przez kilka podmiotów:

- podaje się dane dotyczące wyłącznie doktorantów przypisanych składającemu sprawozdanie instytutowi PAN

albo

- dane dotyczące wszystkich instytutów PAN podaje jeden upoważniony instytut PAN jeśli tak wynika z uregulowań pomiędzy podmiotami prowadzącymi szkołę, będący podmiotem odpowiedzialnym za wprowadzanie danych do systemu POL-on)

Nazwa szkoły doktorskiej prowadzonej przez instytut PAN lub wspólnie prowadzonej z innymi podmiotami		SZKOŁA DOKTORSKA MEDYCYNY TRANSLACYJNEJ „Bench to Bedside – B 2 B 4 PhD”			
Podmiot odpowiedzialny za wprowadzanie danych do systemu POL-on i uprawniony do otrzymania środków finansowych na wspólne kształcenie w szkole doktorskiej		Centrum Medyczne Kształcenia Podyplomowego			
Podmioty wspólnie prowadzące szkołę doktorską		1) Centrum Medyczne Kształcenia Podyplomowego w Warszawie 2) Instytut Medycyny Doświadczalnej i Klinicznej im. Mirosława Mossakowskiego PAN w Warszawie 3) Instytut Biochemii i Biofizyki PAN w Warszawie 4) Instytut Biocybernetyki i Inżynierii Biomedycznej im. Macieja Nałęcza PAN w Warszawie			
Dyscypliny, w których prowadzone jest kształcenie w szkole doktorskiej		1) nauki medyczne 2) nauki biologiczne 3) nauki biomedyczne			
Liczba doktorantów szkoły doktorskiej w instytucie naukowym PAN (w podziale na płeć doktorantów):				Liczba doktorantów pobierających stypendia:	
Liczba doktorantów szkoły doktorskiej - ogółem 4		w tym: przyjęci w roku sprawozdawczym		Ogółem	w tym: otrzymujący stypendium doktoranckie, o którym mowa w art. 209 ust. 1 ustawy z dnia 20 lipca 2018 r. - Prawo o szkolnictwie wyższym i nauce
K	M	K	M		
4	0	4	0		4

Bliższe informacje o doktorantach szkół doktorskich niebędących obywatelami polskimi, zwanymi dalej „cudzoziemcami”

Liczba cudzoziemców ogółem		w tym: przyjęci w roku sprawozdawczym	
1		1	
Kraj pochodzenia	Liczba cudzoziemców	Kraj pochodzenia	Liczba cudzoziemców
1) Białoruś	1	1) Białoruś	1

II.6.5 Wykaz uzyskanych doktoratów w ramach studiów doktoranckich pod kierunkiem promotora z jednostki PAN:

Imię i nazwisko	Tytuł rozprawy doktorskiej	Dziedzina i zakres nadanego stopnia naukowego
Anna Perzanowska-Domańska	Analiza cytotkeratynowych markerów nowotworowych przy użyciu ukierunkowanej metody spektrometrii mas wspomagająca diagnostykę raka płuc.	dziedzina nauki biologiczne dyscyplina biochemia
Marta Jedynak	Dodekahedron adenowirusowy, jako skuteczne narzędzie do wewnątrzkomórkowego dostarczania biomolekuł i przezwyciężenia oporności wielolekowej, warunkowanej obecnością Pgp w komórkach nowotworowych".	dziedzina nauki biologiczne dyscyplina biochemia
Marcin Piechocki	Analiza ewolucyjna i funkcjonalna homologów bakteryjnego czynnika wirulencji HopQ1 z <i>Pseudomonas syringae</i> .	dziedzina nauki biologiczne dyscyplina biochemia
Adam Pyzik	Analiza strukturalna i funkcjonalna konsorcjów mikroorganizmów metanogennych w oparciu o techniki sekwencjonowania wysokoprzepustowego ze szczególnym uwzględnieniem ścieżek metabolicznych zaangażowanych w proces metanogenezy.	dziedzina nauki ścisłe i przyrodnicze dyscyplina nauki biologiczne
Jolanta Czerwińska	Udział peroksydacji lipidów w powstawaniu fenotypu przedwczesnego starzenia myszy z niedoborem białka ERCC1.	dziedzina nauki ścisłe i przyrodnicze dyscyplina nauki biologiczne
Anna Detman	Analiza wybranych współzależności pomiędzy mikroorganizmami na etapie kwasogenezy i octanogenezy w beztlenowym rozkładzie materii organicznej.	dziedzina nauki ścisłe i przyrodnicze dyscyplina nauki biologiczne
Dorota Zugaj	Charakterystyka funkcjonalna białka ALKBH10B, partnera kompleksu remodelującego chromatynę typu SWI/SNF u <i>Arabidopsis thaliana</i> .	dziedzina nauki ścisłe i przyrodnicze dyscyplina nauki biologiczne

Wykaz uzyskanych doktoratów w ramach szkół doktorskich:

Imię i nazwisko	Tytuł pracy doktorskiej	Dziedzina i dyscyplina naukowa
0	0	0

II.6.6 Młodzi naukowcy, o których mowa w art. 360 ust. 2 ustawy z dnia 20 lipca 2018 r. *Prawo o szkolnictwie wyższym i nauce*, którzy otrzymali w roku sprawozdawczym

stypendium ministra właściwego do spraw szkolnictwa wyższego i nauki dla wybitnych młodych naukowców - **ogółem 0**.

Młodzi naukowcy będący pracownikami jednostki	Młodzi naukowcy będący doktorantami odbywającymi studia doktoranckie lub kształcącymi się w szkole doktorskiej
0	0

II.6.7. 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.

L.p.	Imię i nazwisko pracownika	Zagraniczny ośrodek naukowy	Forma kształcenia	Okres kształcenia, rok od-do	Wybrane uzyskane najważniejsze rezultaty badawcze (ew. publikacje-tytuł autorzy, czasopismo, nr, strony)
1.	Małgorzata Gutkowska-Stronkowska	Laboratory of Cell Biology, Institute of Experimental Botany, CAS, Prague, Czechy	Staż podoktorski	25.08.2019-23.02.2020	Wykazano zmiany w lokalizacji białek Rab w mutancie <i>rgtb1</i> (Rab geranylogeranylotransferaza) oraz brak zmian w mutancie <i>smt2</i> (metylotransferaza steroli). Wyprowadzono mutanty podwójne i potrójne w genach kodujących białka z rodziny RabA4. Wykazano brak ko-lokalizacji białek RabA4 z markerami plazmodesm i syntaza kalozy.
2.	Norbert Odolczyk	Institut Pasteur, Paryż, Francja	Staż podoktorski	czerwiec-sierpień 2019	publikacja w przygotowaniu
3.	Dr Michał Dmowski	National Institute of Genetics, Mishima, Japonia	Staż naukowy	październik – listopad 2019	Badania <i>in vitro</i> wykazały, że oddziaływanie kompleksu GINS zawierającego zmutowaną podjednostkę Psf1-100 z kompleksem polimerazy epsilon jest znacząco osłabione.
4.	Damian Mielecki	Universidad Nacional Autónoma de México, Mexico	Stypendium/staż	październik-grudzień 2019	Ustalenie optymalnej metody izolowania DNA genomowego z tkanek żółwia <i>Lepidochelys olivacea</i> . Założenie sztucznych gniazd żółwia

					<i>L. olivacea</i> w celach monitorowania wpływu temperatury na determinację płci. Publikacja w przygotowaniu
5.	Magda Kaus-Drobek	Max-Planck-Institute for Biophysical Chemistry Göttingen, Niemcy	Warsztaty - 9th Symposium on Structural Proteomics	03.06.11.2019	-
6.	Aleksander Moysa	Max-Planck-Institute for Biophysical Chemistry Göttingen, Niemcy	Warsztaty Modelling protein complexes based on restraint data - Xlink Analyzer HADDOCK	03.11.2019	Enhanced oligomerization of full-length RAGE by synergy of the interaction of its domains Alexander Moysa, Dietmar Hammerschmid, Roman H. Szczepanowski, Frank Sobott & Michal Dadlez Scientific Reports volume 9, Article number: 20332 (2019)
7.	Aleksander Moysa	University of Leeds, Wielka Brytania	Stypendium	24.08.2019-30.08.2019-	Enhanced oligomerization of full-length RAGE by synergy of the interaction of its domains Alexander Moysa, Dietmar Hammerschmid, Roman H. Szczepanowski, Frank Sobott & Michal Dadlez Scientific Reports volume 9, Article number: 20332 (2019)

II.6.8. 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
85	32	20	28

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	40	11
a) w uczelniach	25	2
b) w innych instytucjach	15	9
2. za granicą		3

Wykaz krajowych i/lub zagranicznych ośrodków naukowych, w których pracownicy jednostki prowadzili działalność dydaktyczną w roku sprawozdawczym.

Nazwa placówki

1. BioCEN
2. Festiwal Nauki 2019
3. Instytut Biochemii i Biofizyki PAN
4. Instytut Geofizyki PAN
5. Liceum Ogólnokształcące Niepubliczne Nr 40 w Warszawie
6. Politechnika Warszawska
7. Przedszkole Ala ma kota w Warszawie
8. Społeczne Liceum Ogólnokształcące nr 4 im. Batalionu AK Parasol w Warszawie
9. Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego
10. Szkoła Podstawowa nr 95 w Żąbkach
11. Uniwersytet Gdański, Wydział Oceanografii i Geografii, Gdynia
12. Uniwersytet Kardynała S. Wyszyńskiego
13. Uniwersytet Warszawski, Wydział Biologii i Wydział Matematyki, Informatyki i Mechaniki
14. Uniwersytet Warszawski, Wydział Matematyki, Informatyki i Mechaniki

II.8. Współpraca z zagranicą

II.8.1. Zagraniczne instytucje naukowe, z którymi współpracuje jednostka

l.p.	Kraj	Partner	Nazwa dokumentu	Okres obowiązywania	zakres współpracy
1.	Chile	Instituto Antártico Chileno	Memorandum of Understanding	od 28.04.2017	współpraca naukowa
2.	Chiny	Jiemin Wong East China Normal University Shanghai	Projekt NCN SHENG	01.10.2019-30.09.2022	współpraca naukowa – realizacja projektu
3.	Egipt	National Research Centre, Dokki, Cairo	Umowa dwustronna Polska-Egipt	od 06.07.2019	wymiana osobowa
4.	Francja	Martin Teichmann	Projekt NAWA Polonium	projekt przyznany w 2019,	współpraca

		Uniwersytet w Bordeaux		czas trwania projektu - 01.2020-12.2021	naukowa
5.	Francja	Hubert Becker CNRS/Université de Strasbourg/IBMC	Projekt NAWA Polonium	projekt przyznany w 2019, czas trwania projektu - 01.2020-12.2021	współpraca naukowa
6.	Francja	Etienne Schwob Institute of Molecular Genetics, Montpellier	Projekt NCN Harmonia UMO-2015/18/M/NZ3/00402	05.2018-05.2021	współpraca naukowa
7.	Francja	Said El Alaoui Covalab S.A.S.	Material Transfer Agreement, Mutual Nondisclosure Agreement	do zakończenia współpracy; (MTA podpisany 27.11.2018)	współpraca naukowa
9.	Francja	- Sanofi-Aventis Recherche & Developpement - Institut Pasteur, - Inserm Transfert Sa, - University Paris Descartes, - Inserm, Cnrs	Umowa o współpracy	do 30.09.2020	współpraca naukowa
10.	Francja	Institut Jean-Pierre Bourgin (IJPB) INRA	Projekt NAWA Polonium	01.01.2019-31.12.2020	współpraca naukowa
11.	Hiszpania	IPLA-CSIC, Instituto de Productos Lacteos	Porozumienie PAN/CSIC	od 2007 r.	współpraca naukowa
12.	Japonia	Hiroiyuki Araki National Institute of Genetics, Mishima, Japonia	Projekt NCN Harmonia UMO-2015/18/M/NZ3/00402	05.2018-05.2021	współpraca naukowa – realizacja projektu
13.	Niemcy	Ruhr-Universitat Bochum	List intencyjny	bezterminowo	współpraca naukowa
14.	Niemcy	Csaba Koncz, George Coupland, Franziska Turck Max-Planck Institute for Plant Breeding Research, Kolonia	Guest scientist contract	do 31.12.2020	współpraca naukowa
15.	Niemcy	Alisdair Fernie Max-Planck Institute for Molecular Plant Physiology	Fernie_2018 collaboration agreement	do 31.07.2022	współpraca naukowa
17.	Ukraina	Boris S. Negrutskii Institute of Molecular Biology and Genetics, National Academy of Sciences of Ukraine	Umowa o współpracy	bezterminowo	współpraca naukowa
18.	USA	Roger Woodgate, Laboratory of Genomic Integrity, NIH	Projekt NCN Harmonia UMO-2015/18/M/NZ3/00402	04-2016 – 04.2020	współpraca naukowa – realizacja projektu
19.	USA	Laura Niedernhofer, Department of Metabolism and Aging, The Scripps Research Institute, Scripps Florida	List intencyjny o współpracy, obecnie umowa ustna	2011 do teraz	współpraca naukowa
20.	Wielka Brytania	Richard Bayliss University of Leeds	Projekt NCN Harmonia	31.07.2022	współpraca naukowa – realizacja projektu
21.	Wielka Brytania	Wojciech Niedzwiedz Institute of Cancer Research, London	Projekt NCN ETIUDA UMO-2018/28/T/NZ1/00456	01.10.2018 – 31.09.2019	współpraca naukowa – realizacja projektu

22.	Wielka Brytania	Wojciech Niedzwiedz Institute of Cancer Research, London	NAWA Program im. Iwanowskiej	01.12.2019 – 30.11.2020	współpraca naukowa – realizacja projektu
-----	-----------------	--	---------------------------------	-------------------------	---

II.9. Międzynarodowe centra naukowe (działające w strukturze jednostki)

II.9.1. Dane organizacyjne:

- nazwa centrum/rok założenia/ dyrektor/przewodniczący Rady Naukowej.

Nazwa	-
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: diagnostyka, leczenie i opieka", 28.02.2019, Warszawa	Instytut Biochemii i Biofizyki PAN, Instytut Matki i Dziecka, Polskie Towarzystwo Biochemiczne, Polskie Towarzystwo Biologii Komórki	X		2
10th Inhibitors of Protein Kinases Conference IUMB Focused Meeting joined with the 2nd Challenges in Molecular Biology, Biophysics and Biomedicine Meeting 14-19.09.2019, Warszawa	Instytut Biochemii i Biofizyki PAN, Uniwersytet Warszawski, Międzynarodowa Unia Biochemii i Biologii Molekularnej		X	4
BACTERIOPHAGES IN SCIENCE AND IN PRACTICE Mini-	Komitet Biotechnologii PAN, Polskie Towarzystwa	X		2

symposium 27.11.2019, Warszawa	Biochemiczne, Polskie Towarzystwo Biologii Komórki, Instytut Biochemii i Biofizyki PAN			
-----------------------------------	--	--	--	--

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).

Pracownicy naukowcy i doktoranci IBB PAN od wielu lat mają swój wkład w przybliżaniu dzieciom i młodzieży świata nauki poprzez prowadzenie lekcji, warsztatów i spotkań w ramach Festiwalu Nauki. Podczas 23 edycji Festiwalu Nauki (20-29.09.2019, Warszawa) zostały zaprezentowane następujące tematy:

Lekcja

Jak „zobaczyć” geny plazmidowe u bakterii mlekowych? – 26.09.2019

dr hab. Magdalena Kowalczyk, dr hab. Tamara Aleksandrak-Piekarczyk, doktoranci: mgr Agata Różga, mgr Weronika Puzia, mgr Jakub Boreczek, mgr Przemysław Sałański

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 wewnątrz komórki bakteryjnej i jak wygląda jej DNA.

Warsztaty, spotkania

Czym są plazmidy i jaką rolę odgrywają u bakterii? – 26.09.2019

dr hab. Izabela Kern-Zdanowicz

Uczestnicy dowiedzieli się, co to jest plazmid, jakie znaczenie plazmidy mają dla bakterii oraz w jaki sposób plazmidy mogą przemieszczać się z bakterii do bakterii. Uczestnicy wykonali wymazy z wybranego przez siebie miejsca (np. ekran telefonu, banknoty, plecak dłoni, włosy) i posiew na podłoże stałe. Wyniki posiewów zostały przesłane uczestnikom w postaci zdjęć szalek.

Kolorowy świat bakterii – 21.09.2019

dr hab. Aneta Bartosik, dr Adam Kawalek, dr Paweł Wawrzyniak, doktorantki: mgr Katarzyna Kotecka, mgr Monika Mitura, mgr Magdalena Modrzejewska

Na warsztatach uczestnicy zapoznali się z pracą w laboratorium, przeprowadzili eksperyment z wykorzystaniem enzymu produkowanego przez bakterie, a także wyhodowali i obejrzel pod mikroskopem własne bakterie.

Gen – jak go ugryźć? – 21.09.2019

doktorantki: mgr Agata Jurkiewicz, mgr Izabela Rudzińska, mgr Marta Płonka

Uczestnicy zapoznali się z pracą w laboratorium badawczym oraz z niektórymi metodami biologii molekularnej, a także przeprowadzą eksperyment z wykorzystaniem trawienia enzymami restrykcyjnymi.

Mitochondria - komórkowe elektrownie z własnym genomem – 21.09.2019

dr Jolanta Czerwińska, dr Łukasz Borowski, mgr Agata Jędruszkowiak

Uczestnicy mogli zapoznać się z podstawowymi wiadomościami na temat mitochondriów, ich budowy, funkcji oraz roli w procesach komórkowych. W trakcie zajęć praktycznych uczestnicy poznają podstawowe techniki biologii molekularnej, wykonają eksperyment, którego celem będzie zbadanie zmienności sekwencyjnej genomu mitochondrialnego, a także przeprowadzą obserwacje mitochondriów przy użyciu mikroskopii fluorescencyjnej.

Elegancki nicien zdobywca Nobla, *Caenorhabditis elegans* jako gwiazda wśród organizmów modelowych – 22.09.2019

mgr Vladyslava Liudkovska, dr Marta Jedynak, dr Łukasz Borowski, mgr Katarzyna Kowalska

Uczestnicy mogli zapoznać się z podstawowymi wiadomościami na temat nicieni: ich budowę, cyklem życiowym i fizjologią. Zaprezentowany zostanie przegląd głównych odkryć naukowych dokonanych na nicieniach i najciekawsze kierunki przyszłych badań. W trakcie zajęć praktycznych uczestnicy poznali podstawowe techniki pracy z nicieniami, przeprowadzili obserwacje fenotypów spowodowanych mutacjami w poszczególnych genach oraz przygotowują preparaty do obserwacji nicieni przy użyciu mikroskopii fluorescencyjnej. Uczestnicy również wykonają proste eksperymenty mające na celu zbadanie wpływu różnych czynników na chemotaksję – reakcje ruchową nicieni na bodźce chemiczne.

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, fundacji, towarzystw, instytucji oraz osób działających na rzecz nauki, nagrody przyznawane przez jednostkę).

Nr tematu	Nazwa/rodzaj nagrody	Za co przyznana	Przez kogo przyznana	Komu przyznana
1.	Nagroda Prezesa Rady Ministrów	Osiągnięcia w zakresie działalności naukowej. Za dorobek naukowy z zakresu biochemii, chemii bioorganicznej i badań molekularnych związków izoprenoidowych.	Prezes Rady Ministrów	Ewa Kula-Świeżewska
2.	Nagroda Ministra Nauki i Szkolnictwa Wyższego	Za znaczące osiągnięcia w zakresie działalności naukowej	Minister Nauki i Szkolnictwa Wyższego	Roman Szczęsny
3.	Nagroda NCN	Za osiągnięcia naukowe w obszarze nauk o życiu - odkrycie mechanizmu degradacji mitochondrialnego RNA w komórkach ludzkich, wskazującego na rolę mitochondriów w regulacji nieswoistej odpowiedzi immunologicznej.	Narodowe Centrum Nauki	Roman Szczęsny
4.	Stypendium dla habilitantek	Za dorobek habilitacyjny.	L'Oréal Polska Dla Kobiet i Nauki (19 edycja Polska)	Ulrike Topf
5.	AgroBioTech-2019	Za zidentyfikowanie genu odporności ziemniaka na infekcje wirusem PVY	Komitet Biotechnologii PAN i Bayer Sp.z o.o.	Marta Grech-Baran
6.	Pierwsza nagroda Komisji ds. Nagród Rady Naukowej IBB PAN	Za pracę eksperymentalną: Uridylation by TUT4/7 Restricts Retrotransposition of Human LINE-1s Cell.174(6): 1537–1548. doi: 10.1016/j.cell.2018.07.022	Rada Naukowa IBB PAN	Andrzej Dziembowski Paweł Krawczyk
7.	Wyróżnienie Komisji ds. Nagród Rady Naukowej IBB PAN	Za pracę eksperymentalną: Mitochondrial double-stranded RNA triggers antiviral signalling in humans. Nature, 560(7717):238-242. doi: 10.1038/s41586-018-0363-0.	Rada Naukowa IBB PAN	Andrzej Dziembowski Roman Szczęsny
8.	Pierwsza nagroda Komisji ds. Nagród Rady Naukowej IBB PAN	Za najlepszą pracę przeglądową: Regulation of tRNA synthesis by the general transcription factors of RNA polymerase III - TFIIB and TFIIC, and by the MAF1 protein. Biochim Biophys Acta Gene Regul Mech. 1861(4):320-329. doi: 10.1016/j.bbagr.2018.01.011.	Rada Naukowa IBB PAN	Damian Graczyk Małgorzata Cieśla Magdalena Rakowska-Boguta

9.	Wyróżnienie Komisji ds. Nagród Rady Naukowej IBB PAN	Za pracę przeglądową: Terminal nucleotidyl transferases (TENTs) in mammalian RNA metabolism. Philos Trans R Soc Lond B Biol Sci. 373. 20180162. doi: 10.1098/rstb.2018.0162	Rada Naukowa IBB PAN	Andrzej Dziembowski
10.	Wyróżnienie rozprawy doktorskiej	Analiza cytokeratynowych markerów nowotworowych przy użyciu ukierunkowanej metody spektrometrii mas wspomagająca diagnostykę raka płuc.	Rada Naukowa IBB PAN	Anna Perzanowska-Domańska
12.	Wyróżnienie rozprawy doktorskiej	Udział peroksydacji lipidów w powstawaniu fenotypu przedwczesnego starzenia myszy z niedoborem białka ERCC1.	Rada Naukowa IBB PAN	Jolanta Czerwińska
13.	Wyróżnienie rozprawy doktorskiej	Analiza wybranych współzależności pomiędzy mikroorganizmami na etapie kwasogenezy i octanogenezy w beztlenowym rozkładzie materii organicznej.	Rada Naukowa IBB PAN	Anna Detman
14.	Wyróżnienie rozprawy habilitacyjnej	Degradacja i kontrola jakości RNA w mitochondriach człowieka.	Rada Naukowa IBB PAN	Roman Szczęsny
15.	Wyróżnienie rozprawy habilitacyjnej	Przewidywanie powinowactwa związków niskocząsteczkowych do receptorów białkowych. Zastosowanie w badaniach przesiewowych.	Rada Naukowa IBB PAN	Paweł Siedlecki
16.	Wyróżnienie rozprawy habilitacyjnej	Różnice w trybie życia grzybów znajdują odzwierciedlenie w składzie ich genomów.	Rada Naukowa IBB PAN	Anna Muszewska
17.	III miejsce - „Most Promising Science Prize” for Poster Presentation at postdoctoral level – “17th International Biannual Conference on Pseudomonas”, Kuala Lumpur, Malezja, 22-26 lipca 2019	Za prezentację posteru: Bartosik AA, Kotecka K, Modrzejewska M, Kawalek A, Jagura-Burdzy G „Towards survival – logarithmic versus stationary phase studies on <i>Pseudomonas aeruginosa</i> ” - 17th International Biannual Conference on Pseudomonas, Kuala Lumpur, Malezja, 2019	Komitet Organizacyjny “17th International Biannual Conference on Pseudomonas”, Kuala Lumpur, Malezja, 22-26 lipca 2019	Aneta Bartosik

18.	PTBioch Bursary	Abstract: The role of <i>E. coli</i> AlkB and its human homolog-ALKBH3 dioxygenases and <i>E. coli</i> glycosylase AlkA in repair of acrolein adducts to adenine and cytosine.	PTBioch 44th FEBS Congress (6-11 July, 2019; Krakow)	Małgorzata Dylewska
19.	I miejsce za prezentację plakatu	“Alpha-helical KfrC protein is a linker between relaxosome and active partitioning complexes in RA3 plasmid from IncU group” Monika Mitura, Ewa Lewicka, Grażyna Jagura-Burdzy	Komitet Organizacyjny III Sympozjum Doktorantów SBM PAN, Dziekanów Leśny, 14 czerwca 2019	Monika Mitura
20.	II miejsce za prezentację plakatu	„Characterization of transcriptional regulator PA3458 from <i>Pseudomonas aeruginosa</i> ” Karolina Kotecka, Adam Kawalek and Aneta Agnieszka Bartosik	Komitet Organizacyjny III Sympozjum Doktorantów SBM PAN, Dziekanów Leśny, 14 czerwca 2019	Karolina Kotecka
21.	Nagroda im. Jakuba Karola Parnasa	Za najlepszą pracę doświadczalną z zakresu biochemii lub biologii molekularnej wykonaną całkowicie w pracowni na terenie Polski	Polskie Towarzystwo Biochemiczne	Nagroda zespołowa: Zbigniew Pietras, Magdalena Wójcik, Łukasz. S. Borowski, Maciej Szewczyk, Tomasz Kuliński, Dominik Cysewski, Piotr Stępien, Andrzej Dziembowski, Roman Szczęsny (autor wiodący)

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, 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).

Nr tematu	Nazwa/rodzaj nagrody	Za co przyznana	Przez kogo przyznana	Komu przyznana
1.	Nagroda Ministra Nauki i Szkolnictwa Wyższego	Za znaczące osiągnięcia w zakresie działalności wdrożeniowej	Minister Nauki i Szkolnictwa Wyższego	Jacek Bardowski

III. ZATRUDNIENIE

III.1. Zatrudnienie według stanu na 31 grudnia roku sprawozdawczego (w jednostce PAN jako podstawowym miejscu pracy, jeśli dotyczy)*.

Zatrudnienie według stanowisk – w podziale na płeć

ogółem w osobach	pracownicy naukowci												pozostali pracownicy	
	Razem		profesorowie		w tym czł. PAN		profesorowie instytutu		adiunkci		asystenci			
251	K	M	K	M	K	M	K	M	K	M	K	M	K	M
	61	57	10	6	0	0	10	6	23	13	18	32	89	44

III.2. Zatrudnienie średnioroczne w przeliczeniu na pełne etaty*:

Liczba ogółem/w tym naukowych.

252,35/105,67

III.3. Zatrudnienie w roku sprawozdawczym – stan na dzień 31 grudnia 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.

III.3.1. Liczba pracowników ogółem (w przeliczeniu na pełne etaty, z jednym miejscem po przecinku), którzy po raz pierwszy do 31 grudnia 2019 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 - **120** z tego w następujących dyscyplinach naukowych lub artystycznych:

- 1) **nauki biologiczne – 89;**
- 2) **nauki chemiczne – 10;**
- 3) **nauki biologiczne/ nauki chemiczne – 15**
- 4) **nauki biologiczne/ nauki chemiczne – 2**
- 5) **nauki biologiczne/ nauki o ziemi i środowisku – 2**

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 2019 r. złożyły oświadczenie, o którym mowa w art. 343 ust. 7 ww. ustawy - oświadczenie o dziedzinie i dyscyplinie, którą reprezentują – **138**,
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 **nauk ścisłych i przyrodniczych**, dyscyplina **nauki biologiczne – 106;**
- 2) dziedzina **nauk ścisłych i przyrodniczych**, dyscyplina **nauki chemiczne – 10;**

– liczba pracowników, którzy złożyli oświadczenie o reprezentowaniu dwóch dyscyplin:

- 1) dziedzina **nauk ścisłych i przyrodniczych**, dyscyplina **nauki biologiczne**;
dziedzina **nauk ścisłych i przyrodniczych**, dyscyplina **nauki chemiczne** – 16;
- 2) dziedzina **nauk ścisłych i przyrodniczych**, dyscyplina **nauki biologiczne**;
dziedzina **nauk medycznych i nauk o zdrowiu**, dyscyplina **nauki medyczne** – 2;
- 3) dziedzina **nauk ścisłych i przyrodniczych**, dyscyplina **nauki biologiczne**;
dziedzina **nauk ścisłych i przyrodniczych**, dyscyplina **nauki o ziemi i środowisku** – 2;
- 4) dziedzina **nauk ścisłych i przyrodniczych**, dyscyplina **nauki chemiczne**;
dziedzina **nauk ścisłych i przyrodniczych**, dyscyplina **nauki biologiczne** – 2;

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,
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 Dioscuroi** – 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

Nazwa/data powołania centrum PAN /specjalność naukowa/ jednostki naukowe
tworzące centrum; krótki opis działalności

nie dotyczy

IV.3. Przynależność jednostki do sieci naukowych

Podać nazwy 5 najważniejszych dla działalności jednostki

L.p.	Nazwa	Data powołania sieci naukowej	Specjalność naukowa	Jednostki naukowe tworzące sieć
1.	Zastosowanie systemów bioinformatycznych, biologicznych i biotechnologicznych do poszukiwania nowych związków obniżających stężenie cholesterolu.	22.09.2011	Badania obejmujące opracowanie i przebadanie nowych związków chemicznych hamujących szlak biosyntezy cholesterolu.	- Instytut Biochemii i Biofizyki PAN - Warszawski Uniwersytet Medyczny
2.	Krajowa Sieć Informacji o Bioróżnorodności (Global Biodiversity Information Facility GBIF) http://www.gbif.edu/p/09.12.2003 , GBIF- 2001/	28.08.2008	Poznanie i ochrona różnorodności biologicznej, ze szczególnym uwzględnieniem obszaru Polski, a także gromadzenia, przetwarzania i udostępniania danych o bioróżnorodności	- Uniwersytet Warszawski - Centrum Badań Ekologicznych PAN - Instytut Badawczy Leśnictwa - Instytut Biochemii i Biofizyki PAN - Instytut Dendrologii PAN - Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin - Instytut Ochrony Przyrody PAN - Instytut Systematyki i Ewolucji Zwierząt PAN - Morski Instytut Rybacki - Muzeum i Instytut Zoologii PAN - Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego - Uniwersytet Gdański - Uniwersytet Jagielloński - Uniwersytet Mikołaja Kopernika - Uniwersytet Opolski - Uniwersytet Śląski - Uniwersytet w Białymstoku - Uniwersytet Wrocławski - Zakład Badania Ssaków PAN
3.	Sterowanie programem rozwoju układu pokarmowego i ekosystemu jelitowego noworodków dla poprawy zdrowia	27.05.2008	Badania zajmujące się problematyką z zakresu rozwoju struktury i funkcji przewodu pokarmowego, mikrobiologii przewodu	- 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

	dorosłych zwierząt i człowieka		pokarmowego, żywienia nowo narodzonych ssaków, jak również ich praktycznym wykorzystaniem w rolnictwie i medycynie.	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
Podać nazwy 5 najważniejszych dla działalności jednostki

L.p.	Nazwa	Data powołania	Specjalność naukowa	Jednostki naukowe tworzące konsorcjum
1.	POL-OPENSOURCE, Polska Platforma Infrastruktury Skринingowej dla Chemii Bioorganicznej jako część konsorcjum europejskiego EU-OPENSOURCE 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, - Universite de Geneve, - Uniwersytet Warszawski
5.	Biocentrum Ochota	28.12.2007	biologia, medycyna, bioinżynieria	- Instytut Biochemii i Biofizyki PAN, - Instytut Biocybernetyki i Inżynierii Biomedycznej PAN, - Instytut Biologii Doświadczalnej PAN, - Instytut Medycyny Doświadczalnej i Klinicznej PAN, - Instytut Podstawowych Problemów techniki PAN, - Międzynarodowy Instytut Biologii Molekularnej i Komórkowej.

IV.5. Udział jednostki w pracach innych form zrzeszeń powołanych dla potrzeb wspólnych przedsięwzięć naukowych lub prac rozwojowych (centra naukowe uczelni, centra naukowo-przemysłowe instytutów badawczych, inne)

L.p.	Nazwa	Data powołania	Specjalność naukowa	Jednostki naukowe zawiązujące umowę
1.	Porozumienie o współpracy	11.01.2016	badania polarne	- Instytut Biochemii i Biofizyki PAN, - Uniwersytet Warszawski
2.	Umowa naukowo-badawcza	01.03.2016	biochemia	- Instytut Biochemii i Biofizyki PAN, - Instytut Rybactwa Śródlądowego im. Stanisława Sakowicza w Olsztynie (IRS Olsztyn)
3.	Basic cooperation agreement	12.06.2016	Chemia organiczna i analityczna, biochemia, biofizyka, biologia syntetyczna, chemoinformatyka	- Instytut Biochemii i Biofizyki PAN, - University of Orleans, France

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

Warszawa, dnia 14 lutego, 2020 r.

* zgodnie z obowiązującymi przepisami.