

**INSTYTUT BIOCHEMII I BIOFIZYKI
Polskiej Akademii Nauk**

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

***SPRAWOZDANIE Z DZIAŁALNOŚCI
za 2020 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 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, profesor instytutu	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.9
Temat nr 25.2: Mechanizmy odpowiedzi komórek <i>Saccharomyces cerevisiae</i> na uszkodzenia DNA.	
dr hab. A. Kaniak-Golik	I.10
Temat nr 25.3: Koordynacja procesów naprawy DNA w komórkach eukariotycznych.	
prof. dr hab. E. Śledziwska-Gójska	I.11
Temat nr 27: Analiza funkcjonalna genów wybranych plazmidów pochodzących z bakterii o znaczeniu klinicznym.	
dr I. Kern-Zdanowicz	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	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.17
Temat nr 34: Udział struktur chromatynowych w regulacji transkrypcji genów.	
dr R. Archacki	I.18
Temat nr 35: Ekspresja genów kodujących białka o znaczeniu terapeutycznym w roślinach.	
prof. dr hab. A. Sirko	I.19
Temat nr 37: Mechanizmy kontrolujące proces patogenezę komórek roślinnych.	
prof. dr hab. J. Hennig	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.25

Temat nr 49: Metabolizm cukrów u bakterii mlekowych.	
prof. dr hab. J. Bardowski	I.26
Temat nr 50: Przewodzenie sygnału stresu osmotycznego w roślinach.	
prof. dr hab. G. Dobrowolska	I.27
Temat nr 51: Strukturalne i funkcjonalne konsekwencje modyfikacji potranslacyjnych białek.	
dr A. Wysłouch-Cieszyńska	I.29
Temat nr 52: Analiza wybranych genów metabolizmu komórkowego <i>Arabidopsis thaliana</i>.	
dr hab. E. Kraszevska, profesor instytutu.....	I.29
Temat nr 54: Mechanizmy molekularne działania jonów metali czynnych biologicznie.	
prof. dr hab. W. Bal	I.31
Temat nr 55: Analiza genetyczna podstaw wybranych chorób dziedzicznych.	
dr hab. B. Burzyńska, profesor instytutu.....	I.32
Temat nr 56: Genomika <i>Paramecium tetraurelia</i>.	
dr R. Gromadka	I.33
Temat nr 58: Identyfikacja i charakterystyka mikroorganizmów potencjalnie użytecznych w bioremediacji.	
dr hab. U. Zielenkiewicz	I.34
Temat nr 60: Mechanizmy podziałów komórkowych.	
dr hab. A. Kurlandzka, profesor instytutu.....	I.35
Temat nr 61: Dynamika transkryptomu w normie i stresie.	
dr hab. M. Kobłowska	I.36
Temat nr 64: Posttranslacyjne modyfikacje białek jako mechanizm regulacji szlaków przekazywania sygnału.	
dr hab. M. Krzymowska, profesor instytutu.....	I.37
Temat nr 65: Modelowanie mechanizmów aktywności biologicznej na podstawie danych strukturalnych.	
prof. dr hab. J. Poznański	I.38
Temat nr 66: Metodyka sekwencjonowań genomowych.	
dr R. Gromadka	I.39
Temat nr 67: Metabolizm siarki w roślinach.	
prof. dr hab. A. Sirko	I.40
Temat nr 68: Metabolizm mitochondrialnych RNA u <i>S. cerevisiae</i>.	
prof. dr hab. P. Golik	I.41
Temat nr 69: Metabolizm RNA u Eucaryota.	
dr hab. R. Szczęsny	I.42
Temat nr 70: Biologia strukturalna białek służących jako narzędzie modyfikacji genetycznych.	
prof. dr hab. M. Bochtler	I.43
Temat nr 71: Stres środowiskowy jako źródło niestabilności genetycznej.	
dr hab. A. Skoneczna, profesor instytutu.....	I.45
Temat nr 72: Genomika funkcjonalna odpowiedzi komórek eukariotycznych na stresy środowiskowe.	
dr hab. M. Skoneczny	I.46
Temat nr 73: Uwarunkowania biologiczne, geochemiczne i genetyczne struktur i funkcjonowania ekosystemów polarnych na tle gwałtownych zmian klimatycznych.	
dr hab. R. Bialik, profesor instytutu.....	I.47
Temat nr 74: Udział chromatyny w kontroli podstawowych procesów regulatorowych u Eukariota.	
dr hab. T. Sarnowski, profesor instytutu.....	I.48
Temat nr 76: Molekularne mechanizmy regulacji czasu spoczynkowego nasion.	
dr hab. Szymon Świeżewski, profesor instytutu.....	I.49
Temat nr 77: Mechanizmy powstawania i naprawy uszkodzeń DNA	
dr hab. Elżbieta Speina, profesor instytutu	I.50
Temat nr 78: Mechanizmy utrzymywania homeostazy białkowej	
dr Ulrike Topf.....	I.51

Pracownia Sekwencjonowania DNA i Syntezy Oligonukleotydów	
dr R. Gromadka	I.52
Środowiskowe Laboratorium Spektrometrii Mas	
prof. dr hab. M. Dadlez	I.55
Pracownia Analiz Mikromacierzy	
dr hab. M. Koblowska	I.57
Pracownia Mikroskopii Konfokalnej i Fluorescencyjnej	
dr M. Lichocka, dr A. Anielska-Mazur	I.58
Laboratorium Analiz Modyfikacji Genetycznych	
dr Jarosław Cieśla.....	I.59
Serwis Bakoluwirusa	
dr hab. E. Szolajska	I.59
Pracownia Hodowli Komórkowych	
dr hab. E. Szolajska	I.59
Lista seminariów IBB PAN	I.61
Lista publikacji	II
Artykuły	II.63
Abstrakty	II.97
Rozprawy habilitacyjne	II.102
Rozprawy doktorskie	II.104
Prace magisterskie	II.108
Publikacje nieuwzględnione w sprawozdaniu 2017-2018	II.110
Informacje o działalności jednostki naukowej PAN w 2018 r.	III
Podstawowe dane	III.115
Publikacje naukowe jednostki, które ukazały się drukiem (liczbowo)	III.119
Aktywność wydawnicza jednostki	III.119
Projekty, zadania badawcze realizowane w roku sprawozdawczym	III.120
Działalność jednostki o charakterze innowacyjnym, aplikacyjnym	III.138
Działalność jednostki na rzecz terytorialnych struktur samorządowych.....	III.143
Kształcenie i rozwój kadry naukowej	III.143
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
Nagrody, wyróżnienia naukowe uzyskane przez pracowników PAN w roku sprawozdawczym	III.153
Zatrudnienie	III.154
Inne formy zrzeszenia jednostek naukowych PAN	III.155

Informacja o Instytucie Biochemii i Biofizyki Polskiej Akademii Nauk

Prof. dr hab. Jarosław Poznański

Przewodniczący Rady Naukowej
Prof. dr hab. Wojciech Bal

Instytut Biochemii i Biofizyki PAN ma uprawnienia do nadawania stopni:

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

NAKŁADY NA DZIAŁALNOŚĆ IBB PAN w 2020 r.:

<i>Przyznane dotacje:</i>	<i>wpływy w roku 2020</i>
<i>Działalność statutowa</i>	<i>39 042 800,00 zł</i>
<i>w tym:</i>	
<i>Subwencja</i>	<i>28 394 400,00 zł</i>
<i>Pomoc materialna dla doktorantów</i>	<i>62 400,00 zł</i>
<i>Dotacja podmiotowa - SPUB Zintegrowane laboratorium wielkoskalowych analiz genów i białek (2019-2021)</i>	<i>2 671 000,00 zł</i>
<i>Dotacja podmiotowa - SPUB Polska Stacja Antarktyczna im. H. Arctowskiego (2019-2021)</i>	<i>7 915 000,00 zł</i>
<i>Dotacje celowe</i>	<i>10 711 097,59 zł</i>
<i>ARCTOWSKI - PolarPOL - Polskie Multidyscyplinarne Laboratorium Badań Polarnych w Antarktyce (ogółem przyznano 87 949 000,00 zł; 2018-2023)</i>	<i>10 581 597,59 zł</i>
<i>Modernizacja komór chłodniczych w budynkach Instytutu Biochemii i Biofizyki Polskiej Akademii Nauk (ogółem przyznano 512 664,00 zł; 2020-2022)</i>	<i>129 500,00 zł</i>
<i>Projekty badawcze: NCN, NCBiR, MNiSW, FNP, i inne</i>	<i>26 627 062,14 zł</i>
<i>w tym:</i>	
<i>Projekty badawcze NCN</i>	<i>18 542 511,94 zł</i>
<i>Fundusze strukturalne (FNP)</i>	<i>4 949 908,07 zł</i>
<i>Projekty badawcze MNiSW</i>	<i>1 168 730,00 zł</i>
<i>Projekty badawcze NCBiR</i>	<i>925 601,22 zł</i>

<i>Projekty NAWA</i>	<i>896 950,00 zł</i>
<i>Projektu UE</i>	<i>0,00 zł</i>
<i>Stypendia - MNISW</i>	<i>5 390,00 zł</i>
<i>Nagrody MNiSW</i>	<i>0,00 zł</i>
<i>inne</i>	<i>137 970,91 zł</i>
Inne	10 750 815,06 zł
w tym:	
<i>Wsparcie kosztów utrzymania infrastruktury badawczej - PANDA-NCBiR</i>	<i>1 390 734,97 zł</i>
<i>Prawa do wynalazku</i>	<i>371 867,96 zł</i>
<i>Działalność gospodarcza</i>	<i>1 283 409,42 zł</i>
<i>Sprzedaż usług naukowych</i>	<i>3 043 798,88 zł</i>
<i>Konferencje i HORIZON</i>	<i>250 273,30 zł</i>
<i>Przychody finansowe</i>	<i>672 124,69 zł</i>
<i>Refundacje z PAN</i>	<i>0,00 zł</i>
<i>Pozostałe</i>	<i>3 738 605,84 zł</i>
ŁĄCZNIE:	87 131 774,79 zł

Publikacje pracowników IBB PAN, które ukazały się w roku 2020:

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
206	4	0	200	0	2

Sprawozdanie merytoryczne
z działalności statutowej
za 2020 rok

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

Temat nr 5.3: Dodekahedron adenowirusowy – wektor transferu wewnątrzkomórkowego.

Zespół: dr hab. Ewa Szolajska, mgr inż. Małgorzata Podsiadła-Białoskórska

Cel badania:

Celem naszych badań jest opracowanie metody wykorzystania rekombinowanej cząstki wirusopodobnej (VLP) – dodekahedronu (Dd) jako nośnika dla wewnątrzkomórkowego dostarczenia czynników terapeutycznych do tkanek nowotworowych oraz jako platformy dostarczającej antygeny w konstruowanych szczepionkach.

Opis realizowanych prac:

Nasze dotychczasowe badania w modelu zwierzęcym wykazały, że optymalną drogą podania koniugatów dodekahedronu z czynnikami terapeutycznymi jest iniekcja miejscowa, zapewniająca akumulację koniugatu w guzie, bez jego rozprzestrzeniania się w zdrowych tkankach. Podczas gdy przy powszechnie stosowanym w chemioterapii podaniu dożylnym, znacząca część koniugatu jest wychwytywana i kumulowana w wątrobie. Jest to częściowo związane z powinowactwem Dd do siarczanów heparanu. Właściwości tej nie wykazują pentamery białka podstawy pentonu, z których zbudowany jest Dd. Wskazuje to na możliwość ich wykorzystania jako nośnika, przeznaczonego do podania dożylnego. Dodatkowo, ponieważ na powierzchni wolnych pentamerów są dostępne reszty aminokwasowe zaangażowane w reakcję koniugacji, które w strukturze VLP są ukryte, stwarza to możliwość wydajniejszego przyłączania czynników terapeutycznych. Przeprowadzone w okresie sprawozdawczym badania zdolności internalizacyjnych pentamerów białka podstawy pentonu wykazały ich wydajne wnikiwanie na drodze endocytozy do komórek raka szyjki macicy (linia HeLa) oraz do komórek mięsaka macicy MES-SA Dx5, nadprodukujących P-glikoproteiny warunkujące oporność wielolekową.

Równolegle we współpracy z zespołem prof. Cyryla Grandjean (Uniwersytet w Nant, Francja) kontynuowano badania nad wykorzystaniem potencjału Dd jako nośnika antygenów w konstruowanej szczepionce przeciw infekcjom wywołanym przez pneumokoki. Badano funkcjonalność *in vivo* preparatu Dd z przyłączonym kowalencyjnie syntetycznym tetrasacharydem odpowiadającym fragmentowi polisacharydu otoczkowego *Streptococcus pneumoniae* serotypu 14, zdolnemu do wzbudzania produkcji przeciwciał opsonizacyjnych.

Opis najważniejszych osiągnięć:

1. Potwierdzenie zdolności internalizacyjnych pentamerów białka podstawy pentonu, wskazujących na możliwość ich wykorzystania jako nośnika czynników terapeutycznych.
2. Wykazanie indukcji swoistej odpowiedzi humoralnej w modelu myszy SPF (specific pathogen free), po podaniu podskórnym preparatu dodekahedronów niosących fragment polisacharydu otoczkowego *Streptococcus pneumoniae*.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Wyniki badań funkcjonalności preparatu szczepionkowego są przedmiotem *przesłanego do Glycoconjugate Journal* manuskryptu, który jest aktualnie recenzowany.

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 Daniel Buszewicz, prof. dr hab. Tadeusz Chojnacki (do 13.06.2020), dr Małgorzata Gutkowska-Stronkowska, dr Marta Hoffman-Sommer, dr Aleksandra Weremczuk (od 1.10.2020), mgr Agnieszka Onyśk, mgr Natalia Piłka, dr Karolina Skorupińska-Tudek, dr hab. Liliana Surmacz, mgr Przemysław Surowiecki, mgr Karolina Sztompka (od 1.10.2020), mgr Marta Zajbt-Łucznińska, dr Konrad Zdanowski
magistranci: inż. Karolina Sztompka (PW, do czerwca 2020), Emilia Chojak (UW, do lipca 2020), inż. Veena Ramesh (PW, do listopada 2020)
inżynieranci: Mateusz Radkiewicz (PW, do lutego 2020), Piotr Koskowski (PW, do lutego 2020), Maryna Soma (PW)

Cel badania:

Realizowano następujące kierunki badań:

1. eukariotyczne *cis*-prenylotransferazy (CPT) – charakterystyka molekularna i mechanizmy regulacji;
2. transkrypcyjna regulacja biosyntezy izoprenoidów;
3. Rab-zależny transport pęcherzykowy a procesy komórkowe u roślin;
4. rola składników kompleksu TRAPP w metabolizmie komórki roślinnej;
5. reduktazy poliprenolu u roślin – charakterystyka molekularna.

Opis realizowanych prac:

Wykazano, że białka AtREF (Rubber Elongation Factor) zlokalizowane są zarówno w siateczce śródplazmatycznej (ER) jak i ciałkach lipidowych oraz tworzą kompleksy z AtCPT4, zatem mogą być zaangażowane w biosyntezę poliizoprenoidów.

Wykazano, że poliprenole mają wpływ na strukturę ciałek prolamelarnych rzodkiewnika [publikacja, wsp. dr Łucja Kowalewska i dr Radosław Mazur, Wydz. Biologii, UW] oraz skład lipidowy błon tylakoidów (wsp. dr Małgorzata Jemioła-Rzemińska, UJ).

Wykazano, że czynniki transkrypcyjne HSFA1B i HSFA1E oddziałują z podjednostką SWP73B kompleksu SWI/SNF.

Wykonano próby heterologicznej ekspresji skróconych form AtCPT3, -6 i -7 (wsp. prof. M. Nowotny, MIBMiK). Równolegle wykazano, że wszystkie te enzymy są *in vitro* substratami kinaz SnRK2 (wsp. dr M. Bucholc, IBB).

Opracowano model struktury heterodimerycznej ludzkiej CPT – NgBR/DHDDS (NgBR jest homologiem Lew1) [publikacja, wsp. Dr Kariona Grabińska, Yale University].

Wykazano, że w komórkach *Paramecium tetraurelia* ekspresji ulegają dwa geny *PtCPT1* i -2. Wyciszenie ekspresji *PtCPT1*, ale nie *PtCPT2*, powoduje śmierć komórek. Obie *PtCPT* wykazują punktową lokalizację w ER (wsp. dr J. Nowak, IBB).

Wyciszenie aktywności DHDDS w przecikach siatkówek myszy (*Dhddsflx/flx* iCre+) prowadzi do spadku zawartości dolicholu (~50% kontroli) przy braku zmian glikozylacji białek i niewielkiej dysfunkcji siatkówek [publikacja, wsp. prof. Steven J Fliesler, State University of New York].

U *Plasmodium falciparum* pokazano akumulację mieszaniny poliprenoli i dolicholi (Pren/Dol-15 -19), profil jest zależny od stadium rozwojowego pasożyta. Wstępnie scharakteryzowano PfCPT i PfPPRD – reduktaza poliprenoli [publikacja, wsp. dr Maria Cassera, University of Georgia].

Wykazano, iż wzrost zawartości dolicholi koreluje pozytywnie ze wzrostem poziomu transkryptów obu reduktaz *PPRD1* i -2 rzodkiewnika. Uzyskano linie rzodkiewnika wyrażające *PPRD1* i -2 w fuzji z GFP. Trwają prace nad uzyskaniem linii pozbawionych aktywności *PPRD1* (metodą CRISPR/Cas9, wsp. dr S. Sacharowski, IBB).

Trwają badania nad charakterystyką wybranych linii mutantów insercyjnych rzodkiewnika zawierających wstawki w genach kodujących podjednostki kompleksu TRAPPIII (Transport Protein Particle) i jego adapterów (AtTRAPPC2, -C2L, -C8, -C11, -C12, -C13). Wykazano, że podjednostka C8 oddziałuje z rdzeniem kompleksu poprzez białko adapterowe AtTRAPPC2, zaś podjednostka C11 - poprzez adapter C2L. Fenotyp mutantu *trappc8*⁻ różni się znacząco od *c11*⁻, *c12*⁻, *c13*⁻. W siewkach mutantu *trappc8*⁻ poziom dolicholi jest podwyższony, a zarazem mutant ten jest mniej wrażliwy od roślin dzikich na stres ER.

Wykazano wpływ geranylogeranylation białek Rab na transport auksyn i rozwój gametofitu żeńskiego u rzodkiewnika [praca w druku, wsp. dr Joanna Rojek, UG]. Kontynuowano badania nad wpływem prenylation białek na rozwój nasion u rzodkiewnika (wsp. dr Joanna Rojek, UG). Kontynuowano badania nad tworzeniem kompleksów białka REP z wybranymi białkami Rab metodami genetycznymi i strukturalnymi – HDX (wsp. dr Magdalena Kaus-Drobek, IBB). Opracowano pracę przeglądową dotyczącą funkcji białek Rab u roślin.

Kontynuowano badania nad lipofektantami zawierającymi kationowe pochodne poliizoprenoidów (PTAI) – próby *in vivo* terapii genowej chorób nerek [publikacja, wsp. prof. Elżbieta Kompanowska-Jezierska, IMDiK PAN].

Charakteryzowano bakteryjną glukozylotransferazę MurG (szlak syntezy peptidoglykanu) [publikacja, wsp. dr Michio Kurosu, University of Tennessee].

Udostępniono preparaty poliizoprenoidowe kilkunastu grupom badawczym w ramach działalności Kolekcji Poliprenoli.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Opisanie struktury ludzkiej CPT, pierwszego eukariotycznego enzymu z tej rodziny, w kompleksie z białkiem pomocniczym NgBR.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Obecnie brak planów wykorzystania wyników.

Publikacje:

6001, 6009, 6036, 6042, 6043, 6048, 6085

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

Zespół: prof. dr hab. Joanna S. Kruszewska, dr Anna Janik, dr Urszula Perlinska-Lenart, dr Sebastian Piłsyk, mgr Elżbieta Gryz

Cel badania:

1. Pokazanie roli białka YIL102c-A jako podjednostki regulatorowej syntazy dolichylofosfomannozy (DPM) u *Saccharomyces cerevisiae*.
2. Wstępna charakterystyka białka Rot1 *Candida albicans*.

Opis realizowanych prac:

1. Zaproponowano nowy model budowy i działania syntazy dolichylofosfomannozy (DPM) uwzględniając odkryte przez nas białko regulatorowe Yil102c-A homolog białek Dpm2.
2. Analiza porównawcza sekwencji wykazała 54% identyczności białka kodowanego przez orf19.6029 u *Candida albicans* z białkiem Rot1 *S. cerevisiae*. Uważa się, że białko Rot1 jest białkiem pomocniczym. Ekspresja zmodyfikowanego genu CaROT1 (kodon CTG kodujący serynę u *Candida* i leucynę u *S. cerevisiae* zmodyfikowano do TCG kodującego serynę u *S. cerevisiae*) w diploidalnym szczepie *S. cerevisiae* rot1Δ/ROT1 i rozłożenie tetrad dało cztery żywotne spory. Oznacza to, że białko 19.6029 odwraca letalną mutację rot1Δ u *S. cerevisiae* będąc homologiem Rot1.

Opis najważniejszych osiągnięć:

1. Zaproponowano nowy model budowy i regulacji aktywności syntazy DPM u *S. cerevisiae*. Pokazano, że enzym ten u *S. cerevisiae* ma budowę podjednostkową a nie jak utrzymywano przez wiele lat budowę monomeryczną. Udowodniono, że aktywność syntazy DPM jest regulowana przez podjednostkę regulatorową Yil102c-A będącą homologiem białka DPMII z *Trichoderma*.
2. Badania wstępne nad białkiem 19.6029 z *Candida albicans* wykazały homologię do białka Rot1 z *S. cerevisiae*.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Wyniki posłużyły do publikacji naukowej oraz do sformułowania projektu grantowego do NCN.

Publikacje:

6092

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

Zespół: prof. dr hab. Joanna S. Kruszewska, dr Urszula Perlińska-Lenart, dr Sebastian Piłsyk, dr Anna Janik, mgr Elżbieta Gryz

Cel badania:

1. Podniesienia właściwości biokontrolnych u *Trichoderma atroviride* poprzez zwiększenie aktywności szlaku mewalonowego.
2. Pokazanie koegzystencji polskiej trufli letniej z grzybami mikoryzującymi zasiedlającymi owocniki.
3. Wzbogacenie kolekcji grzybów izolowanych ze środowiska naturalnego.
4. Badanie skuteczności grzybów w procesie odwadniania osadu ściekowego.
5. Ustalenie funkcji transportera siarczanowego AstA u grzybów.

Opis realizowanych prac:

Ad 1. Zakończono prace nad wzmocnieniem właściwości przeciwgrzybowych *Trichoderma* poprzez regulację aktywności szlaku mewalonowego. Nadekspresja genu kodującego kluczowy enzym tego szlaku syntazę pirofosforanu farnezyli uaktywniła odnogę sterolową szlaku a szczególnie produkcję skwalenu zmieniającego płynność błon komórkowych. Zaobserwowano znaczący wzrost aktywności glikozylacyjnej mutantów i sekrecję hyperglikozylowanych hydrolaz. Aktywność hydrolityczna hyperglikozylowanych hydrolaz okazała się znacząco podwyższona. To spowodowało istotny wzrost właściwości biokontrolnych zmodyfikowanych szczepów.

Ad. 2. Zaprezentowano dwa rodzaje podejścia do badań mikrobiomu owocników polskiej trufli letniej: stosując metodę Illumina sequencing i metodę hodowli grzybów i bakterii z wnętrza owocnika. Obie metody znakomicie się uzupełniły. Mikrobiom grzybowy z trufli pokazano po raz pierwszy.

Ad 3 Wyizolowano, oczyszczono i zidentyfikowano następne grzyby strzępkowe wyizolowane z stanowisk naturalnych. Grzyby posłużyły do badań w projekcie osuszania osadu ściekowego szczepionkami grzybowymi. Wyizolowane grzyby włączono do kolekcji Pracowni.

Ad 4 Trwają prace nad masową hodowlą grzybów do utylizacji osadu ściekowego na skalę oczyszczalni ścieków. Opracowywane są nowe pożywki do ekonomicznej hodowli.

Ad 5. Ustalono, że warunki hodowli wpływają na lokalizację transportera siarczanowego AstA w komórce. Ustalono, że AstA przechodzi do mitochondriów przez system Hsp70-Porina1. Ustalono wpływ AstA na równowagę redox i funkcje łańcucha oddechowego.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Ustalenie, że aktywność odnogi sterolowej szlaku mewalonowego jest istotna dla procesów glikozylacji, wydzielania i aktywności hydrolaz i aktywności biokontrolnej *Trichoderma*.

Ustalenie funkcji AstA alternatywnego transportera siarczanu obecnego szczególnie u grzybowych patogenów roślin. Po raz pierwszy pokazano, że transporter przechodzi do błony mitochondrialnej w pewnych określonych warunkach hodowli.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Wyniki wykorzystano do publikacji naukowych.

Publikacje:

5938, 6072, 6079

Temat nr: 20.1

Tytuł tematu: Regulacja transkrypcji tRNA u drożdży *S. cerevisiae*.

Zespół: prof. dr hab. Magdalena Rakowska-Boguta, dr Małgorzata Cieśla, mgr Alicja Armatowska, mgr. Dorota Olszewska, mgr Izabella Rudzińska

Cel badania:

Określenie roli białka Rbs1 w regulacji ekspresji Rpb10, podjednostki wspólnej dla RNA polimeraz.

Opis realizowanych prac:

Poprzednio zidentyfikowaliśmy dwa czynniki wspomagające składanie kompleksu polimerazy III RNA (Pol III) u drożdży: podjednostkę Rpb10/ABC10 β , wspólną dla trzech polimeraz RNA, oraz białko Rbs1, które fizycznie oddziałuje z kompleksem Pol III. W obecnym okresie sprawozdawczym udało się nam wykazać funkcjonalny związek pomiędzy tymi czynnikami: Rbs1 stymuluje ekspresję Rpb10, przez co pośrednio wpływa na składanie Pol III. Udowodniliśmy, że Rbs1 jest białkiem wiążącym poliA-RNA, a do tego wiązania konieczna jest aktywna domena R3H obecna w N-terminalnej części sekwencji Rbs1. Stosując metodę ko-immunoiprecypitacji wykazaliśmy oddziaływanie Rbs1 z helikazą Upf1 zaangażowaną w degradację mRNA poprzez szlak NMD (*nonsense mediated decay*). Oba białka mają przeciwny wpływ na poziom *RPB10* mRNA; Upf1 stymuluje jego degradację, a Rbs1 powoduje stabilizację. Wykazano ponadto, że Rbs1 wiąże się do sekwencji regulatorowej 3' w mRNA *RPB10* a nadprodukcja Rbs1 jest skorelowana z podwyższonym poziomem białka Rpb10. Pokazano także, że helikaza Upf1 ma wpływ na składanie kompleksu Pol III. Wieloskalowa analiza oddziaływania Rbs1 z mRNA, wykonana we współpracy z laboratorium Davida Tollervey'a z Uniwersytetu w Edynburgu, wykazała, że Rbs1 wiąże się specyficznie do rejonów regulatorowych 3'UTR kilkuset mRNA, w tym w dwóch transkryptów kodujących podjednostki Pol III: mRNA *RPB10* i w mRNA *RPC19*. Na podstawie otrzymanych wyników postawiono hipotezę ko-translacyjnego mechanizmu składania kompleksu Pol III. Rola Rbs1 w tym procesie polegałaby na ułatwieniu fizycznego kontaktu między podjednostkami Pol III w czasie ich translacji. W ramach poprzednich badań udowodniliśmy oddziaływanie Rbs1 z podjednostką Rpc40. Postulujemy, że Rbs1 związany z Rpc40 oddziałuje z 3' UTR mRNA *RPB10* i 3' UTR3' mRNA *RPC19* ułatwiając w ten sposób wiązanie nowo syntetyzowanych

białek i formowanie sub-kompleksu Rpc40/Rpc19/Rpb10. Wcześniej wiadomo było, że taki sub-kompleks powstaje w początkowym stadium składania Pol III.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Wykazano:

1. zdolność Rbs1 do wiązania mRNA przez domenę R3H,
2. rolę Rbs1 w kontroli poziomu mRNA *RPB10* i białka Rpb10,
3. rolę Upf1 i szlaku NMD w kontroli ekspresji Rpb10 i składaniu kompleksu RNA polimerazy III.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Wyniki wchodzi w skład osiągnięcia habilitacyjnego Małgorzaty Cieśli (obecnie w przygotowywaniu). Część wyników opublikowano.

Publikacje:

5923, 6111, 1008/N, 4803/A, 4804/A

Temat nr 20: Genetyka i biologia molekularna grzybów.

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

Zespół: dr hab. Róża Kucharczyk, profesor instytutu, dr Chiranjit Panja, mgr Sylwia Pilch, mgr Emilia Baranowska, mgr Suchismita MAsanat, mgr Marta Kasabuła

Cel badania:

1. Celem badań prowadzonych w zespole jest zrozumienie mechanizmów leżących u podłoża chorób spowodowanych mutacjami w genach mitochondrialnych kodujących podjednostki syntazy ATP – Atp8 i Atp9.
2. Drugim celem badań jest zrozumienie funkcji ampylazy Fmp40 w komórce – roli w regulacji cyklu redox redoksyn mitochondrialnych i programowanej śmierci komórki oraz w regulacji aktywności systemu fosforylacji oksydacyjnej.

Opis realizowanych prac:

Ad. 1. *Analiza mutantów w genie ATP6.* Zakończyliśmy analizę biochemiczną dziesięciu szczepów modelowych niosących mutacje w genie *ATP6* wyhodowanych w podwyższonej temperaturze. Uzyskaliśmy cztery szczepy posiadające mutacje supresorowe w genie *ATP6* kompensujące mutacje *atp6-L186P* – w jedenastym szczepie modelowym. Wykonaliśmy analizę biochemiczną tych szczepów. Analiza *in silico* jest w toku.

Analiza mutantów w genie ATP8. Otrzymaliśmy jedenaście szczepów niosących mutacje w mitochondrialnym genie *ATP8* – trzy potencjalnie patogenne związane z miopatią mięśniową, autyzmem i schizofrenią oraz osiem wprowadzających zmiany konserwowanych aminokwasów w alaninę. Zakończyliśmy analizę biochemiczną tych 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.

Znaczenie syntazy ATP i kompleksu poryny dla przeżywalności komórek drożdży. W poprzednich latach odkryliśmy, że współwystępowanie dwóch mutacji w genie *Atp6* (*atp6-L153P* lub *atp6-K80E*) z wersją podjednostki kompleksu poryny – Om45 w fuzji z GFP na C-końcu prowadzi do stresu oksydacyjnego w komórce i defektywnej homeostazy jonów wapnia. Zbadaliśmy jak zmienia się ekspresja genów w tych podwójnych mutantach techniką mikromacierzy. Zidentyfikowaliśmy tylko 88 genów których ekspresja się zmieniała – są wśród nich geny odpowiedzi komórki na stres. Zbadaliśmy długość życia komórek mutantów

pojedynczych i podwójnych, stabilność i integralność genomu jądrowego metodą FACS i kometkową we współpracy z dr hab. A. Skoneczną i dr. M. Mołoniem.

Ad. 2. *Identyfikacja substratów ampylasy Fmp40*. Odkryliśmy, że Fmp40 bierze udział w cyklu redoksiny Trx3 – gdy brak białka Fmp40 w mutancie *prx1Δ* w warunkach wzrostu na pożywce oddechowej białko Trx3 w 50% występuje w formie utlenionej (w kontroli i mutantach pojedynczych wyłącznie w formie zredukowanej), a w warunkach stresu oksydacyjnego akumuluje się wyłącznie forma utleniona Trx3. Ponadto delecje *prx1Δ* lub *trx3Δ* lub *grx2Δ* kompensują fenotyp mutantu *fmp40Δ* – spadek przeżywalności w warunkach stresu oksydacyjnego. Wykonaliśmy zatem eksperyment ampylacji *in vitro* przez ampylazę Fmp40 czterech redoksyn Trx3, Grx2, Prx1 i Tsa2. Trzy pierwsze redoksyny, zlokalizowane są w mitochondriach i są jej substratami. Tsa2 jest redoksyną zlokalizowaną w cytoplazmie i nie jest ampylowana przez Fmp40. Zidentyfikowaliśmy modyfikowane reszty aminokwasowe. Przygotowujemy narzędzia (plazmidy i szczepy) do zbadania skutków *in vivo* wariantów tych białek defektywnych w ampylacji, w szczególności w kontekście regulacji cyklu redox Trx3.

Identyfikacja ampylomu mitochondrialnego drożdży. Zastosowaliśmy dwa podejścia eksperymentalne mające na celu identyfikację ampylomu mitochondrialnego: jeden przy użyciu techniki „click-chemistry” i „pull-down” ampylowanych białek z ekstraktów mitochondrialnych, drugi to pull-down syntazy ATP w celu identyfikacji podjednostek tego enzymu ulegających ampylacji. Modyfikacji szukaliśmy metodą spektrometrii mas. Zidentyfikowaliśmy białka ampylowane, w tym podjednostki syntazy ATP. Eksperyment pierwszy zostanie powtórzony na nowym spektrofotometrze masowym instytutu.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Określiliśmy charakter patologiczny 11 mutacji w genie *ATP6* i trzech w genie *ATP8*. Podjednostka Atp8 ma bardzo duży wpływ na funkcjonowanie kanału FO syntazy ATP.

Zidentyfikowaliśmy substraty ampylasy Fmp40 wśród redoksyn mitochondrialnych oraz ampylowane podjednostki syntazy ATP.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Wyniki zadań będą podstawą trzech rozpraw doktorskich oraz zostaną opublikowane w renomowanych czasopismach naukowych.

Publikacje:

5960, 6014, 6024, 6052, 6065

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 (do 31.08.2020), mgr Patrycja Wardaszka (do 30.09.2020).

Cel badania:

Modelowanie w drożdżach mutacji występujących w genach *VPS13A-D* u chorych na rzadkie choroby neurodegeneracyjne oraz poszukiwanie ścieżek metabolicznych, białek i leków, które w komórkach kompensują brak lub defekt genu *VPS13* i mogą być celem lub narzędziem terapii u ludzi.

Opis realizowanych prac:

Mutacje w genach *VPS13A-D* powodują kilka rzadkich chorób neurodegeneracyjnych. Mechanizm patogenezy tych chorób nie jest znany i nie ma na nie skutecznego leczenia.

Użyliśmy fenotypu nadwrażliwości komórek mutantu drożdży *vps13Δ* na obecność w pożywce SDS, popularnego detergentu powodującego stres, do selekcji supresorów i potencjalnych leków. Zidentyfikowaliśmy szereg genów i mutacji supresorowych wskazujących cele terapeutyczne oraz kilka leków z biblioteki Prestwick, które dalej badamy.

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 SDS. Pokazaliśmy, że białko Rcn2 wiąże się preferencyjnie z jedną z dwóch podjednostek katalitycznych kalcyneuryny, Cmp2, i częściowo hamuje tę fosfatazę, co jest niezbędne do supresji. Badanie trzech mutantów punktowych *rcn2* wykazało, że wiązanie to wymaga obecności dwóch motywów w Rcn2, już wcześniej opisanego motywu w C-końcu i nowoodkrytego przez nas motywu w N-końcu. Odkrycie to może przyczynić się do rozwoju nowej strategii terapeutycznej w chorobach neurodegeneracyjnych opartej na modulacji aktywności wybranych izoform kalcyneuryny przez peptydy, pochodne specyficznego inhibitora białkowego.

W wyniku przeszukiwania biblioteki leków (Prestwick) zidentyfikowaliśmy trzy grupy leków, które były zdolne do supresji fenotypu nadwrażliwości na SDS szczepu *vps13Δ*. Jedną z tych grup są jonofory wiążące miedź. Dodanie siarczanu miedzi do pożywki również przywracało wzrost badanego szczepu w warunkach testowych, co sugeruje, że rolą zidentyfikowanych jonoforów jest wprowadzenie jonów miedzi do komórki. Te wyniki dobrze korelują ze zidentyfikowanymi przez nas genami supresorowymi mutacji *vps13Δ*: *CTR1*, *CTR3* i *CCC2*, kodującymi transportery miedzi. Dodanie soli miedzi do pożywki, jak i obecność dodatkowych kopii *CTR1*, powodowało zwiększenie poziomu jonów miedzi ale też zwiększenie poziomu jonów żelaza w komórce. Nasze wyniki wskazują, że mechanizm supresji *vps13Δ* przez jonofory, *CTR1* i *CCC2* wymaga obecności systemu transportu żelaza, w którym jony miedzi mają swój udział jako kofaktory oksydazy Ftr3 zlokalizowanej w błonie komórkowej. Natomiast, supresja przez jonofory nie wymaga obecności genów kodujących mitochondrialne białka wiążące miedź. Wyniki te wskazują na homeostazę miedzi i żelaza jako cel terapeutyczny w opracowywaniu leczenia rzadkich chorób neurodegeneracyjnych zależnych od genów *VPS13A-D*.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Używając szczepu *vps13Δ* jako modelu chorób zależnych od genów *VPS13A-D* pokazaliśmy, że fenotypy mogą być odwrócone przez geny *RCN2*, *CTR1*, *CTR3* i *CCC* oraz niektóre leki z grupy jonoforów wiążących miedź. Wyniki te wskazują na nowe cele terapeutyczne i potencjalne sposoby leczenia.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Wyniki te są podstawą dwóch prac wysłanych do publikacji oraz są częścią przygotowywanej pracy doktorskiej mgr inż. Piotra Soczewki.

Publikacje:

5965, 5982, 6002, 6014, 6015, 1010/N

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

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

Zespół: prof. dr hab. Iwona Fijałkowska, prof. dr hab. Piotr Jonczyk, dr Karolina Makieła-Dzbeńska, dr Michał Dmowski, dr hab. Anna Bębenek, profesor instytutu, mgr Milena Denkiewicz-Kruk, mgr Małgorzata Jędrychowska, mgr Krystian Łazowski, mgr Magdalena Komorowska

Cel badania:

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

Opis realizowanych prac:

W ramach badań nad mechanizmami inkorporacji i usuwania rybonukleotydów (RER) analizowano wpływ RNazy HII na poziom i specyficzność mutagenyzy na obu niciach DNA w komórkach *E. coli* niosących wariant PolV DNA zmutowany w bramce sterycznej (Y11A). W celu zbadania wpływu inkorporacji rybonukleotydów na stabilność genetyczną *E. coli* oznaczono poziom mutagenyzy spontanicznej oraz częstość inkorporacji rybonukleotydów do DNA w szczepach produkujących warianty głównej replikazy Pol III zmienione w serynie 759, znajdującej się w centrum aktywnym Pol III w pobliżu bramki sterycznej. Porównano także tempo wzrostu oraz wrażliwość na czynniki genotoksyczne szczepów niosących poszczególne warianty Pol III oraz defekty w systemach naprawy (RER lub aktywności korektorskiej Pol III).

W komórkach eukariotycznych kompleks CMG (Cdc45-Mcm2-7-GINS) pełni rolę nie tylko helikazy, ale też platformy koordynującej działanie i budowę replisomu. Ponadto stymuluje działanie polimerazy DNA epsilon (Polε). Analizując fenotypy mutantów w poszczególnych podjednostkach kompleksu CMG i Polε badaliśmy ich wzajemne funkcjonalne zależności i wpływ na stabilność genomu.

W celu określenia roli białka Cdc45 w kształtowaniu wierności procesu replikacji w drożdżach skonstruowano mutantą Cdc45-1 (G367D). Obecność zmutowanego allelu *cdc45-1* w komórce drożdży zwiększa ilość błędów replikacyjnych, powoduje wzrost poziomu spontanicznej mutagenyzy i zwiększony udział mutatorowej polimerazy zeta (Polζ) DNA.

Do dalszych, badań wpływu podjednostki Dpb2 Pol ε wybrano i scharakteryzowano mutantą *dpb2-108*, który fenotypy takie jak zaburzenia replikacji i przebiegu cyklu komórkowego wykazuje jedynie w określonej temperaturze. Będzie on doskonałym narzędziem w badaniach udziału Pol ε, a przede wszystkim jej podjednostki Dpb2, w kontroli przebiegu cyklu komórkowego oraz utrzymaniu stabilności genomu w komórkach eukariotycznych.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Analiza spektrum mutagenyzy w szczepach niosących wariant PolV_Y11A DNA wykazała, że RNaza HII pełni kluczową rolę w usuwaniu rybonukleotydów na nici wiodącej DNA. Wykazano, że seryna 759, w centrum aktywnym głównej replikazy Pol III, pełni istotną rolę w selekcji nukleotydów z właściwą resztą cukrową jak i zasadą. Charakterystyka temperaturowrażliwego mutantą *psf1-100*, w podjednostce Psf1 kompleksu GINS wyizolowanego w naszym laboratorium, pokazała, że zmienione oddziaływanie pomiędzy helikazą a Pol ε DNA obniża wierność procesu replikacji DNA, co manifestuje się zwiększoną ilością mutacji typu zmiany ramki odczytu, niestabilnością sekwencji powtarzających się w DNA, powstawaniem jednoniciowych fragmentów DNA podczas syntezy DNA i zwiększonym zapotrzebowaniem na rekombinację. Mutant *psf1-100* wykazuje brak przeżywalności w połączeniu z delecją genu *Rad52*, a delecja genu *Rad51* powoduje zwiększony udział mutatorowej polimerazy Polζ w syntezie DNA. Podsumowując wnioskujemy, że zmienione oddziaływanie pomiędzy helikazą CMG a replikazą Pol ε znacząco

wpływa na stabilność materiału genetycznego, powoduje częstszy udział mutatorowej Pol ζ w syntezie DNA i wymaga zwiększonego udziału rekombinacji jako mechanizmu umożliwiającego kontynuację syntezy DNA w warunkach uszkodzonego replisomu.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Część wyników została opublikowana, część stanowi podstawę dwóch prac inżynierskich i doktorskich. Wyniki dotyczące badań mechanizmów usuwania rybonukleotydów w *E. coli* zaprezentowano na IV Sympozjum Doktorantów IBB.

Publikacje:

6040, 6104

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.* Białka Mec i Tel1 są apikalnymi kinazami ścieżki sygnalizacyjnej aktywowanej w odpowiedzi na uszkodzenie DNA jądrowego (szlak DDR, ang. DNA Damage Response). Jednak kilka doniesień literaturowych oraz nasze wyniki wskazują, że aktywność tych kinaz nie ogranicza się tylko do wyżej wymienionej sytuacji i lokalizacji w komórce. Pokazaliśmy, że szczepy pozbawione obu kinaz wykazują silny defekt wzrostowy na podłożach z wysokim stężeniem etanolu. Co więcej, komórki szczepu bez Mec1/Tel1, w odróżnieniu od szczepu typu dzikiego lub szczepu z przynajmniej jedną kinazą, są bardzo wrażliwe na etanol. 99% komórek pozbawionych Mec1/Tel1 traci zupełnie zdolność do podziału natychmiast po zawieszeniu w takim podłożu, choć fosforylacja Rad53 w szczepie typu dzikiego, charakterystyczny znak aktywacji DDR, w tych warunkach nie zachodzi. Żaden aktualny model opisujący działanie tych kinaz na szlaku DDR nie wyjaśnia tych obserwacji, ale nowa propozycja w literaturze sugerująca udział kinaz Mec1/Tel1 w odpowiedzi komórki na stres proteotoksyczny jest zgodna z naszymi wynikami. Poszukiwaliśmy nadal bezpośrednich mitochondrialnych (lub regulujących mitochondria) substratów tych kinaz. Ku naszemu zaskoczeniu wykryliśmy, że w białku Snf1 fosforylacja motywów SQ/TQ rozpoznawanych przez Mec1/Tel1 jest wykrywana zarówno podczas głodzenia glukozowego, w kontroli na glukozie oraz podczas aktywacji DDR (traktowanie MMS). Warto wspomnieć, że niedawne doniesienie ujawniło obecność nowego kompleksu kinaz Mec1 i Snf1 w pobliżu mitochondrium podczas głodzenia glukozowego. Dodatkowo, wykryliśmy w tych warunkach nieznane fosforylowane białko, które ulega immunoprecypitacji ze Snf1. Dotychczasowe próby wykazania obecności Mec1/Tel1 w środku mitochondrium dały wyniki negatywne.
2. *Wpływ Pol30 na aktywność mitochondrialnego TLS.* Wykonaliśmy pierwsze eksperymenty w których sprawdzaliśmy poziom mitochondrialnej mutageny punktowej w szczepach ze zmienionym białkiem PCNA, substytucje: K164R i K127,164R, w porównaniu ze szczepem referencyjnym, bez i po potraktowaniu UV.

Wyniki po UV wskazywały, że analogicznie do sytuacji w jądrze, mitochondrialny TLS wydaje się być regulowany przez ubiquitytację PCNA na K164. Skonstruowano szereg szczepów delecyjnych do przeprowadzenia dalszych analiz: *rev3Δ*, *rev1Δ*, *rad30Δ*, *rad18Δ*. Dodatkowo, wykonaliśmy sprawdzenie lokalizacji białka Pol30 w mitochondrium metodą frakcjonowania. PCNA w naszych eksperymentach lokalizuje się wokół i w środku mitochondrium – dociera do matriks. Nie uzyskaliśmy jednak potwierdzenia, że forma monoubikwitynowana Pol30 jest rzeczywiście w mitochondrium.

3. *Analiza epistatyczna patogennego allelu MIP1-V863A w połączeniu z defektami mitochondrialnego TLS.* Wyniki wskazują, że przy silnej niestabilności mtDNA ρ^+ związanej z tym patogennym podstawieniem w Mip1 część niestabilności zależy od aktywności polimeraz Rev3 i Rad30. Taki efekt w warunkach spontanicznych został pokazany po raz pierwszy. Wnioskujemy, że system mitochondrialnej polimerazy głównej z pomocniczymi polimerazami TLS wyewoluował do stanu optymalnej równowagi, w której polimeraza Mip1 typu dzikiego bardzo skutecznie chroni mtDNA przed dostępem mniej wiernych polimeraz TLS, dopuszczając je do replikacji mtDNA tylko w ściśle ograniczonych sytuacjach, kiedy aktywność TLS jest korzystna dla wierności replikacji.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Zakończenie badania efektów patogennej substytucji *S1192R* w genie *REV3* skuteczną publikacją. Znalezienie dowodów na nowe funkcje konserwowanych kinaz Mec1/Tel1 w komórkach drożdży.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Publikacje oraz 2 prace doktorskie.

Publikacje:

Przyjęty artykuł do *Journal of Molecular Medicine* (etap proofs).

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 naszych prac jest identyfikacja procesów kontrolujących stabilność genetyczną komórek. W szczególności chcemy poznać mechanizmy regulujące działanie polimeraz zdolnych do syntezy poprzez uszkodzenia DNA oraz rekombinacyjne ścieżki tolerancji uszkodzeń DNA.

Opis realizowanych prac:

Procesy tolerancji uszkodzeń DNA, pełniące zasadniczą rolę w kontroli stabilności genetycznej, obejmują funkcjonowanie wyspecjalizowanych polimeraz DNA, zdolnych do syntezy poprzez uszkodzenia matrycy tzw. polimeraz TLS. Z drugiej strony procesy te angażują mechanizmy rekombinacji homologicznej aby ominąć uszkodzenia DNA przez regularny kompleks replikacyjny poprzez przejściowe wykorzystanie nowo syntetyzowanej nici chromatyd siostrzanej jako matrycy. Zmiana matrycy jest inicjowana poprzez poliubikwitytację czynnika procesywności replikacji, PCNA, zależną od kompleksu zawierającego pseudoubikwitynazę Mms2 współdziałającą z Ubc13 (E2) i Rad5 (E3). Nasze

wcześniejsze badania pokazały, że Mms2 może funkcjonować także niezależnie od znanego kompleksu ubikwitynującego Ubc13/Rad5 modulując poziom mutacji spontanicznych. Ten nowy, promutageny efekt Mms2 okazał się być zależny od aktywności mutagennej polimerazy TLS, polimerazy (Pol) ζ . Prowadzone w tym roku badania, mające na celu identyfikację mechanizmu odpowiadającego za stymulację funkcjonowania Pol ζ w trakcie replikacji nieuszkodzonego DNA, doprowadziły do identyfikacji roli od białka Def1 w promutagennym efekcie Mms2 sugerując, że odkryta przez nas nowa aktywność Mms2 powoduje destabilizację głównej replikacyjnej polimerazy DNA Pol δ . Destabilizacja Pol ζ ułatwiałaby rekrutację mutagennej Pol ζ do kompleksu replikacyjnego. Ta sugestia wymaga jednak dalszego potwierdzenia.

Kontynuowaliśmy też prace mające na celu charakterystykę efektów komórkowych homozygotycznej mutacji (T2753R) w Pol ζ , zidentyfikowanej w wyniku całokomplexowego sekwencjonowania DNA chłopca wykazującego opóźnienie rozwoju połączone z hipotrofią.

Wprowadzenie ekwiwalentnej mutacji do sekwencji kodującej Pol ζ drożdży wykazało, że powstający w ten sposób wariant Pol ζ zachowuje wprawdzie szczątkową funkcję polimerazy, ale powoduje zdecydowane obniżenie zdolności do tolerancji uszkodzeń DNA manifestujące się zarówno zwiększoną wrażliwością na UV jak i obniżoną mutagenezą spontaniczną i indukowaną. Fenotypy te ulegały dalszemu pogłębieniu po wyłączeniu w komórkach drożdży, alternatywnego do TLS, systemu tolerancji uszkodzeń DNA poprzez zmianę matrycy. Dodatkowo pokazaliśmy, że badana mutacja ma też fenotyp mitochondrialny prowadząc do zwiększenia niestabilności mitochondrialnego DNA.

Wyniki naszych wcześniejszych i obecnych badań dotyczących mechanizmów regulujących ludzką polimerazę TLS, Pol1, należącą do rodziny γ polimeraz DNA wskazały, iż acetylotransferaza p300/CBP może w dwojaki sposób regulować to białko. Z jednej strony p300/CBP bezpośrednio acetyluje Pol1, zwłaszcza w odpowiedzi na działanie czynników alkilujących. Z drugiej strony inhibicja acetylotransferazy p300/CBP wywołuje poliubikwitynację prowadzącą do destabilizacji białka tej polimerazy. Wyniki badań prowadzonych w minionym roku sugerują, że p300-zależna kontrola poziomu białka Pol1 może być konsekwencją autoregulacji p300, gdyż inhibicja aktywności acetylotransferazy w istotnym stopniu ogranicza ilość samego białka p300. Dodatkowo udało nam się pokazać w dwóch różnych liniach komórkowych, wykorzystując specyficzny inhibitor jak również generując delecję genu, że do stabilizacji białka Pol1 może również przyczyniać się ligaza ubikwitynowa Rnf2, którą wcześniej zidentyfikowaliśmy jako białko oddziałujące z Pol1. Ponadto, za pomocą reakcji *in vitro* pokazaliśmy, że inna ligaza ubikwitynowa – Pirh2, również oddziałująca z Pol1, bezpośrednio ubikwitynuje ten enzym.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Pokazaliśmy zmiany stabilności zarówno jądrowego jak i mitochondrialnego DNA spowodowane przez drożdżowy ekwiwalent pierwszej zidentyfikowanej, hipomorficznej mutacji ludzkiej Pol ζ prowadzącej do opóźnienia rozwoju połączonego z hipotrofią.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Uzyskane wyniki zostaną opublikowane lub wykorzystane w dalszych badaniach funkcjonowania procesów tolerancji uszkodzeń DNA

Publikacje:

5916, 6016

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

Zespół: dr hab. Izabela Kern-Zdanowicz, mgr Monika Stasiak, mgr Aleksandra Zasun

Cel badania:

Celem prac jest analiza ekspresji genów systemu koniugacyjnego plazmidów z grupy niezgodności IncM grupy odpowiedzialnej za rozprzestrzenianie różnych genów oporności wśród bakterii z rzędu *Enterobacteriales* (ord. nov.) na całym świecie, na przykładzie plazmidu pCTX-M3. Celem drugiego kierunku naszych badań, realizowanych wspólnie z Narodowym Instytutem Leków jest poszukiwanie czynników wirulencji *Streptococcus anginosus*, bakterii uprzednio uważanej za komensalną, jednak od ponad 30 lat coraz częściej powodującą u ludzi infekcje zagrażające życiu.

Opis zrealizowanych prac:

1. Przeprowadzono wstępne badanie regulacji promotorów P_{nikA} i P_{trbN} , promotorów regionów *tra* i *trb*, w obecności regulatorów kodowanych przez *orf35* i *orf36*. Do badań dołączono także *orf46*, jedyny gen zlokalizowany w obrębie rejonu *trb*, który potencjalnie koduje regulator transkrypcji. Badania powtórzono dwukrotnie i niestety uzyskano niekonkluzywne wyniki. Za pomocą powszechnie dostępnych metod bioinformatycznych w sekwencji aminokwasowej białka kodowanego przez *orf35* (Orf35) nie identyfikowano motywów wiązania DNA, jednak jego udział w represji transkrypcji operonu *tra* jest zweryfikowany eksperymentalnie. W wyniku analizy HHsearch (narzędzie bioinformatyczne do analizy odległych homologów białek) w Orf35 został zidentyfikowany motyw HTH (helix-turn-helix), wykazujący niskie podobieństwo sekwencyjne do białek wiążących DNA (współpraca z dr. Kamilem Steczkiewiczem). W sekwencji genu *orf36*, zlokalizowanego w środku rejonu *tra*, na nici komplementarnej zidentyfikowane zostały dwie ramki kodujące białka wykazujące podobieństwo sekwencji aminokwasowej do białek z grupy NAP (Nucleoid Associated Proteins). Białka NAP biorą udział w regulacji ekspresji genów bakterii, także genów wirulencji. Będziemy badać rolę tych białek w regulacji ekspresji genów koniugacyjnych pCTX-M3.
2. Badania oddziaływania białek systemu partycji z wybranymi białkami systemu koniugacyjnego, w bakteryjnym systemie dwuhybrydowym, jako element badania oddziaływania systemów koniugacji i partycji w plazmidach IncM. Wykazano silną zdolność do dimeryzacji białek ParB oraz ParA, a także do oddziaływania z ParA z ParB. Oddziaływanie z białkiem Nuc, trzecim elementem systemu partycyjnego, jest wątpliwe zarówno w przypadku ParA jak i ParB. Nie zaobserwowano oddziaływania ParB z białkiem łącznikowym TrbC, ani z TrbB, białkiem z domeną tioredoksyny, kodowanym w rejonie *trb*. Nie wykazano również oddziaływania ParB z TraU, ATPazą typu VirB4. Zaobserwowano natomiast słabe oddziaływanie ParB z relaksazą NikB, co łącznie z poprzednimi wynikami dotyczącymi zaburzenia tworzenia biofilmu przez komórki *E. coli* z pCTX-M3 z delecją *parA*, sugeruje, że rzeczywiście system koniugacyjny współdziała z partycyjnym.
3. Realizując cel drugiego kierunku badań – zaprojektowano startery do przeprowadzenia mutagenезy typu knock-out genów o nieznannej funkcji inwazyjnego szczepu *S. anginosus*. Przygotowano również wektor do klonowania, pochodny P15A, umożliwiający biało/niebieskie różnicowanie klonów, zawierający terminator T513 i ciąg 4 terminatorów operonów rybosomalnych okalających miejsce do klonowania.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Potwierdzenie możliwości oddziaływania systemu koniugacyjnego i systemu partycji w plazmidzie pCTX-M3. Przygotowanie dogodnego wektora do klonowania genów *S. anginosus*.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Uzyskane wyniki zostały opisane w jednej pracy inżynierskiej i stały się podstawą aplikacji grantowej.

Publikacje:

6040

Temat nr 31: Studia doktoranckie.

Zespół: prof. dr hab. Ewa Świeżewska (Kierownik Studiów), dr hab. Roman Szczęsny (Dyrektor do Spraw Naukowych IBB PAN), prof. dr hab. Monika Hryniewicz

Na studiach doktoranckich (SD) w IBB PAN zarejestrowanych było 117 doktorantów, w tym realizujących projekty doktorskie w IBB PAN - 81 osób, w Międzynarodowym Instytucie Biologii Molekularnej i Komórkowej (MIBMiK) - 31 osób, w Centrum Nowych Technologii Uniwersytetu Warszawskiego – 3 osoby, w Narodowym Instytucie Leków – 1 osoba oraz w Instytucie Podstaw Informatyki – 1 osoba.

Zgodnie z obowiązującymi przepisami Studia Doktoranckie będą prowadzone do 31 grudnia 2023 roku. Od października 2019 r. Instytut nie prowadzi naboru na Studia Doktoranckie. Nabór prowadzony jest jedynie do szkół doktorskich.

W 2020 roku 14 osobom został nadany stopień naukowy doktora.

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

1. OMICS (w okresie od 07.10.2019 do 10.02.2020) – koordynator wykładów: dr hab. Marta Kobłowska, prof. UW
2. Pisanie Artykułów Naukowych (14.01.-07.02.2020) – prowadzący dr hab. Piotr Wasylczyk
3. Cykl wykładów „Biologically Active Peptides” (w okresie od 02.03.2020 do 25.05.2020) – koordynator wykładów dr Arkadiusz Bonna
4. Warsztaty kształcące umiejętności dodatkowe „Komunikacja naukowa” (w okresie od 06.03-29.05.2020) – prowadzący mgr Dariusz Aksamit
5. Biostatistics (05.10 – 7.12.2020) – prowadzące dr Paulina Wieszczy i dr Maria Kulecka
6. MS Excel poziom średnio zaawansowany (21 i 28.10.2020) – ALX Sp. z o. o. Sp. k

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

4 września 2020 odbyło się IV Sympozjum Sprawozdawcze SBM IBB. Sympozjum, zorganizowane przez Samorząd Doktorantów SBM, w związku z obecnie panującą sytuacją odbyło się online. Uczestniczyło w nim 36 doktorantów, przedstawiono 7 wykładów i 29 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, procedurę oceny kończyła rozmowa doktoranta z recenzentami i promotorem –

jej podsumowanie przygotowane zostało przez doktoranta i zaakceptowane przez recenzentów i promotora.

Doktoranci są współautorami 43 pełnych prac naukowych oraz 13 komunikatów lub plakatów przedstawionych na zjazdach krajowych i zagranicznych. 11 doktorantów otrzymało dodatkowe finansowanie z funduszy SD (2-8 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. Lauratów mini-grantów obowiązuje przedstawienie sprawozdania merytorycznego i finansowego, które oceniane będzie przez ekspertów.

W 2020 roku 3 doktorantów otrzymało projekty PRELUDIUM.

Temat nr 32.1: Pracownia Biologii Molekularnej Chorób Skórnych Człowieka, IBB PAN w Gdańsku

Zespół: prof. dr hab. Magdalena Gabig-Cimińska, dr Marta Moskot

Cele badań:

1. Opisanie molekularnego mechanizmu działania izoflawonu genisteiny w odniesieniu do zmian komórkowych towarzyszących łuszczycy, celem uzupełnienia badań dot. skuteczności klinicznej genisteiny w leczeniu łuszczycy.
2. Ocena aktywności aparatu endosomalno-lizosomalnego w keratynocytach ludzkich komercyjnej linii komórek skóry i keratynocytach pierwotnych pochodzących z naskórka, a także w materiale skórnym pochodzącym od osób chorych: związek z łuszczycą.
3. Walidacja modelu łuszczycowego *in vitro*.
4. Analiza związku deregulacji układu endosomalno-lizosomalnego z procesem prezentacji antygenów przy udziale cząsteczek MHC klasy II w odniesieniu do łuszczycy.
5. Charakterystyka przedziału lizosomalnego w limfocytach CD4+Th pacjentów dotkniętych łuszczycą.

Opis realizowanych prac:

Ad 1. Wykonywano badania z udziałem monokultury *in vitro* tj. aktywowanych IL-17A, TNF- α i mieszaniną IL-17A/TNF- α keratynocytów, zarówno komercyjnej modelowej linii HaCaT, jak i pierwotnych (pKC) pochodzących z naskórka osób zdrowych. Analizując cytotoksyczność genisteiny, nie stwierdzono statystycznie istotnego wpływu tego związku na żywotność keratynocytów nieaktywowanych łuszczycowo, jednak zauważono wyraźną różnicę między liniami komórkowymi wskazującą, że pKC są bardziej wrażliwe na traktowanie izoflawonem. Z kolei, w przypadku aktywowanych łuszczycowo komórek zaobserwowano znaczny spadek żywotności pKC po traktowaniu mieszaniną genisteiny z IL-17A oraz mieszaniną zawierającą obie cytokiny, IL-17A i TNF- α . Ponieważ nie zaobserwowaliśmy żadnych znaczących efektów cytotoksycznych żadnej z badanych cytokin, gdy były stosowane bez genisteiny, przypisujemy te konsekwencje wpływie genisteiny w obecności cytokin w pożywce. Stwierdzono, że genisteina hamuje indukowany IL-17A, TNF- α i IL-17A/TNF- α szlak fosforylacji MAPK w HaCaTs and pKCs z pewnymi ograniczeniami. Ponadto, zaobserwowano hamujący wpływ genisteiny na translokację dojądrową podjednostki p65 szlaku NF- κ B w keratynocytach poddanych ekspozycji na IL-17A, TNF- α i IL-17A/ TNF- α . W dodatku, genisteina obniżyła poziom mRNA genów związanych z wczesną odpowiedzią zapalną w łuszczycy (CAMP, CCL20, DEFB4A, PIK3CA, S100A7 i S100A9) oraz MTORC1 i TFEB w HaCaT i pKC traktowanych IL-17A, TNF- α i IL-17A/TNF- α .

Ad 2. Kontynuowano badania nad wpływem poziomu jonów wapnia w pożywce na łuszczykowy status zapalny monohodowli *in vitro* tj. aktywowanych mieszaniną IL-1 β , IL-17 α , IL-22, OSM i TNF- α 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 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 tj. 4E-BP1/p4E-BP1, p70S6/pp70S6, S100A9, TFEB, ERK1/2/pERK1/2, LAMP1 i LAMP2 i p62. Przeprowadzono wstępne badania komórkowych szlaków sygnalizacyjnych związanych z aktywacją lizosomów, gdzie zbadano lokalizację wewnątrzkomórkową czynnika TFEB oraz jego dojadrowej translokacji zależnej od mTORC1, zbadano też szlaki sygnalizacyjne zależne od egzo- i endogenego TFEB. Oznaczano też aktywność kwaśnej fosfatazy i katepsyny D w HaCaT i pKC.

Ad 3. Opracowano modele komórkowe *in vitro* naśladujące stan zapalny skóry w łuszczycy w postaci monohodowli keratynocytów z użyciem mieszaniny cytokin, surowicy, imikwimodu oraz współhodowli keratynocytów i monocytów THP-1. Przeanalizowano aktywności genów markerowych różnicowania keratynocytarnego *INV*, *LOR*, *KRT 1/5/10/14*, *FLG*, *SPRR* oraz genów kodujących antybakteryjnych peptydy hBD2, DEFB4A, IL-37 (CAMP), S100A7/8/9, a także chemokiny CXCL1/2/8 oraz CCL20, poprzez real-time qRT-PCR, i następnie dokonano walidacji tych wyników z *GEO profile in psoriatic skin lesions*, celem wskazania najbardziej odpowiedniego modelu spośród testowanych.

Ad. 4. Zainicjowane badanie obejmuje analizy ilościowych zmian i jakościowych zaburzeń organelli aparatu endosomalno-lizosomalnego w keratynocytach z fenotypem łuszczykowym, wpływających na nieprawidłowy proces endocytozy antygeny, a także dalsze przetwarzanie z udziałem lizosomalnych enzymów proteolitycznych. Badane jest powstawanie nieprawidłowych fragmentów antygeny prezentowanych przez cząsteczki MHC klasy II, które mogą być przyczyną nadmiernej aktywacji limfocytów T i nasilenia odpowiedzi immunologicznej prowadzącej do przewlekłego zapalenia obserwowanego w łuszczycy.

Ad. 5. Zainicjowane badanie obejmuje ocenę aparatu endosomalno-lizosomalnego w limfocytach CD4⁺ Th1, Th2, Th17 i Th22 wyizolowanych z krwi osób dotkniętych łuszczyką. Odpowiedzialny za modulację odpowiedzi immunologicznej limfocytów T, czynnik NFAT, podlega regulacji przez sygnalizację wapniową, analogicznie do czynnika TFEB, odpowiedzialnego za biosyntezę lizosomów. Obserwowane w przypadku łuszczycy zaburzenia w poziomie wapnia mogą mieć wpływ na działanie obu czynników transkrypcyjnych i przekładać się na patogenezę choroby.

Opis najważniejszych osiągnięć:

1. Zaświadczenie o wpływie genisteiny na normalizację fenotypu łuszczykowego.
2. Atestacja o udziale aparatu endosomalno-lizosomalnego w łuszczycy.
3. Optymalizacja modelu *in vitro* o fenotypie „psoriasis-like inflammation”.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

1 wykład: Serwis sprzątający komórki ludzkiego organizmu. Gdański Uniwersytet Trzeciego Wieku, Gdańsk, Polska, 28 października.

Publikacje:

5978, 6018, 6032, 6033, 6053, 6058

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: prof. dr hab. Małgorzata Łobocka, mgr Aleksandra Głowacka-Rutkowska, dr Emil Stefańczyk (od grudnia 2020), doktoranci: mgr Agnieszka Bednarek, mgr Monika Karasiewicz-Urbańska (od września 2020), mgr Łukasz Kałuski (od października 2020), mgr Grzegorz Czerwonka (od października 2020)

Cel badania:

Poznanie mechanizmów decydujących o szerokim zakresie gospodarzy wybranych bakteriofagów, w tym zarówno bakteriofagów obligatoryjnie wirulentnych jak i bakteriofagów łagodnych, ze szczególnym uwzględnieniem udziału funkcji litycznych w determinacji specyficzności.

Opis realizowanych prac:

W ramach prac nad identyfikacją funkcji litycznych bakteriofaga P1 istotnych w lizie różnych gospodarzy tego faga przygotowano nowe kombinacje mutacji w różnych genach litycznych P1 z wykorzystaniem wymiany rekombinacyjnej. Analiza fenotypu mutantów podczas lizy pozwoliła na wyodrębnienie genów litycznych niezbędnych dla lizy komórek *Escherichia coli* lub *Enterobacter cloacae*, oraz wykazanie, że zestawy tych genów różnią się. Co więcej wśród holin kodowanych przez P1 zidentyfikowano zarówno klasyczne holiny, jak i tzw. pinholiny, różniące się od klasycznych holin mechanizmem działania i powodujące tworzenie tylko niewielkich porów w błonie komórkowej i depolaryzację błony. Wykazano ich funkcjonalność w wyizolowanych układach. Spośród dodatkowych gospodarzy P1 zdolnych do podtrzymania zarówno rozwoju litycznego P1 jak i lizogenii wykorzystano środowiskowy izolat *Pantoea agglomerans* wrażliwy na infekcję P1, ale niezdolny do podtrzymania lizogenii ze względu na obecność plazmidów, w tym dwóch niekompatybilnych z profagiem P1. W wyniku poprzednich prac uzyskano jego pochodną z jednym niekompatybilnym plazmidem kodującym system toksyna-antytoksyna, letalny dla komórek, które utraciły plazmid. Przygotowano niestabilną mini pochodną tego plazmidu niosącą gen antytoksyny i marker antybiotykooporności. Wyleczone przy pomocy tej pochodnej bezplazmidowe komórki *P. agglomerans* będą testowane pod kątem zdolności do podtrzymania lizogenii P1, a następnie wykorzystane do określenia kinetyki lizy mutantów P1 pozbawionych określonych funkcji litycznych. W ramach kontynuacji prac nad funkcjami litycznymi fagów rodzaju *Kayvirus* infekujących *Staphylococcus aureus* zidentyfikowano wstępnie nowe geny modułu litycznego tych fagów, w tym potencjalny gen nowej holiny, zlokalizowany w sąsiedztwie zidentyfikowanego przez nas poprzednio genu dodatkowej endolizyny, *tgl*, a także inne geny kodujące białka błonowe o potencjalnej funkcji holin. Zaprojektowano system wektorów wahadłowych *E. coli*-*S. aureus* do inaktywacji genów kaywirusów z udziałem systemu CRISPR-Cas10. Ustalono sekwencje genomu oraz wstępnie scharakteryzowano pod względem właściwości fizjologicznych i morfologii nowo-wyizolowanego faga *S. aureus* zdolnego do infekcji niektórych szczepów opornych na kaywirusy. Analiza filogenetyczna wykazała jego przynależność do rodzaju *Phietavirus*. Zademonstrowano zdolność nowego bakteriofaga do przenoszenia plazmidów pomiędzy szczepami *S. aureus* drogą transdukcji ogólnej, co czyni go dogodnym wektorem do manipulacji genetycznych w komórkach *S. aureus*. We współpracy z zespołem prof. Joany Azeredo z Uniwersytetu Minho w Bradze (Portugalia) scharakteryzowano nowego bakteriofaga *Providencia stuartii* oraz jego depolimerazę egzopolisacharydów zdolną do pozbawiania szczepów *P. stewartii* otoczki i uwrażliwiania ich w ten sposób na działanie systemu immunologicznego.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Wykazanie, że bakteriofag P1 koduje holiny dwóch rodzajów różniące się mechanizmem działania. Poszerzenie panelu bakteriofagów infekujących *S. aureus* o nowo-wyizolowanego faga specyficznego względem szczepów *S. aureus* opornych na wszystkie badane karyowirusy. Wykazanie zdolności nowego faga do przenoszenia plazmidów pomiędzy szczepami *S. aureus*.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:**Publikacje:**

5964, 5974, 6008, 6056, 4786/A, 1025/N

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

Zespół: 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 histonu H1 oraz kompleksu remodelującego chromatynę SWI/SNF zawierającego podjednostkę katalityczną BRM. W celu zbadania powiązania H1 i SWI/SNF wyprowadzono linie *Arabidopsis* z mutacjami w genach *H1.1*, *H1.2*, *H1.3* oraz *BRM* i poddano je analizom fenotypowym. Stworzono także linię wyrażającą BRM-GFP w tle genetycznym mutacji H1 do badań nad wpływem histonów H1 na rozmieszczenie kompleksu SWI/SNF. Ponadto wykonano analizy interakcji genetycznych pomiędzy mutantami *h1* a mutantem w genie *LHP1* z grupy Polycomb.

Prace nad funkcjami kompleksu SWI/SNF i jego podjednostki katalitycznej BRM polegały na:

1. wyprowadzeniu linii *Arabidopsis* niosących mutacje punktowe w centrum katalitycznym białka BRM;
2. analizach efektów mutacji w podjednostkach BRD na stabilność kompleksu SWI/SNF oraz funkcje podjednostki BRM w regulacji rozwoju liści;
3. uzyskaniu homozygotycznych linii posiadających delecję sekwencji kodującej bromodomenę w podjednostce BRM oraz
4. analizach mutantów wielokrotnych posiadających mutacje typu null w trzech podjednostkach BRD oraz delecję bromodomeny w podjednostce BRM.

Opis najważniejszych osiągnięć:

1. Wykazanie synergistycznego efektu mutacji w genach *H1* oraz genie *BRM* w odpowiedzi hormonalnej roślin *Arabidopsis*.
2. Uzyskanie mutantu *Arabidopsis* zawierającego mutacje insercyjne w trzech genach BRD oraz delecję uzyskaną za pomocą systemu Crispr/Cas9 w regionie kodującym bromodomenę w podjednostce BRM.
3. Wykazanie, że podjednostki kompleksu SWI/SNF z rodziny BRD są niezbędne dla utrzymania pełnego składu i stabilności tego kompleksu.
4. Wykazanie, że podjednostki BRD są niezbędne do prawidłowego kierowania kompleksu SWI/SNF do docelowych miejsc w chromatynie.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Wyniki badań wejdą w skład publikacji naukowych.

Publikacje:

5753, 5877, 6054, 4755/A, 4775/A, 4776/A

Temat nr 35: Szczepionki DNA oraz białka o znaczeniu terapeutycznym

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

Cel badania:

Porównawcza analiza zmian transkryptomicznych w śledzionach kur immunizowanych szczepionką DNA kodującą hemaglutyninę wirusa grypy. Optymalizacja skuteczności plazmidów ekspresyjnych służących do immunizacji zwierząt eksperymentalnych w celu uzyskania jak najwyższego poziomu przeciwciał przeciwko wybranym antygenom.

Opis realizowanych prac:

Kontynuowano analizę transkryptomiczną śledzion kur immunizowanych szczepionką DNA kodującą hemaglutyninę wirusa grypy ptaków. Wyniki tej analizy podsumowano w formie manuskryptu i opublikowano.

Przygotowano rekombinowane plazmidy ekspresyjne niosące sekwencje kodujące wybrane antygeny wirusa SARS-Cov-2 oraz inne białka, w tym wybrane membranowe białka ssaków. Sprawdzone wpływy dodania sekwencji peptydów sygnałnych SP do białek cytoplazmatycznych na efektywność badanych szczepionek w stymulacji przeciwciał u myszy i kur. Efektywność plazmidów została potwierdzona poprzez immunizację zwierząt we współpracy z partnerem odpowiedzialnym za tę część wspólnych badań.

Zespół zaangażowany był także w analizę dynamiki odpowiedzi pomidora na dwa warianty wiroida wrzecionowatości bulw ziemniaka. Prace te zakończono przygotowaniem rozprawy doktorskiej i obroną doktoratu.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Uzyskano nowe warianty plazmidów szczepionkowych zapewniające wydajną produkcję przeciwciał skierowanych przeciwko różnym białkom wirusa SARS-Cov-2 oraz białkom błonowym ssaków w immunizowanych zwierzętach.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Wyniki badań zostały wykorzystane w publikacjach naukowych oraz pracy doktorskiej.

Publikacje:

5977, 6054, 1011/N

Temat nr 37: Mechanizmy kontrolujące proces patogenezy komórek roślinnych.

Zespół: prof. dr hab. Jacek Hennig, dr Marta Grech-Baran, dr Anna Grupa-Urbańska, dr Małgorzata Lichocka, mgr Agata Gorczyca

Cel badania:

Kontynuowaliśmy 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, prowadziliśmy badania

których wyniki wskazują na udział białka Aneksyny-5 z *Arabidopsis thaliana* w procesie rozwoju i dojrzewania pyłku.

Opis realizowanych prac:

W obrębie białka płaszcza (CP) PVY zidentyfikowaliśmy subdomeny budujące szkielet strukturalny uczestniczących w interakcji z domeną receptorową białka Ry_{sto}. Zidentyfikowaliśmy trzy aminokwasy (Ser₁₂₆ Arg₁₅₇ i Asp₂₀₁) w obrębie centralnej (ang. core) części białka, które stabilizują strukturę kieszeni wiążącej RNA wirusa a jednocześnie czyni białko rozpoznawalnym przez receptor Ry_{sto}. Przeprowadzona analiza, *in silico*, sekwencji kodujących białka CP dla 65 wirusów, w obrębie rodziny *Potyviriidae*, wykazała silnie zakonserwowany ich plan budowy. Wykorzystując transgeniczne rośliny tytoniu (*Nicotiana tabacum*) wyrażające gen Ry_{sto}, jako model, sprawdzaliśmy możliwości rozpoznawania CP 10 różnych wirusów z rodziny *Potyviriidae*.

Stwierdziliśmy, że zachowana struktura subdomeny centralnej CP u różnych przedstawicieli *Potyviriidae* czyni możliwym ich rozpoznawanie przez receptor Ry_{sto}, co skutkuje indukcją reakcji obronnej komórek roślinnych.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Identyfikacja subdomeny centralnej białka płaszcza (CP) wirusa PVY rozpoznawanej przez receptor Ry_{sto}.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Wyniki badań zostały/zostaną wykorzystane w publikacjach naukowych.

Publikacje:

5935, 6096

Temat nr 42: Mutacje indukowane i adaptacyjne

Zespół: prof. dr hab. Elżbieta Grzesiuk, dr hab. Anna Sikora, profesor instytutu, dr Damian Mielecki, dr inż. Anna Detman, mgr Tomasz Pilżys, mgr Damian Garbicz, mgr Michał Marcinkowski

Cel badania:

Zespół realizował następujące cele badawcze:

1. Zmiany w transkryptomie *Daphnia* po działaniu cyklofosfamidu i cisplatyny.
2. Lokalizacja białka FTO w tkankach i kompartmentach komórkowych świni w zależności od wieku i zastosowanej diety.
3. Określenie potencjalnych właściwości przeciwnowotworowych nowosyntetyzowanych pochodnych trójpierścieniowych dibenzodiazepin, oksepin i stilbenów.
4. Opracowanie wyników badań nad wybranymi przemianami metabolicznymi i interakcjami pomiędzy mikroorganizmami w czasie beztlenowego rozkładu materii organicznej.
5. Badania wstępne nad określeniem zdolności mikrobiomu przewodu pokarmowego do transformacji mleczanu i octanu do maślanu na modelu zdrowej świni.

Opis realizowanych prac:

Ad. 1. mRNA sekwencjonowano w trybie „pair-end”, z głębokością od 79 do 113 mln odczytów dla pojedynczej próbki. Odczyty przycinano oraz filtrowano ze względu na długość i zawartość N. Usunięto odczyty pochodzące od rRNA i mtRNA, lub tylko rDNA. Przygotowano pliki anotacji dla dwóch linii *Daphnia magna*, Xinb3 oraz SK. Wykonano

mapowanie do genomów (assemblies) linii Xinb3 (GCA_001632505) oraz SK (GCF_003990815), bez lub z mtDNA (STAR aligner). Liczność transkryptów oszacowano także z wykorzystaniem transkryptomów dostępnych dla linii Xinb3 (BioProject: PRJNA284518) oraz SK (BioProject: PRJNA490613). W obrębie przypisanych genów (featureCounts) mapuje się ok. 80 – 90% odczytów.

Ad. 2. Po raz pierwszy stwierdziliśmy lokalizację FTO *in vivo* w cytoplazmie specyficznych tkanek i komórek np. w komórkach β trzustki. Na wysokim poziomie FTO było wyrażone w mózdzku, śliniankach i nerkach, a u świń z niską wagą urodzeniową (IUGR) wyrażenie FTO w mózdzku i nerkach było jeszcze bardziej podwyższone. W mięśniach ilość FTO zależała od wieku: w młodym wieku była duża, a u osobników dorosłych białka tego nie wykrywano. Wnioskujemy, że białko FTO pełni w organizmie wiele, jeszcze nie poznanych funkcji. Wyniki badań zawarto w publikacji Sci Reports (2020) 10:13029. Charakterystyka białek z rodziny ALKBH została przedstawiona w przeglądówce IUMB Life (2020) 1-19.

Tematyka powyższa była przedmiotem pracy doktorskiej Tomasza Pilżysa p.t. „Aktywność białek z rodziny AlkB w warunkach homeostazy i stanach patologicznych” obronionej 10.12.2020.

Ad. 3. Przebadano 33 nowe pochodne dibenzodiazepin, 6 pochodnych stilbenów i 4 oksepiny pod kątem ich właściwości przeciwnowotworowych. Badanie cytotoksyczności wykonano na ludzkich liniach komórkowych: Eufa30 (fibroblasty), HEK293 (komórki embrionalne nerki), HeLa (rak szyjki macicy), U87 (glejak wielopostaciowy) oraz BICR18 (nowotwór krtani). Dla dziewięciu związków o najwyższej cytotoksyczności i selektywności wykonano detekcję apoptozy/nekrozy przy użyciu cytometrii przepływowej i zestawu z aneksyną V i jodkiem propidyny. Wyniki badań zawarto w trzech publikacjach: Biomedicine&Pharmacotherapy,123 (2020) 109781; Molecules 2020, 25, 906; Molecules 2020, 25, 2855.

Ad. 4. Wyniki badań opisano w czterech pracach:

1. Detman et al. Dynamics and complexity of dark fermentation microbial communities producing hydrogen from sugar beet molasses in continuously operating packed bed reactors, przyjęta do druku we *Frontiers in Microbiology* 30.11.2020 r. (*Front. Microbiol.* 11:612344, doi: 10.3389/fmicb.2020.612344), będzie opublikowana w 2021 r.
2. Detman et al. Dynamics of dark fermentation microbial communities in the light of lactate and butyrate production, w recenzji w *Microbiome* (DOI:10.21203/rs.3.rs-67649/v1).
3. Detman et al. An evaluation of the acidogenesis products effect on the biogas production performed with metagenomics and isotopic approaches, w recenzji w *Biotechnology for Biofuels*.
4. Bucha et al. Microbial methane formation from different lithotypes of Miocene lignites from the Konin Basin, Poland: Geochemistry of the gases and composition of the microbial communities. *International Journal of Coal Geology* (2020) 229: 103558.

Ad. 5. Przeprowadzono szereg doświadczeń w układach hodowli stacjonarnych na podłożu minimalnym z dodatkiem sacharozy i/lub mleczanu oraz octanu sodu zaszczerpienych próbkami odchodów 6-miesięcznych zdrowych świń (rasy Landrace×Pietrain). Badano produkty metabolizmu i pH płynów hodowlanych. Pokazano, że sacharoza jest fermentowana do kwasów masłowego, octowego, mlekowego, propionowego i etanolu. Wykazano zdolność bakterii kałowych do przemiany octanu i mleczanu do maślanu.

Opis najważniejszych osiągnięć:

1. Odkrycie lokalizacji białka FTO na poziomie komórki w cytoplazmie, a na poziomie organu w trzustce, w szczególności w komórkach β , co implikuje związek białka FTO z cukrzycą typu 2.

2. Spośród 33 nowych pochodnych dibenzodiazepin, cztery wykazały obiecujące właściwości przeciwnowotworowe, dzięki czemu można określić kierunek przyszłych syntez chemicznych i dalszych badań.
3. Określenie równowagi (proporcji) pomiędzy bakteriami ciemnej fermentacji a bakteriami kwasu mlekowego optymalnych dla wydajnej i stabilnej produkcji wodoru we wspólnotach bakterii fermentacji kwaśnych.
4. Wykazanie, że dominujące produkty fermentacji kwaśnych wpływają na szlaki produkcji metanu poprzez zmianę aktywności metabolicznej metanogenów oraz bioróżnorodności wspólnoty mikroorganizmów produkujących metan.
5. Obiecujące wyniki dla dalszych badań i opracowania szybkiego nieinwazyjnego testu określającego zdolność mikrobiomu przewodu pokarmowego do produkcji maślanu.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Wyniki badań nad rolą FTO w metabolizmie na poziomie komórek i tkanek na modelu świni wnoszą dodatkową wiedzę nt. rozwoju otyłości i cukrzycy typu 2.

Poznanie mechanizmów przemian zachodzących na poszczególnych etapach beztlenowego rozkładu materii organicznej są istotne dla optymalizacji i opłacalności ekonomicznej pozyskiwania biogazów: biowodoru i biometanu.

Wstępne wyniki do przyszłych badań nad opracowaniem podstaw testu do szybkiej diagnostyki stanu zdrowia jelita.

Publikacje:

5918, 5939, 5987, 6003, 6027, 6038, 1017/N, 4801/A

Temat nr 46: Biologia plazmidu RK2 z grupy IncP *Escherichia coli*

Zespół: prof. dr hab. Grażyna Jagura-Burdzy, dr hab. Aneta Bartosik, dr Adam Kawałek, dr Paweł Wawrzyniak, mgr Karolina Kotecka, mgr Ewa Lewicka, mgr Monika Mitura, 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). W okresie sprawozdawczym przygotowano trzy manuskrypty i opublikowano dwa (trzeci został zaakceptowany) dotyczące regulacji ekspresji genów modułu stabilizacyjnego plazmidu RA3 w różnych gospodarzach i badań nad budową, strukturą i funkcją alfa-helikalnego, tworzącego filamenty, białka KfrA. Przeprowadzono doświadczenia ko-lokalizacji fluorescencyjnie znakowanych białek partnerskich KfrA_{RA3} i KfrC_{RA3} w komórkach *Escherichia coli*. Skonstruowano szereg mutantów delecyjnych RA3, dzięki którym wykazano zależność procesów koniugacji i partycji w komórkach *Pseudomonas putida*. Regulatorem tych procesów

jest białko KfrC wykazujące zdolność oddziaływania z KfrA i kompleksem partycyjnym oraz VirD4, białkiem łącznikowym między relaksosomem a transferosomem w procesie koniugacji.

Drugi kierunek naszych badań koncentruje się na hipotezie udziału białka ParB w regulacji ekspresji genów poprzez zmiany topologii chromosomu *P. aeruginosa*. Kilkanaście skonstruowanych wcześniej mutantów chromosomalnych PAO1161 (zmutowane allele *parB*, miejsca wiązania ParB: *parS*, motywy 7 nt) wykorzystano w analizie ChIP-seq. Przeprowadzono też wstępne analizy 3C wpływu wybranych mutacji na topologię chromosomu. Zbadano 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 zmienia się w mutantach *par*. Zidentyfikowano regulony białek PA1196, PA2121, PA2577, PA3027, PA3458 oraz PA3973 w *P. aeruginosa*. Trwają prace nad określeniem wzajemnych zależności pomiędzy badanymi białkami, kontrolowanymi przez nie genami i ich znaczeniem dla biologii *P. aeruginosa*. Przygotowano 4 manuskrypty, z których jeden został wysłany do recenzji (mSystems, ASM), a kolejne 3 zostaną wysłane w najbliższym czasie.

Opis najważniejszych osiągnięć:

1. Wykazano ścisłą korelację procesów horyzontalnego i wertykalnego rozprzestrzeniania się plazmidu RA3 w populacji niektórych gospodarzy np. *P. putida*.
2. Zidentyfikowano proteazy ClpXP i Lon regulujące poziom ParB w komórkach *P. aeruginosa* w czasie cyklu komórkowego.
3. Wykazano rolę białka PA2121 (BsrA) w kontroli ważnych szlaków metabolicznych w *P. aeruginosa*, a także jego udział w sieci regulacyjnej zaangażowanej w regulację metabolizmu w odpowiedzi na zmienne warunki bytowania np. stres.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Uzyskane wyniki badań są podstawą 4 publikacji naukowych oraz jednej przyjętej do druku (BMC Microbiology). Wyniki zostały przedstawione w formie 3 posterów na krajowej konferencji naukowej doktorantów.

Publikacje:

5927, 5930, 6031, 6034, 1022/N

Temat nr 47: Modelowanie struktury i funkcji białek

Zespół: prof. dr Piotr Zielenkiewicz, dr hab. Szymon Kaczanowski, profesor instytutu, dr hab. Piotr Pawłowski, dr hab. Paweł Siedlecki, dr Dorota Niedziałek, dr Norbert Odolczyk, dr Kamil Steczkiewicz, mgr Agnieszka Gromadka, prof. dr Krzysztof. Mucha, prof. dr Leszek Pączek, dr hab. Radosław Zagożdżon

Cel badania:

Rozwój metod i narzędzi bioinformatyki i biologii systemów.

Opis realizowanych prac:

1. Wymodelowano strukturę i opisano funkcję białka KfrA biorącego udział w represji plazmidu RA3. (PUBMED ID: 33097508)
2. Wymodelowano strukturę czwartorzędową kompleksu receptora RAGE związanego z białkami S100B.
3. Zinterpretowano wyniki analiz biofizycznych, w szczególności HDX w kontekście dynamiki i oligomeryzacji białek S100A8 i S100A9.

4. Zidentyfikowano oraz sklasyfikowano białka SSAP (single strand annealing proteins) w bakteriach *Firmicutes* i ich fagach.
5. Przewidziano struktury i funkcje dla białek orf35 i orf36 z plazmidu pCTX-M3.
6. Przewidziano strukturę białka PA2504 z *Pseudomonas aeruginosa*.
7. Zakończono analizy sekwencyjne genomów sześciu przedstawicieli starych ewolucyjnie grzybów.
8. Wyjaśniono specyficzność metylotransferazy histonowej AT1G14030 z *Arabidopsis thaliana*.
9. Opracowano liniową procedurę estymacji składu aminokwasowego minimalnego samodzielnie funkcjonującego genomu i uzyskane przy jej użyciu wyniki w oparciu o dane doświadczalne *Nasuia deltocephalinicola*, *Candidatus Carsonella ruddii*, *Nanoarchaeum equitans* oraz postulat Ventera.
10. Opracowano analityczną część kinetycznego modelu metabolizmu pochodnych puryny. Obecnie jest on na etapie literaturowego kompletowania wartości parametrów.
11. Zbadano wpływ ładunku elektrycznego aminokwasów na infekcyjność wirusa SARS-CoV-2 oraz potencjalnych metod przeciwstawiania się zakażeniu opartych o wykorzystanie zjawiska długozasięgowych oddziaływań kulombowskich.
12. Na podstawie analizy interfejsu kompleksu wirusowego białka S z ludzkim receptorem ACE2, zaprojektowano peptydowe inhibitory blokujące utworzenie kompleksu odpowiedzialnego za początkowy etap infekcji wirusem SARS-CoV-2. Peptydy zostały zsyntetyzowane i przekazane do weryfikacji eksperymentalnej. Przy pomocy mikroskalowej termoforezy wykazano, iż dwa z trzech zaprojektowanych peptydów wiążą się do powierzchni wirusowego białka S ze stałą dysocjacji KD ~200 nM. Peptydy zostały poddane dalszej optymalizacji.
13. Wytypowano zestaw związków niskocząsteczkowych i potwierdzono eksperymentalnie ich powinowactwo do autotaksyny.
14. Wykonano adnotacje funkcjonalną genomu mitochondrialnego i plastydowego *P. wickerhamii*.
15. Wykonano segmentacyjną, głęboką sieć neuronową pozwalającą określać potencjalne miejsca wiązania związków niskocząsteczkowych na powierzchniach białek. Precyzja sieci jest ~2x większa niż najbliższej konkurencji (~45% TP).
16. Wymodelowano strukturę pseudowęzła RNA, uczestniczącego w procesie programowanej zmiany ramki odczytu podczas translacji genomu wirusa SARS-CoV-2, w oparciu o opublikowane dane eksperymentalne. Na podstawie symulacji dynamiki molekularnej wskazano fragmenty struktury pseudowęzła najbardziej podatne na destabilizację poprzez oddziaływania z cząsteczkami ligandów. Wymodelowano kilkadziesiąt potencjalnych ligandów metodami chemii kwantowej, dokowania i sterowanej dynamiki molekularnej, dzięki czemu wyszczególniono kilkanaście cząsteczek o największym potencjale destabilizującym pseudowęzeł.
17. Przeprowadzono symulacje dynamiki molekularnej modelu białka RAGE z ligandem S100B (autor K.Steczkievicz) i na ich podstawie zaproponowano najbardziej prawdopodobny scenariusz agregacji białka RAGE w funkcjonalny receptor.
18. Porównanie genomów wirusa SARS-CoV-2 pochodzących z różnych regionów świata umożliwiło wytypowanie regionów o najwyższej zmienności. Najwyższym poziomem zmienności charakteryzowały się geny: N, ORF3a oraz S. Wytypowane regiony o najwyższej zmienności w kolejnym etapie badań wykorzystano do opracowania testu diagnostycznego.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Zaprojektowano szereg istotnych farmakologicznie inhibitorów enzymów i oddziaływań białko-białko, m.in. peptydowe inhibitory oddziaływania białka kolca wirusa SARS-CoV-2 z receptorem ACE2.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Dokonano 2 zgłoszeń patentowych.

Publikacje:

5942, 5949, 5955, 5956, 5963, 5969, 5969, 5971, 6012, 6063, 6071, 6076, 6082, 6088, 6090, 6097, 6113

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

Zespół: prof. dr hab. Michał Dadlez, dr Magdalena Kaus-Drobek, dr Aleksander Moysa, Lilia Zhukova

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 nieustrukturuowanych regionów. Udać 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 nieustrukturuwane. Ze względu na silne własności agregacyjne i wysoką dynamikę (obecność regionów natywnie nieustrukturuowanych) badania strukturalne tych asocjatów białkowych napotykają na duże trudności, dlatego stosowanie nieklasycznych metod badań strukturalnych jest nieodzowne.

Opis realizowanych prac:

Wykonano analizę strukturalną kompleksów uzyskanej wcześniej pełnej formy receptora RAGE (zawierającej region transbłonowy i część cytoplazmatyczną) z białkiem S100B, z zastosowaniem Native MS, wymiany proton-deuter (HDX) i sieciowania chemicznego. Na tej podstawie opracowano nowy model struktury heterooktameru FL-RAGE-S100B z wykorzystaniem danych krystalograficznych wskazujących na dwa tryby wiązania tetrameru S100B do domen V receptora (publikacja w recenzji). Zakończono wątek konsekwencji strukturalnych modyfikacji redox Cysteiny 328 w vimentynie. Wykazano odwracalną depolimeryzację filamentów vimentyny przez glutationylację tej cysteiny (6112), jako potencjalny mechanizm dekompozycji filamentów do struktur ULF sterowanej procesami redox i ich odtwarzania w innym regionie komórki. Zakończono też opracowywanie struktury kompleksu hEF1B we współpracy z prof. B. Negrutskim, IMCB, Kijów, Ukraina, praca wysłana do druku. Z użyciem techniki HDX określono miejsca kontaktu w C-końcowych regionach oligomerycznych form kompleksu białek centrioli Sas6 i Ana2 w *Drosophila* potwierdzając ten wynik analizą mutacyjną (6091). Białka te cechuje wysoka dynamika utrudniająca klasyczne analizy strukturalne.

Opis najważniejszych osiągnięć:

1. Opracowanie nowego modelu struktury heterooktameru FL-RAGE-S100B.
2. Wykazanie redox-zależnego mechanizmu depolimeryzacji-polimeryzacji filamentów vimentyny przez glutationylację cysteiny 328 (6112).
3. Określenie miejsca kontaktu w C-końcowych regionach oligomerycznych form kompleksu białek centrioli Sas6 i Ana2 w *Drosophila* (6091).

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Uzyskane rezultaty wejdą w skład publikacji.

Publikacje:

5990, 6006, 6091, 6112

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 Tymoszevska, mgr Anastasiya Vasileuskaya

Cel badania:

Poszerzenie wiedzy o bakterii kwasu mlekowego (LAB – z ang. Lactic Acid Bacteria) w obszarze biologii molekularnej komórki oraz populacji komórek, możliwości zasiedlania przez nie nowych środowisk oraz wpływu bakterii mlekowych na organizm ludzki i zwierzęcy, jak również poprzez oddziaływanie LAB na mikrobiotę przewodu pokarmowego, w aspekcie poznawczym i aplikacyjnym.

Opis realizowanych prac:

Wielokierunkowe badania prowadzone nad bakteriami mlekowymi obejmowały:

1. Analizę możliwości komplementacji szlaku syntezy kwasu propionowego w wybranych bakterii fermentacji mlekowej poprzez sklonowanie brakujących genów *pduCDEP* (propanadiol utilization genes) lub genu kodującego epimerazę metylo-malonylo Co-A i wprowadzenie do komórek *Escherichia coli* oraz wybranych LAB.
2. Analizę bioróżnorodności mikroorganizmów w złożonych ekosystemach takich, jak spontaniczne zakwasy piekarskie z pełnoziarnistej mąki żytniej oraz pszennej zwyczajnej i orkiszowej.
3. Badanie produkcji egzopolisacharydów (EPS) przez szczepy z rodzaju *Weissella* wyizolowane z zakwasów piekarskich.
4. Izolację z różnych środowisk (z roślin, fermentowanych produktów roślinnych i mlecznych) i identyfikację genetyczną szczepów bakteryjnych wytwarzających EPS.
5. Analizy biochemiczno-funkcjonalne potencjalnego białka replikacyjnego faga *Lactococcus lactis* pod kątem zdolności wiązania i rozplatania substratów DNA oraz identyfikacji partnerów białkowych (bakteryjnych i fagowych) za pomocą spektrometrii mas i dwuhybrydowego systemu BATCH.
6. Testy przesiewowe określające cechy probiotyczne wybranych szczepów bakterii mlekowych, w tym ocena zdolności adhezyjnych do mucyn, oporności na antybiotyki oraz zdolność przetrwania w symulowanych warunkach panujących w przewodzie pokarmowym (niskie pH, obecność soli żółciowych).
7. Kontynuację analizy szczepów LAB wykazujących aktywność antyproliferacyjną w hodowlach tkankowych, w tym badania wpływu LAB na poziom miRNA oraz

poziomy cytokin w wybranych liniach nowotworowych oraz sekwencjonowanie genomów wybranych szczepów.

8. Identyfikację, klasyfikację i wielkoskalową analizę rekombinaz typu SSAP (single-strand annealing proteins) kodowanych przez bakterie *Firmicutes* i ich fagi.

Opis najważniejszych osiągnięć:

1. Rekonstrukcja genetyczna pełnej drogi Wood–Werkman oraz propanodiolu w wybranych LAB i *E. coli*.
2. Pozyskanie nowych szczepów bakterii z rodzaju *Leuconostoc* i *Weissella* wytwarzających EPS.
3. Opracowanie warunków optymalnych do uzyskania wysokiej wydajności produkcji EPS oraz wytypowanie wysoko wydajnych szczepów *Weissella confusa/cibaria* wytwarzających dekstran.
4. Wykazanie funkcji dla hipotetycznego białka replikacyjnego faga *L. lactis* jako ATP-zależnej helikazy w kierunku 5'-3'.
5. Identyfikacja szczepów bakterii mlekowych o korzystnych cechach probiotycznych (dobra adhezja do mucyn, oporność na niskie pH i sole żółciowe, brak genów oporności na antybiotyki), które mogą być wykorzystane w opracowywaniu preparatów wspomagających terapię chorób cywilizacyjnych.
6. Stworzenie nowej wysokiej jakości bazy białek SSAP, podział zidentyfikowanych rekombinaz SSAP na siedem różnych rodzin, wydzielenie jako nowej, odrębnej rodziny SSAP białek podobnych do Sak3.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Uzyskane wyniki zostały w części przedstawione w publikacjach naukowych, a także umożliwiły przygotowanie i złożenie Zgłoszeń Patentowych w Urzędzie Patentowym RP. Część wyników stanowić będzie podstawę podjęcia nowych badań podstawowych jak również aplikacyjnych.

Publikacje:

5929, 5951, 5964, 5975, 6028, 6084

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 Justyna Maszkowska, dr Lidia Polkowska-Kowalczyk, dr Jadwiga Szczegielniak, dr Olga Sztatelman, dr Katarzyna Szymańska; doktoranci: mgr Julia Rachowka, mgr Adrian Kasztelan, mgr Krystyna Stephenson; magistranci: Oliwia Hawryluk, Ytalia Lavalle Fernandez, Klaudia Ordyniak, Mateusz Radkiewicz, Zuzanna Staszalek, Daniel Szelański

Cel badania:

Celem prowadzonych badań było:

1. poznanie roli kinaz SnRK2 (SNF1-related protein kinases 2) w regulacji biogenezy miRNA, starzenia rośliny i ruchach chloroplastów;
2. zbadanie roli kwasu fosfatydowego w regulacji szlaku przesyłania sygnałów przez kinazy SnRK2;
3. identyfikacja kinaz CDPK ziemniaka uczestniczących w odpowiedzi na stres osmotyczny;
4. zrozumienie mechanizmów fizjologicznych i molekularnych działania aneksyny1.

Opis realizowanych prac:

1. Na podstawie analizy EMSA (Electrophoretic Mobility Shift Assay) wykazano, że zastąpienie reszty Ser27 znajdującej się w domenie RRM białka GRP8 kwasem glutaminowym obniża jego zdolność wiązania pre-miRNA398. Kwas glutaminowy funkcjonalnie może zastępować ufosforylowaną resztę seryny. Wcześniejsze wyniki wykazały, że Ser27 jest fosforylowana przez kinazy SnRK2 w odpowiedzi na zasolenie. Wynik ten potwierdza rolę kinaz SnRK2 w regulacji biogenezy miRNA.
2. Zbadano udział kwasu fosfatydowego (PA, phosphatidic acid) w regulacji szlaku sygnałowego kinaz SnRK2 grupy 1 (nieaktywowanych przez ABA). Wykazano, że PA (16:0, 18:1) wpływa na strukturę SnRK2.4, reguluje aktywność i lokalizację fosfatazy PP2CA, negatywnego regulatora aktywności SnRK2. Ponadto PA ma wpływ na fosforylację i lokalizację niektórych substratów SnRK2.
3. Zbadano udział kinaz SnRK2 z grupy 1 w regulacji procesu starzenia liści *Arabidopsis thaliana*. Wykazano, że w odciętych liściach podwójnych mutantów insercyjnych *snrk2.4/2.10* w warunkach zasolenia utrata chlorofilu, produkcja reaktywnych form tlenu oraz wyciek jonów z komórek są znacznie wyższe niż w roślinach typu dzikiego oraz mutantach pojedynczych *snrk2.4* i *snrk2.10*. Wynik ten wskazuje, że liście roślin linii *snrk2.4/2.10* starzeją się szybciej niż liście roślin pozostałych linii. Wykazaliśmy różnice w profilach ekspresji badanych kinaz w liściach w zależności od ich wieku oraz stopnia rozwoju.
4. Kontynuowano badania dotyczące odpowiedzi ziemniaka na stresy abiotyczne. Zbadano ekspresję wszystkich 23 genów z rodziny kinaz CDPK zarówno w liściach jak i w korzeniach roślin ziemniaka po potraktowaniu 20% PEG 6000. W liściach zaobserwowano wzrost ekspresji *StCDPK2*, *StCDPK10* i *StCDPK16*. Natomiast w przypadku korzeni obserwowano wzrost ekspresji *StCDPK4*, *StCDPK5*, *StCDPK11*, *StCDPK12*, *StCDPK15*, *StCDPK17*, *StCDPK23*. Wcześniejsze badania wykazały, że same geny były indukowane również w odpowiedzi na zasolenie i suszę.
5. W celu zbadania fizjologicznej funkcji poszczególnych domen białka PMI1, będącego potencjalnym inhibitorem kinaz SnRK2, wykorzystując technikę CRISPR/Cas9 uzyskano linie mutantów delecyjnych *Arabidopsis thaliana* pozbawione całego lub fragmentów genu *PMI1*.
6. Wykazano aktywację kinaz SnRK2.4 oraz SnRK2.10 w odpowiedzi na stres wysokiej lub niskiej temperatury.
7. Wykazano, że ruchy chloroplastów rzodkiewnika są hamowane w reakcji na stres solny. Zahamowanie jest znacznie słabsze w mutancie *snrk2.1/4/5/10*.
8. Wykazaliśmy, że jednym z mechanizmów oddziaływania aneksyny 1 na równowagę oksydoredukcyjną komórek *Arabidopsis thaliana*, jest wpływ na syntezę i regenerację kwasu askorbinowego. Aneksyna 1 jest też niezbędna dla prawidłowego transportu sacharozy przez pochwę okołowiązkową do miększu łykowego. Obecnie weryfikujemy tę obserwację przez bezpośredni pomiar zawartości sacharozy w soku floemowym. Poprzez te mechanizmy aneksyna 1 wpływa na tolerancję roślin na działanie suboptimalnych czynników środowiska.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Wykazano, że ruchy chloroplastów *Arabidopsis thaliana* są hamowane w reakcji na stres solny w sposób zależny od kinaz SnRK2.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

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

Publikacje:

5936, 5946, 5962, 6021, 5932, 1001/N, 1014/N

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

Zespół: dr Aleksandra Wysłouch-Cieszyńska, mgr Magdalena Polakowska (doktorantka), Magdalena Chybicka (magistrantka)

Cel badania:

Kontynuacja badań nad rolą redoksowych modyfikacji grup tiolowych cystein w regulacji aktywności ludzkich białek związanych z procesami pierwotnej odpowiedzi immunologicznej i nowotworzenia.

Opis realizowanych prac:

Opracowano efektywne metody uzyskiwania homogennych preparatów wielu zidentyfikowanych *in vivo* proteoform dwóch ludzkich białek zaangażowanych w pierwotną odpowiedź immunologiczną oraz procesy nowotworzenia. Kontynuowano porównawcze badania tych proteoform, przede wszystkim z wykorzystaniem metod opartych o spektrometrię mas. Opracowano metodę i przeprowadzono analizy kinetyki reakcji trans S-nitrozytacji i S-glutationylacji w kompleksach tworzonych przez białka S100A8, S100A9 i wimentynę.

Opis najważniejszych osiągnięć:

W warunkach *in vitro* potwierdzono wpływ obecności kalprotektyny na szybkość redoksowych modyfikacji potranslacyjnych cysteiny 328 – kluczowej reszty aminokwasowej regulującej procesy oligomeryzacji oraz wiązania jonów cynku w wimentynie.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Uzyskane wyniki są przedmiotem publikacji, pracy magisterskiej oraz prac przygotowujących do druku.

Publikacje:

6112

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

Skład zespołu: dr hab. Elżbieta Kraszewska, mgr Joanna Drabińska (doktorantka)

Cel badania:

Ustalenie biologicznej funkcji białka PA2504 w komórkach *Pseudomonas aeruginosa*. Celem prac było określenie biologicznej funkcji białka PA2504 ze szczególnym uwzględnieniem jego roli w kompleksie jaki tworzy z transkrypcyjnym regulatorem egzotoksyny A białkiem PtxS. Oprócz regulacji ekspresji egzotoksyny, PtxS reguluje transkrypcję genów związanych z katabolizmem glukozy.

Opis realizowanych prac:

Analiza roli białka PA2504 *P. aeruginosa* w funkcjonowaniu kompleksu PtxS/PtxR

Badania fenotypowe mutantów $\Delta ptxS$ oraz $\Delta PA2504/\Delta ptxS$ zawierały analizę tempa wzrostu szczepów na podłożach zawierających różne źródła węgla takie jak glukoza, kwas glukonowy czy kwas 2-ketoglukonowy, analizę ruchów bakterii, badania wrażliwości szczepów na antybiotyki, zdolności do tworzenia biofilmu, oraz produkcji czynnika wirulencji picyjaniny. Powyższe badania nie wykazały znaczących różnic pomiędzy szczepem rodzicielskim a badanymi szczepami delecyjnymi. Nie wykazano także wpływu białka PA2504 na aktywność promotorów P_{toxA} , P_{kgu} oraz P_{gad} kontrolowanych przez kompleks PtxS/PtxR. Wyniki powyższe sugerują, że obserwowana interakcja pomiędzy białkiem PA2504 a białkiem PtxS nie ma znaczącego wpływu na analizowane fenotypy w danych warunkach eksperymentalnych.

W związku z tym, że gen *PA2504* położony jest w genomie *P. aeruginosa* PAO1161 w okolicy operonów związanych z metabolizmem pirokatechiny (catechol), kwasu antralinowego oraz kwasu metylotoluenowego (toluate) sprawdzono czy białko PA2504 może być powiązane z produktami genów tych operonów. Nie obserwowano różnic wzrostowych pomiędzy szczepami $\Delta PA2504$, $\Delta ptxS$ oraz $\Delta PA2504/\Delta ptxS$ na podłożu z dodatkiem pirokatechiny czy kwasu antralinowego, co sugeruje, że produkt genu *PA2504* nie współpracuje z produktami genów z sąsiednich operonów.

Analiza RNA-seq.

Powyższe eksperymenty nie wskazały wyraźnie funkcji PA2504, w związku z tym aby przybliżyć odpowiedź na to pytanie przeprowadzono analizę transkryptomiczną (RNA-seq) mutantu $\Delta PA2504$. Analiza ta wykazała obniżenie ekspresji szeregu genów związanych z transportem i metabolizmem siarki.

Analiza wzrostu mutantu $\Delta PA2504$ na podłożach zawierających różne związki siarki.

Analizę prowadzono między innymi z użyciem płytki PM4 systemu Biolog. Zbadano w ten sposób wzrost bakterii w warunkach głodu siarkowego (cysteina, metionina, glutation, tauryna) oraz w warunkach bez głodu siarkowego (siarczan, tiosiarczan). Chociaż brak PA2504 powoduje obniżenie ekspresji szeregu białek związanych z transportem i metabolizmem siarki to analizy wzrostowe mutantu z wykorzystaniem różnych źródeł siarki nie wskazują na bezpośredni udział PA2504 w metabolizmie badanych związków. Zważywszy jednak na nieograniczoną liczbę związków siarki, nie można wykluczyć, że w przeprowadzonych badaniach nie uwzględniono związku, który wymagał by obecności PA2504 do transportu czy rozkładu.

Opis najważniejszych osiągnięć:

PA2504 jest pozytywnym regulatorem szeregu białek związanych z transportem i metabolizmem siarki w komórkach *P. aeruginosa*.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Uzyskane wyniki zostaną przedstawione do druku oraz będą zawarte w pracy doktorskiej mgr Joanny Drabińskiej.

Publikacje:

6034, 6106

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 Irena Paczkowska, dr Dorota Radecka (do 1.10.2020), mgr Aleksandra Witkiewicz-Kucharczyk, mgr Dawid Płonka, mgr Karolina Bossak-Ahmad, mgr Ewelina Stefaniak, mgr Radosław Kotuniak, mgr Maciej Plichta, mgr Marta Wiśniewska, mgr Joanna Ziemka-Lęgiecka, mgr Urszula Majcher-Seledyn

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 i nanocząstek metali (5992, 6046), a także badania eksperymentalne oddziaływań jonów Cu(II) i Pd(II) z peptydami biologicznymi z rodziny A β (5995, 6020, 6073, 6094, 6105), oddziaływań Cu(II) z albuminą i peptydami modelowymi (5959, 6019, 6044, 6045), oddziaływań molekularnych i komórkowych toksycznych jonów Ag(I) (5941, 5991), oraz nitrozytacji palca cynkowego (6064), w tym współpracując z partnerami krajowymi i zagranicznymi. Opublikowano także model teoretyczny oddziaływań molekularnych w nanoskali (5952). Ponadto dr hab. M. Grynberg we współpracy międzynarodowej badał zagadnienia związane z opisem białek o niskiej złożoności (5884, 6012). Dr A. Mieczkowski opublikował cztery artykuły z dziedziny syntezy organicznej i chemii medycznej we współpracy dr. B. Bieszczadem i grupami krajowymi (5934, 6003, 6037, 6041) i trzy artykuły w innych współpracach z różnych dziedzin chemii biologicznej (5937, 5980, 6079). Dr I. Zhukov we współpracy z różnymi ośrodkami opublikował trzy artykuły z dziedziny badań strukturalnych NMR białek (5940, 5967, 6026). Dr K. Drabikowski opublikował artykuł na temat ubikwitynacji i SUMOilacji w *Caenorhabditis elegans* (5914). Obroniono dwa doktoraty zatwierdzone przez RN (Ilona Marszałek – sensory cynkowe i Bartosz Bieszczad – synteza organiczna leków) i przeprowadzono dwie obrony przed komisją RN (Karolina Bossak-Ahmad – peptydy 3N i Ewelina Stefaniak – peptydy A β).

Opis najważniejszych osiągnięć:

1. Odkrycie mechanizmu aktywacji i wymiany miedzi w kompleksach typu ATCUN (6019).
2. Przedstawienie mechanizmu toksyczności srebra, związanego z uszkodzeniem palców cynkowych (5941, 5991).
3. Opracowanie metody opisu reakcji chemicznych w nanoskali (W. Goch, 5952).
4. Opracowanie nowych cząsteczek cytotoksycznych (B. Bieszczad, 5934, 6003, 6041).

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Uzyskano patent krajowy związany z zastosowaniami pochodnej chitozanu, chitatonu (PL235482 B1).

Publikacje:

5884, 5914, 5934, 5937, 5940, 5941, 5952, 5959, 5967, 5980, 5991, 5992, 5995, 6003, 6012, 6019, 6020, 6026, 6037, 6041, 6044, 6045, 6046, 6064, 6073, 6079, 6094, 6105

Temat nr 55: Analiza genetyczna podstaw wybranych chorób dziedzicznych.

Zespół: dr hab. Beata Burzyńska, profesor instytutu, dr Monika Góra, mgr Karolina Maciak, Katarzyna Konieczna (magistrantka WUM do lipca 2020)

Cel badania:

Celem prowadzonych badań było:

1. Przeprowadzenie charakterystyki genetycznej pacjentów z wrodzonymi niedokrwistościami hemolitycznymi.
2. Kontynuowanie badań mających na celu zidentyfikowanie miRNA związanych z migotaniem przedsionków (MP), jako biomarkerów skutecznej ablacji u pacjentów.
3. Określenie zmiany w ekspresji miRNA w tkance wątroby królików podczas zakażenia wirusem krwotocznej choroby królików (RHDV).

Opis realizowanych prac:

Ad 1. W celu potwierdzenia/wykluczenia stomatocytozy wrodzonej, u wybranej grupy pacjentów przeprowadzono sekwencjonowanie genu *PIEZO1*. Ponadto, sekwencjonowanie egzomowe zostało wykonane u pacjentów z ciężką niedokrwistością hemolityczną, u których parametry hematologiczne oraz wyniki testów biochemicznych nie wykazały jednoznacznej przyczyny niedokrwistości.

Ad 2. Przeprowadzono sekwencjonowanie małych niekodujących RNA w surowicy od pacjentów z nawrotem i bez nawrotu MP. Na podstawie wyników sekwencjonowania, danych literaturowych i przewidywanego poziomu ekspresji spośród miRNA różnicujących pacjentów z nawrotem MP i bez nawrotu, wybrano 10 miRNA. Z dodatkowych próbek surowicy krwi, otrzymanych od niezależnej kohorty walidacyjnej, wyizolowano miRNA, a następnie zoptymalizowano warunki oznaczania poziomu ekspresji sześciu miRNA za pomocą emulsyjno-kropelkowego PCR (ddPCR, ang. *digital droplet PCR*).

Ad 3. Oceniono ekspresję miRNA (ocu-miR-122-5p, ocu-miR-155-5p i ocu-miR-16b-5p) w tkance wątroby oraz surowicy krwi królików eksperymentalnie zarażonych RHDV.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Za pomocą sekwencjonowania egzomowego wykryto dwie różne mutacje w genie *PKLR* (kinaza pirogronianowa), odpowiedzialne za występowanie zagrażającej życiu anemii hemolitycznej. Bioinformatyczna analiza oraz modelowanie molekularne wskazują, że zmiana p.S499P wpływa niekorzystnie na stabilność enzymu, który jest niezbędny do produkcji energii w erytrocytach.

Wyniki sekwencjonowania wykazały, że poziomy 34 miRNA były istotnie różne w surowicy od pacjentów z nawrotem MP w porównaniu z pacjentami bez nawrotu MP.

Badania poziomów ekspresji oraz analiza funkcjonalna wykazała, że ocu-miR-155-5p, ocu-miR-16b-5p i ocu-miR-122-5p mogą regulować ekspresję genów zaangażowanych w procesy skorelowane z ostrą niewydolnością wątroby (ALF) u królików zakażonych wirusem choroby krwotocznej królików.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Otrzymane wyniki zostały wykorzystane w publikacjach. Analizy miRNA w kontekście migotania przedsionków w przyszłości mogą być wykorzystane do kwalifikacji pacjentów do leczenia zabiegowego AF i przy ocenie szans pacjenta na dobry efekt przeprowadzonego zabiegu.

Publikacje:

5915, 5924, 5926, 5931, 6047, 6083, 4784A

Temat nr 56: Genomika *Paramecium tetraurelia*.

Zespół: dr Robert Gromadka, dr Jacek Nowak, dr Julita Gruchota, dr Michał Jaśkiewicz, doktoranci: mgr Dawid Owsian, mgr Katarzyna Nowak

Cel badania:

Paramecium tetraurelia jest jednokomórkowym organizmem eukariotycznym charakteryzującym się obecnością dwóch rodzajów jąder w obrębie cytoplazmy. Podczas każdego cyklu płciowego matczyne jądro somatyczne - makronukleus jest degradowane, 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, niekodujących sekwencji IES (ang. Internal Eliminated Sequence). Matczyne dziedziczenie wzoru eliminacji wymaga udziału szeregu czynników związanych ze szlakiem interferencji RNA. W procesie tym uczestniczą różne klasy niekodujących RNA, między innymi krótkie, charakterystyczne dla procesów płciowych skaningowe RNA (scnRNA) pochodzące z mikronukleusa oraz dłuższe, niekodujące transkrypty syntetyzowane w matczynym 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 (min.: TFIIS, Spt5 i Spt4) w regulacji rearanżacji DNA w *Paramecium*.

Opis realizowanych prac:

Wśród białek, które zostały zidentyfikowane przy wykorzystaniu spektrometrii mas jako oddziałujące z Spt5m, Spt4mA lub Ptiwi09 (wyrażane podczas procesów płciowych wiążące krótkie RNA białko PIWI) znaleźliśmy 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: (1) posttranslacyjnej modyfikacji niekodujących transkryptów, (2) powstawaniu kompleksu scnRNA z białkiem PIWI, (3) transporcie RNA z jądra.

Zastosowano strategię badawczą polegającą na wyciszaniu ekspresji genów kodujących białka, które potencjalnie oddziałują Spt5m, Spt5mA oraz Ptiwi09. Wybrano kilkanaście genów kodujących zarówno znane czynniki związane min z poliadenylacją jak i nieznane białka. Dla kilku genów wyciszanie dało fenotyp letalny we wzroście wegetatywnym, a kilka innych genów wykazywało zwiększoną śmiertelność po procesie płciowym, co pozwala sądzić, iż mogą być zaangażowane w metabolizm niekodujących RNA. Trwają dalsze badania związane z lokalizacją wewnątrzkomórkową, wpływem na rearanżacji genomu oraz syntezę krótkich ncRNA.

Ponadto pracowano nad nowymi narzędziami badawczymi. Zaprojektowano i zamówiono przeciwciała poliklonalne do białek Spt5m, Spt5v, TFIIS4 oraz Ptiwi01. Przeprowadzono walidację dostarczonych przeciwciał wykorzystując analizy typu western oraz immunofluorescencje *in situ*, które wykazały, iż tylko przeciwciało do Ptiwi09 wiąże się w sposób specyficzny. Ponadto prowadzone są prace nad systemem umożliwiającym analizę interakcji białko-białko w systemie *in vivo* w oparciu o zjawisko FRET. Zaprojektowano i zamówiono syntetyczne geny kodujące białka fluorescencyjne Venus i Cerulean zgodne z kodem genetycznym oraz profilem częstości kodonów dla *P. tetraurelia*. Następnie wykonano

konstrukty zawierające te białka w fuzji z białkami Spt5v i Spt4vA w celu przetestowania narzędzia. W uzyskanych podwójnych transformantach obserwowano fluorescencję obu białek fuzyjnych w jądrze. Udało się zaobserwować zjawisko FRET, jednak na bardzo niskim poziomie. Trwają prace nad optymalizacją tego systemu.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Uzyskanie pierwszego specyficznego przeciwciała do wiążącego scnRNA białka Ptiwi09.

Publikacje:

brak

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, MsC Vandana Kaushal

Cel badania:

Celem prowadzonych badań jest dogłębne poznanie właściwości wybranych konsorcjów mikroorganizmów a także izolowanie, identyfikacja i charakterystyka szczepów bakterii oraz grzybów z różnych środowisk.

Opis realizowanych prac:

Poszerzono charakterystykę środowiskowego szczepu *Acinetobacter lwoffii* ZS207 o badania funkcjonalności zidentyfikowanych w genomie systemów toksyna-antytoksyna (8 różnych operonów TA z rodzin RelBE i HigBA). Wszystkie zostały sklonowane w wektorach testowych, a następnie sprawdzono ich aktywność poprzez testy stabilności plazmidów niosących dany operon oraz wpływ aktywnego białka toksyny na wytwarzanie w warunkach stresowych komórek "persister".

Przeprowadzono pogłębione analizy LC-MS meta-proteomów badanych bioreaktorów wodoro- i metanogennych oraz biologicznych osadów beztlenowych oczyszczalni ścieków cukrowniczych. W tym celu zmodyfikowano wcześniej przygotowaną własną specjalną bazę danych do analiz proteomicznych (wykorzystującą sekwencje meta-genomów oraz meta-transkryptomów badanych obiektów) poprzez połączenie z unikalnymi rekordami baz UniProt. Nowa baza zawiera obecnie ponad 6,5 mln rekordów. Baza ta jest używana obecnie do identyfikacji białek w metaproteomie oczyszczalni ścieków.

Kontynuując współpracę z Instytutem Lotnictwa Sieci Badawczej Łukasiewicz przeprowadzono testy możliwości detekcji komórek bakteryjnych przez autorskiej konstrukcji kamerę wielospektralną QUERCUS6 w komorze próżniowej w warunkach imitujących pióropusze lodowe otoczenia Enceladusa - satelity Saturna. W wyniku opracowanej symulacji kinetycznej rozpraszania komórek o różnej gęstości określono optymalną dla możliwości detekcji komponentu mikrobiologicznego przez kamerę, jej odległość od orbity satelity.

W roku sprawozdawczym rozszerzono współpracę z Zakładem Bioinformatyki. Przeprowadzamy analizy eksperymentalnej ewolucji genomów (z wykorzystaniem organizmu modelowego *Saccharomyces cerevisiae*), a także eksperymentalne testowanie hipotezy endosymbiotycznego pochodzenia apoptozy poprzez próbę komplementacji braku wybranych białek apoptotycznych w mutantach delecyjnych drożdży, przez homologiczne białka organizmów różnych domen filogenetycznych. Geny tych białek, odpowiednio zmodyfikowane względem drożdżowych, zostały zsyntetyzowane chemicznie i będą wprowadzane poprzez rekombinację w miejsce badanych genów w genomie drożdży.

Dodatkowo sprawdzamy eksperymentalnie, postulowane w wyniku własnych analiz bioinformatycznych, terapeutyczne działanie wybranego roślinnego miRNA na procesy zapalne, w komórkach eukariotycznych.

W zakresie badań genomicznych grzybów w bieżącym roku:

1. Zidentyfikowano geny metabolizmu kobalaminy w genomach grzybów należących do różnych linii ewolucyjnych, co pozwala przypuszczać, że cecha ta była rozpowszechniona u wspólnego przodka.
2. Przeprowadzono analizę porównawczą sześciu genomów organizmów należących do Mucorales i Umbelopsidales. Analizy ujawniły obecność i wpływ bakterii związanej z jednym z grzybów. Dane eksperymentalne wykazały obecność kwasu gamma linolenowego i fukozy w ścianie tych organizmów potwierdzając te cechy jako wyróżniające Mucoromycotina.
3. Wykonano analizy klastrów metabolicznych w ponad 150 genomach organizmów zaliczanych do Mucoromycotina, która wykazała powszechne występowanie klastrów terpenowych, sideroforów i nierybosomalnych syntetaz białek.

Opis najważniejszych osiągnięć:

1. Wykazano funkcjonalność plazmidowych systemów TA szczepu *A. lwoffii* ZS207.
2. Wykazano, że sieć interakcji genów nie ma wpływu na ewolucję kompensacyjną następującą po delecji genów u drożdży.
3. Zidentyfikowano geny metabolizmu kobalaminy w genomach grzybów pierwotnych.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Wyniki zostały wykorzystane w publikacjach naukowych – opublikowanych, będących w recenzji oraz obecnie przygotowywanych manuskryptach.

Publikacje:

5928, 5955, 5997, 6025, 6099

Temat nr 60: Mechanizmy podziałów komórkowych

Zespół: dr hab. Anna Kurlandzka, prof. instytutu

Cel badania:

Kontynuowano współpracę z dr. hab. Szymonem Kaczanowskim (IBB PAN) polegającą na testowaniu jednej z hipotez dotyczących mechanizmów ewolucji, stabilności modułów funkcjonalnych. Modelowym organizmem były drożdże *Saccharomyces cerevisiae*.

Opis realizowanych prac:

Analizowano los modułów funkcjonalnych w populacjach *S. cerevisiae* pozbawionych genów *COG7* i *NUP133* poddanych eksperymentalnej ewolucji w warunkach hodowli ciągłej. Analizowano zmiany na poziomie transkrypcyjnym i ich związek sieciami interakcji genetycznych. Uczestniczono w analizach dotyczących zmian transkrypcyjnych regulacji transkrypcji niezależnych od nagromadzenia mutacji adaptacyjnych.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Stwierdzono, że sieć interakcji genetycznych ma bardzo ograniczony wpływ na trajektorie ewolucyjne populacji drożdży w warunkach hodowli ciągłych. Ustalono, że w tych warunkach

dochodzi do ustalenia równowagi metabolicznej mającej odbicie w zmianie profilu transkrypcyjnego, ale niepowiązanej z mutacjami.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Wyniki zostaną wykorzystane w publikacjach naukowych.

Publikacje:

6099

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:

Kontynuowano badania poświęcone roli czynników splicingowych CWC22 i SRSF2 w jasno-komórkowym raku nerki (ang. clearcellrenalcell carcinoma, ccRCC). Oba białka istotnie wpływają na przeżywalność pacjentów z ccRCC. Przeprowadzono analizę funkcjonalną genów o zmienionej ekspresji na poziomie transkryptów oraz specyficznych izoform splicingowych w linii ccRCC po niezależnym obniżeniu ekspresji CWC22 i SRSF2. Geny o zmienionej ekspresji zidentyfikowano przy użyciu mikromacierzy typu HTA firmy Thermo Fisher. Ustalono, że obniżenie badanych czynników splicingowych wpływa zarówno na zaburzenia splicingu, jak i na zmiany transkrypcji wielu genów (obniżenie SRSF2 zmienia poziom ponad 2500, a CWC22 ponad 3500 transkryptów). Deficyt SRSF2, a także CWC22 przyczynia się przede wszystkim do pomijania egzonów. Analizę funkcjonalną otrzymanych list genów przeprowadzono wykorzystując dostępne narzędzia bioinformatyczne – g:Profiler, QIAGEN *IngenuityPathway Analysis* (QIAGEN IPA) oraz Transcriptom Analysis Console (TAC).

Badania funkcjonalne wskazały między innymi, że obniżenie poziomu SRSF2 może być powodem zaburzeń metabolizmu komórkowego, głównie hamowania biosyntezy cholesterolu. Z kolei obniżenie CWC22 prawdopodobnie przyczynia się do zwiększenia migracji i inwazyjności komórek. Wśród genów o zmienionej ekspresji na obu listach znajdują się takie, których zaburzenia ekspresji mają kluczowe znaczenie dla przeżywalności pacjentów z jasnokomórkowym rakiem nerki – co ustalono analizując dane dostępne w *The CancerGenome Atlas* (TCGA). Do tej grupy genów należą geny z rodziny aldo-keto reduktaz AKR1C, których nieprawidłowa ekspresja jest wiązana z wieloma typami nowotworów, jednak jak dotąd nie z ccRCC. Co ciekawe zmiany poziomu transkryptów AKR1C jak i zaburzenia wzoru alternatywnego składania genów były bardzo zbliżone zarówno po obniżeniu SRSF2 jak i CWC22. Może to wskazywać na udział obu czynników w regulacji genów tej rodziny.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Wskazanie czynników splicingowych SRSF2 i CWC22 jako regulatorów kluczowych funkcji dla procesu nowotworzenia.

Ustalenie w oparciu o dane transkryptomiczne z TCGA z użyciem platformy UALCAN (<http://ualcan.path.uab.edu>), że obniżenie CWC22 koreluje ze stopniem złośliwości nowotworów grupy ccRCC.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Wyniki zostaną wykorzystane do opracowania nowego wniosku grantowego oraz zostaną przedstawione w formie publikacji naukowej.

Publikacje:

brak

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

Zespół: dr hab. Magdalena Krzymowska, profesor instytutu, dr Magdalena Górecka, dr Marcin Piechocki, dr Patrycja Zembek, doktoranci: mgr Bartosz, mgr inż. Jakub Kwiatkowski, mgr Dominika Nowak

Cel badania:

Głównym celem realizowanych badań było poznanie mechanizmu, na drodze którego efektor HopQ1 interferuje z kaskadą kinaz MAP.

Opis realizowanych prac:

Pseudomonas syringae to gramujemna bakteria, które infekuje wiele gatunków roślin o dużym znaczeniu gospodarczym. Każdy szczep tej bakterii dostarcza do komórek gospodarza swoisty zestaw białek, zwanych efektorami. Efektory interferują z odpowiedzią obronną roślin, stąd poznanie ich funkcji jest kluczowe dla zrozumienia mechanizmów patogenez. Ich działanie nakierowane jest, na ogół, na krytyczne komponenty szlaków przekazywania sygnału, które w konsekwencji ulegają modyfikacji bądź degradacji.

HopQ1 to efektor, który od wielu lat jest przedmiotem badań mojego zespołu. Efektor ten blokuje kaskadę kinaz MAP uruchamianą w komórkach roślinnych w następstwie ataku patogena. Molekularny mechanizm tego zjawiska nie został dotychczas poznany. Nasze doświadczenia wykazały, że HopQ1 wpływa na poziom MEK2, drugorzędowej kinazy w kaskadzie MAP w tytoniu oraz bezpośrednio wiąże tę kinazę. Metody immunodetekcji oraz spektrometrii mas ujawniły, że dwie reszty lizynowe (172. i 201.) w sekwencji MEK2 ulegają ubikwitynacji.

Ponadto, przyjęta przez nas hipoteza robocza zakładała, że HopQ1 wpływałby na możliwość tworzenia dimerów przez MEK2, co z kolei negatywnie regulowałoby kaskadę kinaz MAP. Jako pierwszy etap wiodący do weryfikacji tej hipotezy, zaprojektowaliśmy warianty MEK2, które przypuszczalnie nie tworzą kompleksów. Nieoczekiwanie okazało się, że ekspresja MEK2 Y97S_Y114G, niedimeryzującego wariantu MEK2, prowadzi do masywnego obumierania tkanki, sugerując, że tworzenie oligomerów negatywnie reguluje odpowiedź obronną roślin.

Nasze doświadczenia wskazują zatem na dwa nowe mechanizmy regulujące kaskadę kinaz MAP w roślinach, tj. oligomeryzację drugorzędowej kinazy oraz kontrolę stabilności tego białka poprzez ubikwityno-zależną degradację. Tak więc badania, których głównym celem było poznanie mechanizmu, na drodze którego efektor HopQ1 interferuje z kaskadą kinaz MAP przyczyniły się do odkrycia nowych aspektów działania kaskady kinaz MAP gospodarza.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Nasze badania sugerują, że aktywność kinazy MEK2 jest negatywnie regulowana poprzez tworzenie homodimerów, natomiast na poziom tego białka wpływa jego stan ubikwitynacji.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Badania te przyczyniły się do wyjaśnienia podłoża wirulencji fitopatogennych bakterii, ale też do zrozumienia sposobu funkcjonowania krytycznych elementów odpowiedzi obronnej roślin, co w sumie może w przyszłości być przełożone na wypracowanie skutecznego systemu ochrony roślin.

Publikacje:

brak

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

Zespół: prof. dr hab. Jarosław Poznański, dr Maria Winiewska-Szajewska, 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 doświadczalnych (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 kolejnych serii polihalogenowanych związków heterocyklicznych zawierających różne kombinacje atomów halogenu (F, Cl, Br, I) jako potencjalnych inhibitorów kinazy białkowej CK2. Badania termodynamiczne wiązania tych związków do docelowego białka pozwalają na coraz dokładniejszą separację wkładów oddziaływań hydrofobowych i elektrostatycznych od specyficznych oddziaływań halogen-białko (5980, 5981, 5989).
2. Interpretacja danych medycznych, biochemicznych lub biofizycznych w kontekście danych strukturalnych o badanych obiektach – seria prac opartych o modelowanie przez homologię prowadzonych we współpracy z różnymi grupami (5915, 5946, 5966, 5976, 6026, 6061, 6069, 6094).
3. Optymalizacja algorytmów analizy danych testów biofizycznych/biochemicznych (6069).
4. Modele strukturalne oddziaływania krótkich peptydów z jonami metali budowane na podstawie znanej chemii koordynacyjnej (6094).

Opis najważniejszych osiągnięć:

W obliczu pandemii COVID-19 wspólnie z grupą Prof. Piotra Zielenkiewicza zaangażowaliśmy się w analizę oddziaływania związków niskocząsteczkowych z domeną RBD wirusowego białka S. Kombinacja symulacji *in silico* oraz pomiarów MST doprowadziła do wytypowania kilku układów, które stanowią podstawę dwóch zgłoszeń patentowych.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Uzyskane wyniki znalazły się (bądź znajdą się) w publikacjach naukowych. Wytypowane związki mogą być punktem wyjścia dla leków przeciw SARS-COV-2 (zgłoszenia patentowe P.435261 i P.436491).

Publikacje:

5915, 5946, 5966, 5976, 5980, 5981, 5989, 6026, 6061, 6069, 6083, 6094

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 w ramach współpracy z Narodowym Instytutem Leków.
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 konsorcyjnego projektu „Charakterystyka klonów *Streptococcus pyogenes* opornych na makrolidy”.
3. Sekwencjonowanie genomowe III generacji z wykorzystaniem odczytów o bardzo dużej długości w celu ustalenia kompletnej sekwencji chromosomu XII u drożdży.
4. Analiza sekwencji genomów alg z rodzaju *Prototheca sp.* w celu zidentyfikowania potencjalnych genów wirulencji.
5. Sekwencjonowanie i analiza genomów mitochondrialnych psów (*Canis lupus familiaris*) w celu identyfikacji mutacji odpowiedzialnych za procesy nowotworowe w ramach współpracy z Uniwersytetem Przyrodniczym w Lublinie.
6. Metagenomiczna analiza heterotroficznej mikrobiocenozy anartarktycznych porostów w celu określenia bioróżnorodności zbiorowisk porostowych w rejonach polarnych.

Opis realizowanych prac:

Wdrożono procedurę sekwencjonowania w oparciu o protokół firmy 10x Genomics co pozwoliło na uzyskanie sekwencji genomów alg z rodzaju *Prototheca sp.* o wysokiej jakości.

We współpracy z Instytutem Genetyki i Biotechnologii UW kontynuowano prace nad uzyskaniem bardzo długich (ultra-long >1Mb) odczytów z wykorzystaniem technologii Oxford Nanopore co pozwoli po raz pierwszy na ustalenie konsensusu sekwencji repetytywnych macierzy rDNA chromosomu XII u drożdży.

Kontynuowano prace nad sekwencjonowaniem i analizą genomów bakterii *Streptococcus pyogenes*. W ramach prowadzonych prac określano typ sekwencyjny badanych izolatów, identyfikowano geny oporności na antybiotyki, a także poszukiwano geny odpowiedzialne za wirulencję.

Z wykorzystaniem aparatu MiSeq firmy Illumina, wykonano sekwencjonowania: DNA totalnego z 6 szczepów bakterii z rodzaju *Streptococcus pneumoniae*; DNA totalnego 193 szczepów bakterii z rodzaju *Streptococcus pyogenes*; 36 genomów mitochondrialnych z DNA leukocytów psów, 79 próbek środowiskowych pochodzących z porostów występujących w Antarktyce, a także 12 genomów alg z rodzaju *Prototheca 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. W przypadku

genomów alg uzyskano min. 1 miliard par zasad na próbkę. Genomy mitochondrialne psów sekwencjonowano otrzymując min. 100-krotne pokrycie genomu czyli min. 20 milionów par zasad na badaną próbkę. Łącznie uzyskano ponad 100 miliardów par zasad. Pozwoliło to na złożenie pełnych genomów jak również obecnych w komórkach plazmidów.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Uzyskanie kompletnych sekwencji genomów mitochondrialnych psów a także identyfikacja mutacji odpowiedzialnych za transformację nowotworową.

Optymalizacja metodyki izolacji genomowego DNA oraz sekwencjonowania III generacji z wykorzystaniem technologii Oxford Nanopore w celu uzyskania bardzo długich odczytów (ultra-long >1Mb).

Otrzymanie wysokiej jakości sekwencji i złożenia genomów alg z rodzaju *Prototheca sp.* Uzyskane wyniki pozwolą na ustalenie kompletnych map fizycznych genomów organelli, a także wytypowanie markerów w jądrowym DNA do identyfikacji genetycznej.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Identyfikacja mutacji w mitochondrialnym DNA psów odpowiedzialnych za transformację nowotworową przyczynie się do opracowania nowych strategii leczenia nowotworów u tych zwierząt.

Uzyskanie kompletnej sekwencji chromosomu XII u drożdży umożliwi wyjaśnienie mechanizmów regulujących wielkość i strukturę macierzy rDNA w genomie tego organizmu.

Metagenomiczna analiza heterotroficznej mikrobiocenozy antarktycznych porostów pozwoli na określenie bioróżnorodności zbiorowisk porostowych, które są ekologicznie ważnym organizmem w rejonach polarnych.

Publikacje:

5927, 5929, 5975, 5997, 6008, 6028, 6055, 6060, 6082, 4781/A, 4782/A, 4786/A

Temat nr 67: Metabolizm siarki w roślinach.

Zespół: prof. dr hab. Agnieszka Sirko, dr Jerzy Brzywczy, dr Marzena Sieńko, dr Anna Wawrzyńska, dr Marcin Olszak, doktoranci: mgr Anna Niemiro, mgr Justyna Piotrowska

Cel badania:

Kontynuacja badań nad znaczeniem procesów selektywnej degradacji białek na drodze autofagii lub proteasomalnej w odpowiedzi roślin na niedobory związków odżywczych. Określenie roli O-acetyloseryny w sygnalizacji niedoboru siarki w roślinach.

Opis realizowanych prac:

Przeprowadziliśmy analizę transkryptomiczną korzeni i pędów linii *Arabidopsis* z delecją receptora selektywnej autofagii, NBR1 (NBR1-KO). W korzeniach roślin NBR1-KO zauważyliśmy zwiększoną ekspresję genów związanych z sygnalizacją cytokinin. Dalsza analiza promotorów tych genów wykazała, że większość z nich jest regulowana przez czynniki ABF3 i ATHB6, co sugerowało że w roślinach nie posiadających ekspresji NBR1 czynniki te nie są degradowane. Udało nam się wykazać, że oba czynniki oddziałują z białkiem NBR1, aczkolwiek nie wiemy jeszcze czy oddziaływanie to jest potrzebne do degradacji ABF3 i ATHB6. Przeanalizowaliśmy również zawartość fitohormonów w liściach i korzeniach roślin z nadekspresją lub delecją NBR1. W analizowanych liniach zaobserwowaliśmy liczne zmiany w profilu cytokinin. Wyraźny fenotyp skrócenia korzeni siewek obu linii hodowanych w obecności egzogennej cytokininy wskazuje na powiązania NBR1 z sygnalizacją tych fitohormonów.

Sklonowaliśmy promotory wybranych genów tzw. „clusteru OAS”, które zostaną następnie użyte przez partnera niemieckiego do poszukiwania wiążących się czynników transkrypcyjnych w drożdżowym systemie jedno-hybrydowym. Równocześnie promotory te sklonowaliśmy do wektorów binarnych umożliwiających ekspresję genów reporterowych (GUS i GFP) w roślinach. Konstrukty te zostały wprowadzone do roślin *Arabidopsis*. Trwają prace nad stabilizacją linii mutantów *lsu1*, *lsu2*, *lsu3*, *lsu4* oraz *lsu2&4*, krzyżowaniem mutantów i uzyskaniem linii wielokrotnych mutantów delecyjnych tych genów.

Zauważyliśmy nadwrażliwość na glukozę stworzonej przez nas linii *Arabidopsis* z delecją kluczowego dla deficytu siarki czynnika transkrypcyjnego, SLIM. Obecnie analizujemy związki metabolizmu siarkowego z metabolizmem węglowym/sygnalizacją glukozową.

Skonstruowaliśmy 6 transgeniczných linii *Arabidopsis* z ekspresją E3 ligaz ubikwitynowych, których geny są specyficznie regulowane przez niedobór siarki. Naszym celem jest znalezienie białek docelowych tych ligaz; prace nad ustawieniem metodyki z użyciem analizy mass-spec trwają.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Zaobserwowaliśmy możliwości modulacji roślinnego szlaku sygnalizacyjnego cytokinin oraz kwasu abscysynowego przez NBR1. Uzyskanie mutantów delecyjnych jedno- lub wielokrotnych dla niektórych *LSU*. Zaobserwowaliśmy zaangażowanie białka SLIM1 w ko-regulację metabolizmu siarkowego i węglowego.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Wyniki zostały opisane w 5 artykułach naukowych.

Publikacje:

5961, 5972, 5996, 6061, 6067

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 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. Prowadzono też badania nad rolą egzorybonukleazy Pet127 w metabolizmie RNA w mitochondriach *C. albicans*.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Wykazano, że białko Pet127 ma aktywność procesywnej egzorybonukleazy 5'-3' zlokalizowaną w domenie PD-(D/E)XK białka. Brak tej egzorybonukleazy nie powoduje dysfunkcji oddechowej, jednak na poziomie molekularnym objawia się akumulacją RNA intronowych i zaburzeniami dojrzewania transkryptów mitochondrialnych. Zakończono analizy fenotypu molekularnego i fizjologicznego mutantów mtEXO u *C. albicans*, wykazujące

kluczową rolę tego kompleksu w kształtowaniu transkryptomu mitochondriów i złożono manuskrypt publikacji.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Wyniki dotyczące analizy wiązania białka Dmr1 z RNA małej podjednostki mitorybosomu zostały opublikowane w czasopiśmie *RNA*. Manuskrypt dotyczący roli mtEXO w kształtowaniu transkryptomu mitochondriów *C. albicans* został złożony do recenzji (obecnie wprowadzane są poprawki po pierwszych recenzjach).

Publikacje:

6050

Temat nr 69: Metabolizm RNA u Eucaryota.

Zespół: dr hab. Roman Szczęsny, dr Damian Graczyk, dr hab. Rafał Tomecki, dr Jolanta Czerwińska, dr Marta Jedynak, dr Talimur Reza, dr Agnieszka Tudek, doktoranci: mgr Kamila Affek, mgr Joanna Grochowska, mgr Agata Jabczyńska, mgr Aneta Jurkiewicz, mgr Kamil Kobyłecki, mgr Hitha Gopalan Nair, mgr Neuton Gorjão, mgr Karolina Wróbel

Cel badania:

Podstawowym celem badań prowadzonych w ramach tematu jest zrozumienie mechanizmów transkrypcyjnej i posttranskrypcyjnej regulacji ekspresji genów u *Eukaryota*, w tym udziału tych mechanizmów w odpowiedzi na patogeny lub stany patologiczne.

Opis realizowanych prac:

Analiza mechanizmu aktywacji kompleksu egzozomu przez kompleks SKI w cytoplazmie

Przeprowadziliśmy serię eksperymentów mających na celu określenie struktury przestrzennej kompleksu SKI. Oczyszcziliśmy kompleks i przeprowadziliśmy jego analizę z użyciem kriogenicznej mikroskopii elektronowej. Opracowaliśmy również metody otrzymywania superkompleksów zawierających kompleks SKI, których badania strukturalne w przyszłości powinny przyczynić się do wyjaśnienia mechanizmów współpracy między SKI oraz innymi maszynieriami białkowymi uczestniczącymi w regulacji metabolizmu mRNA w cytoplazmie. Przeprowadziliśmy szereg eksperymentów mających na celu ustalenie roli poszczególnych domen podjednostek SKI w formowaniu tego kompleksu. Znacząca część przeprowadzonych doświadczeń biochemicznych była poświęcona identyfikacji nowych czynników, z którymi mogą oddziaływać podjednostki kompleksu SKI. Potencjalne oddziaływania zostały już częściowo potwierdzone.

Strukturalne i biochemiczne determinanty specyficzności substratowej białek modyfikujących RNA

Zakończyliśmy cykl badań nad strukturą przestrzenną i aktywnością biochemiczną nukleotydylotransferazy CutA. We współpracy z dr. hab. Marcinem Nowotnym poznaliśmy strukturę badanego białka wykorzystując krystalografię rentgenowską. Badania strukturalne oraz szczegółowe badania biochemiczne pozwoliły nam zaproponować m.in. dlaczego CutA ma wysoką specyficzność w stosunku do CTP, ale także zrozumieliśmy cechy enzymu, które powodują, że CutA nie wykorzystuje jako substratu GTP.

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. Przeprowadziliśmy badania, które wykazały rolę ludzkiej mitochondrialnej oligorybonukleazy REXO2 w usuwaniu produktów ubocznych obróbki prekursorowego RNA mitochondrialnego oraz produktów końcowych

aktywności degradosomu mitochondrialnego. Wykazaliśmy, że usuwanie krótkich RNA przez REXO2 jest niezbędne do utrzymania prawidłowego poziomu dwuniciowego RNA mitochondrialnego. Kontynuowano prace nad rolą innych nowo zidentyfikowanych czynników, których aktywność jest niezbędna w kontroli mitochondrialnego dsRNA. Przeprowadzono również serię badań nad białkiem metabolizmu podstawowego, w przypadku którego przypuszczamy, że jest zaangażowane w metabolizm RNA w mitochondriach człowieka.

Regulacja aktywności RNA polimerazy III u ssaków oraz znaczenie zaburzeń tego procesu w stanach patologicznych człowieka

Wykonane zostały badania mające na celu sprawdzenie roli występowania wielu kopii genów tRNA oraz wzajemnej ich regulacji. Przeprowadzone eksperymenty, w których usunięto kilka kopii jednego izoakceptorowego tRNA, pozwoliły określić, że regulacja indywidualnych tRNA nie jest ze sobą skorelowana. Stosując podobną metodologię, sprawdzono jak terminatory w genach tRNA wpływają na poziom ich ekspresji. Dodatkowo, przeprowadzono badania, w których sprawdzono rolę białka MAF1, w regulacji RNA polimerazy III w makrofagach stymulowanych liposacharydami. Wykazano, że białko to pełni kluczową rolę w regulacji RNA polimerazy III w tych warunkach, i że zaburzenie tej regulacji wpływa na odpowiedź prozapalną makrofagów. Kontynuowano także prace nad rolą białka POLR1D, podjednostki RNA polimerazy III, w rozwoju raka jelita grubego.

Opis najważniejszych osiągnięć:

1. Wykazanie roli REXO2 w kontroli krótkich RNA mitochondrialnych i utrzymaniu prawidłowego poziomu mitochondrialnego dwuniciowego RNA (publikacja Szewczyk i wsp. Nucleic Acids Research).
2. Identyfikacja podłoża molekularnego specyficzności substratowej nukleotydylotransferazy CutA (publikacja Malik i wsp. Nucleic Acids Research).
3. Określenie roli białka MAF1 w regulacji RNA polimerazy III w makrofagach oraz jego wpływu na fizjologię tych komórek (Jurkiewicz i wsp. Praca wysłana do recenzji).

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Wyniki badań zostaną wykorzystane w publikacjach naukowych.

Publikacje:

5923, 5998, 5993, 6069

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

Zespół: prof. dr hab. Matthias Bochtler, mgr. Igor Helbrecht, mgr. Michał Pastor

Cel badania:

Modyfikacje DNA pełnią bardzo różne funkcje w organizmach prokariotycznych i eukariotycznych, ale związane z nimi procesy biochemiczne są ewolucyjnie zachowane. Celem naszych badań jest odkrycie i scharakteryzowanie białek, które mogłyby znaleźć zastosowanie w inżynierii genomowej i/lub epigenomowej oraz zastosowanie tych enzymów do wyjaśnienia mechanizmów epigenetycznych zachodzących w organizmach eukariotycznych.

Opis realizowanych prac:

Nowe techniki oparte o systemy CRISPR

Scharakteryzowaliśmy enzymy i systemy CRISPR, ukierunkowane na cząsteczki RNA (Cas13, Csm). Zweryfikowaliśmy możliwość zastosowania tych systemów do wyciszania RNA o zdefiniowanej sekwencji u danio przegowanego (jako organizmu modelowego, w którym

techniki oparte na interferencji RNA są mało skuteczne). Jesteśmy w trakcie testowania możliwości zastosowania protokołów opartych o system SHERLOCK CRISPR do wykrywania obecności wirusa COVID-19 metodą przepływu bocznego.

Nowe enzymy zależne od modyfikacji DNA

Wiele endonukleaz restrykcyjnych zależnych od modyfikacji wykorzystuje domeny SRA do swego wiązania modyfikowanego DNA. Domeny SRA należą do nadrodziny PUA, która poza nimi obejmuje domeny znane, jako wiążące RNA. Odkryliśmy naturalnie występujące białka zbudowane z domen PUA (ale nie SRA) oraz domen nukleazowych. Wykazaliśmy, że białka te są zależne od modyfikacji i jedno z nich scharakteryzowaliśmy strukturalnie i biochemicznie.

Rozkład procesów epigenetycznych w czasie

Czas wprowadzania i usuwania modyfikacji DNA cieszy się ostatnio sporym zainteresowaniem. Chcemy określić moment wprowadzania metylacji z wysoką rozdzielczością czasową, dzięki zastosowaniu techniki pulse-chase (znakowania z użyciem BrdU lub EdU a następnie wykrywania znaczników). Naszym głównym narzędziem będzie sekwencjonowanie metodą Nanopore. Jesteśmy w trakcie opracowywania oprogramowania, które będzie jednocześnie wykrywało w sekwencji DNA modyfikacje oraz znaczniki, co powinno umożliwić precyzyjne określenie momentu wprowadzania modyfikacji.

Badania epigenomu owadów

W przypadku niektórych owadów (pszczoł, os lub mrówek), ten sam genom prowadzi do powstawania organizmów o bardzo różnych funkcjach i sposobach życia (np. królowych i robotnic). Ten dymorfizm rozwojowy jest zwykle wiązany z eusocjalnością tych owadów. Chcemy wyjaśnić, w jaki sposób epigenom definiuje rozwój owadów i kontroluje ich funkcje społeczne. W tym celu porównujemy genomy organizmów zdolnych i niezdolnych do rozmnażania (królowych i robotnic). Obiektem naszych badań są głównie pszczoły miodne, w przypadku których koncentrujemy się obecnie na grupie rebeliantek. Dodatkowo prowadzimy badania os, u których eusocjalność pojawiła się prawdopodobnie niezależnie od pszczoł.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Odkryliśmy i scharakteryzowaliśmy nowe rodziny endonukleaz zależnych od modyfikacji zbudowanych z domen PUA oraz domen HNH (Pastor i wsp., w *druku*). Opracowaliśmy nową metodę wyłączania RNA z użyciem systemów CRISPR i wykazaliśmy jej skuteczność do wyciszania matczynego i zygotycznego RNA w danio pręgowanym (Fricke i wsp., 2020).

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Część z naszych badań jest prowadzona we współpracy z firmą New England Biolabs (USA). Celem firmy jest wykazanie, że produkowane przez nią enzymy, a wśród nich te, które wspólnie charakteryzujemy, mogą znaleźć zastosowanie w inżynierii genetycznej i badaniach epigenetycznych/epigenomowych (Lutz i wsp., 2020, Kisiala i wsp., 2020, Pastor i wsp., w *druku*).

Publikacje:

6057, 3066, 6075, 6077, 6098

Temat nr 71: Stres środowiskowy jako źródło niestabilności genetycznej.

Zespół: dr hab. Adrianna Skoneczna, profesor instytutu, dr Kamil Król (do marca), mgr Justyna Antoniuk-Majchrzak, mgr Anna Długajczyk, mgr Tuguldur Enkhbaatar (od marca)

Cel badania:

1. W komórkach *Saccharomyces cerevisiae* defektem transportu pęcherzykowego często towarzyszą fenotypy niestabilności genetycznej, włączając w to również zmiany zawartości DNA. Celem badań jest poznanie mechanizmów molekularnych prowadzących do aneuploidii w komórkach drożdży pozbawionych sprawnego transportu pęcherzykowego.
2. Badanie regulacji potranslacyjnej drożdżowej rekombinazy Rad51.

Opis realizowanych prac:

Ad.1. W szczepach drożdży, w których defekt transportu wewnątrzkomórkowego wiąże się z anomaliami zawartości DNA oraz podwyższoną częstością uszkodzeń DNA i rejonów jednoniciowych (mierzonych częstością rekrutacji do DNA białek Rad52 i Rfa1) przeanalizowano zmiany poziomu wybranych białek biorących udział w naprawie pęknięć DNA oraz modyfikacje potranslacyjne tych białek obserwowane zwykle w warunkach stresu genotoksycznego. Wykryto zmiany ruchliwości białek Cdc13, Rfa1 oraz Rad51 podczas elektroforezy, które wiążemy ze stanem ich fosforylacji. Ponieważ fosforylacja analizowanych białek wpływa na ich trwałość, lokalizację komórkową, zdolność do tworzenia kompleksów czy aktywność enzymatyczną, a w efekcie kontroluje ich funkcje molekularne, sądzimy, że w szczepach z pozbawionych funkcjonalnego transportu pęcherzykowego dochodzi do anomalii w przebiegu rekombinacji homologicznej oraz do zmian długości rejonów telomerycznych. Zbadanie długości telomerów w szczepach *rvs161Δ/rvs161Δ*, *rvs167Δ/rvs167Δ*, *sys1Δ/sys1Δ* i *ypt6Δ/ypt6Δ* oraz analiza obecności struktur DNA typowych dla rekombinacji pozwoli na weryfikację tej hipotezy.

Ad.2. Analizowano zmiany czasu półtrwania Rad51 w warunkach kontrolnych i podczas stresu genotoksycznego, a także poziom podstawowy Rad51 w szczepach pozbawionych aktywności proteasomalnej lub aktywności ligaz ubikwitynowych. Stwierdzono akumulację Rad51 w szczepach z mutacją proteasomalną oraz w szczepach pozbawionych określonych enzymów E2 i E3. Analiza form Rad51 wykrywanych metodą hybrydyzacji typu Western po oczyszczeniu na złożu Ni^{2+} -NTA białek modyfikowanych ubikwityną wyznakowaną metką histydynową pozwoliło na wykrycie, że Rad51 ulega poliubikwitynacji.

Opis najważniejszych osiągnięć:

1. Wykazanie, że fosforylacja białek Cdc13, Rad51 i Rfa1, warunkująca ich funkcje molekularne podczas naprawy uszkodzeń DNA w rejonach telomerycznych, jest zmieniona w szczepach pozbawionych genów *RVS161*, *RVS167*, *SYS1* i *YPT6*.
2. Wykazanie, że trwałość rekombinazy Rad51 regulowana jest na drodze ubikwityno-zależnej proteolizy i zmienia się w warunkach stresu genotoksycznego.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

1. Odkrycie, że niesprawny system transportu pęcherzykowego wpływa na sprawność systemów naprawy DNA tak w warunkach kontrolnych, jak i w warunkach stresu genotoksycznego i prowadzi do aneuploidyzacji genomu w komórkach *S. cerevisiae*, sugeruje podobne fenotypy w komórkach człowieka niosących mutacje w ludzkich ortologach analizowanych przez nas genów. Tym samym, mutacje w genach kodujących białka transportu pęcherzykowego mogą w komórkach ludzkich działać pro-onkogenicznie.
2. Ponieważ komórkowy poziom rekombinazy Rad51 decyduje o trybie procesowania pęknięć DNA podczas naprawy na drodze rekombinacji homologicznej (nadmiar Rad51

proceeds to recombination (non-recombinant)), the knowledge of regulation mechanisms of this protein and its activity will allow for the prediction of the way of DNA repair and the possibility of its regulation. Similar mechanisms act in human cells regulating functions and orthologous proteins RAD51 and BRCA1, whose regulation translates into specific diseases, in particular into breast cancer. Results obtained during the conducted research are the basis for preparing publications.

Publikacje:

5976

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

Zespół: dr hab. Marek Skoneczny, dr Anna Chelstowska, mgr Zuzanna Frydzińska

Cel badania:

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

Opis realizowanych prac:

Ad 1. Jak wcześniej ustaliliśmy, Hsp31p jest zlokalizowane w periplazmie, a wobec braku motywu kierującego do sekrecji drogą klasyczną (ER/Aparat Golgi'ego/błona plazmatyczna) postulujemy, że jego sekrecja odbywa się drogą niekonwencjonalną. Niekonwencjonalne ścieżki sekrecji są słabo poznane, a ostatnio skupiły wiele uwagi, gdyż ujawniły się ich powiązania z chorobami neurodegeneracyjnymi i nowotworowymi. Wobec tego nasze badania na modelu drożdżowym zyskują dodatkowy walor praktyczny. W minionym roku poszukiwaliśmy reszt aminokwasowych w polipeptydzie Hsp31p istotnych dla sekrecji tego białka do periplazmy. Ustaliliśmy, że podstawienia aminokwasowe Ser209→Pro i Phe17→Ser blokują sekrecję tego białka. Brak końcowych 8 aminokwasów polipeptydu ma podobny skutek. Towarzyszy temu zwiększona wrażliwość komórek drożdży na toksyczny metyloglioksal, który jest substratem dla aktywności enzymatycznej Hsp31p. Nasze wyniki wskazują ponadto, że niewydzielane warianty Hsp31p podlegają szybkiej degradacji w komórce.

Ad 2. Analizowaliśmy wpływ podstawień aminokwasowych w polipeptydzie oksydazy acylo-CoA (AOx) na jej oddziaływanie z receptorem Pex5p i na jej import do peroksysomów. Wykonaliśmy modelowanie struktury AOx i określiliśmy rozmieszczenie reszt aminokwasowych istotnych dla oddziaływania i importu AOx. Okazało się, że choć rozrzucone w różnych rejonach polipeptydu reszty te tworzą domenę na powierzchni sfałdowanego białka, co wskazuje, że sygnał PTS3 jest typu „signal patch”.

Ad 3. Ten poboczny wątek badawczy został podjęty w zastępstwie poprzednio zaplanowanych, gdyż w przeciwieństwie do nich, nie wymagał pracy eksperymentalnej (ta była wykonana wcześniej) i mógł być zrealizowany mimo ograniczeń wynikających z pandemii COVID-19. W ramach większego projektu mikroewolucyjnego analizowaliśmy zmiany zachodzące w transkryptomie komórek hodowanych w sposób ciągły w stabilnych warunkach. Zaobserwowaliśmy, że oprócz zmian wynikających z pojawiających się w populacjach komórek zmutowanych alleli różnych genów wiele zmian poziomów ekspresji było niezależnych od mutacji. Zjawisko to poddano analizie *in silico*.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Ad 1. Sekrecja Hsp31p jest procesem specyficznym, a jego prawidłowa lokalizacja jest ważna dla życia komórki drożdży. Uzyskany wynik poszerza naszą wiedzę na temat niekonwencjonalnej sekrecji Hsp31p i pomoże w ustaleniu warunków do przeprowadzenia planowanego eksperymentu wielkoskalowego poszukiwania białek uczestniczących w niekonwencjonalnej sekrecji.

Ad 2. Sygnał PTS3 kierujący AOx do peroksysomów jest typu „signal patch”, czyli złożony z aminokwasów rozmieszczonych w różnych miejscach łańcucha polipeptydowego, ale leżących w pobliżu na powierzchni natywnie sfałdowanego białka.

Ad 3. W komórkach drożdży hodowanych przez wiele generacji w stabilnych warunkach hodowli ciągłej dochodzi do powolnej zmiany poziomów ekspresji wielu genów, czemu nie towarzyszą zmiany w genomie. Zmiany te odzwierciedlają adaptację komórek do stabilnego, nie stresowego środowiska i prawdopodobnie są zakodowane epigenetycznie.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

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

Publikacje:

5976, 6099

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

Zespół: dr hab. Robert J. Bialik, profesor instytutu, dr Jakub Grzesiak, dr Małgorzata Korczak-Asbshire, dr Joanna Plenzler, mgr Katarzyna Tołkacz, mgr Michał Dziembowski, lic. Katarzyna Fudala

Cel badania:

Celem badań była ocena fluktuacji abiotycznych składowych środowiska wywołanych zmianami klimatycznymi w regionie Antarktyki Zachodniej i ich wpływ na destabilizację struktury i funkcjonowanie zarówno lądowych, jak i morskich zespołów roślinnych oraz zwierzęcych. Ponadto podjęto się próby przeniesienia aparatu genetycznego związanego z produkcją PHA do *Escherichia coli* oraz konstrukcji mutantów delecyjnych w genie syntazy PHA szczepów psychrofilnych.

Opis realizowanych prac:

Dokonano analizy przeżywalności transformantów szczepów psychrofilnych oraz ich nietransformowanych odpowiedników po poddaniu ich działaniu czynników fizykochemicznych o różnym natężeniu (UV, pH, Temp., etc.). Ponadto wykonana została obróbka i analiza fizjologiczna, genetyczna i mikroskopowa bakterii wyizolowanych z 6 gatunków porostów antarktycznych. Prowadzono obserwacje fauny Wyspy Króla Jerzego z wykorzystaniem bezzałogowych statków powietrznych. Przygotowano mapy rejonu Patelnia na zachodnim brzegu Zatoki Admiralicji oraz opracowano serię zdjęć pozyskanych z 22 nalotów UAV w okresie występowania haremów południowych słoń morskich. Poddano analizie dane z monitoringów prowadzonych na Polskiej Stacji Antarktycznej im. H. Arctowskiego.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Pokazano statystycznie istotne różnice w wielkości osobników mirung południowych w poszczególnych haremach występujących w rejonie Półwyspu Patelnia. Ponadto,

na podstawie wskaźników geoakumulacji zaobserwowaliśmy podwyższone stężenie Pb w jeziorze w pobliżu obiektów Stacji Arctowskiego oraz Cd w rejonie Lodowca Ekologii. Biorąc pod uwagę zmiany klimatyczne i nasilenie antropopresji, nasze badanie wskazuje, że Antarktyka wymaga szczególnego skupienia się na sezonowej dynamice zawartości minerałów i ocenie zanieczyszczeń w ciekach występujących w pobliżu stacji badawczych.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Uzyskano wgląd w rolę polihydrokys kwasów w adaptacji zimnolubnych bakterii do zmiennych warunków polarnych, jak również w zmienność mikrobiomu porostów antarktycznych w zależności od siedliska i wieku plechy oraz uzyskanie unikalnych szczepów bakterii o potencjale biotechnologicznym.

Publikacje:

5920, 5929, 5943, 5950, 5983, 6007, 6028, 6074, 6078, 6086, 4781/A, 4782/A, 4802/A

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

Zespół: dr hab. Tomasz Sarnowski, profesor instytutu, dr Szymon Kubala, dr Anna Maassen, doktoranci: mgr inż. Paweł Ćwiek, mgr inż. Paulina Oksińska, mgr inż. Jarosław Steciuk, mgr inż. Magdalena Zaborowska, mgr Magdalena Wilga, , mgr inż. Jakub Szurmak, mgr Robert Bińkowski, magistranci: Joanna Kosior, Emilia Staszór, Weronika Gajewska, stypendysta: Jakkapong Kluebsoongnoen (do października 2020)

Cel badania:

Głównym celem badań w 2020 roku była identyfikacja wpływu zaburzeń w funkcjonowaniu kompleksów SWI/SNF na przebieg istotnych procesów regulacyjnych u Eukariota a także określenie związku pomiędzy uszkodzeniem kompleksu SWI/SNF a różnymi nowotworami- m.in. jasnokomórkowym rakiem nerki i zaawansowanym rakiem pęcherza moczowego. Nadrzędnym celem realizowanej działalności badawczej było wykorzystanie technik dostępnych w laboratorium do opracowania czynnika przeciwko wirusowi SARS-CoV-2 opartego o naoprzeciwciała i bakteriofaga M13.

Opis realizowanych prac:

W prowadzonych badaniach wykorzystane zostały najnowocześniejsze techniki i metody biologii molekularnej takie jak: sekwencjonowanie nowej generacji (RNA-seq, ChIP-seq), identyfikacja składu białkowego i modyfikacji białek za pomocą spektrometrii mas, elektroforeza 2D a także zaawansowane techniki metabolomiczne, fenotypowanie, analizy fizjologiczne itp. W badaniach wykorzystane zostały rośliny *Arabidopsis*, ludzkie linie komórkowe oraz krewetka – trzy wartościowe układy modelowe. Określony został wpływ utraty/uszkodzenia kompleksów SWI/SNF na istotne procesy regulacyjne a także oceniony został skutek utraty funkcjonalności kompleksów SWI/SNF w wybranych typach nowotworów.

W badaniach dotyczących opracowania neutralizatora SARS-CoV-2 wykorzystano najnowocześniejsze techniki takie jak produkcja fragmentów DNA kodujących białko wirusa bez wykorzystania matrycy, nadekspresja białek w różnych systemach, oczyszczanie białek, technika Phage Display, ELISA a także inne techniki mające na celu określenie specyficzności nanoprzeciwciał skierowanych przeciwko białku koronawirusa SARS-CoV-2.

Opis najważniejszych osiągnięć:

1. Zidentyfikowano nanoprzeciwciało rozpoznające białko koronawirusa SARS-CoV-2.

2. Rozwinięto platformę umożliwiającą identyfikację nanoprzeciwciał skierowanych przeciwko różnym patogenom.
3. Ustalono wpływ zaburzenia funkcji kompleksu SWI/SNF na rozwój zaawansowanego raka pęcherza.
4. Wykazano istotną rolę kompleksów SWI/SNF w jasnokomórkowym raku nerki i oceniono efekt ich zaburzeń w tym typie nowotworu.
5. Określono rolę kompleksów SWI/SNF w odpowiedzi Arabidopsis na stres chłodu.
6. Oceniono rolę kompleksów SWI/SNF w wyborze alternatywnego miejsca startu transkrypcji u Arabidopsis.
7. Ustalono istotną rolę kompleksów SWI/SNF w sygnalizacji za pomocą hormonów u krewetki.
8. Zebrano dostępne dane na temat kardiotoxyczności w leczeniu nowotworów.
9. Podsumowano funkcje białek z rodziny ALKB u Arabidopsis i człowieka.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Uzyskane wyniki ujęte zostały w doniesieniach na międzynarodowej konferencji naukowej w formie wykładów i plakatów a także prezentowane podczas Kongresu „Zdrowie Polaków”. Wyniki uzyskane podczas realizacji zaplanowanych doświadczeń posłużyły do konstrukcji publikacji naukowych, które zostały opublikowane w międzynarodowych czasopismach naukowych a także zostały wykorzystane do konstrukcji nowych projektów badawczych.

Publikacje:

5921, 5985, 5986, 5987, 5988, 6035, 4788/A, 4790/A, 4791/A, 4792/A, 4793/A, 4795/A, 4796/A, 4797/A, 4798/A, 296/M

Temat nr 76: Molekularne mechanizmy regulacji czasu spoczynkowego nasion.

Zespół: dr hab. Szymon Świeżewski, profesor instytutu, dr Ruslan Yatusevich, dr Lien Brzeźniak, dr Sebastian Sacharowski, dr Michał Krzysztos, dr Julia Zinsmeister, dr Krzysztof Kokoszka, dr Ewa Krzywińska, doktoranci: mgr Grzegorz Brzyżek, mgr Ce Wang, mgr Ferran Sanchez, mgr Aleksandra Kmera, mgr Miguel Coelho, magistranci: Katarzyna Jędrzejewska, Emilia Cepowska, Katarzyna Muter

Cel badania:

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

Spoczynek nasion to ważna cecha wielu nasion umożliwiającą im niekiełkowanie pomimo sprzyjających warunków zewnętrznych. Umożliwia to nasionom przeczekać krótkotrwałych okresów sprzyjającej pogody w oczekiwaniu na właściwy moment kiełkowania.

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

Opis realizowanych prac:

W ujętym sprawozdaniem okresie nawiązaliśmy współpracę z ośrodkiem NARO w Japonii z którym wspólnie prowadzimy badania nad rolą antysensu *1GOD* w kontroli spoczynku u zbóż. Kontynuowaliśmy też badania nad nowym niekodującym antysensownym transkrypcyjnym z genu *DOG1* który w przeciwieństwie do *1GOD* pozytywnie reguluje ekspresję genu *DOG1*. Nasze prace dotyczyły też analizy roli antysensownych transkryptów w kontroli alternatywnego

splicingu. Zaczęliśmy też badania dotyczące analizy zmienności spoczynku nasion wśród odmian *Arabidopsis thaliana*.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Za najważniejsze osiągnięcie z tego okresu uważam odkrycie przez nas morfologicznych markerów predyspozycji do ustanawiania spoczynku nasion *Arabidopsis thaliana*. To fascynujące i zaskakujące odkrycie pokazujące, że nasiona wyprodukowane z jednego rodzica i genetycznie identyczne wykazują zmienność fenotypu, która powiązana jest z siłą spoczynku ma duży potencjał nie tylko naukowy ale i aplikacyjny.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Uzyskane prze nas wyniki zostały w omawianym okresie wykorzystane skutecznego zaaplikowania i uzyskania dodatkowych środków na badania z Fundacji na Rzecz Nauki Polskiej, są także przedmiotem przygotowywanej do wysłania publikacji naukowej.

Publikacje:

brak

Temat nr 77: Mechanizmy powstawania i naprawy uszkodzeń DNA

Zespół: dr hab. Elżbieta Speina, dr hab. Agnieszka M. Maciejewska, mgr Małgorzata Dylewska, mgr Izabela R. Dąbrowska

Cel badania:

1. Określenie roli systemów naprawy uszkodzeń oksydacyjnych DNA w nabywaniu oporności na terapię fotodynamiczną (PDT).
2. Badanie nowych klas związków małowcząsteczkowych jako potencjalnych leków w chemioterapii.
3. Poszukiwanie substratów dehydrogenazy AidB.
4. Charakterystyka funkcji eukariotycznego homologa dioksygenazy AlkB – ABH2.
5. Określenie zależności hydrofobowości pochodnych benzotriazolu od pH.

Opis realizowanych prac:

Ad. 1. Wyizolowano komórki odporne na PDT z ludzkich komórek raka szyjki macicy SKG-IIIa i przeprowadzono badania biochemiczne. Oceniono poziom ekspresji genów zaangażowanych w BER, m. in. APE1 i PARP1, wydajność BER poprzez badanie aktywności enzymów zaangażowanych we wszystkie główne etapy BER, podjęto próbę uwrażliwienia opornych komórek SKG-IIIaR na PDT poprzez hamowanie potencjalnych celów. Komórki raka szyjki macicy odporne na PDT wykazały silniejszą ekspresję niektórych białek BER, takich jak APE1 i PARP1 oraz zwiększoną aktywność głównych etapów BER w porównaniu z komórkami wrażliwymi.

Ad. 2. Przeprowadzono 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. Dwa związki wykazały silniejsze działanie niż wyjściowy tadalafil na liniach komórkowych HEK 293T i MCF7.

Ad. 3. Porównano częstość występowania mutacji AT→TA pod wpływem obecności 1,N⁶-etenoadeniny w DNA w szczepach pozbawionych aktywności dehydrogenazy AidB i dioksygenazy AlkB. Poziom mutacji powstających w mutancie pozbawionym aktywności AidB był wyższy niż w mutancie podwójnym. Produktem ubocznym reakcji naprawy etenoadduktów przez AlkB jest działający mutagenie i cytotoksycznie gliksal. Obniżenie

poziomu mutacji w szczepie pozbawionym obu aktywności naprawczych, gdzie glioksal nie jest generowany, wskazuje, że funkcją AidB może być detoksyfikacja glioksalu.

Ad. 4. U mutantów delecyjnych *abh2* linii komórkowej DT40 zaobserwowano akumulację komórek w fazie S/G2 oraz zwiększoną aktywację punktu kontrolnego fazy S w odpowiedzi na działanie MMS. Analiza dynamiki replikacji DNA na poziomie pojedynczej cząsteczki z wykorzystaniem techniki DNA fiber wykazała spowolnienie elongacji widełek replikacyjnych. Dane te wskazują na istotną rolę ABH2 w naprawie uszkodzeń blokujących replikację i przeciwdziałanie stresowi replikacyjnemu wywołanemu działaniem związków alkilujących i wprowadzających wiązania krzyżowe, jak i w naprawie endogennych uszkodzeń DNA.

Ad. 5. Badanie hydrofobowości 1H-Benzotriazolu i 4,5,6,7-Tetrafluoro-1H-Benzotriazolu w zakresie pH od 3 do 10 przeprowadzono przy użyciu RP-HPLC. Uzyskane wyniki pokazują, że wraz ze wzrostem pH związku staje się on mniej polarny. Wyniki tych badań mogą mieć zastosowanie do określenia biodostępności oraz aktywności związków stosowanych jako inhibitory dla kinazy CK2 (we współpracy z mgr A. Stefaniuk i prof. J. Poznańskim).

Opis najważniejszych osiągnięć:

1. Naprawa DNA jest ważnym mechanizmem oporności na PDT w liniach komórkowych raka szyjki macicy. Ponadto inhibitor jednej z głównych kinaz DDR, ATM i inhibitory szlaku BER (APE1 i PARP1) mogą stać się skutecznymi adiuwantami, które zwiększają skuteczność terapii fotodynamicznej wraku szyjki macicy.
2. Dioksygenaza ABH2 bierze udział w naprawie uszkodzeń blokujących replikację.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Uzyskane wyniki wykorzystano w komunikacie konferencyjnym, pracy doktorskiej i magisterskiej oraz będą opisane w publikacjach.

Publikacje:

5980, 5989, 6000, 6027, 1009/N, 4787/A, 1023/N

Temat nr 78: Mechanizmy utrzymywania homeostazy białkowej

Zespół: dr Ulrike Topf, Karolina Gościńska (doktorantka), Ismail Tahmaz (doktorantka), Sidra Kashif (doktorantka; do 15.12.2020), dr Somayeh Shahmoradi Ghahe (PostDoc), Marta Płonka (Specjalista), Sara Domagała (Student; do 31.12.2020)

Cel badania:

Identyfikacja post-transkrypcyjnych mechanizmów odpowiedzialnych za dostosowanie syntezy białek oraz fałdowania białek w odpowiedzi na stresowe warunki środowiska.

Opis realizowanych prac:

1. Rola cytoplazmatycznego rybosomalnego białka eL40 w neutralizacji stresu pochodzenia mitochondrialnego.
Posługując się metodami biochemicznymi oraz wykonując analizy z wykorzystaniem mikroskopii fluorescencyjnej badaliśmy rolę białka eL40 w biogenezie mitochondriów. Odkryliśmy, że białko eL40 jest zaangażowane w utrzymanie prawidłowej morfologii mitochondriów oraz homeostazy białek, gdy mitochondria nie działają poprawnie. Uzyskane wyniki wpasowują się w naszą hipotezę, która zakłada, że białko eL40 jest czujnikiem stresu oksydacyjnego wywołanego przez nefunkcjonalne mitochondria. Uważamy, że białko eL40 może brać udział w mechanizmie sprzężenia zwrotnego wykorzystującego selektywną translację mitochondrialnych białek oraz produkcję enzymów antyoksydacyjnych do przywrócenia homeostazy białek w komórce.

2. Identyfikacja funkcji białka Hef3, paraloga białka eEF3, podczas stresu oksydacyjnego.
Poszukując białek zaangażowanych w ochronę przed stresem oksydacyjnym szukaliśmy takich genów, których delecja powoduje zwiększenie wrażliwości na stres oksydacyjny. Zidentyfikowaliśmy białko Hef3 jako nowe białko związane z rybosomem, którego funkcja jest potrzebna do przetrwania podczas stresu oksydacyjnego. Białko Hef3, o do tej pory nieznanej funkcji, jest jednym z paralogów drożdżowego białka eEF3. Wykazaliśmy, że gen *HEF3* ulega ekspresji podczas stresu oksydacyjnego, a białko Hef3 jest konieczne do selektywnej translacji białek zaangażowanych w ochronę antyoksydacyjną.
3. Funkcja białka opiekuńczego prefoldyny w biogenezie mitochondriów
Z wykorzystaniem mikroskopii fluorescencyjnej zbadaliśmy wpływ pojedynczej delekcji każdej z podjednostek prefoldyny na morfologię mitochondriów w komórkach drożdży. Wykazaliśmy, że niezależne usunięcie dwóch z sześciu podjednostek kompleksu prefoldyny powoduje znaczący defekt morfologii mitochondriów, a przyczyna tego zaburzenia jest dalej badana. Stosując podejście *in silico* stwierdziliśmy, że delekcje badanych podjednostek prefoldyn są syntetycznie letalne z kilkoma innymi genami. Dzięki temu odkryliśmy potencjalne interakcje z genami mitochondrialnymi. Kontynuujemy nasze badania w celu sprawdzenia czy białka kodowane przez owe geny mitochondrialne oddziałują z podjednostkami prefoldyn lub są nowymi substratami kompleksu opiekuńczego prefoldyny.

Opis najważniejszych osiągnięć:

W naszej pracy udało nam się znaleźć powiązanie między czynnikami maszynerii translacyjnej oraz maszynerii zaangażowanej w składanie białek a utrzymaniem homeostazy białek i właściwej funkcji mitochondriów.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Niektóre z opisanych powyżej wyników zostały opublikowane w czasopismach naukowych ([Gościńska](#) et al, 2020; [Gościńska](#) and Topf, 2020). Pozostałe wyniki są przygotowywane do publikacji.

Publikacje:

6102, 6108

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 2020 roku ramach działalności usługowej dla IBB zsyntetyzowano 3 980 oligonukleotydów oraz zsekwencjonowano na aparatach ABI 3730 i ABI 3730 xl 12 046 matryc DNA, co przy średniej długości odczytu 850bp daje 10 239 100 zasad.

Dla 97 zleciodawców spoza IBB zostały zrealizowane zamówienia na zsekwencjonowanie 29 893 matryc i zsyntetyzowano 10 240 oligonukleotydów.

Za pomocą sekwenatorów genomowych Illumina MiSeq oraz NextSeq zsekwencjonowano dla IBB 193 genomy bakteryjne i 79 próbek środowiskowych uzyskując łącznie 64 GB par zasad.

W ramach współpracy z jednostkami spoza Instytutu zsekwencjonowano: 149 genomów bakteryjnych, 8 genomów bakteriofagów, 36 genomów mitochondrialnych psa, 19 genomów alg *Prototheca* sp. oraz 88 próbek środowiskowych otrzymując łącznie około 115GB par zasad.

Za pomocą sekwenatora genomowego GridION zsekwencjonowano dla IBB 27 genomów bakteryjnych, oraz 1 genom drożdży uzyskując łącznie 7GB par zasad.

W ramach współpracy z jednostkami spoza Instytutu zsekwencjonowano: 4 genomy bakterii i 37 plazmidów bakteryjnych otrzymując łącznie około 6,1GB par zasad.

Syntezy oligonukleotydów i sekwencjonowanie matryc wykonano dla następujących zakładów IBB:

		matryce	oligonukleotydy
1.	Zakład Biochemii Drobnoustrojów	2793	927
2.	Zakład Biochemii Lipidów	299	245
3.	Zakład Biochemii Roślin	482	387
4.	Zakład Biologii Antarktyki	275	66
5.	Zakład Biologii Molekularnej	473	368
6.	Zakład Biofizyki	338	240
7.	Zakład Biosyntezy Białka	223	120
8.	Zakład Genetyki	1045	399
9.	Pracownia Biologii RNA i Genomiki Funkcjonalnej	530	187
10.	Pracownia Glikobiologii Grzybów	669	300
11.	Pracownia Mutagenyzy i Reperacji DNA	4625	376
12.	Pracownia Patogenezy Roślin	92	45
13.	Pracownia Sekwencjonowania DNA	100	190
14.	Instytut Genetyki i Biotechnologii UW	102	130

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 Biocybernetyki i Inżynierii Biomedycznej, Warszawa
4	Instytut Chemii Bioorganicznej PAN, Poznań
5	Instytut Chemii Fizycznej, Warszawa
6	Instytut Farmakologii PAN, Kraków
7	Instytut Genetyki Człowieka PAN, Poznań
8	Instytut Genetyki i Hodowli Zwierząt PAN, Jastrzębiec
9	Instytut Genetyki Roślin PAN, Poznań
10	Instytut Hematologii i Transfuzjologii, Warszawa
11	Instytut Immunologii i Terapii i Doświadczalnej PAN, Wrocław
12	Instytut Medycyny Doświadczalnej i Klinicznej PAN, Warszawa
13	Instytut Medycyny Wsi, Lublin
14	Instytut Podstawowych Problemów Techniki PAN, Warszawa
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 Włókien Naturalnych i Roślin Zielarskich, Poznań
20	Instytut Psychiatrii i Neurologii, Warszawa

21	Instytut Zootechniki PIB, Kraków
22	Muzeum i Instytut Zoologii PAN, Warszawa
23	Narodowy Instytut Zdrowia Publicznego – PZH, Warszawa
24	Państwowy Instytut Weterynaryjny PIB, Puławy
25	Wojskowy Instytut Higieny i Epidemiologii, Warszawa
26	Akademia Wychowania Fizycznego, Poznań
27	Uniwersytet Gdański, Gdańsk
28	Uniwersytet im. A. Mickiewicza, Poznaniu
29	Uniwersytet Jagielloński, Kraków
30	Uniwersytet Jana Kochanowskiego, Kielce
31	Uniwersytet im. Kardynała Stefana Wyszyńskiego, Warszawa
32	Uniwersytet Kazimierza Wielkiego, Bydgoszcz
33	Uniwersytet Marii Curie-Skłodowskiej, Lublin
34	Uniwersytet Mikołaja Kopernika, Toruń
35	Uniwersytet Przyrodniczy, Lublin
36	Uniwersytet Przyrodniczy, Poznań
37	Uniwersytet Przyrodniczy, Wrocław
38	Uniwersytet Przyrodniczo Humanistyczny, Siedlce
39	Uniwersytet Rolniczy, Kraków
40	Uniwersytet Rzeszowski, Rzeszów
41	Uniwersytet Szczeciński, Szczecin
42	Uniwersytet Śląski, Katowice
43	Uniwersytet Wrocławski, Wrocław
44	Uniwersytet Warszawski, Warszawa
45	Uniwersytet Warmińsko-Mazurski, Olsztyn
46	Uniwersytet Medyczny, Łódź
47	Uniwersytet Medyczny, Poznań
48	Uniwersytet Medyczny, Wrocław
49	Uniwersyteckie Centrum Kliniczne WUM, Warszawa
50	Gdański Uniwersytet Medyczny, Gdańsk
51	Pomorski Uniwersytet Medyczny Szczecin
52	Śląski Uniwersytet Medyczny w Katowicach, Katowice
53	Warszawski Uniwersytet Medyczny, Warszawa
54	Zachodniopomorski Uniwersytet Technologiczny w Szczecinie, Szczecin
55	Politechnika Gdańska, Gdańsk
56	Politechnika Rzeszowska, Rzeszów
57	Politechnika Wrocławska, Wrocław
58	Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego, Warszawa
59	Wojskowa Akademia Techniczna, Warszawa
60	Centrum Badań Molekularnych i Makromolekularnych PAN, Łodzi
61	Centrum Onkologii w Warszawie
62	Świętokrzyskie Centrum Onkologii, Kielce
63	Wojewódzki Inspektorat Weterynarii Opole

64	Wojewódzka Stacja Sanitarno-Epidemiologiczna Bydgoszcz
65	Zakład Ichtiobiologii i Gospodarki Rybackiej PAN w Gołyszu
66	Fundacja Rozwoju UTP, Bydgoszcz
67	Adamed Pharma SA (Pieńków)
68	Alab Laboratoria sp.zo.o.Warszawa
69	Animallab s.c w Łodzi
70	Bacto-Tech sp.z o.o. Toruń
71	Bioceltix sp.z o.o. Wrocław
72	Biomed S.A. Kraków
73	Biosens Lab sp.z o.o. Warszawa
74	Bioton SA Warszawa
75	Cellis sp.zo.o.Warszawa
76	CELON PHARMA SA
77	Celther Polska sp.z o.o. Łódź
78	Centrum Diagnostyki Genetycznej Genescreen, Kobylnica
79	ElementZero Biolabs, Berlin
80	EURx sp. z o.o., Gdańsk
81	Genomtec S.A, Wrocław
82	Genoplast, Rokocin
83	Green-Bio-technology sp.z o.o., Stara Iwiczna
84	Hurt-Chem Hurtownia Odczynników Chemicznych, Duchnice
85	Laboratorium Badań Genetycznych sp. z o.o., Lublin
86	Medigen sp.z o.o., Warszawa
87	Medycyna Diagnostyczna PUM sp. z o. o., Szczecin
88	Personather sp.z o.o., Konstantynów Łódzki
89	Plant Research Laboratories sp.z o.o.,Warszawa
90	Proteon Pharmaceuticals S.A, Łódź
91	Przedsiębiorstwo Handlowe VINC, Gdyni
92	Read Gene SA, Szczecin
93	RDLS sp.z o.o., Warszawa
94	Samodzielny Publiczny Zespół Opieki Zdrowotnej nr.1, Rzeszów
95	Stowarzyszenie dla Natury Wilk, Godziszka
96	Synevo Polska, Warszawa
97	Terrabio sp.z o.o., Wrocław

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 Fatałska, mgr Bianka Świdorska, 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” wspomogły na przykład wykazanie synaptycznej, lokalnej biogenezy białek mitochondrialnych (6049), pozwoliły na opracowanie profilu proteomicznego białek śliny u chorych na chorobę Parkinsona, wykrywając zmieniony poziom białka S100A6 i in. (w recenzji). Globalna analiza proteomiczna *Tetrahymena thermophila* z zahamowaną ekspresją białek Spf2A i Cfp246-like oraz ich analiza interaktywna pomogły zidentyfikować główne białka centralnego aparatu ruchu rzęski oraz zmiany zachodzące w budowie wyrostka C1b u mutantów *Tetrahymena*.

Dzięki koimmunoprecypitacji i MS zidentyfikowano interaktory białka UPF1, ważnego czynnika biorącego udział w przeciwdziałaniu wytwarzania nieprawidłowych białek w komórkach (5945), fosfatazy PP4 (6110), czy zrekonstruowano funkcjonalny kompleks holo U7 snRNP, odpowiedzialny za processing histonowego mRNA (5946). Mapowanie modyfikacji potranslacyjnych zastosowano do identyfikacji miejsc glikacji i acetylacji w alfa 2-antyplazminie (5933), nitrozytacji w białku KEap1 (5913).

Badania strukturalne białek wspomagane przez MS (HDX, Native MS, X-linking) przyniosły wiedzę o kompleksach jonów metali z palcami cynkowymi (5941), własnościach strukturalnych izoform roślinnego sensora stresu oddziałującego z kinazami SnRK2 (5946), czy domeny SANT/Myb białek FLASH and YARP z fragmentem NPAT w kompleksie obróbki histonowych mRNA (6026). Opracowano nowe narzędzie analizy danych HDX (6087).

Część laboratorium specjalizująca się w analizach substancji niskocząsteczkowych kontynuowała oznaczanie leków immunosupresyjnych we krwi pełnej (Novartis, Centrum Zdrowia Dziecka, Synevo) oraz aktywnego metabolitu leflunomidu (Sandoz) jako laboratorium diagnostyczne. Kontynuowaliśmy współpracę z ośrodkiem klinicznym Śląskiego Uniwersytetu Medycznego w Katowicach w zakresie monitorowania terapii kwasem mykofenolowym i rapamycyną.

W ramach działalności niediagnostycznej kontynuowaliśmy współpracę z firmą OncoArendi przy rozwijaniu ich nowatorskich substancji leczniczych. Rozpoczęliśmy współpracę z firmą FiLeClo w ramach projektu mającego na celu stworzenie nowych substancji bakteriobójczych będących pochodnymi Salinomycyny. We współpracy z prof. Bzowską (Wydział Fizyki, UW) badaliśmy absorpcję potencjalnych leków hamujących enzymy metabolizmu puryn przez *Helicobacter pylori* (formycyna A, formycyna B, fosforan pirydoksalu, chlorowodorek pirydoksalu, immucylina H oraz metronidazolu) (praca złożona do druku). Dla firmy Cellis rozpoczęliśmy oznaczanie cytostatyków uwalnianych z nośników białkowych opracowywanych przez nich w celu poprawy bezpieczeństwa terapii przeciwnowotworowej. Kontynuowaliśmy współpracę z zespołami dr. hab. Roberta Oleka (AWF Poznań) i prof. dr hab. Marcina Ufnala (WUM) w ramach oznaczenia metabolitów bakterii jelitowych: trimetyloaminy (TMA) i jej tlenku (TMAO) w osoczu oraz różkołańcuchowych kwasów tłuszczowych (KŁKT) w próbkach biologicznych. We współpracy z dr. hab. Adamem Hamedem (IBD PAN) prowadzone były prace mające na celu ustawienie metody oznaczania neuroprzekaźników w homogenatach tkanek mózgu.

Opis najważniejszych osiągnięć:

1. Wykazanie synaptycznej, lokalnej biogenezy białek mitochondrialnych (6049).
2. Struktura kompleksu domeny SANT/Myb białek FLASH and YARP z fragmentem NPAT w kompleksie obróbki histonowych mRNA (6026).

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Uzyskane wyniki będą opublikowane w międzynarodowych czasopismach.

Publikacje:

5913, 5932, 5933, 5941, 5945, 5946, 5948, 5953, 5961, 5979, 5984, 6006, 6013, 6026, 6030, 6039, 6049, 6051, 6061, 6063, 6070, 6071, 6087, 6110, 4780/A, 4783/A, 4789/A, 4794/A, 4800/A

Pracownia Analiz Mikromacierzy

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

Cel działania:

Analizy z zastosowaniem mikromacierzy DNA i sekwencjonowania wysokoprzepustowego.

Opis realizowanych prac:

Podobnie jak w ubiegłych latach w 2020 roku w Pracowni Analiz Mikromacierzy przeprowadzono eksperymenty z użyciem technologii mikromacierzy DNA. W tym analizy na poziomie transkryptomu – 48 mikromacierzy, oraz badania wzoru metylacji DNA człowieka – 144 mikromacierze, a także analizy Real Time PCR, ustalanie jakości RNA i bibliotek do RNA-seq. Wykonano także szereg analiz bioinformatycznych, w tym funkcjonalnych z użyciem oprogramowania QIAGEN *Ingenuity Pathway Analysis (QIAGEN IPA)*.

Tematyka prowadzonych prac była bardzo zróżnicowana, między innymi analizowano zmiany na poziomie transkrypcyjnym w komórkach mięśni gładkich naczyń człowieka w zależności od typu starzenia, wykonano analizy ekspresji w wybranych liniach komórkowych jasnokomórkowego raka nerki (ang. Clear cell renal cell carcinoma, ccRCC), a także przeprowadzono badania zmian na poziomie metylacji DNA w próbkach nowotworów jajnika w celu ustalenia sygnatur metylacji DNA charakterystycznych dla stopnia zaawansowania nowotworu.

Naukowcy, z którymi Pracownia współpracowała w 2020 r.:

1. Prof dr hab. Małgorzata Łobocka – Instytut Biochemii i Biofizyki PAN
2. Dr hab. Urszula Zielenkiewicz - Instytut Biochemii i Biofizyki PAN
3. Dr Szymon Kubala - Instytut Biochemii i Biofizyki PAN
4. Dr hab. Anna Bielak – Instytut Biologii Doświadczalnej im. M. Nenckiego PAN
5. Dr hab. Agnieszka Piekiełko-Witkowska – Centrum Medycznego Kształcenia Podyplomowego
6. Dr hab. Agnieszka Ługowska – Zakład Genetyki, Instytut Psychiatrii i Neurologii
7. Dr hab. Renata Matlakowska – Wydział Biologii, Uniwersytetu Warszawskiego.
8. Dr hab. Edyta Brzóska-Wójtowicz – Wydział Biologii, Uniwersytet Warszawski
9. Dr n. med. Łukasz Szafron – Centrum Onkologii – Instytut im. Marii Skłodowskiej-Curie

Opis najważniejszych osiągnięć:

Analiza funkcjonalna uzyskanych wcześniej wyników dotyczących badań fibroblastów od pacjentów z dziedziczną chorobą Niemann-Picka wskazała, że w patogenezie choroby mogą mieć znaczenie zaburzenia apoptozy i autofagii, nieprawidłowości cytoszkieletu oraz aktywacja odpowiedzi immunologicznej (5944).

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Uzyskane wyniki będą opublikowane w międzynarodowych czasopismach.

Publikacje:
5944

Pracownia Mikroskopii Konfokalnej i Fluorescencyjnej

Zespół: dr Małgorzata Lichocka, dr Anna Anielska-Mazur

Cel działania:

Analiza mikroskopowa żywego i utrwalonego materiału biologicznego w oparciu o techniki mikroskopii świetlnej i fluorescencyjnej. Działalność pracowni obejmuje prowadzenie indywidualnych szkoleń oraz wykonywanie analiz mikroskopowych realizowanych w ramach usługi oraz współpracy naukowej.

Opis realizowanych prac:

W oparciu o infrastrukturę Pracowni Mikroskopii Konfokalnej i Fluorescencyjnej wykonywane były analizy mikroskopowe komórek roślinnych (m.in. *Arabidopsis thaliana*, *Brassica napus*, *Nicotiana tabacum*, *Nicotiana benthamiana*), bakterii (np. z rodzaju *Pseudomonas*, *Bacillus*), drożdży (*Saccharomyces cerevisiae*), pierwotniaków (*Paramecium caudatum*).

W roku sprawozdawczym realizowano bieżące szkolenia z obsługi mikroskopu fluorescencyjnego Nikon E800 oraz mikroskopu konfokalnego Nikon C1, umożliwiając samodzielność pracy. Dla zainteresowanych stron realizowano zlecenia analiz mikroskopowych. W ramach współpracy z zespołem prof. Grażyny Dobrowolskiej w bieżącym roku realizowano analizy w zakresie m.in.: zmian lokalizacji białek w warunkach stresu solnego (GRP, PMI1); zmian lokalizacji aneksyny 1 w odpowiedzi na jasmonidy oraz wpływu jej braku na proces endocytozy.

Prowadzono nadzór nad stanem technicznym mikroskopów i sprzętu w PMKiF oraz bieżących konserwacji w celu nieprzerwanej funkcjonalności pracowni. Mikroskop konfokalny Nikon C1 wykorzystano w wymiarze 599 godzin. Mikroskop fluorescencyjny Nikon E-800 wykorzystano w wymiarze 127 godzin. Z infrastruktury korzystali pracownicy IBB PAN, doktoranci oraz magistranci z: Zakładu Biochemii Roślin, Zakładu Biosyntezy Białka, Zakładu Biochemii Lipidów, Zakładu Genetyki, Pracowni Patogenezy Roślin, Pracowni Analiz Mikromacierzy, Zakładu Biochemii Drobnoustrojów. W roku 2020 z usług pracowni nie korzystały jednostki zewnętrzne.

Opis najważniejszych osiągnięć:

We współpracy z zespołem prof. Grażyny Dobrowolskiej wykonano analizę BiFC dla kinaz z rodziny SnRK2 i ich potencjalnych substratów w protoplastach uzyskanych z linii komórkowych *Arabidopsis* T87 (Klimecka et al., 2020; Tarnowski et al., 2020).

Wykonano analizę lokalizacji białka PIN 1, PIN 3 oraz ekspresji reportera odpowiedzi auksynowej pDR5rev:3×Venus-N7 w korzeniach rzodkiewnika dzikiego typu oraz w mutantach *rgtb1-1*, *rgtb1-2*, z zaburzeniami w prenylacji białek Rab (wsp. M. Gutkowska) (Rojek et al., 2020).

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:

6021, 5946

Laboratorium Analiz Modyfikacji Genetycznych

Zespół: dr Jarosław Cieśla

Cel badania:

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

Opis realizowanych prac:

Laboratorium służy środowisku naukowemu w analizie ilościowej specyficznych mRNA, a także określaniu liczby kopii kwasów nukleinowych w materiale dostarczonym przez klienta.

Opis najważniejszych osiągnięć

Wykonano usługi pomiaru ilościowego mRNA w różnych próbkach dostarczonych przez klientów IBB oraz zewnętrznych. Oznaczano również liczbę kopii genów w materiale dostarczonym przez klientów. Wykonano około 6102 reakcji, łącznie z opracowaniem metodyki analiz i projektowaniem starterów.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Wykonane w ramach współpracy wyniki oznaczania poziomu mRNA oraz liczby kopii będą zamieszczone w publikacjach naukowych.

Wyniki wykonane nie we współpracy tylko komercyjnie generują przychody dla Instytutu.

Publikacje:

5932, 5944

Serwis Bakulowirusa

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

W 2020 roku produkowano w komórkach owadzych w systemie FlashBac:

1. Białka ludzkie: FTO, kalmodulinę, fosfodiesterazę 5 (PDE5).
2. Białka wirusowe: białko podstawy pentonu adenowirusa – niemodyfikowane oraz ze znacznikiem histydynowym na N-końcu.

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

Pracownia Hodowli Komórkowych

Zespół: dr hab. Ewa Szołajska, dr hab. Elżbieta Speina (opiekun cytometru przepływowego), mgr inż. Małgorzata Podsiadła-Białoskórska (biolog).

W 2020 roku w Pracowni realizowane były badania dotyczące szeregu zagadnień:

1. Analizy stężeń miedzi w komórkach typu HEK293 oraz w innych liniach komórek ludzkich (mgr Maciej Plichta – grupa prof. dr. hab. Wojciecha Bala, Zakład Biofizyki).
2. Katabolizmu beta amyloidu w komórkach ludzkich (dr hab. Simon Drew, Zakład Biofizyki).
3. Badania właściwości biologicznych, w tym efektu cytotoksycznego nowych pochodnych dibenzoadiazocynowych (dr Adam Mieczkowski, mgr Bartosz Bieszczad – grupa prof. dr. hab. Wojciecha Bala, Zakład Biofizyki; mgr Damian Garbicz – grupa prof. dr hab. Elżbiety Grzesiuk, Zakład Biologii Molekularnej).

4. Badania wpływu zmian strukturalnych nowych analogów tadalafile, inhibitora fosfodiesterazy typu 5 (PDE5), na efekt cytotoksyczny i wiązanie ligandu do białka (dr Adam Mieczkowski, Zakład Biofizyki; dr hab. Elżbieta Speina, Zakład Biologii Molekularnej).
5. Wykorzystania 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).
6. Badania na liniach komórkowych roli białek ALKBH w metabolizmie komórki, rozwoju otyłości i cukrzycy typu 2 (grupa prof. dr hab. Elżbiety Grzesiuk, Zakład Biologii Molekularnej).
7. Roli peroksydacji lipidów w chorobach rzadkich oraz poszukiwania nowych leków przeciwnowotworowych (grupa dr hab. Elżbiety Speiny, Zakład Biologii Molekularnej).
8. Opracowania metod proteomicznych wspomagających diagnostykę raka piersi opartych na celowanych metodach spektrometrii mas (dr Dominik Domański, Środowiskowe Laboratorium Spektrometrii Mas).
9. Identyfikacji epigenetycznych mechanizmów regulujących ekspresję kluczowych supresorów nowotworzenia w jasnokomórkowym raku nerki (grupa dr. hab. Tomasza Sarnowskiego, prof. IBB PAN, Zakład Biosyntezy Białka).
10. Zastosowania cząstki wirusopodobnej – dodekahedronu adenowirusowego jako nośnika dla czynników o potencjalnym działaniu terapeutycznym (grupa dr hab. Ewy Szołajskiej, Zakład Biosyntezy Białka).
11. Oznaczania Aneksyną V apoptozy w mutantach drożdży *Saccharomyces cerevisiae* (grupa dr hab. Róży Kucharczyk prof. IBB PAN, Zakład Genetyki).
12. Roli RNA polimerazy III w nowotworzeniu (grupa dr. Damiana Graczyka, Pracownia Biologii RNA i Genomiki Funkcjonalnej).
13. Analizy zawartości DNA w komórkach drożdżowych niosących mutacje w genach kodujących białka zaangażowane w replikację DNA i kontrolę cyklu komórkowego (grupa prof. dr hab. Iwony Fijałkowskiej, Pracownia Mutagenety i Reperacji DNA).
14. Wykorzystania metod cytometrii przepływowej do analizy zawartości DNA w komórkach drożdżowych oraz do badania markerów apoptozy i ilościowego oznaczania reaktywnych form tlenu (dr hab. Adrianna Skoneczna, mgr Justyna Antoniuk-Majchrzak, mgr Anna Długajczyk, mgr Tuguldur Enkhbaatar, Aleksandra Leszczyńska, Pracownia Mutagenety i Reperacji DNA).
15. Regulacji funkcjonowania wyspecjalizowanych polimeraz DNA (grupa prof. dr hab. Ewy Śledziewskiej-Gójskiej, Pracownia Mutagenety i Reperacji DNA).

Lista seminariów wygłoszonych w roku 2020 w IBB PAN

L.p.	Data	Prelegent	Tytuł seminarium
1.	07.01.2020	Prof. dr hab. Marcin Drąg (Katedra Chemii Bioorganicznej, Wydział Chemii, Politechnika Wrocławska) Laureat Nagrody FNP 2019	Metody równoległego obrazowania enzymów proteolitycznych.
2.	14.01.2020	dr Kamil Steczkiewicz (Zakład Bioinformatyki, IBB PAN)	Do we need protein structure modelling experts?
3.	28.01.2020	Prof. dr hab. Jarosław Poznański (Dyrektor IBB PAN)	"Ewaluacja 2017-2020"
4.	04.02.2020	mgr inż. Sylwia Pilch (Zakład Genetyki, IBB PAN)	The function of Fmp40 protein – the only known <i>S. cerevisiae</i> AMPylase.
5.	11.02.2020	mgr Karolina Kotecka (Zakład Biochemii Drobnoustrojów, IBB PAN)	Functional analysis of transcriptional regulators PA3027, PA3458 and PA3973 from <i>Pseudomonas aeruginosa</i> .
6.	18.02.2020	Deepshikha Malik (Laboratory of Protein Structure International Institute of Molecular and Cell Biology in Warsaw)	Mechanism of exonuclease and non- canonical uridyl transferase in mRNA metabolism.
7.	02.06.2020	mgr Michał Krawczyk (Pracownia Mutagenyzy i Reperacji DNA)	New mechanism engaging Mms2 protein in shaping genetic stability of yeast <i>Saccharomyces cerevisiae</i> .
8.	23.06.2020	mgr Aleksandra Sobolewska (Pracownia Mutagenyzy i Reperacji DNA, IBB PAN)	Regulation of translesion synthesis Y- family DNA polymerases in cell cycle of <i>S.</i> <i>cerevisiae</i> .
9.	30.06.2020	mgr Bartosz Bieszczad (Zakład Biofizyki, IBB PAN)	Dibenzodiazocine scaffolds as convenient privileged structures useful in the design of biologically active compounds.
10.	20.10.2020	Dr hab. Robert Bialik (Zakład Biologii Antarktyki, IBB PAN)	Henryk Arctowski Polish Antarctic Station: Opening a new avenue for future scientific endeavors.
11.	27.10.2020	Dr Ulrike Topf (Zakład Genetyki, IBB PAN)	Regulation of protein homeostasis upon mitochondrial stress.
12.	10.11.2020	Dr Justyna McIntyre (Pracownia Mutagenyzy i Reperacji DNA, IBB PAN)	Regulation of human translesion DNA polymerase iota.
13.	24.11.2020	Dr hab. Magdalena Kowalczyk (Zakład Biochemii Drobnoustrojów, IBB PAN)	Analysis of bacterial biodiversity and environmental interactions in complex ecosystems with a special regard to lactic acid bacteria.
14.	01.12.2020	Dr hab. Roksana Iwanicka-Nowicka (Zakład Biotyntezy Białka, IBB PAN)	DNA microarrays - a high-throughput technology for genotyping, epigenetics and gene expression analysis.
15.	08.12.2020	Dr Michał Turek (Pracownia Fizjologii Molekularnej Zwierząt, IBB PAN)	Muscular exophoresis: Its role and regulation during <i>C. elegans</i> life cycle

16.	15.12.2020	Dr Małgorzata Cieśla (Pracownia Transkrypcji tRNA, IBB PAN)	Biogenesis and regulation of RNA polymerase III in yeast <i>S. cerevisiae</i> .
17.	22.12.2020	Dr Anna Wawrzyńska (Pracownia Homeostazy Białek Roślinnych, IBB PAN)	Selected regulatory mechanisms of the sulfur deficiency response in plants.
Seminaria doktoranckie rok akademicki 2020/2021			
1.	08.10.2020	mgr Jakub Kwiatkowski (Pracownia Patogenezy Roślin, IBB PAN)	Hijacking calcium signaling and MAP kinase cascade during plant/pathogen interaction by HopQ1 - a Type Three Effector from <i>Pseudomonas syringae</i> .
2.	08.10.2020	mgr Marta Płonka (Zakład Genetyki, IBB PAN)	Aggregation of Rbs1 protein and its influence on cell cycle in yeast.
3.	22.10.2020	mgr Karolina Wojciechowska (Laboratorium Biologii Komórki, MIBMiK)	TRAIL sensitizes ESCRT-I- depleted cells to death through accumulated TRAILR2 in a caspase-dependent manner.
4.	22.10.2020	mgr Małgorzata Habich (Zakład Bioinformatyki, IBB PAN)	Investigating mechanisms of SIDS points to internal phosphate shifts
5.	05.11.2020	mgr Aneta Jurkiewicz (Pracownia Biologii RNA i Genomiki Funkcjonalnej, IBB PAN)	Regulation of RNA polymerase III in macrophages.
6.	05.11.2020	mgr Dominika Nowak (Pracownia Patogenezy Roślin, IBB PAN)	I Don't Want You on Our First Date: How HopBF1 Ditches the Chaperone.
7.	05.11.2020	mgr Marta Stępniewska-Dziubińska (Zakład Bioinformatyki, IBB PAN)	Predicting binding affinity of small molecules in ligand-receptor systems using neural networks.
8.	19.11.2020	mgr Magdalena Modrzejewska (Zakład Biochemii Drobnoustrojów, IBB PAN)	Extensive analysis of three transcriptional regulators from <i>Pseudomonas aeruginosa</i> proteome.
9.	19.11.2020	mgr Ewelina Stefaniak (Zakład Biofizyki, IBB PAN)	Cu(II) binding properties of N-truncated Aβ peptides: In search of biological function.
10.	03.12.2020	mgr Justyna Antoniuk-Majchrzak (Pracownia Mutogenezy i Reperacji DNA, IBB PAN)	The role of Swi6 in protecting cells against genetic instability.
11.	03.12.2020	mgr Dawid Płonka (Zakład Biofizyki, IBB PAN)	Iron regulator hepcidin as an intra- and extracellular target for selected metals.
12.	17.12.2020	mgr Elżbieta Gryz (Pracownia Glikobiologii Grzybów, IBB PAN)	Biological functions and mechanisms of action of unique lipid compounds, dolichols in filamentous fungal cells.
13.	17.12.2020	mgr Monika Mitura (Zakład Biochemii Drobnoustrojów, IBB PAN)	Role of KfrC in linking of two vital processes in broad-host-range RA3 plasmid biology.

Artykuły 2020

5913

KOPACZ A., KLÓSKA D., PRONIEWSKI B., CYSEWSKI D., PERSONNIC N., PIECHOTA-POLAŃCZYK A., KACZARA P., ZAKRZEWSKA A., FORMAN H.J., DULAK J., JÓZKOWICZ A., GROCHOT-PRZĘCZEK A.

Keap1 controls protein S-nitrosation and apoptosis-senescence switch in endothelial cells.

Redox Biology (2020) 28:101304 (14 p.)

DOI: 10.1016/j.redox.2019.101304

IF 9.986

5914

DRABIKOWSKI K.

Ubiquitin and SUMO modifications in *Caenorhabditis elegans* stress response.

Current Issues in Molecular Biology (2020) 35: 145-158

DOI: 10.21775/cimb.035.145

IF 2.695

5915

MACIAK K., ADAMOWICZ-SALACH A., SIWICKA A., POZNAŃSKI J., URASIŃSKI T., PŁOCHOCKA D., GÓRA M., BURZYŃSKA B.

Hereditary xerocytosis - spectrum and clinical manifestations of variants in the *PIEZO1* gene, including co-occurrence with a novel beta-globin mutation.

Blood Cells Molecules and Diseases (2020) 80: 102378 (6 p.)

DOI: 10.1016/j.bcmd.2019.102378

IF 2.460

5916

McINTYRE J.

Polymerase iota - an odd sibling among Y family polymerases.

DNA Repair (2020) 86: 102753 (11 p.)

DOI: 10.1016/j.dnarep.2019.102753

IF 3.339

5917

NOWAKOWSKA K., GIEBUŁTOWICZ J., KAMASZEWSKI M., ADAMSKI A., SZUDROWICZ H., OSTASZEWSKA T., SOLARSKA-DZIĘCIOŁOWSKA U., NAŁĘCZ-JAWECKI G., WROCZYŃSKI P., DROBNIIEWSKA A.

Acute exposure of zebrafish (*Danio rerio*) larvae to environmental concentrations of selected antidepressants: Bioaccumulation, physiological and histological changes.

Comparative Biochemistry and Physiology Part C: Toxicology & Pharmacology (2020) 229: 108670 (9 p.)

DOI: 10.1016/j.cbpc.2019.108670

IF 2.892

5918

GARBICZ D., TOBIASZ P., BORYS F., PILŹYS T., MARCINKOWSKI M., POTERAŁA M., GRZESIUŁ E., KRAWCZYK H.

The stilbene and dibenzo[*b,f*]oxepine derivatives as anticancer compounds.

Biomedicine & Pharmacotherapy (2020) 123: 109781 (9 p.)

DOI: 10.1016/j.biopha.2019.109781

IF 4.545

5919

FIRCZUK M., BAJOR M., GRACZYK-JARZYŃKA A., FIDYT K., GORAL A., ZAGOŹDŹON R.
Harnessing altered oxidative metabolism in cancer by augmented prooxidant therapy.

Cancer Letters (2020) 471: 1-11

DOI: 10.1016/j.canlet.2019.11.037

IF 7.360

5920

PANASIUK A., WAWRZYNEK-BOREJKO J., MUSIAŁ A., KORCZAK-ABSHIRE M.

Pygoscelis penguin diets on King George Island, South Shetland Islands, with a special focus on the krill *Euphausia superba*.

Antarctic Science (2020) 32(1): 21–28

DOI: 10.1017/S0954102019000543

IF 1.417

5921

GRATKOWSKA-ŻMUDA DOMINIKA M., KUBALA S., SARŃOWSKA E., ĆWIEK P.,

OKSIŃSKA P., STECIUK J., ROLICKA A.T., ZABOROWSKA M., BUCIOR E., MAASSEN A.,
FRANZEN R., KONCZ C., SARŃOWSKI T.J.

The SWI/SNF ATP-dependent chromatin remodeling complex in Arabidopsis responds to
environmental changes in temperature-dependent manner.

International Journal of Molecular Sciences (2020) 21(3): 762

DOI: 10.3390/ijms21030762

IF 4.556

5922

GERUS I.I., ZHUK Y.I., KACHAROVA L.M., RÖSCHENTHALER G-V., SHAITANOVA E.N.,
SOROCHINSKII A.E., VDOVIENKO S.I., WÓJCIK J.

Uncommon fluorination of enones with xenon difluoride.

Journal of Fluorine Chemistry (2020) 229: 109413 (7 p.)

DOI: 10.1016/j.jfluchem.2019.109413

IF 2.332

5923

JURKIEWICZ A., LEŚNIEWSKA E., CIEŚLA M., GORJÃO N., KANTIDAKIS T., WHITE R.J.,
BOGUTA M., GRACZYK D.

Inhibition of tRNA gene transcription by the immunosuppressant mycophenolic acid.

Molecular and Cellular Biology (2020) 40(1): e00294-19 (14 p.)

DOI: 10.1128/MCB.00294.19

IF 3.611

5924

WILLIAMS D.E., LE S. N., HOKE D.E., CHANDLER P.G., GÓRA M., GODLEWSKA M.,
BANGA J.P., BUCKLE A.M.

Structural studies of thyroid peroxidase show the monomer interacting with autoantibodies in
thyroid autoimmune disease.

Endocrinology (2020) 161(2): bqaa016 (16 p.)

DOI: 10.1210/endocr/bqaa016

IF 3.934

5925

KOTRYS A.V., SZCZĘSNY R.J.

Mitochondrial gene expression and beyond-novel aspects of cellular physiology.

Cells (2020) 9(1): 17 (25 p.)

DOI: 10.3390/cells9010017

IF 4.366

5926

KILISZEK M., MACIAK K., MACIEJAK A., KRZYŻANOWSKI K., WIERZBOWSKI R., GÓRA M., BURZYŃSKA B., SEGIET A., SKROBOWSKI A.

Serum microRNA in patients undergoing atrial fibrillation ablation.

Scientific Reports (2020) 10(1): 4424

DOI: 10.1038/s41598-020-61322-6

IF 3.998

5927

KAWAŁEK A., KOTECKA K., MODRZEJEWSKA M., GAWOR J., JAGURA-BURDZY G., BARTOSIK A.A.

Genome sequence of *Pseudomonas aeruginosa* PAO1161, a PAO1 derivative with the ICEPae1161 integrative and conjugative element.

BMC Genomics (2020) 21(1): 14 (12 p.)

DOI: 10.1186/s12864-019-6378-6

IF 3.594

5928

KONOP M., CZUWARA J., KŁODZIŃSKA E., LASKOWSKA A.K., SULEJCZAK D., DAMPS T., ZIELENKIEWICZ U., BRZOZOWSKA I., SUREDA A., KOWALKOWSKI T., SCHWARTZ R.A., RUDNICKA L.

Evaluation of keratin biomaterial containing silver nanoparticles as a potential wound dressing in full-thickness skin wound model in diabetic mice.

Journal of Tissue Engineering and Regenerative Medicine (2020) 14(2): 334–346

DOI: 10.1002/term.2998

IF 3.078

5929

GRZESIAK J., KACZYŃSKA A., GAWOR J., ŻUCHNIEWICZ K., ALEKSANDRZAK-PIEKARCZYK T., GROMADKA R., ZDANOWSKI M.K.

A smelly business: Microbiology of Adélie penguin guano (Point Thomas rookery, Antarctica).

Science of the Total Environment (2020) 714: 136714 (12 p.)

DOI:10.1016/j.scitotenv.2020.136714

IF 6.551

5930

KAWAŁEK A., WAWRZYNIAK P., BARTOSIK A.A., JAGURA-BURDZY G.

Rules and exceptions: the role of chromosomal ParB in DNA segregation and other cellular processes.

Microorganisms (2020) 8(1): 105

DOI: 10.3390/microorganisms8010105

IF 4.152

5931

PLUTA K., SAMLUK A., WENCEL A., ZAKRZEWSKA K.E., GÓRA M., BURZYŃSKA B., CIEŻKOWSKA M., MOTYL J., PIJANOWSKA D.G.

Genetically modified C3A cells with restored urea cycle for improved bioartificial liver.

Biocybernetics and Biomedical Engineering (2020) 40(1): 378-387

DOI: 10.1016/j.bbe.2019.12.006

IF 2.537

5932

BORKIEWICZ L., POLKOWSKA-KOWALCZYK L., CIEŚLA J., SOWIŃSKI P., JOŃCZYK M., RYMASZEWSKI W., SZYMAŃSKA K.P., JAŻWIEC R., MUSZYŃSKA G., SZCZEGIELNIAK J.

Expression of maize calcium-dependent protein kinase (ZmCPK11) improves salt tolerance in transgenic Arabidopsis plants by regulating sodium and potassium homeostasis and stabilizing photosystem II.

Physiologia Plantarum (2020) 168(1): 38-57

DOI: 10.1111/ppl.12938

IF 4.148

5933

BRYK A.H., CYSEWSKI D., DADLEZ M., UNDAS A.

Identification of glycated and acetylated lysine residues in human alpha 2-antiplasmin.

Biochemical and Biophysical Research Communications (2020) 521(1): 19-23

DOI: 10.1016/j.bbrc.2019.09.144

IF 2.985

5934

BIESZCZAD B., GARBICZ D., TRZYBIŃSKI D., MIELECKI D., WOŹNIAK K., GRZESIUK E., MIECZKOWSKI A.

Unsymmetrically substituted dibenzo[*b,f*][1,5]-diazocine-6,12(5H,11H)dione-a convenient scaffold for bioactive molecule design.

Molecules (2020) 25(4): 906 (19 p.)

DOI:10.3390/molecules25040906

IF 3.267

5935

GRECH-BARAN M., WITEK K., SZAJKO K., WITEK A.I., MORGIEWICZ K., WASILEWICZ-FLIS I., JAKUCZUN H., MARCZEWSKI W., JONES J.D.G., HENNIG J.

Extreme resistance to *Potato virus Y* in potato carrying the Ry_(sto) gene is mediated by a TIR-NLR immune receptor.

Plant Biotechnology Journal (2020) 18(3): 655-667

DOI: 10.1111/pbi.13230

IF 8.154

5936

KAWA D., MEYER A.J., DEKKER H.L., ABD-EL-HALIEM A.M., GEVAERT K., VAN DE SLIJKE E., MASZKOWSKA J., BUCHOLC M., DOBROWOLSKA G., DE JAEGER G., SCHUURINK R.C., HARING M.A., TESTERINK C.

SnRK2 protein kinases and mRNA decapping machinery control root development and response to salt.

Plant Physiology (2020) 182(1): 361-377

DOI: 10.1104/pp.19.00818

IF 6.902

5937

WOJCIECHOWSKA M., RÓWNICKI M., MIECZKOWSKI A., MISZKIEWICZ J., TRYLSKA J.
Antibacterial peptide nucleic acids-facts and perspectives.

Molecules (2020) 25(3): 559 (22 p.). Chapter in: **Peptide Nucleic Acids. Applications in Biomedical Sciences**, MDPI. Printed edition of the Special Issue Published in *Molecules*. Ed. E. Yavin; ISBN 978-3-03936-887-7, 2020, p. 67-88.

DOI: 10.3390/molecules25030559

IF 3.267

5938

GRACZYK S., PERLIŃSKA-LENART U., GÓRKA-NIEĆ W., LICHOTA RENATA PIŁSYK S., ZEMBEK P., LENART J., BERNAT P., GRYZ E., AUGUSTYNIAK J., PALAMARCZYK G., KRUSZEWSKA J.S.

Increased activity of the sterol branch of the mevalonate pathway elevates glycosylation of secretory proteins and improves antifungal properties of *Trichoderma atroviride*.

Fungal Genetics and Biology (2020) 137: 103334

DOI:10.1016/j.fgb.2020.103334

IF 3.071

5939

SZUFA K.M., MIETELSKI J.W., OLECH M.A., KOWALSKA A., BRUDECKI K.

Anthropogenic radionuclides in Antarctic biota - dosimetrical considerations.

Journal of Environmental Radioactivity (2020) 213: 106140 (9 p.)

DOI: 10.1016/j.jenvrad.2019.106140

IF 2.161

5940

SPODZIEJA M., KUNCEWICZ K., SIERADZAN A., KARCYŃSKA A., IWASZKIEWICZ J., CESSON V., WĘGRZYN K., ZHUKOV I., MASZOTA-ZIELENIAK M., MICHIELIN O., SPEISER D.E., ZOETE V., DERRE L., RODZIEWICZ-MOTOWIDŁO S.

Disulfide-linked peptides for blocking TLA/HVEM binding.

International Journal of Molecular Sciences (2020) 21(2): 636

DOI: 10.3390/ijms21020636

IF 4.556

5941

KLUSKA K., PERIS-DIAZ M.D., PŁONKA D., MOYSA A., DADLEZ M., DENIAUD A., BAL W., KRĘŻEL A.

Formation of highly stable multinuclear Ag_nSn clusters in zinc fingers disrupts their structure and function.

Chemical Communications (2020) 56(9): 1329-1332

DOI: 10.1039/c9cc09418k

IF 5.996

5942

HRYNIEWIECKA E., HRYNIEWIECKI T., RÓŻAŃSKI J., PILECKI T., ZAGOŹDŻON R., ORŁOWSKI T., GOŁĘBIEWSKI M., PĄCZEK L., MUCHA K., FORONCEWICZ B.

Reversal of stage 5 chronic kidney disease by aortic valve replacement in kidney transplant recipient: a case report.

BMC Cardiovascular Disorders (2020) 20(1): 20 (5 p.)

DOI:10.1186/s12872-020-01328-0

IF 2.078

5943

POTAPOWICZ J., SZUMIŃSKA D., SZOPIŃSKA M., BIALIK R.J., MACHOWIAK K., CHMIEL S., POLKOWSKA Ż.

Seashore sediment and water chemistry at the Admiralty Bay (King George Island, Maritime Antarctica) – Geochemical analysis and correlations between the concentrations of chemical species.

Marine Pollution Bulletin (2020) 152: 110888 (12 p.)

DOI: 10.1016/j.marpolbul.2020.110888

IF 4.049

5944

HETMAŃCZYK-SAWICKA K., IWANICKA-NOWICKA R., FOGTMAN A., CIEŚLA J., WŁODARSKI P., ŻYŻYŃSKA-GRANICA B., FILOCAMO M., DARDIS A., PERUZZO P., BEDNARSKA-MAKARUK M., KOBLOWSKA M., ŁUGOWSKA A.

Changes in global gene expression indicate disordered autophagy, apoptosis and inflammatory processes and downregulation of cytoskeletal signalling and neuronal development in patients with Niemann-Pick C disease.

Neurogenetics (2020) 21(2): 105-119

DOI: 10.1007/s10048-019-00600-6

IF 2.774

5945

SULKOWSKA A., AUBER A., SIKORSKI P.J., SILHAVY D., AUTH M., SITKIEWICZ E., JEAN V., MERRET R., BOUSQUET-ANTONELLI C., KUFEL J.

RNA helicases from the DEA(D/H)-box family contribute to plant NMD efficiency.

Plant and Cell Physiology (2020) 61(1): 144-157

DOI:10.1093/pcp/pcz186

IF 4.062

5946

TARNOWSKI K., KLIMECKA M., CIESIELSKI A., GOCH G., KULIK A., FEDAK H., POZNAŃSKI J., LICHOCKA M., PIERECHOD M., ENGH R.A., DADLEZ M., DOBROWOLSKA G., BUCHOLC M.

Two SnRK2-interacting calcium sensor isoforms negatively regulate SnRK2 activity by different mechanisms.

Plant Physiology (2020) 182(2): 1142-1160

DOI: 10.1104/pp.19.00900

IF 6.902

5947

LEMANIK A., BACA M., WERTZ K., SOCHA P., POPOVIC D., TOMEK T., LIPECKI G., KRASZEWSKA A., MIĘKINA B., ŻEROMSKA A., PERESWIET-SOLTAN A., SZYNDLAR Z., CIEŚLA M., VALDE-NÓWAK P., MACKIEWICZ P., NADACHOWSKI A.

The impact of major warming at 14.7 ka on environmental changes and activity of Final Palaeolithic hunters at a local scale (Orawa-Nowy Targ Basin, Western Carpathians, Poland).

Archaeological and Anthropological Sciences (2020) 12(3): 66

DOI: 10.1007/s12520-020-01020-6

IF 2.063

5948

SKRZYPECKI J., NIEWĘGŁOWSKA K., SAMBOROWSKA E.

Valeric acid, a gut microbiota product, penetrates to the eye and lowers intraocular pressure in rats.

Nutrients (2020) 12(2): 387 (8 p.)

DOI:10.3390/nu12020387

IF 4.546

5949

CZARKOWSKA-PĄCZEK B., MUCHA K., PĄCZEK L.

Age-related decline in renal blood flow could be a beneficial and compensatory mechanism.

Medical Science Monitor (2020) 6: e918643 (3 p.)

DOI: 10.12659/MSM.918643

IF 1.918

5950

DĄBSKI M., ZMARZ A., RODZEWICZ M., KORCZAK-ABSHIRE M., KARSZNIA I., LACH K.M., RACHLEWICZ G., CHWEDORZEWSKA K.J.

Mapping glacier forelands based on UAV BVLOS operation in Antarctica.

Remote Sensing (2020) 12(4): 630 (22 p.)

DOI: 10.3390/rs12040630

IF 4.509

5951

CHMIELEWSKA-JEZNACH M., BARDOWSKI J.K., SZCZEPANKOWSKA A.K.

Lactococcus cedrovirus phages isolated from industrial dairy plants—from physiological to genomic analyses.

Viruses (2020) 12(3): 280 (22 p.)

DOI: 10.3390/v12030280

IF 3.816

5952

GOCH W., BAL W.

Stochastic or not? Method to predict and quantify the stochastic effects on the association reaction equilibria in nanoscopic systems.

Journal of Physical Chemistry A (2020) 124(7): 1421-1428

DOI: 10.1021/acs.jpca.9b09441

IF 2.600

5953

PIERZYNOWSKA K., WOLIŃSKI J., WESTRÖM B., JAŻWIEC R., SHMIGEL H., PIERZYNOWSKI S.G.

Absorption of polyunsaturated fatty acid (PUFA) is related to IgG blood levels of neonatal pigs during the first 48 hours postpartum.

Journal of Immunology Research (2020) 2020: 3813250 (8 p.)

DOI: 10.1155/2020/3813250

IF 3.327

5954

BUCHOLC K., AIK W.S., YANG X-C., WANG K., ZHOU Z.H., DADLEZ M., MARZLUFF W.F., TONG L., DOMIŃSKI Z.

Composition and processing activity of a semi-recombinant holo U7 snRNP.

Nucleic Acids Research (2020) 48(3): 1508-1530

DOI: 10.1093/nar/gkz1148

IF 11.501

5955

TEIXEIRA M.M. MUSZEWSKA A., TRAVIS J., MORENO L.F., AHMED S., ROE CH., MEAD H., STECZKIEWICZ K., LEMMER D., DE HOOG G.S., KEIM P., WIEDERHOLD N., BARKER B.M.
Genomic characterization of *Parengyodontium americanum* sp. nov.

Fungal Genetics and Biology (2020) 138: 103351 (9 p.)

DOI:10.1016/j.fgb.2020.103351

IF 3.071

5956

MILEWSKA M., BURDZIŃSKA A., ZIELNIOK K., SIENNICKA K., STRUZIŁ S., ZIELENKIEWICZ P., PĄCZEK L.

Copper does not induce tenogenic differentiation but promotes migration and increases lysyl oxidase activity in adipose-derived mesenchymal stromal cells.

Stem Cells International (2020) 2020: 9123281

DOI: 10.1155/2020/9123281

IF 3.869

5957

BERUS S., WITKOWSKA E., NICIŃSKI K., SADOWY E., PUZIA W., RONKIEWICZ P., KAMIŃSKA A.

Surface-enhanced Raman scattering as a discrimination method of *Streptococcus spp.* and alternative approach for identifying capsular types of *S. pneumoniae* isolates.

Spectrochimica Acta Part A: Molecular and Biomolecular Spectroscopy (2020) 233: 118088 (9 p.)

DOI: 10.1016/j.saa.2020.118088

IF 3.232

5958

NECEL A., BLOCH S., NEJMAN-FALEŃCZYK B., GRABSKI M., TOPKA G., DYDECKA A., KOSZNIK-KWAŚNICKA K., GRABOWSKI Ł., JURCZAK-KUREK A., WOŁKOWICZ T., WĘGRZYN G., WĘGRZYN A.

Characterization of a bacteriophage, vB_Eco4M-7, that effectively infects many *Escherichia coli* O157 strains.

Scientific Reports (2020) 10(1): 3743

DOI: 10.1038/s41598-020-60568-4

IF 3.998

5959

UFNAŁSKA I., WAWRZYŃIAK U.E., BOSSAK-AHMAD K., BAL W., WRÓBLEWSKI W.
Electrochemical studies of binary and ternary copper(II) complexes with α -factor analogues.

Journal of Electroanalytical Chemistry (2020) 862: 114003 (6 p.)

DOI: 10.1016/j.jelechem.2020.114003

IF 3.807

5960

NIEDŹWIECKA K., BARANOWSKA E., PANJA CH., KUCHARCZYK R.

ATP synthase subunit a supports permeability transition in yeast lacking dimerization subunits and modulates yPTP conductance.

Cellular Physiology and Biochemistry (2020) 54(2): 211-229

DOI: 10.33594/000000215

5961

TARNOWSKI L., COLLADOS-RODRIGUEZ M., BRZYWCZY J., CYSEWSKI D.,

WAWRZYŃSKA A., SIRKO A.

Overexpression of the selective autophagy cargo receptor NBR1 modifies plant response to sulfur deficit.

Cells (2020) 9(3): 669

DOI:10.3390/cells9030669

IF 4.366

5962

KONOPKA-POSTUPOLSKA D., DOBROWOLSKA G.

ABA perception is modulated by membrane receptor-like kinases.

Journal of Experimental Botany (2020) 71(4): 1210-1214

DOI: 10.1093/jxb/erz531

IF 5.908

5963

STĘPNIEWSKA-DZIUBIŃSKA M., ZIELENKIEWICZ P., SIEDLECKI P.

Improving detection of protein-ligand binding sites with 3D segmentation

Scientific Reports (2020) 10(1): 5035

DOI:10.1038/s41598-020-61860-z

IF 3.998

5964

GŁOWACKA-RUTKOWSKA A., ULATOWSKA M., EMPEL J., KOWALCZYK M.,

BORECZEK J., ŁOBOCKA M.

A *Kayvirus* distant homolog of *Staphylococcal* virulence determinants and VISA biomarker is a phage lytic enzyme.

Viruses (2020) 12(3): 292

DOI:10.3390/v12030292

IF 3.816

5965

RZEPNIKOWSKA W., KAMIŃSKA J., KABZIŃSKA D., KOCHAŃSKI A.

Pathogenic effect of GDAP1 gene mutations in a yeast model.

Genes (2020) 11(3): 310

DOI:10.3390/genes11030310

IF 3.759

5966

SAWICKA J., KUTKOWSKA-KAŻMIERCZAK A., WOŹNIAK K., TYSAROWSKI A., OSIPOWICZ K., POZNAŃSKI J., RYGIEL A.M., BRAUN-WALICKA N., NIEPOKÓJ K., BAL J., KOWALEWSKI C., WERTHEIM-TYSAROWSKA K.

Novel and recurrent variants of *ATP2C1* identified in patients with Hailey-Hailey disease.

Journal of Applied Genetics (2020) 61(2): 187–193

DOI: 10.1007/s13353-020-00538-8

IF 2.027

5967

MASZOTA-ZIELENIAK M., JURCZAK P., ORLIKOWSKA M., ZHUKOV I., BOREK D., OTWINOWSKI Z., SKOWRON P., PIETRALIK Z., KOZAK M., SZYMAŃSKA A., RODZIEWICZ-MOTOWIDŁO S.

NMR and crystallographic structural studies of the extremely stable monomeric variant of human cystatin C with single amino acid substitution.

FEBS Journal (2020) 287(2): 361–376

DOI: 10.1111/febs.15010

IF 4.392

5968

DYDECKA A., BLOCH S., NECEL A., TOPKA G., WĘGRZYN A., TONG J., DONALDSON L.W., WĘGRZYN G., NEJMAN-FALEŃCZYK B.

The *ea22* gene of lambdoid phages: preserved prolysogenic function despite of high sequence diversity.

Virus Genes (2020) 56(2): 266–277

DOI: 10.1007/s11262-020-01734-8

IF 1.991

5969

ĆWIKLIŃSKA A., MICKIEWICZ A., KOWALSKI R., KORTAS-STEMPAK B., KUCHTA A., MUCHA K., MAKOWIECKI M., GLIWIŃSKA A., LEWANDOWSKI K., PĄCZEK L., FIJAŁKOWSKI M., GRUCHAŁA M., JANKOWSKI M.

Detection of lipoprotein X (LPX) - A challenge in patients with severe hypercholesterolaemia.

Journal of Medical Biochemistry (2020) 39(3): 283–289

DOI: 10.2478/jomb-2019-0038

5970

BACA M., POPOVIC D., BACA K., LEMANIK A., DOAN K., HORÁČEK I., LÓPEZ-GARCIA J.M., BAŃULS-CARDONA S., PAZONYI P., DESCLAUX E., CRÈGUT-BONNOURE E., BERTO C., LENARDIĆ J.M., MIĘKINA B., MURELAGA X., CUENCA-BESCÓS G., KRAJCARZ M., MARKOVIĆ Z., PETCULESCU A., WILCZYŃSKI J., KNUL M.V., STEWART J.R., NADACHOWSKI A.

Diverse responses of common vole (*Microtus arvalis*) populations to Late Glacial and Early Holocene climate changes - Evidence from ancient DNA.

Quaternary Science Reviews (2020) 233: 106239 (13 p.)

DOI: 10.1016/j.quascirev.2020.106239

IF 3.803

5971

XIE J., MLADKOVA N., LI Y., REN H., WANG W., CUI Z., LIN L., YU X., XU J., LIU G., CALISKAN Y., SIDORE C., BALDERES O., ROSEN R.J., BODRIA M., ZANONI F., ZHANG J.Y., KRITHIVASAN P., MEHL K., MARASA M., KHAN A., OZAY F., CANETTA P.A., BOMBACK A.S., APPEL G.B., SANNA-CHERCHI S., SAMPSON M.G., MARIANI L.H., PERKOWSKA-PTASIŃSKA A., DURLIK M., MUCHA K., MOSZCZUK B., FORONCEWICZ B., PĄCZEK L., ET AL.

The genetic architecture of membranous nephropathy and its potential to improve non-invasive diagnosis.

Nature Communications (2020) 11(1): 1600 (18 p.)

DOI:10.1038/s41467-020-15383-w

IF 12.121

5972

WAWRZYŃSKA A., SIRKO A.

The role of selective protein degradation in the regulation of iron and sulfur homeostasis in plants.

International Journal of Molecular Sciences (2020) 21(8): 2771

DOI:10.3390/ijms21082771

IF 4.556

5973

KRAUSE K., MACIĄG-DORSZYŃSKA M., WOSINSKI A., GAFFKE L., MORCINEK-ORŁOWSKA J., RINTZ E., BIELAŃSKA P., SZALEWSKA-PAŁASZ A., MUSKHELISHVILI G., WĘGRZYN G.

The role of metabolites in the link between DNA replication and central carbon metabolism in *Escherichia coli*.

Genes (2020) 11(4): E447

DOI:10.3390/genes11040447

IF 3.759

5974

ADRIAENSSENS E.M., SULLIVAN M.B., KNEZEVIC P., VAN ZYL L.J., SARKAR B.L., DUTILH B.E., ALFENAS-ZERBINI P., ŁOBOCKA M., TONG Y., BRISTER J.R., SWITT A.I.M., KLUMPP J., AZIZ R.K., BARYLSKI J., UCHIYAMA J., EDWARDS R.A., KROPINSKI A.M., PETTY N.K., CLOKIE M.R.J., KUSHKINA A.I., MOROZOVA V.V., DUFFY S., GILLIS A., RUMNIEKS J., KURTBÖKE I., ET AL.

Taxonomy of prokaryotic viruses: 2018-2019 update from the ICTV Bacterial and Archaeal Viruses Subcommittee.

Archives of Virology (2020) 165(5): 1253-1260

DOI: 10.1007/s00705-020-04577-8

IF 2.243

5975

BORECZEK J., LITWINEK D., ŻYLIŃSKA-URBAN J., IZAK D., BUKSA K., GAWOR J., GROMADKA R., BARDOWSKI J.K., KOWALCZYK M.

Bacterial community dynamics in spontaneous sourdoughs made from wheat, spelt, and rye wholemeal flour.

MicrobiologyOpen (2020) 9(4): e1009 (13 p.)

DOI: 10.1002/mbo3.1009

IF 3.142

5976

KEMPIŃSKI B., CHEŁSTOWSKA A., KRÓL K., RYMER Ł., FRYDZIŃSKA Z., GIRZALSKY W., SKONECZNA A., ERDMANN R., SKONECZNY M.

The peroxisomal targeting signal 3 (PTS3) of the budding yeast Acyl-CoA oxidase is a signal patch.

Frontiers in Cell and Developmental Biology(2020) 8: 198 (8 p.)

DOI: 10.3389/fcell.2020.00198

IF 5.201

5977

KALENIK B.M., GÓRA-SOCHACKA A., STACHYRA A., OLSZEWSKA-TOMCZYK M., FOGTMAN A., SAWICKA R., ŚMIETANKA K., SIRKO A.

Response to a DNA vaccine against the H5N1 virus depending on the chicken line and number of doses.

Virology Journal (2020) 17(1): 66 (10 p.)

DOI:10.1186/s12985-020-01335-9

IF 2.579

5978

BOCHEŃSKA K., GABIG-CIMIŃSKA M.

Unbalanced Sphingolipid metabolism and its implications for the pathogenesis of psoriasis.

Molecules (2020) 25(5): 1130 (19 p.)

DOI: 10.3390/molecules25051130

IF 3.267

5979

BAŁABAN J., WIERZBICKI M., ZIELIŃSKA M., SZCZEPANIAK J., SOSNOWSKA M., DANILUK K., CYSEWSKI D., KOCZOŃ P., CHWALIBOG A., SAWOSZ E.

Effects of graphene oxide nanofilm and chicken embryo muscle extract on muscle progenitor cell differentiation and contraction.

Molecules (2020) 25(8): 1991 (21 p.)

DOI: 10.3390/molecules25081991

IF 3.267

5980

MARZEC E., ŚWITALSKA M., WINIEWSKA-SZAJEWSKA M., WÓJCIK J., WIETRZYK J., MACIEJEWSKA A.M., POZNAŃSKI J., MIECZKOWSKI A.

The halogenation of natural flavonoids, baicalein and chrysin, enhances their affinity to human protein kinase CK2.

IUBMB Life (2020) 72(6): 1250-1261

DOI: 10.1002/iub.2298

IF 3.244

5981

MARZEC E., POZNAŃSKI J., PAPROCKI D.

Thermodynamic contribution of iodine atom to the binding of heterogeneously polyhalogenated benzotriazoles by the catalytic subunit of human protein kinase CK2.

IUBMB Life(2020) 72(6): 1203– 1210

DOI: 10.1002/iub.2257

IF 3.244

5982

KOŁAKOWSKI D., KAMIŃSKA J., ŻOŁĄDEK T.

The binding of the APT1 domains to phosphoinositides is regulated by metal ions *in vitro*.

BBA - Biomembranes (2020) 1862(9): 183349 (12 p.)

DOI: 10.1016/j.bbamem.2020.183349

IF 3.411

5983

BUDA J., ŁOKAS E., PIETRYKA M., RICHTER D., MAGOWSKI W., IAKOVENKO N.S., PORAZIŃSKA D.L., BUDZIK T., GRABIEC M., GRZESIAK J., KLIMASZYK P., GACA P., ZAWIERUCHA K.

Biotope and biocenosis of cryoconite hole ecosystems on Ecology Glacier in the maritime Antarctic.

Science of the Total Environment (2020) 724: 138112 (12 p.)

DOI: 10.1016/j.scitotenv.2020.138112

IF 6.551

5984

ONYSZKIEWICZ M., GAWRYŚ-KOPCZYŃSKA M., SAŁAGAJ M., ALEKSANDROWICZ M., SAWICKA A., KOŹNIEWSKA E., SAMBOROWSKA E., UFNAL M.

Valeric acid lowers arterial blood pressure in rats.

European Journal of Pharmacology (2020) 877: 173086 (10 p.)

DOI: 10.1016/j.ejphar.2020.173086

IF 3.263

5985

STACHOWIAK M., SZYMAŃSKI M., ORNOCH A., JANCEWICZ I., RUSETSKA N., CHRZAN A., DEMKOW T., SIEDLECKI J.A., SARNOWSKI T.J., SARNOWSKA E.

SWI/SNF chromatin remodeling complex and glucose metabolism are deregulated in advanced bladder cancer.

IUBMB Life (2020) 72(6): 1175-1188

DOI: 10.1002/iub.2254

IF 3.244

5986

JAGIELSKA B., OZDOWSKA P., GEPNER K., KUBALA S., SIEDLECKI J.A., SARNOWSKI T.J., SARNOWSKA E.

Cardiotoxicity danger in immunotherapy.

IUBMB Life (2020) 72(6): 1160-1167

DOI: 10.1002/iub.2299

IF 3.244

5987

MARCINKOWSKI M., PILŻYS T., GARBICZ D., STECIUK J., ZUGAJ D., MIELECKI D., SARNOWSKI T.J., GRZESIUŁ E.

Human and Arabidopsis alpha-ketoglutarate-dependent dioxygenase homolog proteins-New players in important regulatory processes.

IUBMB Life (2020) 72(6): 1126-1144

DOI: 10.1002/iub.2276

IF 3.244

5988

ŚWIĄTEK M., JANCEWICZ I., KLUEBSOONGNOEN J., ZUB R., MAASSEN A., KUBALA S., UDOMKIT A., SIEDLECKI J.A., SARNOWSKI T.J., SARNOWSKA E.

Various forms of HIF-1 alpha protein characterize the clear cell renal cell carcinoma cell lines.

IUBMB Life(2020) 72(6): 1220-1232

DOI: 10.1002/iub.2281

IF 3.244

5989

KASPEROWICZ S., MARZEC E., MACIEJEWSKA A., TRZYBIŃSKI D., BRETNER M., WOŹNIAK K., POZNAŃSKI J., MIECZKOWSKA K.

A competition between hydrophobic and electrostatic interactions in protein-ligand systems.

Binding of heterogeneously halogenated benzotriazoles by the catalytic subunit of human protein kinase CK2.

IUBMB Life (2020) 72(6): 1211-1219

DOI: 10.1002/iub.2271

IF 3.244

5990

SKORUPSKA A., BYSTRANOWSKA D., DĄBROWSKA K., OŻYHAR A.

Calcium ions modulate the structure of the intrinsically disordered Nucleobindin-2 protein.

International Journal of Biological Macromolecules (2020) 154: 1091-1104

DOI: 10.1016/j.ijbiomac.2020.03.110

IF 5.162

5991

TARDILLO-SUÁREZ V., KAREPINA E., CHEVALLET M., GALLET B., COTTET-ROUSSELLE C., CHARBONNIER P., MORISCOT CH., MICHAUD-SORET I., BAL W., FUCHS A., VERONESI G., DENIAUD A.

Nuclear translocation of silver ions and hepatocyte nuclear receptor impairment upon exposure to silver nanoparticles.

Environmental Science-Nano (2020) 7(5): 1373-1387

DOI: 10.1039/c9en01348b

IF 7.683

5992

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

Peptide bond cleavage in the presence of Ni-containing particles.

Metallomics (2020) 12(5): 649-653

DOI: 10.1039/d0mt00070a

IF 3.796

5993

BILSKA A., KUSIO-KOBIĄŁKA M., KRAWCZYK P.S., GEWARTOWSKA O., TARKOWSKI B., KOBYŁECKI K., NOWIS D., GOŁĄB J., GRUCHOTA J., BORSUK E., DZIEMBOWSKI A., MROCZEK S.

Immunoglobulin expression and the humoral immune response is regulated by the non-canonical poly(A) polymerase TENT5C.

Nature Communications (2020) 11(1): 2032

DOI: 10.1038/s41467-020-15835-3

IF 12.121

5994

MIER P., PALADIN L., TAMANA S., PETROSIAN S., HAJDU-SOLTÉSZ B., URBANEK ANNIKA GRUCA A., PLEWCZYŃSKI D., GRYNBERG M., BERNADÓ P., GÁSPÁRI Z., OUZOUNIS CH. A., PROMPONAS V.J., KAJAVA A.V., HANCOCK J.M., TOSATTO S.C.E., DOSZTANYI Z., ANDRADE-NAVARRO M.A.

Disentangling the complexity of low complexity proteins.

Briefings in Bioinformatics (2020) 21(2): 458-472

DOI:10.1093/bib/bbz007

IF 8.990

5995

STEFANIAK E., PŁONKA D., SZCZERBA P., WEZYNFELD N.E., BAL W.

Copper transporters? Glutathione reactivity of products of Cu–A β digestion by neprilysin.

Inorganic Chemistry(2020) 59(7): 4186-4190

DOI: 10.1021/acs.inorgchem.0c00427

IF 4.825

5996

TARNOWSKI L., COLLADOS-RODRIGUEZ M., BRZYWCZY J., PIECHO-KABACIK M., KRČKOVA Z., MARTINEC J., WAWRZYŃSKA A., SIRKO A.

A selective autophagy cargo receptor NBR1 modulates abscisic acid signalling in *Arabidopsis thaliana*.

Scientific Reports (2020) 10(1): 7778

DOI: 10.1038/s41598-020-64765-z

IF 3.998

5997

WALTER T., KLIM J., JURKOWSKI M., GAWOR J., KÖHLING I., SŁODOWNIK M., ZIELENKIEWICZ U.

Plasmidome of an environmental *Acinetobacter lwoffii* strain originating from a former gold and arsenic mine.

Plasmid (2020) 110: 102505 (17 p.)

DOI: 10.1016/j.plasmid.2020.102505

IF 2.805

5998

SZEWCZYK M., MALIK D., BOROWSKI Ł.S., CZARNOMSKA S.D., KOTRYS A.V., KŁOSOWSKA-KOSICKA K., NOWOTNY M., SZCZĘSNY R.J.

Human REXO2 controls short mitochondrial RNAs generated by mtRNA processing and decay machinery to prevent accumulation of double-stranded RNA.

Nucleic Acids Research (2020) 48(10): 5572-5590

DOI: 10.1093/nar/gkaa302

IF 11.501

5999

TONG J., NEJMAN-FALEŃCZYK B., BLOCH S., WĘGRZYN A., WĘGRZYN G., DONALDSON L.W.

Ea22 Proteins from Lambda and Shiga toxin-producing bacteriophages balance structural diversity with functional similarity.

ACS Omega (2020) 5(21): 12236–12244

DOI: 10.1021/acsomega.0c00894

IF 2.870

6000

TUDEK A., CZERWIŃSKA J., KOSICKI K., ZDŻALIK-BIELECKA D., SHAHMORADI-GHAHE S., BAŻLEKOWA-KARABAN M., BORSUK E.M., SPEINA E.

DNA damage, repair and the improvement of cancer therapy – A tribute to the life and research of Barbara Tudek.

Mutation Research - Genetic Toxicology and Environmental Mutagenesis (2020) 852(special issue): 503160

DOI: 10.1016/j.mrgentox.2020.503160

IF 2.506

6001

RAMACHANDRA RAO S., SKELTON L.A., WU F., ONYŚK A., SPOLNIK G., DANIKIEWICZ W., BUTLER M.C., STACKS D. A. SURMACZ L., MU X., ŚWIEŻEWSKA E., PITTLER S.J., FLIESLER S.J.

Retinal degeneration caused by rod-specific *DHDDS* ablation occurs without concomitant inhibition of protein *N*-glycosylation.

iScience (2020) 23(6): 101198 (18 p.)

DOI: 10.1016/j.isci.2020.101198

IF 4.447

6002

RZEPNIKOWSKA W., KAMIŃSKA J., KABZIŃSKA D., BINIĘDA K., KOCHAŃSKI A.

A yeast-based model for hereditary motor and sensory neuropathies: a simple system for complex, heterogeneous diseases.

International Journal of Molecular Sciences (2020) 21(12): E4277

DOI: 10.3390/ijms21124277

IF 4.556

6003

BIESZCZAD B., GARBICZ D., TRZYBIŃSKI D., DUDEK M.K., WOŹNIAK K., GRZESIUK E., MIECZKOWSKI A.

Unsymmetrically-substituted 5,12-dihydrodibenzo[*b,f*][1,4]diazocine-6,11-dione scaffold—a useful tool for bioactive molecules design.

Molecules (2020) 25(12): 2855 (24 p.)

DOI: 10.3390/molecules25122855

IF 3.267

6004

PAVLOVIC-DJURANOVIC S., ERATH J., ANDREWS R.J., BAYGUINOV P.O., CHUNG J.J., CHALKER D.L., FITZPATRICK J.A.J., MOSS W.N., SZCZĘSNY P., DJURANOVIC S.

Plasmodium falciparum translational machinery condones polyadenosine repeats.

eLife (2020) 9: e57799 (33 p.)

DOI: 10.7554/eLife.57799

IF 7.080

6005

NESTOROWICZ K., BOGACZ A., BUKOWSKA A., CHRAPLAK M., CZERWIŃSKI J., GÓRALSKI M., GRONKOWSKI M., JOPEK K., KNIŻEWSKI Ł., KOLASIŃSKI M., KOWALSKI M.L., NOWAK J., SOWIŃSKI M., WRÓBLEWSKA-KABBA S., TYMONIUK B., DUDKIEWICZ M.

High-resolution allele frequencies for NGS based HLA-A, B, C, DQB1 and DRB1 typing of 23,595 bone marrow donors recruited for the Polish central potential unrelated bone marrow donor registry.

Human Immunology (2020) 81(2-3): 49-51

DOI: 10.1016/j.humimm.2019.12.005

IF 2.412

6006

PANDA P., KOVACS L., DZHINDZHEV N., FATALSKA A., PERSICO V., GEYMONAT M., RIPARBELLI M., CALLAINI G., GLOVER D.M.

Tissue specific requirement of *Drosophila* Rcd4 for centriole duplication and ciliogenesis.

Journal of Cell Biology (2020) 219(8): e201912154

DOI: 10.1083/jcb.201912154

IF 8.811

6007

GREBIENIOW A., KORCZAK-ABSHIRE M., GASEK A., GÓRECKA-BRUZDA A.

Antarctic fur seal (*Arctocephalus gazella*) annual migration and temporal patterns of on-shore occurrence of leucistic individuals on King George Island.

Polar Biology (2020) 43(7): 929-935

DOI: 10.1007/s00300-020-02694-3

IF 1.728

6008

OLIVEIRA H., PINTO G., MENDES B., DIAS O., HENDRIX H., AKTURK E., NOBEN J.P., GAWOR J., ŁOBOCKA M., LAVIGNE R., AZEREDO J.

A tailspike with *Exopolysaccharide* depolymerase activity from a new *Providencia stuartii* phage makes multidrug-resistant bacteria susceptible to serum-mediated killing.

Applied and Environmental Microbiology (2020) 86(13): e00073-20

DOI: 10.1128/AEM.00073-20

IF 4.016

6009

MITACHI K., YUN HYUN G., GILLMAN C.D., SKORUPIŃSKA-TUDEK K., ŚWIEŻEWSKA E., CLEMONS W.M.JR., KUROSU M.

Substrate tolerance of bacterial glycosyltransferase MurG: novel fluorescence-based assays.

ACS Infectious Diseases (2020) 6(6): 1501-1516

DOI:10.1021/acsinfecdis.9b00242

IF 4.614

6010

KAZUŃ B., MAŁACZEWSKA J., KAZUŃ K., KAMIŃSKI R., ADAMEK-URBAŃSKA D., ŻYLIŃSKA-URBAN J.

Dietary administration of β -1,3/1,6-glucan and *Lactobacillus plantarum* improves innate immune response and increases the number of intestine immune cells in roach (*Rutilus rutilus*).

BMC Veterinary Research (2020) 16(1): 216 (10 p.)

DOI:10.1186/s12917-020-02432-1

IF 1.835

6011

CZARNECKA A.M., BARTNIK E., FIEDOROWICZ M., RUTKOWSKI P.
Targeted therapy in melanoma and mechanisms of resistance.
International Journal of Molecular Sciences (2020) 21(13): 4576 (21 p.)
DOI:10.3390/ijms21134576
IF 4.556

6012

JARNOT P., ZIEMSKA-LEGIECKA J., DOBSON L., MERSKI M., MIER P., ANDRADE-
NAVARRO M.A., HANCOCK J.M., DOSZTANYI Z., PALADIN L., NECCI M., PIOVESAN D.,
TOSATTO S.C.E., PROMPONAS V.J., GRYNBERG M., GRUCA A.
PlaToLoCo: the first web meta-server for visualization and annotation of low complexity regions in
proteins.
Nucleic Acids Research (2020) 48(W1): W77-W84
DOI: 10.1093/nar/gkaa339
IF 11.501

6013

KOPACZ A., KLÓSKA D., TARGOSZ-KORECKA M., ZAPOTOCZNY B., CYSEWSKI D.,
PERSONNIC N., WERNER E., HAJDUK K., JÓZKOWICZ A., GROCHOT-PRZĘCZEK A.
Keap1 governs ageing-induced protein aggregation in endothelial cells.
Redox Biology (2020) 34: 101572 (15 p.)
DOI: 10.1016/j.redox.2020.101572
IF 9.986

6014

SU X., DAUTANT A., GODARD F., BOUHIER M., ŻOŁĄDEK T., KUCHARCZYK R., DI
RAGO J.-P., TRIBOUILLARD-TANVIER D.
Molecular basis of the pathogenic mechanism induced by the m.9191T>C mutation in
mitochondrial *ATP6* gene.
International Journal of Molecular Sciences (2020) 21(14): 5083 (16 p.)
DOI: 10.3390/ijms21145083
IF 4.556

6015

SOCZEWKA P., FLIS K., TRIBOUILLARD-TANVIER D., DI RAGO J.-P., SANTOS C.N.,
MENEZES R., KAMIŃSKA J., ŻOŁĄDEK T.
Flavonoids as potential drugs for *VPS13*-dependent rare neurodegenerative diseases.
Genes (2020) 11(7): 828 (17 p.)
DOI: 10.3390/genes11070828
IF 3.759

6016

SOBOLEWSKA A., HAŁAS A., PŁACHTA M., McINTYRE J., ŚLEDZIEWSKA-GÓJSKA E.
Regulation of the abundance of Y-family polymerases in the cell cycle of budding yeast in response
to DNA damage.
Current Genetics (2020) 66(4): 749–763
DOI: 10.1007/s00294-020-01061-3
IF -

6017

MOK B.Y., DE MORAES M.H., ZENG J., BOSCH D.E., KOTRYS A.V., RAGURAM A., HSU F., RADEY M.C., PETERSON S.B., MOOTHA V.K., MOUGOUS J.D., LIU D.R.

A bacterial cytidine deaminase toxin enables CRISPR-free mitochondrial base editing.

Nature (2020) 583(7817): 631–637

DOI: 10.1038/s41586-020-2477-4

IF 42.778

6018

KLOSKA A., MALINOWSKA M., GABIG-CIMIŃSKA M., JAKÓBKIEWICZ-BANECKA J.
Lipids and lipid mediators associated with the risk and pathology of ischemic stroke.

International Journal of Molecular Sciences (2020) 21(10): 3618 (26 p.)

DOI: 10.3390/ijms21103618

IF 4.556

6019

KOTUNIAK R., STRAMPRAAD M.J.F., BOSSAK-AHMAD K., WAWRZY尼亚K U.E.,
UFNALSKA I., HAGEDOORN P.L., BAL W.

Key intermediate species reveal the copper(II)- exchange pathway in biorelevant ATCUN/NTS complexes.

Angewandte Chemie - International Edition (2020) 59(28): 11234-11239

DOI: 10.1002/anie.202004264

IF 12.959

6020

TENG X., STEFANIAK E., GIRVAN P., KOTUNIAK R., PŁONKA D., BAL W., YING L.
Hierarchical binding of copper^{II} to N-truncated Aβ₄₋₁₆ peptide.

Metallomics (2020) 12(4): 470-473

DOI: 10.1039/c9mt00299e

IF 3.796

6021

KLIMECKA M., BUCHOLC M., MASZKOWSKA J., KRZYWIŃSKA E., GOCH G.,
LICHOCKA M., SZCZEGIELNIAK J., DOBROWOLSKA G.

Regulation of ABA-non-activated SNF1-related protein kinase 2 signaling pathways by phosphatidic acid.

International Journal of Molecular Sciences (2020) 21(14): 4984

DOI: 10.3390/ijms21144984

IF 4.556

6022

JARMULSKI W., WIECZORKOWSKA A., TRZASKA M., HRYNIEWIECKA E., PĄCZEK L.,
CISZEK M.

Platelets level variability during the first year after liver transplantation in the risk prediction model for recipients mortality.

Annals of Hepatology (2020) 19(4): 417-421

DOI: 10.1016/j.aohep.2020.03.004

IF 2.125

6023

SPAŁEK M.J., KOZAK K., CZARNECKA A.M., BARTNIK E., BORKOWSKA A.,
RUTKOWSKI P.

Neoadjuvant treatment options in soft tissue sarcomas.

Cancers (2020) 12(8): 2061 (23 p.)

DOI:10.3390/cancers12082061

IF 6.126

6024

BADER G., ENKLER L., ARAISO Y., HEMMERLE M., BINKO K., BARANOWSKA E., DE
CRAENE J-O., RUER-LAVENTIE J., PIETERS J., TRIBOUILLARD-TANVIER D., SENGHER
B., DI RAGO J.-P., FRIANT S., KUCHARCZYK R., BECKER H.D.

Assigning mitochondrial localization of dual localized proteins using a yeast Bi-Genomic
Mitochondrial-Split-GFP.

eLife (2020) 9: e56649 (24 p.)

DOI: 10.7554/eLife.56649

IF 7.080

6025

KOTLARZ J., ZIELENKIEWICZ U., ZALEWSKA N.E., KUBIAK K.A.

Microbial component detection in Enceladus snowing phenomenon.

Astrophysical Bulletin (2020) 75(2): 166–175

DOI: 10.1134/S199034132002008X

IF 1.191

6026

BUCHOLC K., SKRAJNA A., ADAMSKA K., YANG X-C., KRAJEWSKI K., POZNAŃSKI J.,
DADLEZ M., DOMIŃSKI Z., ZHUKOV I.

Structural analysis of the SANT/Myb domain of FLASH and YARP proteins and their complex
with the C-terminal fragment of NPAT by NMR spectroscopy and computer simulations.

International Journal of Molecular Sciences (2020) 21(15): 5268

DOI:10.3390/ijms21155268

IF 4.556

6027

FERENC K., PILŹYS T., GARBICZ D., MARCINKOWSKI M., SKOROBOGATOV O.,
DYLEWSKA M., GAJEWSKI Z., GRZESIUŁ E., ZABIELSKI R.

Intracellular and tissue specific expression of FTO protein in pig: changes with age, energy intake
and metabolic status.

Scientific Reports (2020) 10(1): 13029

DOI: <https://doi.org/10.1038/s41598-020-69856-5>

IF 3.998

6028

ROGALA M.M., GAWOR J., GROMADKA R., KOWALCZYK M., GRZESIAK J.

Biodiversity and habitats of polar region polyhydroxyalkanoic acid-producing bacteria:
bioprospection by popular screening methods.

Genes (2020) 11(8): 873

DOI: 10.3390/genes11080873

IF 3.759

6029

CZARNECKA A.M., SYNORADZKI K., FIRLEJ W., BARTNIK E., SOBCZUK P., FIEDOROWICZ M., GRIEB P., RUTKOWSKI P.

Molecular biology of osteosarcoma.

Cancers (2020) 12(8): 2130 (27 p.)

DOI: 10.3390/cancers12082130

IF 6.126

6030

KARBOWNIK A., MIEDZIASZCZYK M., GRABOWSKI T., STANISŁAWIAK-RUDOWICZ J., JAŻWIEC R., WOLC A., GRZEŚKOWIAK E., SZĄŁEK E.

In vivo assessment of potential for UGT-inhibition-based drug-drug interaction between sorafenib and tapentadol.

Biomedicine & Pharmacotherapy (2020) 130: 110530 (9 p.)

DOI: 10.1016/j.biopha.2020.110530

IF 4.545

6031

LEWICKA E., DOŁOWY P., GODZISZEWSKA J., LITWIN E., LUDWICZAK M., JAGURA-BURDZY G.

Transcriptional organization of the stability module of broad-host-range plasmid RA3, from the IncU group.

Applied and Environmental Microbiology (2020) 86(16): e00847-20

DOI: 10.1128/AEM.00847-20

IF 4.016

6032

SŁOMIŃSKI B., RYBA-STANISŁAWOWSKA M., SKRZYPKOWSKA M., GABIG-CIMIŃSKA M., MYŚLIWIEC M.

A new potential mode of cardiorenal protection of *KLOTHO* gene variability in type 1 diabetic adolescents.

Journal of Molecular Medicine (2020) 98: 955–962

DOI: 10.1007/s00109-020-01918-7

IF 4.427

6033

KŁOSKA A., KORZON-BURAKOWSKA A., MALINOWSKA M., BRUHN-OLSZEWSKA B., GABIG-CIMIŃSKA M., JAKÓBKIEWICZ-BANECKA J.

The role of genetic factors and monocyte-to-osteoclast differentiation in the pathogenesis of Charcot neuroarthropathy

Diabetes Research and Clinical Practice (2020) 166: 108337 (10 p.)

DOI: 10.1016/j.diabres.2020.108337

IF 4.234

6034

DRABIŃSKA J., ZIĘCINA M., MODZELAN M., JAGURA-BURDZY G., KRASZEWSKA E.

Individual Nudix hydrolases affect diverse features of *Pseudomonas aeruginosa*.

MicrobiologyOpen (2020) 9: e1052 (18 p.)

DOI: 10.1002/mbo3.1052

IF 3.142

6035

OSTROWSKA-MAZUREK A., KASPRZAK P., KUBALA S., ZABOROWSKA M.,
SOBIESZCZUK-NOWICKA E.

Epigenetic landmarks of leaf senescence and crop improvement.

International Journal of Molecular Sciences (2020) 21(14): 5125

DOI: 10.3390/ijms21145125

IF 4.556

6036

ZIMBRES F.M., VALENCIANO A.L., MERINO E.F., FLORENTIN A., HOLDERMAN N.R.,
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*.

Scientific Reports (2020) 10(1): 13264

DOI: 10.1038/s41598-020-70246-0

IF 3.998

6037

BIESZCZAD B., PAWLĘDZIO S., POLAK K., ANTONOWICZ J., MIECZKOWSKI A.,
TRZYBIŃSKI D.

Influence of halogen size on the supramolecular and energy landscape of the THF solvates of the
halogen derivatives of dianthranilide.

CrystEngComm (2020) 22(32): 5389-5399

DOI: 10.1039/D0CE00525H

IF 3.117

6038

BUCHA M., DETMAN A., PLEŚNIAK Ł., DRZEWICKI W., KUFKA D., CHOJNACKA A.,
MIELECKI D., KRAJNIAK J., JĘDRYSEK M.O., SIKORA A., MARYNOWSKI L.

Microbial methane formation from different lithotypes of Miocene lignites from the Konin Basin,
Poland: Geochemistry of the gases and composition of the microbial communities.

International Journal of Coal Geology (2020) 229: 103558 (13 p.)

DOI: 10.1016/j.coal.2020.103558

IF 5.692

6039

GAWRYŚ-KOPCZYŃSKA M., KONOP M., MAKSYMIAK K., KRASZEWSKA K., DERZSI L.,
SOZAŃSKI K., HOŁYST R., PILZ M., SAMBOROWSKA E., DOBROWOLSKI L.,
JAWORSKA K., MOGILNICKA I., UFNAL M.

TMAO, a seafood-derived molecule, produces diuresis and reduces mortality in heart failure rats.

eLife (2020) 9: e57028 (31 p.)

DOI: 10.7554/eLife.57028

IF 7.080

6040

DMOWSKI M., KERN-ZDANOWICZ I.

A novel mobilizing tool based on the conjugative transfer system of the IncM plasmid pCTX-M3.

Applied and Environmental Microbiology (2020) 86(17): e01205-20

DOI: 10.1128/AEM.01205-20

IF 4.016

6041

BIESZCZAD B., SIWEK A., WILCZEK M., TRZYBIŃSKI D., WOŹNIAK K., SATAŁA G., BOJARSKI A.J., MIECZKOWSKI A.

Synthesis, crystal structure and biological activity of novel analogues of tricyclic drugs.

Bioorganic and Medicinal Chemistry Letters (2020) 30(21): 127493 (6 p.)

DOI: 10.1016/j.bmcl.2020.127493

IF 2.572

6042

EDANI B.H., GRABIŃSKA K., ZHANG R., PARK E.J., SICILLIANO B., SURMACZ L., HA Y., SESSA W.C.

Structural elucidation of the cis-prenyltransferase NgBR/DHDDS complex reveals insights in regulation of protein glycosylation.

Proceedings of the National Academy of Sciences USA (2020) 117(34): 20794-20802

DOI: 10.1073/pnas.2008381117

IF 9.412

6043

BENTINGER M., DALLNER G., BRISMAR K., ŚWIEŻEWSKA E., TEKLE M.

Age dependent changes of coenzyme Q levels and its induction in experimental systems.

Chapter 16 in: **Coenzyme Q in Aging**, Springer Nature. Ed. G. López Lluch; ebook ISBN 978-3-030-45642-9 [369 p.] 2020, p.329-346

DOI: 10.1007/978-3-030-45642-9_16

6044

BOSSAK-AHMAD K., FRĄCZYK T., BAL W., DREW S.C.

The Sub-picomolar Cu²⁺ dissociation constant of human serum albumin.

ChemBioChem (2020) 21(3): 331-334

DOI: 10.1002/cbic.201900435

IF 2.576

6045

BOSSAK-AHMAD K., WIŚNIEWSKA M.D., BAL W., DREW S.C., FRĄCZYK T.

Ternary Cu(II) complex with GHK peptide and *Cis*-Urocanic acid as a potential physiologically functional copper chelate.

International Journal of Molecular Sciences (2020) 21(17): 6190 (17 p.)

DOI: 10.3390/ijms21176190

IF 4.556

6046

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

Peptide bond cleavage by Ni(II) ions within the nuclear localization signal sequence.

Chemistry and Biodiversity (2020) 17(2): e1900652

DOI: 10.1002/cbdv.201900652

IF 2.039

6047

HUKOWSKA-SZERMATOWICZ B., MACIEJAK-JASTRZĘBSKA A., BLATKIEWICZ M., MACIAK K., GÓRA M., JANISZEWSKA J., BURZYŃSKA B.

Changes in MicroRNA expression during rabbit hemorrhagic disease virus (RHDV) infection.

Viruses (2020) 12(9): 965 (17 p.)

DOI: 10.3390/v12090965

IF 3.816

6048

RAK M., OCHAŁEK A., GAWARECKA K., MASNYK M., CHMIELEWSKI M., CHOJNACKI T., ŚWIEŻEWSKA E., MADEJA Z.

Boost of serum resistance and storage stability in cationic polyprenyl-based lipofection by helper lipids compositions.

European Journal of Pharmaceutics and Biopharmaceutics (2020) 155: 199-209

DOI: 10.1016/j.ejpb.2020.07.028

IF 4.604

6049

KUŹNIEWSKA B., CYSEWSKI D., WASILEWSKI M., SAKOWSKA P., MIŁEK J., KULIŃSKI T.M., WINIARSKI M., KOZIELEWICZ P., KNAPSKA E., DADLEZ M., CHACIŃSKA A., DZIEMBOWSKI A., DZIEMBOWSKA M.

Mitochondrial protein biogenesis in the synapse is supported by local translation.

EMBO Reports (2020) 21(8): e48882 (15 p.)

DOI: 10.15252/embr.201948882

IF 7.497

6050

PIĄTKOWSKI J., GOLIK P.

Yeast pentatricopeptide protein Dmr1 (Ccm1) binds a repetitive AU-rich motif in the small subunit mitochondrial ribosomal RNA.

RNA (2020) 26(9): 1268-1282

DOI: 10.1261/rna.074880.120

IF 4.320

6051

DRAPAŁA A., SZUDZIK M., CHABOWSKI D., MOGILNICKA I., JAWORSKA K., KRASZEWSKA K., SAMBOROWSKA E., UFNAL M.

Heart failure disturbs gut-blood barrier and increases plasma trimethylamine, a toxic bacterial metabolite.

International Journal of Molecular Sciences (2020) 21(17): 6161 (15 p.)

DOI: 10.3390/ijms21176161

IF 4.556

6052

CARRARO M., JONES K., SARTORI G., SCHIAVONE M., ANTONUCCI S., KUCHARCZYK R., DI RAGO J.-P., FRANCHIN C., ARRIGONI G., FORTE M., BERNARDI P.

The unique cysteine of F-ATP synthase OSCP subunit participates in modulation of the permeability transition pore.

Cell Reports (2020) 32(9): 108095

DOI: 10.1016/j.celrep.2020.108095

IF 8.109

6053

KŁOSKA A., WĘSIERSKA M., MALINOWSKA M., GABIG-CIMIŃSKA M.,
JAKÓBKIEWICZ-BANECKA J.

Lipophagy and lipolysis status in lipid storage and lipid metabolism diseases.

International Journal of Molecular Sciences (2020) 21(17): 6113 (31 p.)

DOI: 10.3390/ijms21176113

IF 4.556

6054

WIĘSYK A., LIRSKI M., FOGTMAN A., ZAGÓRSKI-OSTOJA W., GÓRA-SOCHACKA A.

Differences in gene expression profiles at the early stage of *Solanum lycopersicum* infection with mild and severe variants of potato spindle tuber viroid.

Virus Research (2020) 286: 198090

DOI: 10.1016/j.virusres.2020.198090

IF 2.934

6055

POTOCKA M., KRZEMIŃSKA E., GROMADKA R., GAWOR J., KOCOT-ZALEWSKA J.

Molecular identification of *Trichocera maculipennis*, an invasive fly species in the Maritime Antarctic.

Molecular Biology Reports (2020) 47(8): 6379-6384

DOI: 10.1007/s11033-020-05566-5

IF 1.402

6056

DIAS C., ALMEIDA C., ŁOBOCKA M., OLIVEIRA H.

Genome sequences of four potentially therapeutic bacteriophages infecting Shiga toxin-producing *Escherichia coli*.

Microbiology Resource Announcements (2020) 9(36): e00749-20

DOI: 10.1128/MRA.00749-20

IF -

6057

FRICKE T., SMALAKYTE D., ŁAPIŃSKI M., PATERIA A., WEIGE CH., PASTOR M.,

KOLANO A., WINATA C., SIKSNYS V., TAMULAITIS G., BOCHTLER M.

Targeted RNA knockdown by a type III CRISPR-Cas complex in zebrafish.

CRISPR Journal (2020) 3(4): 299-313

DOI: 10.1089/crispr.2020.0032

IF 5.343

6058

PLEŃKOWSKA J., GABIG-CIMIŃSKA M., MOZOLEWSKI P.

Oxidative stress as an important contributor to the pathogenesis of psoriasis.

International Journal of Molecular Sciences (2020) 21(17): E6206

DOI: 10.3390/ijms21176206

IF 4.556

6059

SIENKO D., KLIMCZAK-TOMANIAK D., KULESZA A., SYMONIDES H., KUCH M., PĄCZEK L., BURDZIŃSKA A.

The influence of oxygen deprivation and donor age on the effect of statins on human mesenchymal stromal cells.

Tissue and Cell (2020) 67: 101427 (7 p.)

DOI: 10.1016/j.tice.2020.101427

IF 1.837

6060

FIDOR A., GRABSKI M., GAWOR J., GROMADKA R., WĘGRZYN G., MAZUR-MARZEC H. Nostoc edaphicum CCNP1411 from the Baltic Sea-A new producer of Nostocyclopeptides.

Marine Drugs (2020) 18(9): 442 (18 p.)

DOI: 10.3390/md18090442

IF 4.073

6061

NIEMIRO A., CYSEWSKI D., BRZYWCZY J., WAWRZYŃSKA A., SIENKO M., POZNAŃSKI J., SIRKO A.

Similar but not identical-binding properties of LSU (response to low sulfur) proteins from *Arabidopsis thaliana*.

Frontiers in Plant Science (2020) 11: 1246 (15 p.)

DOI: 10.3389/fpls.2020.01246

IF 4.402

6062

TOPKA-BIELECKA G., BLOCH S., NEJMAN-FALEŃCZYK B., GRABSKI M., JURCZAK-KUREK A., GÓRNIAK M., DYDECKA A., NECEL A., WĘGRZYN G., WĘGRZYN A.

Characterization of the bacteriophage vB_EfaS-271 infecting *Enterococcus faecalis*.

International Journal of Molecular Sciences (2020) 21(17): E6345 (27 p.)

DOI: 10.3390/ijms21176345

IF 4.556

6063

KOCISZEWSKA-NAJMAN B., MAZANOWSKA N., BOREK-DZIĘCIOŁ D., PĄCZEK L., SAMBOROWSKA E., SZPOTAŃSKA-SIKORSKA M., PIETRZAK B. DADLEZ M., WIELGOŚ M.

Low content of cyclosporine A and its metabolites in the Colostrum of post-transplant mothers.

Nutrients (2020) 12(9): 2713 (11 p.)

DOI:10.3390/nu12092713

IF 4.546

6064

WITKIEWICZ-KUCHARCZYK A., GOCH W., OLĘDZKI J., HARTWIG A., BAL W.

The reactions of H₂O₂ and GSNO with the zinc finger motif of XPA. Not a regulatory mechanism, but no synergy with Cadmium toxicity.

Molecules (2020) 25(18): 4177

DOI: 10.3390/molecules25184177

IF 3.267

6065

DING Q., KUCHARCZYK R., ZHAO W., DAUTANT A., XU S., NIEDŹWIECKA K., SU X., GIRAUD M.-F., GOMBEAU K., ZHANG M., XIE H., ZENG C., BOUHIER M., DI RAGO J.-P., LIU Z., TRIBOUILLARD-TANVIER D., CHEN H.

Case report: identification of a novel variant (m.8909T>C) of human mitochondrial ATP6 gene and its functional consequences on yeast ATP synthase.

Life-Basel (2020) 10(9): 215 (20 p.)

DOI: 10.3390/life10090215

IF 2.991

6066

LUTZ T., CZAPIŃSKA H., FOMENKOV A., POTAPOV V., HEITER D.F., CAO B., DEDON P., BOCHTLER M., XU S.-Y.

Protein domain guided screen for sequence specific and phosphorothioate-dependent restriction endonucleases.

Frontiers in Microbiology (2020) 11:1960 (15 p.)

DOI: 10.3389/fmicb.2020.01960

IF 4.235

6067

WAWRZYŃSKA A., SIRKO A.

Proteasomal degradation of proteins is important for the proper transcriptional response to sulfur deficiency conditions in plants.

Plant and Cell Physiology (2020) 61(9): 1548–1564

DOI: 10.1093/pcp/pcaa076

IF 4.062

6068

KOZAK K., TETERYCZ P., ŚWITAJ T., KOSEŁA-PATERCZYK H., FALKOWSKI S., MORYSIŃSKI T., BARTNIK E., CZARNECKA A.M., WĄGRODZKI M., ŁUGOWSKA I., RUTKOWSKI P.

The long-term outcomes of intensive combined therapy of adult patients with localised synovial sarcoma.

Journal of Clinical Medicine (2020) 9(10): 3129 (12 p.)

DOI: 10.3390/jcm9103129

IF 3.303

6069

MALIK D., KOBYLECKI K., KRAWCZYK P., POZNAŃSKI J., JAKIELASZEK A., NAPIÓRKOWSKA A., DZIEMBOWSKI A., TOMECKI R., NOWOTNY M.

Structure and mechanism of CutA, RNA nucleotidyl transferase with an unusual preference for cytosine.

Nucleic Acids Research (2020) 48(16): 9387-9405

DOI: 10.1093/nar/gkaa647

IF 11.501

6070

ZARZECKA U., GRINZATO A., KANDIAH E., CYSEWSKI D., BERTO P., SKORKO-GLONEK J., ZANOTTI G., BACKERT S.

Functional analysis and cryo-electron microscopy of *Campylobacter jejuni* serine protease HtrA.

Gut Microbes (2020) 12(1): 1-16

DOI: 10.1080/19490976.2020.1810532

IF 7.740

6071

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

Higher concentrations of cyclosporine metabolites in liver transplant recipients with a history of viral and bacterial infections.

Transplantation Proceedings (2020) 52(8): 2503-2506

DOI: 10.1016/j.transproceed.2020.03.039

IF 0.784

6072

PERLIŃSKA-LENART U., PIŁSYK S., GRYZ E., TURŁO J., HILSZCZAŃSKA D., KRUSZEWSKA J.S.

Identification of bacteria and fungi inhabiting fruiting bodies of Burgundy truffle (*Tuber aestivum* Vittad.).

Archives of Microbiology (2020) 202(10): 2727–2738

DOI: 10.1007/s00203-020-02002-x

IF 1.884

6073

WEZYNFELD N.E., TOBOLSKA A., MITAL M., WAWRZYNIAK U.E., WILOCH M.Z., PŁONKA D., BOSSAK-AHMAD K., WRÓBLEWSKI W., BAL W.

$A\beta_{5-x}$ peptides: N-terminal truncation yields tunable Cu(II) complexes.

Inorganic Chemistry (2020) 59(19): 14000-14011

DOI: 10.1021/acs.inorgchem.0c01773

IF 4.825

6074

GRZYBEK M., TOŁKACZ K., SIRONEN T., MÄKI S., ALSARRAF M., BEHNKE-BOROWCZYK J., BIERNAT B., NOWICKA J., VAHERI A., HENTTONEN H., BEHNKE J.M., BAJER A.

Zoonotic viruses in three species of voles from Poland.

Animals (2020) 10(10): 1820 (1-8)

DOI: 10.3390/ani10101820

IF 2.323

6075

KISIAŁA M., KOWALSKA M., PASTOR M., KORZA H.J., CZAPIŃSKA H., BOCHTLER M.

Restriction endonucleases that cleave RNA/DNA heteroduplexes bind dsDNA in A-like conformation.

Nucleic Acids Research (2020) 48(12): 6954-6969

DOI: 10.1093/nar/gkaa403

IF 11.501

6076

CIECIURA T., URBANOWICZ A., FORONCEWICZ B., HRYNIEWIECKA E., PĄCZEK L., CISZEK M.

Hepatocellular carcinoma is a negative predictor of sustained viral response in liver transplant recipients with hepatitis C treated with direct-acting antivirals.

Transplantation Proceedings (2020) 52(8): 2450-2453

DOI: 10.1016/j.transproceed.2020.01.098

IF 0.784

6077

XU G., BOCHTLER M.

Reversal of nucleobase methylation by dioxygenases.

Nature Chemical Biology (2020) 16(11): 1160-1169

DOI: 10.1038/s41589-020-00675-5

IF 12.587

6078

KUREK K., GEWARTOWSKA O., TOŁKACZ K., JĘDRZEJEWSKA B., MYŚLAJEK R.W.

Home range size, habitat selection and roost use by the whiskered bat (*Myotis mystacinus*) in human-dominated montane landscapes.

PLOS ONE (2020) 15(10): e0237243

DOI:10.1371/journal.pone.0237243

IF 2.740

6079

PIŁSYK S., MIECZKOWSKI A., GOLAN M.P., WAWRZYNIAK A., KRUSZEWSKA J.S.

Internalization of the *Aspergillus nidulans* AstA transporter into mitochondria depends on growth conditions, and affects ATP levels and sulfite oxidase activity.

International Journal of Molecular Sciences (2020) 21(20): 7727 (15 p.)

DOI: 10.3390/ijms21207727

IF 4.556

6080

PIOTROWSKA-NOWAK A., KRAWCZYŃSKI M.R., KOSIOR-JARECKA E., AMBROZIAK A.M., KORWIN M., OŁDAK M., TOŃSKA K., BARTNIK E.

Mitochondrial genome variation in male LHON patients with the m.11778G > A mutation.

Metabolic Brain Disease (2020) 35(8): 1317-1327

DOI: 10.1007/s11011-020-00605-3

IF 2.726

6081

KOSZNIK-KWAŚNICKA K., CIEMIŃSKA K., GRABSKI M., GRABOWSKI Ł., GÓRNIAK M., JURCZAK-KUREK A., WĘGRZYN G., WĘGRZYN A.

Characteristics of a series of three bacteriophages infecting *Salmonella enterica* strains.

International Journal of Molecular Sciences (2020) 21(17): 6152

DOI: 10.3390/ijms21176152

IF 4.556

6082

BAKUŁA Z., GROMADKA R., GAWOR J., SIEDLECKI P., POMORSKI J.J., MACISZEWSKI K., GROMADKA A., KARNKOWSKA A., JAGIELSKI T.

Sequencing and analysis of the complete organellar genomes of *Prototheca wickerhamii*.

Frontiers in Plant Science (2020) 11: 1296 (8 p.)

DOI: 10.3389/fpls.2020.01296

IF 4.402

6083

MACIAK K., ADAMOWICZ-SALACH A., POZNAŃSKI J., GÓRA M., FRONK J., BURZYŃSKA B.

A family affected by a life-threatening erythrocyte defect caused by pyruvate kinase deficiency with normal iron status: a case report.

Frontiers in Genetics (2020) 11: 560248

DOI: 10.3389/fgene.2020.560248

IF 3.260

6084

TYMOSZEWSKA A., WALCZAK P., ALEKSANDRZAK-PIEKARCZYK T.

BacSJ-another bacteriocin with distinct spectrum of activity that targets Man-PTS.

International Journal of Molecular Sciences (2020) 21(21): 7860 (18 p.)

DOI:10.3390/ijms21217860

IF 4.556

6085

BYKOWSKI M., MAZUR R., BUSZEWICZ D., SZACH J., MOSTOWSKA A., KOWALEWSKA Ł.
Spatial nano-morphology of the prolamellar body in etiolated *Arabidopsis thaliana* plants with disturbed pigment and polyprenol composition.

Frontiers in Cell and Developmental Biology (2020) 8: 586628 (16 p.)

DOI:10.3389/fcell.2020.586628

IF 5.186

6086

FUDAŁA K., BIALIK R.J.

Breeding colony dynamics of southern elephant seals at Patelnia Point, King George Island, Antarctica.

Remote Sensing (2020) 12(18): 2964 (18 p.)

DOI: 10.3390/rs12182964

IF 4.509

6087

PUCHAŁA W., BURDUKIEWICZ M., KISTOWSKI M., DĄBROWSKA K., BADACZEWSKA-DAWID A., CYSEWSKI D., DADLEZ M.

HaDeX: an R package and web-server for analysis of data from hydrogen–deuterium exchange mass spectrometry experiments

Bioinformatics (2020) 36(16): 4516-4518

DOI: 10.1093/bioinformatics/btaa587

IF 5.610

6088

ZIELNIOK K., BURDZIŃSKA A., KALETA B., ZAGOŹDŻON A., PĄCZEK L.

Vadadustat, a HIF prolyl hydroxylase inhibitor, improves immunomodulatory properties of human mesenchymal stromal cells.

Cells (2020) 9(11): 2396 (18 p.)

DOI: 10.3390/cells9112396

IF 4.366

6089

GUTOWSKA-OWSIK D., PODOBAS E.I., EGGELING C., OGG G.S., DE LA SERNA J.B.
Addressing differentiation in live human keratinocytes by assessment of membrane packing order.
Frontiers in Cell and Developmental Biology (2020) 8: 573230 (11 p.)
DOI: 10.3389/fcell.2020.573230
IF 5.186

6090

TRUSZEWSKA A., WIRKOWSKA A., GALA K., TRUSZEWSKI P., KRZEMIEN-OJAK Ł.,
PERKOWSKA-PTASIŃSKA A., MUCHA K., PĄCZEK L., FORONCEWICZ B.
Cell-free DNA profiling in patients with lupus nephritis.
Lupus (2020) 29(13): 1759-1772
DOI: 10.1177/0961203320957717
IF 2.251

6091

FATALSKA A., DZHINDZHEV N.S., DADLEZ M., GLOVER D.M.
Interaction interface in the C-terminal parts of centriole proteins Sas6 and Ana2.
Open Biology (2020) 10(11): 200221 (10 p.)
DOI: 10.1098/rsob.200221
IF 4.931

6092

PIŁSYK S., PERLIŃSKA-LENART U., JANIŁ A., GRYZ E., AJCHLER-ADAMSKA M.,
KRUSZEWSKA J.S.
Yil102c-A is a functional homologue of the DPMII subunit of dolichyl phosphate mannose
synthase in *Saccharomyces cerevisiae*.
International Journal of Molecular Sciences (2020) 21(23): 8938
DOI: 10.3390/ijms21238938
IF 4.556

6093

KOSZNIK-KWAŚNICKA K., GRABOWSKI Ł., GRABSKI M., KASZUBSKI M., GÓRNIŁK
M., JURCZAK-KUREK A., WĘGRZYN G., WĘGRZYN A.
Bacteriophages vB_Sen-TO17 and vB_Sen-E22, newly isolated viruses from chicken feces, specific
for several *Salmonella enterica* strains.
International Journal of Molecular Sciences (2020) 21(22): 8821
DOI: 10.3390/ijms21228821
IF 4.556

6094

MITAL M., SZUTKOWSKI K., BOSSAK-AHMAD K., SKROBECKI P., DREW S.C.,
POZNAŃSKI J., ZHUKOV I., FRĄCZYK T., BAL W.
The Palladium(II) complex of A β ₄₋₁₆ as suitable model for structural studies of biorelevant
copper(II) complexes of N-truncated beta-amyloids.
International Journal of Molecular Sciences (2020) 21(23): 9200
DOI: 10.3390/ijms21239200
IF 4.556

6095

DREW S.C.

Aldehyde production as a calibrant of ultrasonic power delivery during protein misfolding cyclic amplification.

Protein Journal (2020) 39(5): 501-508

DOI: 10.1007/s10930-020-09920-1

IF 1.317

6096

LUKAN T., POMPE-NOVAK M., BAEBLER Š., TUŠEK-ŽNIDARIČ M., KLADNIK A., KRIŽNIK M., BLEJEC A., ZAGORŠČAK M., STARE K., DUŠAK B., COLL A., POLLMANN S., MORGIEWICZ K., HENNIG J., GRUDEN K.

Precision transcriptomics of viral foci reveals the spatial regulation of immune-signaling genes and identifies *RBOHD* as an important player in the incompatible interaction between potato virus Y and potato.

Plant Journal (2020) 104(3): 645-661

DOI: 10.1111/tpj.14953

IF 6.141

6097

HABICH M., PAWLIŃSKI B., SADY M., SIEWRUK K., ZIELENKIEWICZ P., GAJEWSKI Z., SZCZĘSNY P.

Stress-induced phosphaturia in weaned piglets.

Animals (2020) 10(12): 2220

DOI: 10.3390/ani10122220

IF 2.323

6098

TOMKUVIENĖ M., IKASALAITĖ D., SLYVKA A., RUKŠĖNAITĖ A., RAVICHANDRAN M., JURKOWSKI T.P., BOCHTLER M., KLIMAŠAUSKAS S.

Enzymatic hydroxylation and excision of extended 5-methylcytosine analogues.

Journal of Molecular Biology (2020) 432(23): 6157-6167

DOI: 10.1016/j.jmb.2020.10.011

IF 4.760

6099

KLIM J., ZIELENKIEWICZ U., KURLANDZKA A., KACZANOWSKI S., SKONECZNY M.

Slow adaptive response of budding yeast cells to stable conditions of continuous culture can occur without genome modifications.

Genes (2020) 11(12): 1419 (18 p.)

DOI:10.3390/genes11121419

IF 3.759

6100

YUAN Y-G., WANG J-L., MESALAM A., LI L., CHOI Y-J., REZA A.M.T., ZHOU D., CHEN L., QIAN CH.

Nicotinamide-induced mouse embryo developmental defect rescued by resveratrol and I-CBP112.

Molecular Reproduction and Development (2020) 87(9): 1009-1017

DOI: 10.1002/mrd.23405

IF 2.823

6101

NOGA T., KOCHMAN-KĘDZIORA N., OLECH M., VAN DE VIJVER B.

Limno-terrestrial diatom flora in two stream valleys near Arctowski Station, King George Island, Antarctica.

Polish Polar Research (2020) 41(4): 289-314

DOI: 10.24425/ppr.2020.134793

IF 1.065

6102

GOŚCIŃSKA K., SHAHMORADI-GHAHE S., DOMOGAŁA S., TOPF U.

Eukaryotic elongation factor 3 protects *Saccharomyces cerevisiae* yeast from oxidative stress.

Genes (2020) 11(12): 1432 (14 p.)

DOI: 10.3390/genes11121432

IF 3.759

6103

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

Dynamic(¹⁵N{H-¹}) NOE measurements: a tool for studying protein dynamics.

Journal of Biomolecular NMR (2020) 74(12): 707-716

DOI: 10.1007/s10858-020-00346-6

IF 2.634

6104

DENKIEWICZ-KRUK M., JĘDRYCHOWSKA M., ENDO S., ARAKI H., JONCZYK P., DMOWSKI M., FIJAŁKOWSKA I.J.

Recombination and Pol ζ rescue defective DNA replication upon impaired CMG helicase— Pol ε interaction.

International Journal of Molecular Sciences (2020) 21(24): 948 (24 p.)

DOI: 10.3390/ijms21249484

IF 4.556

6105

STEFANIAK E., PUSHIE M.J., VAEREWYCK C., CORCELLI D., GRIGGS C., LEWIS W., KELLEY E., MALONEY N., SENDZIK M., BAL W., HAAS K.L.

Exploration of the potential role for Aβ in delivery of extracellular copper to Ctr1.

Inorganic Chemistry(2020) 59(23): 16952–16966

DOI: 10.1021/acs.inorgchem.0c02100

IF 4.825

6106

KRASZEWSKA E., DRABIŃSKA J.

Nudix proteins affecting microbial pathogenesis.

Microbiology (2020) 166(12): 1110–1114

DOI: 10.1099/mic.0.000993

IF 2.138

6107

KACZANOWSKI S.

Symbiotic origin of apoptosis.

Chapter in: **Results and Problems in Cell Differentiation**, Springer. Ed. M. Kloc; ISBN 978-3-030-51848-6, 2020, vol. 69, p.253-280

DOI: 10.1007/978-3-030-51849-3_10

6108

GOŚCIŃSKA K., TOPF U.

The evolving role of ribosomes in the regulation of protein synthesis.

Acta Biochimica Polonica (2020) 67(4): 465-473

DOI: 10.18388/abp.2020_5384

IF 1.420

6109

KOCHMAN-KĘDZIORA N., OLECH M., VAN DE VIJVER B.

A critical analysis of the type of *Navicula skuae* with the description of a new *Navicula* species (Naviculaceae, Bacillariophyta) from the Antarctic Region.

Phytotaxa (2020) 474(1): 15-26

DOI: 10.11646/phytotaxa.474.1.2

IF 1.007

6110

KARMAN Z., RETHI-NAGY Z., ABRAHAM E., FABRI-ORDOGH L., CSONKA A., VILMOS P., DĘBSKI J., DADLEZ M., GLOVER D.M., LIPINSZKI Z.

Novel perspectives of target-binding by the evolutionarily conserved PP4 phosphatase.

Open Biology (2020) 10(12): 200343 (12 p.)

DOI: 10.1098/rsob.200343

IF 4.931

6111

CIEŚLA M., TUROWSKI T.W., NOWOTNY M., TOLLERVEY D., BOGUTA M.

The expression of Rpb10, a small subunit common to RNA polymerases, is modulated by the R3H domain-containing Rbs1 protein and the Upf1 helicase.

Nucleic Acids Research (2020) 48(21): 12252-12268

DOI: 10.1093/nar/gkaa1069

IF 11.502

6112

KAUS-DROBEK M., MÜCKE N., SZCZEPANOWSKI R.H., WEDIG T., CZARNOCKI-CIECIURA M., POLAKOWSKA M., HERRMANN H., WYSŁOUCH-CIESZYŃSKA A., DADLEZ M.

Vimentin S-glutathionylation at Cys328 inhibits filament elongation and induces severing of mature filaments *in vitro*.

FEBS Journal (2020) 287(24): 5304-5322

DOI: 10.1111/febs.15321

IF 4.392

6113

IZAK D., GROMADKA A., KACZANOWSKI S.

Mothulity facilitates 16S/ITS amplicon diversity analysis.

Current Protocols in Bioinformatics (2020) 69(1): e94

DOI: 10.1002/cpbi.94

IF -

6113/1

KAZUŃ B., MAŁACZEWSKA J., KAZUŃ K., KAMIŃSKI R., ŻYLIŃSKA-URBAN J.

Dietary supplementation with *Lactobacillus plantarum* and beta-glucan affects immune parameters in the tench (*Tinca tinca*) fry.

Polish Journal of Veterinary Sciences (2020) 23(4): 611–618

DOI: DOI: 10.24425/pjvs.2020.135808

IF 0.516

ABSTRAKTY 2020

4780/A

MOSZCZUK B., KRATA N., CYSEWSKI D., PERKOWSKA-PTASIŃSKA A., PĄCZEK L., FORONCEWICZ B., ZAGOŹDŹON R., MUCHA K.

Urinary proteomic markers of membranous nephropathy.

57th ERA-EDTA Congress - fully virtual, 6-9 June 2020

Nephrology Dialysis Transplantation (2020) 35 (suppl 3): 799 PO489

4781/A

ROGALA M.M., GRZESIAK J., GAWOR J.

Bioprospecting for polar region polyhydroxyalkanoic acid producers: evaluation of popular screening methods.

European Biotechnology Congress, Prague, Czech Republic, 24-26 September 2020

Abstracts, plakat 0136

4782/A

GRZESIAK J., ROGALA M.M., GAWOR J., STYCZYŃSKI M., DZIEWIT Ł.

Stress response in recombinant *Escherichia coli* expressing polyhydroxyalkanoic acid synthesis genes derived from Arctic and Antarctic bacteria.

European Biotechnology Congress, Prague, Czech Republic, 24-26 September 2020

Abstracts, Oral Presentation 0121

4783/A

ŻURAWSKA M., BASIK M., DADLEZ M., DOMAŃSKI D.

Development of a multiplexed protein panel using a targeted proteomics approach for the study of CDK4/6 inhibitors resistance in hormone receptor positive breast cancer.

12th European Breast Cancer Conference, 2-3 October 2020, Virtual Conference

European Journal of Cancer (2020) 138 (suppl.1): S120

4784/A

GOZDOWSKA R., MAKOWSKA A., GAŚECKA A., MACIAK K., GÓRA M., MARCHEL M., FILIPIAK K., OPOLSKI G.

mRNA transcripts expression to predict cardiac remodelling after myocardial infarction.

XV International Student's Conference of Cardiology, Zabrze, 22 October 2020

Abstract Book, p.31

4785/A

JARNOT P., ZIEMSKA-LEGIECKA J., GRYNBERG M., GRUCA A.

LCR-BLAST—a new modification of BLAST to search for similar low complexity regions in protein sequences.

6th International Conference on Man-Machine Interactions, ICMMI 2019, Cracow, Poland, 2-3 October 2019

DOI: 10.1007/978-3-030-31964-9_16

Man-Machine Interactions 6. Advances in Intelligent Systems and Computing, Ed.Gruca, A. et al.vol 1061, 2020.Springer, ISBN 978-303031963-2, p.169-180

4786/A

FIJAŁEK A., GIZIŃSKI R., GIERMASIŃSKA-BUCZEK K., GAĞAŁA U., GAWOR J., KROPINSKI A.M., ŁOBOCKA M.

Characteristic of a distant relative of *Teseptimavirus* genus phages that acquired the ability to lysogenize its host.

Viruses 2020—Novel Concepts in Virology, Barcelona, Spain, 5–7 February 2020

Proceedings (2020) 50(1): 71

DOI: 10.3390/proceedings2020050071

4787/A

SPEINA E., SHAHMORADI-GHAHE S.

DNA repair capacity is increased in glioblastoma and cervical carcinoma cells resistant to photodynamic therapy.

The 5th Warsaw Conference on Perspectives of Molecular Oncology: Molecular Immunology of Cancer, Warsaw, 23-24 September 2020 - Virtual Meeting

Abstract Book BS

4788/A

JANCEWICZ I., RUSETSKA N., ARMATOWSKA A., STACHOWIAK M., 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.

The 5th Warsaw Conference on Perspectives of Molecular Oncology: Molecular Immunology of Cancer, Warsaw, 23-24 September 2020 - Virtual Meeting

Abstract Book BS

4789/A

ROBAK A., WOJTAS G., PERZANOWSKA-DOMAŃSKA A., TARGOWSKI T., MICHALAK A., KRASOWSKI G., DADLEZ M., DOMAŃSKI D.

Diagnosis of pleural effusions using mass spectrometry-based targeted proteomics.

The 5th Warsaw Conference on Perspectives of Molecular Oncology: Molecular Immunology of Cancer, Warsaw, 23-24 September 2020 - Virtual Meeting

Abstract Book BS

4790/A

SZARKOWSKA J., ĆWIEK P., SZYMAŃSKI M., KUBALA S., JANCEWICZ I., STACHOWIAK M., RUSETSKA N., SIEDLECKI J.A., SARNOWSKI T.J., SARNOWSKA E.

Impairment of PBRM1 affects RRM genes expression in clear cell renal cell carcinoma.

The 5th Warsaw Conference on Perspectives of Molecular Oncology: Molecular Immunology of Cancer, Warsaw, 23-24 September 2020 - Virtual Meeting

Abstract Book BS

4791/A

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

Aberration of SWI/SNF dependent chromatin remodeling and mRNA splicing may play important role in advanced adenoid cystic carcinoma (ACC) development and chemoresistance.

The 5th Warsaw Conference on Perspectives of Molecular Oncology: Molecular Immunology of Cancer, Warsaw, 23-24 September 2020 - Virtual Meeting

Abstract Book BS

4792/A

KLUEBSOONGNOEN J., KUBALA S., MAASSEN A., STECIUK J., OKSIŃSKA P., ZABOROWSKA M., ĆWIEK P., WILGA M., KOSIOR J., SARNOWSKA E., SARNOWSKI T.J., UDOMKIT A.

The assessment of the role of the core SWI/SNF complex SMARCC2 subunit in steroid hormone pathway regulating ovarian development in *Penaeus monodon*.

The 5th Warsaw Conference on Perspectives of Molecular Oncology: Molecular Immunology of Cancer, Warsaw, 23-24 September 2020 - Virtual Meeting

Abstract Book BS

4793/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 5th Warsaw Conference on Perspectives of Molecular Oncology: Molecular Immunology of Cancer, Warsaw, 23-24 September 2020 - Virtual Meeting

Abstract Book, P1.

4794/A

ŻURAWSKA M., BASIK M., DADLEZ M., DOMAŃSKI D.

Development of a multiplexed protein panel using a targeted proteomics approach for the study of CDK4/6 inhibitors resistance in ER+ breast cancer.

The 5th Warsaw Conference on Perspectives of Molecular Oncology: Molecular Immunology of Cancer, Warsaw, 23-24 September 2020 - Virtual Meeting

Abstract Book, P4.

4795/A

MAASSEN A., WILGA M., KOSIOR J., SZARKOWSKA J., JANCEWICZ I., ŚWIĄTEK M., STACHOWIAK M., SIEDLECKI J.A., SARNOWSKA E., SARNOWSKI T.J.

Comparison of expression of genes encoding subunits of chromatin remodeling complex SWI/SNF in different lines of clear cell renal cell carcinoma.

The 5th Warsaw Conference on Perspectives of Molecular Oncology: Molecular Immunology of Cancer, Warsaw, 23-24 September 2020 - Virtual Meeting

Abstract Book, P8.

4796/A

STECIUK J., CIEŚLA M., ROLICKA A.T., SARNOWSKA E., SARNOWSKI T.J.

SWI/SNF subunits as candidates for cancer treatment based on synthetic lethality.

The 5th Warsaw Conference on Perspectives of Molecular Oncology: Molecular Immunology of Cancer, Warsaw, 23-24 September 2020 - Virtual Meeting

Abstract Book, P9.

4797/A

SZARKOWSKA J., OKSIŃSKA P., RUSETSKA N., SZYMAŃSKI M., CHRZAN A., FORMA E., SIEDLECKI J.A., SARNOWSKI T.J., SARNOWSKA E.

The assessment of the role of O-GlcNAc transferase impairment in clear cell renal cell carcinoma metabolism and development.

The 5th Warsaw Conference on Perspectives of Molecular Oncology: Molecular Immunology of Cancer, Warsaw, 23-24 September 2020 - Virtual Meeting

Abstract Book, P11.

4798/A

ŚWIĄTEK M., JANCEWICZ I., ZUB R., MAASSEN A., SIEDLECKI J.A., SARNOWSKI T.J., SARNOWSKA E.

O₂ concentration and *HIF1A* transcript variants impact clear cell renal cell carcinoma cell lines.

The 5th Warsaw Conference on Perspectives of Molecular Oncology: Molecular Immunology of Cancer, Warsaw, 23-24 September 2020 - Virtual Meeting

Abstract Book, P13.

4799/A

REZA A.M.T., GORJÃO N., NAIR H.G., WHITE R.J., GRACZYK D.

The role of common subunit of RNA polymerases I and III, POLR1D and its selfregulation in the colorectal cancer cells.

The 5th Warsaw Conference on Perspectives of Molecular Oncology: Molecular Immunology of Cancer, Warsaw, 23-24 September 2020 - Virtual Meeting

Abstract Book, P48.

4800/A

DOMAŃSKI D., CYSEWSKI D., DADLEZ M.

Patient-tailored mAb therapy monitoring by targeted mass spectrometry.

The 5th Warsaw Conference on Perspectives of Molecular Oncology: Molecular Immunology of Cancer, Warsaw, 23-24 September 2020 - Virtual Meeting

Abstract Book, P.49

4801/A

SIKORA A., DETMAN A., PIOTROWSKI J.

Anaerobic digestion of bio-waste and by-products of the sugar industry: basic research and applications.

VII Baltic Biogas and Circular Economy Forum, Gdańsk, Poland, 22-23 September 2020 - Virtual Meeting

Abstracts BS, Oral Presentation

4802/A

PANASIUK A., WAWRZYNEK-BOREJKO J., KORCZAK-ABSHIRE M.

Dieta pingwinów z rodzaju *Pygoscelis* gniazdujących na Wyspie Króla Jerzego (Szetlandy Południowe) - wpływ czynników naturalnych i antropogenicznych.

XIV Konferencja "Chemia, Geochemia i Ochrona Środowiska Morskiego", 16 października 2020, Sopot, Polska - Konferencja Wirtualna

Abstrakty, Prezentacja Ustna

4803/A

RUDZIŃSKA I., CIEŚLA M., ARMATOWSKA A., BOGUTA M.

Reprogramming of mRNA expression in response to a defect in RNA polymerase III assembly in yeast *Saccharomyces cerevisiae*.

The 25th Annual Meeting of the RNA Society, 26-31 May 2020 - Virtual Meeting

Abstracts

4804/A

CIEŚLA M., NOWOTNY M., BOGUTA M.

R3H domain-containing Rbs1 protein interacts with Upf1 helicase and modulates the expression of Rpb10, a small subunit common to RNA polymerases.

The 25th Annual Meeting of the RNA Society, 26-31 May 2020 - Virtual Meeting

Abstracts

4805/A

ŻYŁA A., TAUBE M., MOLINSKI A., ZHUKOV I., KUKLIN A., SZYMAŃSKA A., KOZAK M.
The study of selected complexes of human serum albumin with amyloid beta peptides and human
cystatin C.

64 Annual Meeting of the Biophysical Society, San Diego USA, 15-16 February 2020

Biophysical Journal (2020) 118(3) suppl.1: 369a

4806/A

SERAFIMOVA K., MIHAYLOV I., VASSILEV D., AVDJIEVA I., ZIELENKIEWICZ P.,
KACZANOWSKI S.

Using machine learning in accuracy assessment of knowledge-based energy and frequency base
likelihood in protein structures.

20th International Conference on Computational Science, ICCS 2020, Amsterdam, the Netherlands,
3-5 June 2020

DOI: 10.1007/978-3-030-50420-5_43 0

Computational Science – ICCS 2020. Lecture Notes in Computer Science, vol.12139. Ed.
Krzyszczanovskaya V.V. et al. Springer; online ISBN 978-3-030-50420-5, p.572-584

HABILITACJE 2020

999/N

ADAMCZYK MAŁGORZATA

Regulacja i kontrola sieci metabolicznych w biochemii systemowej. Nowe aspekty regulacji genów i kontroli metabolizmu glukozy u *S. cerevisiae*.

Regulation and control of metabolic networks in systems biochemistry. New insights on gene regulation and control of glucose metabolism in *S. cerevisiae*.

Awarding of the degree of Doctor Habilitatus – January 14, 2020

Research done in IBB PAS.

S.3618

1000/N

DREW SIMON

Wiązanie miedzi poprzez nieprawidłowo zwinięte białka i peptydy związane z chorobami neurodegeneracyjnymi.

Copper binding of misfolding proteins and peptides implicated in neurodegenerative diseases.

Awarding of the degree of Doctor Habilitatus - March 3, 2020

Research done in IBB PAS.

S.3619

1001/N

SZCZEGIELNIAK JADWIGA

Rola kinazy białkowej zależnej od jonów wapnia (ZmCPK11) z kukurydzy w odpowiedzi na stresy abiotyczne.

The role of Zea mays calcium-dependent protein kinase (ZmCPK11) in response to abiotic stresses.

Awarding of the degree of Doctor Habilitatus – March 3, 2020

Research done in IBB PAS.

S.3620

1002/N

POKRZYWA WOJCIECH

Komórkowe systemy kontroli jakości białek w rozwoju i starzeniu się.

Cellular protein quality control in development and aging.

Awarding of the degree of Doctor Habilitatus – March 3, 2020

Research done in IBB PAS.

S.3621

1003/N

NOWAK ELŻBIETA

Badania strukturalne i biochemiczne białek biorących udział w procesie naprawy DNA i odwrotnej transkrypcji.

Structural and biochemical studies of enzymes involved in DNA repair and reverse transcription.

Awarding of the degree of Doctor Habilitatus - January 14, 2020

Research done in IBB PAS.

S.3622

1003/1/N

SZAFRAŃSKI PRZEMYSŁAW

Niekodujące aspekty molekularnej genetyki dysplazji ACDMPV.

Non-coding aspects of the molecular genetics of the dysplasia ACDMPV.

Awarding of the degree of Doctor Habilitatus - January 14, 2020

Research done in IBB PAS.

S.3645

ROZPRAWY DOKTORSKIE 2020

1004/N

KEMPIŃSKI BŁAŻEJ

Identyfikacja nowych sekwencji aminokwasowych kierujących białka do peroksysomów w drożdżach *Saccharomyces cerevisiae*.

(Identification of a new sequences directing proteins to peroxisomes in yeast *Saccharomyces cerevisiae*.)

Presented March 10, 2020

Research done in Department of Genetics IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisor: dr hab. Marek Skoneczny

[pol]

S.3623

1005/N

MARSZAŁEK ILONA

Kompleksy ternarne sensorów fluorescencyjnych dla jonów cynkowych.

(Ternary complexes of fluorescent sensors for zinc ions.)

Presented May 12, 2020

Research done in IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Wojciech Bal

[ang]

S.3624

1006/N

SUGUNAN SREEDEVI

Zlokalizowana translacja kodowanych jądrowo białek mitochondrialnych u *Danio pręgowanego*.

(Localized translation of nuclear encoded mitochondrial proteins in zebrafish.)

Presented May 12, 2020

Research done in IIMCB, CENT and IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisors: prof. dr hab. Agnieszka Chacińska, dr Cecilia Lanny Winata

S.3625

1007/N

KOTRYS ANNA V.

Analiza funkcjonalna białka C6orf203, nowego czynnika zaangażowanego w metabolizm RNA w mitochondriach człowieka.

(Functional analysis of C6orf203 protein, a new factor involved in RNA metabolism in human mitochondria.)

Presented June 16, 2020

Research done in IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisor: dr hab. Roman Szczęsny

[ang]

S.3626

1008/N

LEŚNIEWSKA EWA

Nowe aspekty regulacji transkrypcji tRNA - od składowania kompleksu polimerazy III RNA do jego degradacji.

(Novel layers of tRNA transcription regulation - from assembly of polymerase RNA III complex to its degradation.)

Presented September 15, 2020

Research done in Department of Genetics IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Magdalena Boguta

[ang]

S.3627

1009/N

DZIUBAN-LECH DOROTA

Charakterystyka statusu redoks oraz profilu wybranych lipidów u myszy z deficytem białka naprawy DNA - ERCC1.

(Characterization of the redox status and selected lipid profile in mice deficient in DNA repair protein – ERCC1.)

Presented September 22, 2020

Research done in Department of Molecular Biology and Department of Lipid Biochemistry IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisor: dr hab. Elżbieta Speina

S.3628

1010/N

KOŁAKOWSKI DAMIAN

Charakterystyka i funkcja wybranych domen i motywu FFAT drożdżowego białka Vps13 i ludzkiej choreiny.

(Characterization and function of selected domains and the FFAT motif of yeast Vps13 protein and human chorein.)

Presented September 22, 2020

Research done in Department of Genetics IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisor: dr hab. Joanna Kamińska

[pol]

S.3629

1011/N

WIĘSYK ANETA

Analiza porównawcza transkryptomu *Solanum lycopersicum* w przebiegu łagodnej i ostrej infekcji wiroidem wrzecionowatości bulw ziemniaka (PSTVd).

(Comparative analysis of *Solanum lycopersicum* transcriptome upon mild and severe infection of potato spindle tuber viroid (PSTVd).)

Presented October 20, 2020

Research done in Department of Protein Biosynthesis IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisors: prof. dr hab. Agnieszka Sirko, dr Anna Góra-Sochacka

[pol]

S.3630

1012/N

POLESZAK KATARZYNA

Charakterystyka kompleksu MLH1-MBD4, tworzonego przez białka biorące udział w naprawie DNA.

(Characteristics of the MLH1-MBD4 complex, formed by proteins involved in DNA repair.)

Presented October 13, 2020

Research done in International Institute of Molecular and Cell Biology and IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Janusz Bujnicki

[pol]

S.3631

1013/N

BIESZCZAD BARTOSZ ŁUKASZ

Układy dibenzodiazocynowe jako dogodne struktury uprzywilejowane, użyteczne w projektowaniu związków aktywnych biologicznie.

(Dibenzodiazocine scaffolds as convenient privileged structures useful in the design of biologically active compounds.)

Presented October 29, 2020

Research done in Department of Biophysics IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisors: prof. dr hab. Wojciech Bał, dr Adam Mieczkowski

[pol]

S.3632

1014/N

MASZKOWSKA JUSTYNA

Identyfikacja białek fosforylowanych przez kinazy białkowe SnRK2 (SNF1-related protein kinases 2) niezależne od kwasu abscysynowego w odpowiedzi rośliny na stres zasolenia.

(Identification of proteins phosphorylated by ABA-unresponsive SNF1-related protein kinases 2 (SnRK2s) in the plant response to salinity stress.)

Presented 17 November 2020

Research done in IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Grażyna Dobrowolska

[ang]

S.3633

1015/N

STĘPNIEWSKA-DZIUBIŃSKA M.,

Wykorzystanie sieci neuronowych do przewidywania aktywności związków niskocząsteczkowych w układach ligand-receptor.

(Predicting binding affinity of small molecules in ligand-receptor systems using neural networks.)

Presented November 17, 2020

Research done in Department of Bioinformatics Institute of Biochemistry and Biophysics Polish Academy of Sciences.

Ph.D. Thesis Supervisor: dr hab. Paweł Siedlecki

[ang]

S.3634

1016/N**KOWALSKI ŁUKASZ**

Pozamitochondrialne czynniki wpływające na import i degradację białek mitochondrialnych.
(Extramitochondrial factors affecting import and degradation of mitochondrial proteins).

Presented December 3, 2020

Research done in CENT, IIMCB and IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisors: prof. dr hab. Agnieszka Chacińska, dr Piotr Brągoszewski

[ang]

S.3635

1017/N**PILŹYS TOMASZ**

Aktywność białek z rodziny AlkB w warunkach homeostazy i stanach patologicznych
(The activity of AlkB family proteins under homeostasis and pathological conditions).

Presented December 10, 2020

Research done in IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisor: prof. Dr hab. Elżbieta Grzesiuk

[pol-ang]

S.3636

1018/N**BOSSAK-AHMAD KAROLINA**

Tworzenie kompleksów ternarnych przez peptydy zawierające His2 w obecności jonów Cu(II).
Ilościowa analiza peptydów ludzkich i drożdżowych.

(Ternary complex formation of His2 peptides in the presence of Cu(II) ions. A quantitative analysis of selected human and yeast peptides).

Presented December 15, 2020

Research done in IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisors: Prof. dr hab. Wojciech Bał, dr Tomasz Frączyk

[ang]

S.3637

1019/N**STEFANIAK EWELINA**

Dystrybucja jonów miedzi pomiędzy peptydami amyloidu- β a biomolekułami obecnymi w szczelinie synaptycznej w chorobie Alzheimer'a

(Distribution of copper ions between amyloid- β peptides and biomolecules present in the synaptic cleft in Alzheimer's disease).

Presented December 22, 2020

Research done in IBB PAS.

Ph.D. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Wojciech Bał

[ang]

S.3638

PRACE MAGISTERSKIE 2020

1020/N

SZYLIŃSKA MARLENA MAGDALENA

Molekularne podstawy rozwoju oporności na aureocynopodobną bakteriocynę BHT-B oraz inne związki o działaniu przeciwbakteryjnym u bakterii fermentacji mlekowej.

(Molecular basis of the resistance development to aureocin-like bacteriocin BHT-B and selected antibiotics in lactic acid bacteria.)

Presented July 14, 2020

Research done in the Faculty of Chemistry Warsaw University of Technology and Institute of Biochemistry and Biophysics Polish Academy of Sciences.

M.Sc.Thesis Supervisors: dr hab. Joanna Cieśla, dr hab. Tamara Aleksandrak-Piekarczyk
S.3639

1021/N

SZTOMPKA KAROLINA MARTA

Poszukiwanie białkowych partnerów cis-prenylotransferazy 4 (CPT4) w procesie biosyntezy poliizoprenoidów u *Arabidopsis thaliana*.

(Searching for protein partners of cis-prenyltransferase 4 (CPT4) in biosynthesis of polyisoprenoids in *Arabidopsis thaliana*.)

Presented 14 July 2020

Research done in the Faculty of Chemistry Warsaw University of Technology and Institute of Biochemistry and Biophysics Polish Academy of Sciences.

M.Sc.Thesis Supervisors: dr hab. Joanna Cieśla, dr hab. Liliana Surmacz
S.3640

1022/N

OWCZAREK SZYMON

Wstępna charakterystyka białka AidB kodowanego w obrębie potencjalnego operonu pa3973-pa3970 w *Pseudomonas aeruginosa*.

(Preliminary characterization of AidB protein encoded within putative pa3973-pa3970 operon in *Pseudomonas aeruginosa*.)

Presented 5 November 2020

Research done in the Faculty of Chemistry Warsaw University of Technology and Institute of Biochemistry and Biophysics Polish Academy of Sciences.

M.Sc.Thesis Supervisors: dr hab. Jolanta Mierzejewska, dr hab. Aneta Bartosik
S.3641

1023/N

CIEPIELAK MARTYNA

Sygnalizacja uszkodzeń DNA i starzenia komórkowego (senescencji) w ludzkich fibroblastach z mutacjami szlaku niedokrwistości w odpowiedzi na produkty peroksydacji lipidów

(Signaling of DNA damage and cellular aging (senescence) in human fibroblasts with mutations in the genes of the Fanconi anemia pathway in response to the lipid peroxidation product, 4-hydroxy-2-nonenal).

Presented December 29, 2020

Research done in Faculty of Biology University of Warsaw and Institute of Biochemistry and Biophysics Polish Academy of Sciences.

M.Sc.Thesis Supervisors: prof. Dr hab. Katarzyna Tońska, dr hab. Elżbieta Speina
S.3642

1024/N

KUNERT ZUZANNA ZOFIA

Związek lokalizacji kolonii słoni morskich *Mirounga leonina* z cechami szorstkości terenu .
(Relationship between location of *Mirounga leonina* colonies and terrain roughness features).

Presented December 16, 2020

Research done in Faculty of Geography and Regional Studies University of Warsaw and Institute of Biochemistry and Biophysics Polish Academy of Sciences.

M.Sc.Thesis Supervisors: dr Małgorzata Korczak-Abshire, dr Anna Zmarz

S.3643

1025/N

KAŁUSKI ŁUKASZ

Charakterystyka bakteriofaga *Staphylococcus aureus* o nietypowej specyficzności szczepowej.
(Characteristics of *Staphylococcus aureus* bacteriophage with atypical strain specificity).

Presented September 28, 2020

Research done in Faculty of Agriculture and Biology at the Warsaw University of Life Sciences and Institute of Biochemistry and Biophysics Polish Academy of Sciences.

M.Sc.Thesis Supervisors: prof. dr hab. Małgorzata Łobocka

S.3644

PUBLIKACJE NIEUWZGLĘDNIONE W SPRAWOZDANIU Z 2019 ROKU

5912

LECHOWSKA K., KUBALA S., WOJTYŁA Ł., NOWACZYK G., QUINET M., LUTTS S., GARNCZARSKA M.

New insight on water status in germinating *Brassica napus* seeds in relation to priming-improved germination.

International Journal of Molecular Sciences (2019) 20(3): 540 (24 p.)

DOI: 10.3390/ijms20030540

IF 4.183

5912/1

KOSZNIK-KWAŚNICKA K., TOPKA G., DYDECKA A., NECEL A., NEJMAN-FALEŃCZYK B., BLOCH S., WĘGRZYN G., WĘGRZYN A.

The use of bacteriophages in animal health and food protection.

Chapter in: **Phage Therapy: A Practical Approach, Springer**. Ed. A. Górski, R. Międzybrodzki, J. Borysewski. ISBN 978-3-030-26735-3 [385 p.] 2019, p.213-256

DOI: 10.1007/978-3-030-26736-0_9

996/N

ARMATOWSKA ALICJA AGATA

Wpływ białka Rbs1 na indukcję czynnika transkrypcyjnego Gcn4 u drożdży.

(The effect of Rbs1 on the induction of Gcn4 transcription factor in yeast.)

Presented July 8, 2019

Research done in the Faculty of Chemistry Warsaw University of Technology and IBB PAS.

M.Sc.Thesis Supervisor: prof dr hab. Magdalena Rakowska-Boguta

997/N

GRZELAK KATARZYNA

Analiza metaproteomu osadów biologicznych.

(Analysis of the biological sediment's metaproteome.)

Presented September 30, 2019

Research done in the Faculty of Chemistry Warsaw University of Technology and IBB PAS.

M.Sc.Thesis Supervisors: prof dr hab. Magdalena Rakowska-Boguta, dr hab. Urszula Zielenkiewicz

998/N

ENKHBAATAR TUGULDUR

Posttranskrypcyjna regulacja helikazy Srs2 w warunkach stresu replikacyjnego w

drożdżach *Saccharomyces cerevisiae*.

(Post-transcriptional regulation of Srs2 helicase under conditions of replication stress in *Saccharomyces cerevisiae*.)

Presented September 16, 2019

Research done in the Faculty of Biology University of Warsaw and IBB PAS.

M.Sc.Thesis Supervisors: dr hab. Jan Fronk, dr hab. Adrianna Skoneczna

294/M

BAL W.

Dobry amyloid β ? Właściwości chemiczne peptydów $A\beta_{4-x}$ wskazują na ich znaczenie biologiczne.

Wiadomości Chemiczne (2019) 73(5-6): 352-366

4757/A

PODLACHA M., GRABOWSKI Ł., KOSZNIK-KWAŚNICKA K., WĘGRZYN A.

Testing safety of phage therapy in a mouse model.

Mini-Symposium Bacteriophages in Science and in Practice, Warsaw, 27 November 2019

Scientific Program p.2-3

4758/A

GŁOWACKA-RUTKOWSKA A., GOZDEK A., ULATOWSKA M.I., EMPEL J., KOZIŃSKA A., GAWOR J., ŻUCHNIEWICZ K., GROMADKA R., KWIATEK M., WEBER-DĄBROWSKA B., ŁOBOCKA M.

Diversity of potential therapeutic phages and their interaction with bacteria - implications for the use of phages to fight bacterial pathogens.

Mini-Symposium Bacteriophages in Science and in Practice, Warsaw, 27 November 2019

Scientific Program p. 4-5

4759/A

SZCZEPANKOWSKA A.K., CHMIELEWSKA-JEZNACH M.

Mining the genomes and physiological analyses of *Lactococcus c2virus* phages.

Mini-Symposium Bacteriophages in Science and in Practice, Warsaw, 27 November 2019

Scientific Program p. 8

4760/A

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

Roles of genes and open reading frames from the *exo-xis* region of lambdoid bacteriophage genomes.

Mini-Symposium Bacteriophages in Science and in Practice, Warsaw, 27 November 2019

Scientific Program p. 5-6

4761/A

UFNAL M., HUC T., DRAPAŁA A., SAMBOROWSKA E., KONOP M.

Dietary TMAO exerts beneficial effects in heart failure rats.

Experimental Biology Meeting, Orlando, USA, 6-9 April 2019

FASEB Journal (2019) 33(suppl. 1): Abstract Number: 592.11

4762/A

UFNAL M., ONYSZKIEWICZ M., GAWRYŚ M., HUC T., ALEKSANDROWICZ M., SAWICKA A., KOŹNIEWSKA E., SAMBOROWSKA E.

Butyric acid, a gut bacteria-produced metabolite, decreases arterial blood pressure via a gut-vagus nerve signaling in rats.

Experimental Biology Meeting, Orlando, USA, 6-9 April 2019

FASEB Journal (2019) 33(suppl. 1): Abstract Number: 516.8

4763/A

SHAHMORADI-GHAHE S., KOSICKI K., ZARAKOWSKA E., OLIŃSKI R., TUDEK B.

The role of non-coding RNAs and epigenetic mediated gene silencing in resistance to photodynamic therapy.

Young Scientists Conference on Molecular and Cell Biology, Warsaw, 11 April 2019

Abstract Book, p.67

4764/A

BAŻLEKOWA-KARABAN M., IZERT M., IWANICKA-NOWICKA R., GROMADKA A., TUDEK B., SAPARBAEV M.

The role of DNA repair protein APE1/Ref-1 in transcriptional regulation of genes in B-cell lymphoma cells treated with photodynamic therapy.

13th 3R Meeting: Replication - Repair - Recombination. From Molecular Mechanisms to Clinical Applications, Presqu'île de Giens, France, 21-24 May 2019

Abstracts P10

4765/A

SZTATELMAN O., SITKIEWICZ E., ŁABUZ J., DOBROWOLSKA G.

Osmotic stress activated kinases and their role in chloroplast movement.

XLVI Winter School, Zakopane, Poland, 11-15 February 2019

Abstracts, L1.3, p.14

4766/A

HERMANOWICZ P., BANAS A.K., SZTATELMAN O., GABRYŚ H., ŁABUZ J.
Chloroplasts exhibit accumulation response after UVB irradiation in a phototropin – dependent manner.
2019 ESP-IUPB World Congress. Light and Life, Barcelona, Spain, 25-30 August 2019
Book of Abstracts. PO99, p.405

4767/A
BAŻANT A., SZTATELMAN O., ZGŁOBICKI P., HERMANOWICZ P., ŁABUZ J., LEJA K.
Analysis of a putative photolyase encoded by At4g25290.
2019 ESP-IUPB World Congress. Light and Life, Barcelona, Spain, 25-30 August 2019
Book of Abstracts P100, p.406

4768/A
SZTATELMAN O., SITKIEWICZ E., ŁABUZ J., DOBROWOLSKA G.
Osmotic stress activated kinases in the regulation of light induced chloroplast movements.
2019 ESP-IUPB World Congress. Light and Life, Barcelona, Spain, 25-30 August 2019
Book of Abstracts P107, p.457

4769/A
ŁABUZ J., HERMANOWICZ P., BANAS A.K., BAŻANT A., SZTATELMAN O., STRZAŁKA W., CHRISTIE J., GABRYŚ H.
The role of phototropin interactions in eliciting chloroplast movements.
2019 ESP-IUPB World Congress. Light and Life, Barcelona, Spain, 25-30 August 2019
Book of Abstracts P132, p.569

4770/A
DŁUGAJCZYK A., KRÓL K., SKONECZNY M., SKONECZNA A.
Vesicular trafficking contribution to genome maintenance.
10th Central European Genome Stability and Dynamics, Bratislava, Slovakia, 26-27 September 2019
Abstracts BS

4771/A
KASZTELAN A., SZTATELMAN O., PLEWKA P., NUC P., SZWEYKOWSKA-KULIŃSKA Z., JARMOŁOWSKI A., DOBROWOLSKA G.
The role of ABA unresponsive SnRK2 kinases in regulation of miRNA biogenesis in plant response to salinity.
24th Annual Meeting of the RNA Society, Kraków, Poland, 11-16 June 2019
Program & Abstracts, 901

4772/A
FATALSKA A., RICHTER M.M., STEPINAC E., KOVACS L., DONG G., DADLEZ M., GLOVER D.M.
Structural studies of centrosomal protein complex (Gorab-Sas6).
CSH Asia Conference Cilia & Centrosomes, Suzhou, China, 14-18 October 2019
Book of Abstracts, Oral Presentation, p.17

4773/A
PANDA P., KOVACS L., DZHINDZHEV N., GEYMONAT M., FATALSKA A., PERSICO V., RIPARBELLI M., CALLAINI G., GLOVER D.M.
Rcd4:Ana3, A sub-complex required by a daughter centrioles to undergo centriole to centrosome conversion in *Drosophila*.
CSH Asia Conference Cilia & Centrosomes, Suzhou, China, 14-18 October 2019
Book of Abstracts, Poster, p.33

4774/A

KOVACS L., CHAO-CHU J., SCHNEIDER S., FATALSKA A., RICHTER M.M., GOTTARDO M., TZOLOVSKY G., DZHINDZHEV N., RIPARBELLI M., CALLAINI G., DADLEZ M., GLOVER D.M.

The double-faced Golgin Gorab ensures centrosome and cilia biogenesis.

CSH Asia Conference Cilia & Centrosomes, Suzhou, China, 14-18 October 2019

Book of Abstracts, p.85

4775/A

ARCHACKI R., JAROŃCZYK K., SOSNOWSKA K., ZABOROWSKI A., KOBLOWSKA M., IWANICKA-NOWICKA R., JERZMANOWSKI A.

Bromodomains are essential for the functions of Arabidopsis SWI/SNF complex.

Impact of Chromatin Domains on Plant Phenotypes Conference, Madrid, Spain, 9-11 December 2019

Book of Abstracts, p.18

4776/A

STACHUŁA P., SOSNOWSKA K., JAROŃCZYK K., WÓJCIKOWSKI P., SIEDLECKI P., ARCHACKI R.

Functional analysis of BRM chromatin remodeler using catalytic point mutations.

Impact of Chromatin Domains on Plant Phenotypes Conference, Madrid, Spain, 9-11 December 2019

Book of Abstracts, P19.76

4777/A

KOŁAKOWSKI D., ŻOŁĄDEK T., KAMIŃSKA J.

Cations regulates chorein APT1 domain binding to PI3P *in vitro*.

The 44th FEBS Congress, Kraków, Poland, 6-11 July 2019

FEBS Open Bio (2019) 9 (supplement 1): LB-18-01

4778/A

SZAMOTA-LEANDERSSON K., NIETUBYĆ R., CZUMA P., KRAWCZYK P., KRZYWIŃSKI J., SEKUTOWICZ J., STASZCZAK M., SZEWIŃSKI J., BAL W., POZNAŃSKI J., BARTNIK A., FIEDOROWICZ H., JANULEWICZ K., PAŁKA N.

Polfel - new facility in Poland.

39th Free Electron Laser Conference, Hamburg, Germany, 26-30 August 2019

Conference Proceedings, THP081: 746-748, ISBN 978-3-95450-210-3. JACoW Publishing

DOI: 10.18429/JACoW-FEL2019-THP081

4779/A

TOMCHICK D.R., SREELATHA A., YEE S.S., LOPEZ V.A., PARK B.C., KINCH L.N., PILCH S., SERVAGE K., ZHANG J., JIOU J., KARASIEWICZ-URBAŃSKA M., ŁOBOCKA M., GRISHIN N.V., ORTH K., KUCHARCZYK R., PAWŁOWSKI K., TAGLIABRACCI V.S.

Protein AMPylation by an evolutionarily conserved pseudokinases.

American Crystallographic Association Meeting, Covington, USA, 20-24 July 2019

Acta Crystallographica A-Foundation and Advances (2019) 75 (part a1): A316

4779/1/A

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

"When antibiotic treatment fails" - bacteriophage vB_Eco4M-7 to the rescue in the fight against Escherichia coli O157: H7.

9th International Conference on Biotechnology and Bioengineering, Poznań, Poland, 25-28 September 2019

Program and Abstract Book SP-02

4779/2/A

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

Mysterious orf63, orf60a, orf61 and ea22 gene of lambdoid bacteriophages.

9th International Conference on Biotechnology and Bioengineering, Poznań, Poland, 25-28 September 2019

Program and Abstract Book SP-03

4779/3/A

TOPKA G.

Characterization and lytic activity new isolated phages and their potential application and biotechnological importance.

9th International Conference on Biotechnology and Bioengineering, Poznań, Poland, 25-28 September 2019

Program and Abstract Book SP-01

Informacje o działalności jednostki naukowej PAN w 2020 r.
(sporządzane i przekazywane adresatom wyłącznie w wersji elektronicznej)

Adresaci:

- 1) **Wydział PAN** (właściwy merytorycznie i organizacyjnie)
- 2) **Biuro Upowszechniania i Promocji Nauki PAN**

Termin: 08.02.2021 r.

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).

Dyrektor
Prof. dr hab. Jarosław Poznański

Przewodniczący Rady Naukowej
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 Hodowli 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 rozwijane 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 mutagenezy i naprawy DNA z procesami nowotworowymi. Analizowane są funkcje zarówno znanych, jak i nowo odkrytych genów zaangażowanych w procesy mutagenezy i naprawy DNA w chromosomach i mitochondriach drożdży.

Analizowane są procesy **patogenezy roślin**; poznawane są mechanizmy obrony roślin przed infekcjami wirusowymi i grzybicami. Badania te mają charakter kompleksowy i obejmują obserwację różnych procesów przebiegających w zainfekowanych roślinach oraz poznawanie mechanizmów ekspresji genów wybranych wirusów roślinnych. 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 oczyszczania, nadekspresji i analizy kompleksów białkowych.

Biofizyczne aspekty oddziaływań biologicznych **podstawowych i toksycznych jonów metali** są badane za pomocą szerokiego wachlarza metod badawczych, obejmującego techniki eksperymentalne dostarczające informacji o termodynamice badanych procesów (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.

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 sumie, IBB PAN uczestniczy w pięciu 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 IBB PAN.

Lista projektów na Polskiej Mapie Infrastruktury Badawczej (stan na dzień 24.01.2020 r), w których IBB PAN bierze udział.

L.p.	Tytuł	Opis	Koordynator
1	ELIXIR.PL	Krajowa infrastruktura badawcza stanowiąca wkład w międzynarodowy projekt wpisany na „mapę drogową” ESFRI	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	POL-OPENSOURCE – Polska Platforma Infrastruktury Skriningowej dla Chemii Biologicznej	Krajowa infrastruktura badawcza stanowiąca wkład w międzynarodowy projekt wpisany na „mapę drogową” ESFRI	Instytut Biologii Medycznej PAN w Łodzi
4	SOLARIS – Narodowe Centrum Promieniowania Synchrotronowego	Krajowa infrastruktura badawcza stanowiąca wkład w międzynarodowy projekt „CERIC-ERIC”	Uniwersytet Jagielloński w Krakowie
5	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
206	4	0	200	2	2

II.2. Aktywność wydawnicza jednostki

II.2.1. Wydawnictwa własne jednostki w roku sprawozdawczym (liczbowo, dotyczy wydawnictw, które ukazały się w roku sprawozdawczym)

nie dotyczy

ogółem wydane		z tego								
		wydawnictwa zwarte		wydawnictwa ciągłe					Pozostałe	
				w tym <i>czasopisma: drukowane</i>		wyłącznie w wersji elektroniczn ej	Inne wydawnictwa ciągłe			
liczba tytułów w	nakład w egz.	liczba tytułów w	nakład w egz.	liczba tytułów w	nakład w egz.	liczba tytułów	liczba tytułów w	nakład w egz.	liczba tytułów w	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 dotyczy

II.3. Projekty, prace badawcze realizowane w roku sprawozdawczym**Łączna liczba wszystkich projektów (II.3.1-II.3.5): 112**

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	1	Multidyscyplinarne kompleksowe badania degradacji i kontroli jakości mitochondrialnego RNA.	Dr hab. Roman Szczęsny	2014	2020	3 000 880 zł	Narodowe Centrum Nauki	
Projekty finansowane lub dofinansowane ze środków Narodowego 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 Arabidopsis 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	Rola proteasomalnej degradacji białek w regulacji odpowiedzi roślin na stres niedoboru siarki.	Dr Anna Wawrzyńska	2015	2020	594 340 zł	Narodowe Centrum Nauki	
6	Nieznane szlaki przemian metabolicznych octanu, maślanu, mleczanu i propionianu we wspólnotach mikroorganizmów produkujących metan.	Dr hab. Anna Sikora	2016	2020	970 550 zł	Narodowe Centrum Nauki	
7	Regulacja posttranslacyjnej modyfikacji ludzkiej polimerazy iota.	Dr Justyna McIntyre	2016	2020	703 800 zł	Narodowe Centrum Nauki	
8	Nie-katakityczne domeny DRM2, metylotransferazy DNA kierowanej przez RNA.	Dr Humberto Fernandez	2016	2020	907 200 zł	Narodowe Centrum Nauki	
9	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	
10	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	
11	Mechanizmy inkorporacji i usuwania rybonukleotydów w komórkach <i>E. coli</i> .	Dr Karolina Makiela-Dzbeńska	2016	2021	549 360 zł	Narodowe Centrum Nauki	National Institutes of Child Health and Human Development, USA
12	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	
13	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	2020	676 800 zł	Narodowe Centrum Nauki	

14	Regulacja polimerazy III RNA w makrofagach.	Dr Damian Graczyk	2016	2020	776 000 zł	Narodowe Centrum Nauki	
15	Użycie modelu drożdżowego do badania funkcji białek Vps13 zaangażowanych w patogenezę rzadkich genetycznych chorób neurodegeneracyjnych.	Prof. dr hab. Teresa Żołądek	2016	2020	971 280 zł	Narodowe Centrum Nauki	University of Geneva, Szwajcaria
16	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	
17	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	
18	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	
19	Czy oddziaływania z albuminą są istotne dla metalozależnej toksyczności peptydów beta-amyloidowych.	Mgr inż. Ewelina Stefaniak	2017	2020	150 000 zł	Narodowe Centrum Nauki	
20	Badanie roli i biosyntezy poliprenoli typu bakteryjnego w komórkach eukariotycznych.	Dr Liliana Surmacz	2017	2021	900 000 zł	Narodowe Centrum Nauki	
21	Czy mikrobioty ryzosfer antarktycznych roślin kwiatowych zwiększają ich odporność?	Mgr Anna Znój	2017	2021	148 800 zł	Narodowe Centrum Nauki	

	22	Zależny od białek Rab transport pęcherzykowy i równowaga biosyntezy steroli - gdzie szukać połączenia?	Dr Małgorzata Gutkowska-Stronkowska	2017	2021	432 800 zł	Narodowe Centrum Nauki	
	23	Nowe powiązania funkcjonalne w komórce eukariotycznej: transport pęcherzykowy strażnikiem stabilności genetycznej.	Dr hab. Adrianna Skoneczna	2017	2021	1 069 400 zł	Narodowe Centrum Nauki	
	24	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 Wyślouch-Cieszyńska	2017	2021	1 033 600 zł	Narodowe Centrum Nauki	
	25	Rola białka Cdc45 w utrzymaniu stabilności genomu w komórkach drożdży <i>Saccharomyces cerevisiae</i> .	Mgr Milena Denkiewicz-Kruk	2017	2021	150 000 zł	Narodowe Centrum Nauki	
	26	Promutagenne działanie pseudoubikwitynazy Mms2 w komórkach drożdży <i>S. cerevisiae</i> .	Mgr Michał Krawczyk	2017	2021	149 900 zł	Narodowe Centrum Nauki	

27	Rola małych peptydów w transporcie miedzi w organizmie człowieka - oddziaływania z albuminą.	Prof. dr hab. Wojciech Bal	2017	2021	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
28	Poznanie mechanizmu funkcjonowania mitochondrialnej syntazy ATP poprzez badanie fenotypów mutacji patologicznych w mitochondrialnym DNA na modeli drożdżowym.	Dr hab. Róża Kucharczyk	2017	2021	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
29	Rola kinaz SnRK2 w regulacji alternatywnego splicingu pre-mRNA i biogenezie miRNA w odpowiedzi roślin na zasolenie.	Prof. dr hab. Grażyna Dobrowolska	2017	2021	1 631 250 zł	Narodowe Centrum Nauki	RNA Biology and Molecular Physiology, Faculty of Biology, Bielefeld University, Niemcy
30	Molekularny mechanizm kontroli tempa elongacji Poll przez splicing.	Dr hab. Szymon Świeżewski	2017	2020	1 520 900 zł	Narodowe Centrum Nauki	
31	Polihydroksykwaszy zimnolubnych bakterii z regionów polarnych – rola w adaptacji bakterii do warunków stresowych i potencjał biotechnologiczny.	Dr Jakub Grzesiak	2017	2021	647 116 zł	Narodowe Centrum Nauki	Materials Research Centre, Faculty of Chemistry, Brno University of Technology, Czechy

32	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	
33	Rola białka Rbs1 w kontroli generalnej odpowiedzi komórki drożdży <i>Saccharomyces cerevisiae</i> na defekt biosyntezy tRNA.	Prof. dr hab. Magdalena Rakowska-Boguta	2018	2022	957 600 zł	Narodowe Centrum Nauki	
34	Badania termodynamiczne wiązania halogenowego w klatce (bio)molekularnej.	Prof. dr hab. Jarosław Poznański	2018	2021	1 398 000 zł	Narodowe Centrum Nauki	
35	Rola HopBF1, efektoru 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
36	Analiza wybranych procesów wpływających na architekturę genomów i skład proteomów u grzybów.	Dr hab. Anna Muszewska	2018	2021	403 840 zł	Narodowe Centrum Nauki	
37	Rola białek z rodziny ALKBH w rozwoju otyłości i cukrzycy typu 2 na modelu świni.	Prof. dr hab. Elżbieta Grzesiuk	2018	2022	1 240 920 zł	Narodowe Centrum Nauki	
38	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
39	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

40	Mechanizmy regulacji biosyntezy poliprenoli na poziomie transkrypcji.	Dr Daniel Buszewicz	2018	2021	990 000 zł	Narodowe Centrum Nauki	
41	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
42	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
43	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	
44	Czy maszyneria apoptotyczna jest starą adaptacją do warunków tlenowych?	Dr hab. Szymon Kaczanowski	2018	2021	786 200 zł	Narodowe Centrum Nauki	
45	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	
46	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
47	Charakterystyka klonów <i>Streptococcus pyogenes</i> opornych na makrolidy.	Dr hab. Izabela Kern-Zdanowicz	2018	2021	1 027 302 zł	Narodowe Centrum Nauki	
48	Mechanizmy chroniące przed uszkodzeniami oksydacyjnymi podczas starzenia.	Dr Ulrike Topf	2018	2020	1 200 800 zł	Narodowe Centrum Nauki	

49	Integracja przekazu sygnału od światła i stresu osmotycznego - funkcje molekularne białka PMI1 z <i>Arabidopsis thaliana</i> .	Dr Olga Sztatelman	2019	2022	1 242 600 zł	Narodowe Centrum Nauki	
50	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
51	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	
52	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	
53	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

54	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
55	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
56	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	
57	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	
58	Analiza transkryptomiczna genomów <i>Saccharomyce cerevisiae</i> w przebiegu ewolucji prowadzonej w warunkach laboratoryjnych - badanie stabilności modułów funkcjonalnych.	Mgr Joanna Klim	2019	2020	69 900 zł	Narodowe Centrum Nauki	
59	Białko PA2504 - nowy gracz w systemie regulacji egzotoksyny A <i>Pseudomonas aeruginosa</i> .	Mgr Joanna Drabińska	2019	2021	138 720 zł	Narodowe Centrum Nauki	
60	Proteomiczna analiza interakcji białek wirusa Zika z jądrowymi białkami komórek gospodarza.	Prof. dr hab. Michał Dadlez	2019	2022	1 072 126 zł	Narodowe Centrum Nauki	University of Louisville School of Medicine, Department of Neurological Surgery, Department of Microbiology and

							Immunology, USA
61	Prohepcydyna jako molekularny cel wiązania kadmu.	Mgr Dawid Płonka	2019	2021	69 600 zł	Narodowe Centrum Nauki	Warwick University, Wielka Brytania
62	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	
63	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
64	"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	
65	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
66	Rola efektora HopAG1 w wirulencji bakteryjnych patogenów roślinnych.	Dr Magdalena Górecka	2019	2022	1 021 800 zł	Narodowe Centrum Nauki	
67	Projektowanie fotoprzełączalnych rozbrajaczy biomateriałów zbudowanych z włókien amyloidowych.	Dr Dorota Niedziałek	2019	2022	618 600 zł	Narodowe Centrum Nauki	
68	Identyfikacja nieznanych regulatorów wtórnego czasu spoczynkowego nasion u <i>Arabidopsis</i> .	Dr Ruslan Yatusewich	2019	2022	1 456 400 zł	Narodowe Centrum Nauki	
69	Biologia i systematyka antarktycznych szczepów bakterii kwasu mlekowego z rodzaju <i>Carnobacterium</i> w świetle analiz fenotypowych i genomicznych.	Mgr inż. Katarzyna Kosiorek	2019	2021	139 980 zł	Narodowe Centrum Nauki	

70	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
71	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	
72	Mechanizmy zachowania metylacji DNA u ssaków: czas, wierność i podstawy kopiowania wzoru metylacji.	Prof. dr hab. Mathias Bochler	2019	2022	1 737 600 zł	Narodowe Centrum Nauki	East China Normal University, College of Life Science, Chiny
73	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
74	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
75	Identyfikacja czynników wirulencji <i>Streptococcus anginosus</i> .	Dr hab. Izabela Kern-Zdanowicz	2019	2022	1 005 620 zł	Narodowe Centrum Nauki	
76	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	

77	Modyfikacja i działanie niekodujących RNA	Dr Jacek Nowak	2020	2023	2 063 140 zł	Narodowe Centrum Nauki	Institute for Integrative Biology of the Cell (I2BC), CNRS, CEA, Université Paris Sud, Gif-sur-Yvette, Francja
78	Identyfikacja substratów SnRK2 grupy I zaangażowanych w metabolizm RNA i wyjaśnienie roli ich fosforylacji.	Mgr Adrian Kasztelan	2020	2023	210 000 zł	Narodowe Centrum Nauki	
79	Analiza funkcjonalna genomów bakteriofagów <i>Staphylococcus aureus</i> z rodzaju Kayvirus w poszukiwaniu molekularnych podstaw szerokiej specyficzności i strategii przetrwania w populacji z gospodarzem.	Dr hab. Małgorzata Barbara Łobocka	2020	2023	2 249 194 zł	Narodowe Centrum Nauki	CEB-Centre of Biological Engineering, University of Minho, Braga, Portugal
80	Nowa rola drożdżowego WASP (Las17) w jąderku: możliwe implikacje dla etiologii zespołu Wiskotta-Aldricha.	Mgr Justyna Antoniuk-Majchrzak	2020	2023	203 544 zł	Narodowe Centrum Nauki	
81	Nowe aspekty negatywnej regulacji polimerazy III RNA u drożdży <i>Saccharomyces cerevisiae</i> .	Dr Małgorzata Maria Cieśla	2020	2023	1 252 200 zł	Narodowe Centrum Nauki	Institute of Cellular Biochemistry and Genetics, CNRS UMR5095, Bordeaux University, Francja
82	Analiza sygnałowej roli O-acetyloseryny w roślinach.	Prof. dr hab. Agnieszka Sirko	2020	2023	1 472 600 zł	Narodowe Centrum Nauki	1) Max Planck Institute of Molecular Plant Physiology, Potsdam-Golm, Niemcy 2) Institute for Plant Sciences, University of Cologne, Niemcy
83	Szybkie i łatwe w przeprowadzaniu test na obecność SARS-CoV-2 z użyciem narzędzi CRISPR	Prof. dr hab. Matthias Bochtler	2020	2021	243 085 zł	Narodowe Centrum Nauki	
84	W jaki sposób heterogenność rybosomów przyczynia się do obrony przed stresem komórkowym?	Dr Ulrike Topf	2020	2025	3 861 212 zł	Narodowe Centrum Nauki	

85	Kompleksowa analiza funkcji Rysto receptora typu TIR-NB-LRR w odporności ziemniaka na infekcje	Dr Marta Grech-Baran	2020	2023	909 000 zł	Narodowe Centrum Nauki	
86	Analiza supresorów mutacji ydiU <i>Escherichia coli</i> oraz frakcji błonowej odpornej na detergenty jako droga poznania powiązań funkcjonalnych AMPylaz rodziny SELO zaangażowanych w odpowiedź na stres oksydacyjny od bakterii po człowieka.	Mgr Monika Karasiewicz-Urbańska	2020	2022	139 656 zł	Narodowe Centrum Nauki	
87	Identyfikacja i całościowa klasyfikacja peptydaz	Dr Kamil Steczkiewicz	2020	2023	878 400 zł	Narodowe Centrum Nauki	
88	Analiza funkcji litycznych bakteriofaga P1 jako droga do poznania mechanizmów szerokiego rozprzestrzenienia klinicznych szczepów bakterii niosących pochodne P1 z genami oporności na antybiotyki beta-lactamowe nowej generacji	Mgr Agnieszka Bednarek	2020	2023	139 920 zł	Narodowe Centrum Nauki	
89	Zróznicowana aktywność systemów naprawy rybonukleotydów na nici wiodącej i opóźnionej DNA i jej konsekwencje dla mechanizmu i wierności replikacji obydwu nici DNA w komórkach <i>Escherichia coli</i> .	Mgr Krystian Łazowski	2020	2022	139 920 zł	Narodowe Centrum Nauki	
90	Wysokorozdzielcza analiza danych z eksperymentów wymiany proton-deuter monitorowanych spektrometrią mas.	Prof. dr hab. Michał Dadlez	2020	2024	519 600 zł	Narodowe Centrum Nauki	Institut de Pharmacologie et de Biologie Structurale: Toulouse, Midi-Pyrénées, Francja
91	Nowe mechanizmy regulujące aktywność cis-prenylotransferaz w roślinach.	Dr hab. Liliana Surmacz	2020	2024	1 969 800 zł	Narodowe Centrum Nauki	Yale University School of Medicine, New Haven, Connecticut 06520, USA

	92	Mechanizmy molekularne odpowiedzialne za formowanie się mięśniowych egzosfer oraz ich rola w proteostazie i cyklu życiowym <i>C. elegans</i> .	Dr Michał Turek	2020	2023	1 896 240 zł	Narodowe Centrum Nauki	
	93	Znaczenie cząsteczek typu mikroRNA, UpRoi 1 i UpRoi 2, w regulacji metabolizmu komórek bakteryjnych <i>Escherichia coli</i> zainfekowanych bakteriofagiem Φ 24B.	Dr Sylwia Bloch	2020	2021	49 885 zł	Narodowe Centrum Nauki	
	94	Zależności pomiędzy białkiem LSU1 a receptorem selektywnej autofagii NBR1 u <i>Arabidopsis thaliana</i> .	Dr inż. Marcin Olszak	2020	2021	49 500 zł	Narodowe Centrum Nauki	
	95	Wpływ zmiany poziomu tRNA na heterogenność rybosomów.	Dr Abu Musa MD Talimur Reza	2020	2021	49 940 zł	Narodowe Centrum Nauki	
II.3.2	1	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	216	2021	2 544 270 zł	NCBiR	
Projekty finansowane lub dofinansowane ze środków Narodowego Centrum Badań i Rozwoju	2	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	1	Selektywna autofagia w <i>Arabidopsis thaliana</i> .	Prof. dr hab. Agnieszka Sirko	2019	2021	20 000 zł	NAWA	

Projekty finansowane przez inne organizacje krajowe (w tym MNiSW, NAWA)	2	Stworzenie szczepów drożdży ekspresujących Split-GFP z dwóch genomów.	Dr hab. Róża Kucharczyk	2020	2021	14 400 zł	NAWA	Université de Strasbourg, Francja
	3	Charakterystyka alternatywnych izoform POLR1D, wspólnej podjednostki dla polimeraz RNA I i III, we wzroście i nowotworzeniu raka jelita grubego.	Dr Damian Graczyk	2020	2021	8 300 zł	NAWA	University of Bordeaux (INSERM U1212 –CNRS UMR 5320), Francja
	4	Oddziaływanie jonów srebra z receptorami jądrowymi: podstawy molekularne nowego mechanizmu toksyczności srebra.	Prof. dr hab. Wojciech Bal	2020	2021	17 100 zł	NAWA	CEA Grenoble, Laboratory of Chemistry and Biology of Metals, Francja
	5	POL-OPENSREEN - Polska Platforma Infrastruktury Skriningowej dla Chemii Biologicznej.	Prof. dr hab. Piotr Zielenkiewicz	2018	2023	11 500 000 zł	MNiSW	
	6	Analiza funkcji kompleksów remodelujących chromatynę typu SWI/SNF w kontroli struktur chromatynowych wyższego rzędu.	Mgr Paulina Kondrak	2105	2020	199 980 zł	MNiSW	
	7	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	
	8	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	

	9	Gene-loops and antisense transcription as mediators of stress memory in plants.	Dr Lien Brzeźniak	2108	2020	800 000 zł	FNP	
	10	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	
	11	Mitochondrial double-stranded RNA: its origin, turnover and involvement in human diseases.	Dr hab. Roman Szczesny	2018	2022	2 166 850 zł	FNP	
	12	Antisense transcription requirement for plant external environment sensing.	Dr hab. Szymon Świeżewski	2017	2021	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	2021	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	0							
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 zł	Polpharma	

*środki ogółem przyznane na okres realizacji przez instytucję finansującą projekt

** w przypadku konsorcjów większych niż 5 partnerów prosimy wpisać „projekt wielostronny”

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).

The expression of Rpb10, a small subunit common to RNA polymerases, is modulated by the R3H domain-containing Rbs1 protein and the Upf1 helicase

Małgorzata Cieśla, Tomasz W Turowski, Marcin Nowotny, David Tollervey, Magdalena Boguta
Nucleic Acids Res. 2020 Dec 2; 48(21):12252-12268. doi: 10.1093/nar/gkaa1069.

Wyniki stanowią dokumentację mechanizmu regulacji ilości Rpb10, podjednostki polimerazy RNA III (Pol III), przez białko Rbs1 u drożdży. Rbs1 zawiera domenę R3H, poprzez którą wiąże się do rejonów 3'UTR wybranych mRNA, w tym mRNA *RPB10* i *RPC19* kodujących podjednostki subkompleksu Pol III powstającego w początkowym etapie składania wieloskładnikowego holoenzymu. Uzyskane wyniki pozwoliły na przedstawienie modelu ko-translacyjnego mechanizmu składania kompleksu Pol III zachodzącego z udziałem Rbs1.

Key Intermediate Species Reveal the Copper(II)-Exchange Pathway in Biorelevant ATCUN/NTS Complexes

Radosław Kotuniak, Marc J F Strampraad, Karolina Bossak-Ahmad, Urszula E Wawrzyniak, Iwona Ufnalska, Peter-Leon Hagedoorn, Wojciech Bal
Angew Chem Int Ed Engl. 2020 Jul 6;59(28):11234-11239. doi: 10.1002/anie.202004264. Epub 2020 May 12.

Motywy ATCUN występują w wielu białkach i peptydach związanych z transportem miedzi w organizmie, natomiast ich rola w tym procesie była kwestionowana ze względu na inertność chemiczną ich kompleksów miedziowych. Odkryty mechanizm tworzenia przejściowej formy kompleksu ATCUN z czasem życia kilkuset milisekund spełnia kryteria chemiczne dla reakcji wymiany i redoks, odpowiadające postulowanej funkcji biologicznej i stanowi podstawę dla projektowania nowych leków.

Najważniejsze w roku sprawozdawczym osiągnięcie działalności naukowej jednostki o znaczeniu ogólnospołecznym lub gospodarczym, jeżeli zjawisko wystąpiło (maks. 500 znaków ze spacjami).

Pracownicy Pracowni Patogenezy Roślin IBB PAN scharakteryzowali produkt białkowy genu *Ry_{sto}*, który wcześniej wyizolowali z roślin Ziemniaka uprawnego (*Solanum tuberosum*). Uzyskane wyniki opublikowane zostały w najbardziej prestiżowym dla nauk rolniczych periodyku naukowym, Plant Biotech. J. o współczynniku IF 8.154. Wyniki te, posiadają nie tylko elementy nowatorstwa w dziedzinie nauk poznawczych ale przede wszystkim duży potencjał aplikacyjny dla hodowli odpornościowej roślin.

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).

1. Patent nr PL234156 Pochodna polisacharydu, chitination i kompozycja farmaceutyczna zawierająca chitination do zastosowania do zapobiegania alergii wywołanej metalami ciężkimi.

Bal Wojciech, Zawisza Izabela, Frączyk Tomasz

Wynalazek dotyczy chitinationu, nowej pochodnej glutationowej chitozanu, Opisano sposoby

syntezy chemicznej chitatonu, kompozycje kosmetyczne zawierające chitaton i zastosowania chitatonu do wytwarzania środków chroniących przed alergią na metale.

2. Patent nr PL236026 - Monoklonalne przeciwciało mysie, rekombinowane białko fuzyjne, zastosowanie przeciwciał, immunoczuJNIK do wykrywania wirusa grypy oraz sposób wytwarzania immunoczuJNIKA.

Sirko Agnieszka, Góra-Sochacka Anna, Sawicka Róża, Kalenik Barbara, Radecki Jerzy, Radecka Hanna, Jarocka Urszula, Dahaen Wim, Sączyńska Violetta, Porębska Anna, Borowicz Piotr, Płucienniczak Grażyna, Szewczyk Bogusław

Przedmiotem zgłoszenia jest rozwiązanie dotyczące monoklonalnych przeciwciał mysich specyficznie rozpoznających słabo konserwowany epitop w regionie "główki" hemaglutyniny (HA) wirusa (H5N1) A/swan/Poland/305-135V08/06, zastosowania tych przeciwciał monoklonalnych w sposobie wytwarzania warstwy na powierzchni elektrody złotej, a także sposobu konstrukcji immunoczuJNIKA do wykrywania wirusa grypy typu H5N1.

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 zgłoszenie patentowego	Numer prawa wyłączzonego	Tytuł	Twórca /Twórcy	Nazwa uprawnionego z patentu	Kraj lub organizacja gdzie dokonano zgłoszenia
1	EP2013/064870	13.07.2013	CA 2,878,824, patent przyznany 29.12.2020 w Kanadzie	A method of evaluating the therapeutic efficacy of bacteriophages.	Łobocka Małgorzata Głowacka Aleksandra Dąbrowski Kamil Hejnowicz Monika S. Gozdek Agnieszka Weber-Dąbrowska Beata Górski Andrzej Empel Joanna Hryniewicz Waleria Kwiatek Magdalena Parasion Sylwia Gryko Romuald	Institute of Biochemistry and Biophysics, PAS; L. Hirschfeld Institute of Immunology and Experimental Therapy, PAS; National Institute of Medicines; Warsaw University of Life Sciences; Military Institute of Hygiene and Epidemiology)	European Patent Office, Zgłoszenie PCT
2	413262	24.07.2015	PL236026 B1 (data przyznania 30.11.2020)	Zastosowanie przeciwciała do wykrywania wirusa grypy, immunoczuJNIK oraz sposób jego wytwarzania.	Sirko Agnieszka Góra-Sochacka Anna Sawicka Róża Kalenik Barbara Radecki Jerzy Radecka Hanna Jarocka Urszula Dahaen Wim Sączyńska Violetta Porębska Anna Borowicz Piotr Płucienniczak Grażyna Szewczyk Bogusław	Instytut Biochemii i Biofizyki PAN; Instytut Rozrodu zwierząt i badań żywności Polskiej Akademii Nauk; Sieć Badawcza Łukasiewicz - Instytut Biotechnologii i Antybiotyków; Uniwersytet Gdański	Polska

3	PL419848	18.12.2016	PL235564 Pat. przyznany w dniu 18.12.2016	Zastosowanie białek z grupy ALKBH w sposobie diagnozowania chorób nowotworowych <i>in vitro</i> oraz pochodne antrachinonu do zastosowania do leczenia lub zapobiegania rozwojowi nowotworu nosogardła i/lub elementów układu pokarmowego.	Jan Piwowarski Wojciech Kukwa Bartosz Bieszczad Michał Dadlez Janusz Dębski Małgorzata Dylewska Damian Garbicz Robert Gromadka Katarzyna Grzelak Elżbieta Grzesiuk Anna Janiszewska Maciej Kosieradzki Maciej Kozak Andrzej Kukwa Wojciech Lisik Michał Marcinkowski Damian Mielecki	Instytut Biochemii i Biofizyki PAN Warszawski Uniwersytet Medyczny Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu Uniwersytet Warmińsko- Mazurski w Olsztynie	Urząd Patentowy Rzeczypospolitej Polskiej
4	P.413560	30.11.2020	P.236028	Cząsteczka oligonukleotydowa do zastosowania w zmniejszaniu odpowiedzi zapalnej lub zapobieganiu zwiększenia odpowiedzi zapalnej organizmu.	Łukasik Anna Zielenkiewicz Piotr Szweykowska-Kulińska Zofia Pączek Leszek	Instytut Biochemii i Biofizyki PAN Uniwersytet im. A. Mickiewicza w Poznaniu	Polska
5	P.422852	15.09.2017	Pat.236297 Przyznany 28.12.2020	Bakteryjna kultura starterowa, zakwas ją zawierający, sposób wytwarzania pieczywa i zastosowanie bakteryjnej kultury starterowej lub zakwasu do wytwarzania pieczywa.	Kowalczyk Magdalena Boreczek Jakub Bardowski Jacek Żylińska Joanna Górecki Roman Litwinek Dorota Gambuś Halina Buksa Krzysztof	Instytut Biochemii I Biofizyki Polskiej Akademii Nauk, Warszawa, PL; Uniwersytet Rolniczy Im. Hugona Kołłątaja W Krakowie, Kraków, PL	Polska UPRP

6	EP14830896.8	19.12.2014	EP3083660 Patent europejski przyznany 12.02.2020	Method of influenza antigen production.	Kopera Edyta Grzelak Krystyna Maria Zagórski-Ostoja Włodzimierz Szewczyk Bogusław Sączyńska Violetta Teresa Florys Katarzyna Cecuda-Adamczewska Violetta	Instytut Biochemii i Biofizyki PAN Łukasiewicz Instytut Chemii Przemysłowej	
7	EP14733705.9	20.05.2014	EP2999789 Patent europejski przyznany 01.01.2020	Method for selection of HDIS3 PIN domain inhibitors and use of HDIS3 PIN domain inhibitors for cancer treatment.	Dziembowski Andrzej Tomecki Rafał Drażkowska Karolina Szczęsny Roman Stoduś Krystian Jonko Weronika Nowotny Marcin Gołębiowski Adam Olczak Jacek	Instytut Biochemii i Biofizyki PAN Oncoarendi Therapeutics SP zoo Międzynarodowy Instytut Biologii Molekularnej	
8	EP15780935.01	27.08.2015	EP3186370	Enzyme with high lytic activity against enterococcus cell and modification of the gene thereof, enabling overproduction of active enzyme in bacterial cells.	Łobocka Małgorzata Gozdek Agnieszka Kosakowski Jarosław Różycka Aleksandra Weber-Dąbrowska Beata Górski Andrzej	Instytut Biochemii i Biofizyki PAN Instytut Immunologii i Terapii Doświadczalnej PAN	
9	EP 18830543	30.05.2020		Decontamination method of sulfur esters polluted environment, new bacterial strains and use of thereof.	Furmańczyk Ewa Kamiński Michał Sobczak Adam Lipiński Leszek	Instytut Biochemii i Biofizyki PAN	

10	P.434470-zgłoszenie macierzyste z 15.09.2017 r	Zgłoszenie nr P.422852 wydzielone ze zgłoszenia macierzystego 13.05.2020.		Bakteryjna kultura starterowa, zakwas ją zawierający, sposób wytwarzania pieczywa i zastosowanie bakteryjnej kultury starterowej lub zakwasu do wytwarzania pieczywa.	Magdalena Kowalczyk, Jakub Boreczek, Jacek Bardowski, Joanna Żylińska, Roman Górecki; Dorota Litwinek, Halina Gambuś, Krzysztof Buksa	Instytut Biochemii i Biofizyki Polskiej Akademii Nauk, Uniwersytet Rolniczy Im. Hugona Kołłątaja	Polska UPRP
11	P.434475 zgłoszenie macierzyste z 15.09.2017	Zgłoszenie nr P.422852 wydzielone ze zgłoszenia macierzystego 13.05.2020		Bakteryjna kultura starterowa, zakwas ją zawierający, sposób wytwarzania pieczywa i zastosowanie bakteryjnej kultury starterowej lub zakwasu do wytwarzania pieczywa.	Kowalczyk Magdalena Boreczek Jakub Bardowski Jacek Żylińska Joanna Górecki Roman Litwinek Dorota Gambuś Halina Buksa Krzysztof	Instytut Biochemii i Biofizyki Polskiej Akademii Nauk,; Uniwersytet Rolniczy Im. Hugona Kołłątaja	Polska UPRP
12	PCT/IB2020/058425	10.10.2020		Use of thiosangivamycin as a herbicide, herbicide composition comprising thiosangivamycin and method of weed control.	Archacki Rafał Siedlecki Paweł Wójcikowski Maciej Sosnowska Katarzyna	Uniwersytet Warszawski Instytut Biochemii i Biofizyki PAN	PCT
13	P.435261	10.09.2020		Peptyd do stosowania w leczeniu lub zapobieganiu COVID-19.	Odolczyk Norbert Zielenkiewicz Piotr Marzec Ewa Poznański Jarosław	Instytut Biochemii i Biofizyki, PAN	Polska
14	P.436491	28.12.2020		Peptyd do stosowania w leczeniu lub zapobieganiu COVID-19.	Odolczyk Norbert Zielenkiewicz Piotr Winiewska-Szajewska Maria Poznański Jarosław	Instytut Biochemii i Biofizyki, PAN	Polska

15	PCT/IB2020/058425	10.09.2020		Use of thiosangivamycin as a herbicide, herbicide composition comprising thiosangivamycin and method of weed control.	Archacki Rafał Siedlecki Paweł Sosnowska Katarzyna Wójcikowski Maciej	Uniwersytet Warszawski, Institute of Biochemistry and Biophysics, PAS	Zgłoszenie międzynarodowe PCT
----	-------------------	------------	--	---	--	---	-------------------------------------

wykaz zgłoszeń i uzyskanych praw ochronnych na wzory użytkowe

Lp.	Numer zgłoszenia	Data zgłoszenia	Numer prawa wyłącznego	Tytuł	Twórca / Twórcy (nazwisko i imię)	Nazwa uprawnionego	Kraj lub organizacja gdzie dokonano zgłoszenia

nie dotyczy

II. 5. Działalność jednostki na rzecz terytorialnych struktur samorządowych

(krótki opis)

prowadzenie, wspieranie badań naukowych i prac rozwojowych z obszaru tematyki regionalnej;
inicjowanie i prowadzenie prac oraz studiów koncepcyjnych związanych z regionem;
inne formy działalności jednostki w zakresie współpracy z samorządem terytorialnym.

nie dotyczy**II.6. Kształcenie i rozwój kadry naukowej**

II.6.1. Wykaz uzyskanych tytułów i stopni naukowych pracowników jednostki w roku sprawozdawczym:

profesora nadany przez Prezydenta RP (imię i nazwisko pracownika)

Małgorzata Łobocka

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
Jadwiga Szczegliński	Rola kinazy białkowej zależnej od jonów wapnia (ZmCPK11) z kukurydzy w odpowiedzi na stresy abiotyczne	dziedzina nauki ścisłych i przyrodniczych, dyscyplina nauki biologiczne
Simon Drew	Wiązanie miedzi poprzez nieprawidłowo zwinięte białka i peptydy związane z chorobami neurodegradacyjnymi.	dziedzina nauki ścisłych i przyrodniczych, dyscyplina nauki biologiczne

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
Aneta Więsyk	Analiza porównawcza transkryptomu <i>Solanum lycopersicum</i> w przebiegu łagodnej i ostrej infekcji wirusem wrzeczionowatości bulw ziemniaka (PSTVd).	dziedzina nauk ścisłych i przyrodniczych, dyscyplina nauki biologiczne

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
Małgorzata Adamczyk	Regulacja i kontrola sieci metabolicznych w biochemii systemowej. Nowe aspekty regulacji genów i kontroli metabolizmu glukozy u <i>S. cerevisiae</i> .	dziedzina nauki ścisłych i przyrodniczych, dyscyplina nauki biologiczne
Elżbieta Nowak	Badania strukturalne i biochemiczne białek biorących udział w procesie naprawy DNA i odwrotnej transkrypcji.	dziedzina nauki ścisłych i przyrodniczych, dyscyplina nauki biologiczne

Wojciech Pokrzywa	Komórkowe systemy kontroli jakości białek w rozwoju i starzeniu się.	dziedzina nauki ścisłych i przyrodniczych, dyscyplina nauki biologiczne
Przemysław Szafrąński	Niekodujące aspekty molekularnej genetyki dysplazji ACDMPV	dziedzina nauki ścisłych i przyrodniczych, dyscyplina nauki biologiczne

- doktora

Imię i nazwisko	Tytuł rozprawy doktorskiej	Dziedzina i zakres nadanego stopnia naukowego
Sreedevi Sugunan	Zlokalizowana translacja kodowanych jądrowo białek mitochondrialnych u <i>Danio pręgowanego</i> .	dziedzina nauk ścisłych i przyrodniczych, dyscyplina nauki biologiczne
Katarzyna Poleszak	Charakterystyka kompleksu MLH1-MBD4, tworzonego przez białka biorące udział w naprawie DNA.	dziedzina nauk ścisłych i przyrodniczych, dyscyplina nauki biologiczne
Łukasz Kowalski	Pozamitochondrialne czynniki wpływające na import i degradację białek mitochondrialnych.	dziedzina nauk ścisłych i przyrodniczych, 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		
68	47	0	0	0	0	0	0		
Liczba uczestników studiów doktoranckich ogółem 115						w tym: przyjęci w roku sprawozdawczym 0			
K		M		K		M		76	46
68		47		0		0			

Bliższe informacje o doktorantach niebędących obywatelami polskimi, zwanymi dalej „cudzoziemcami”

Liczba cudzoziemców ogółem		w tym: przyjęci w roku sprawozdawczym	
23		0	
Kraj pochodzenia	Liczba cudzoziemców	Kraj pochodzenia	Liczba cudzoziemców
1) Chiny	2	nie było	0
2) Hiszpania	1		
3) Indie	13		
4) Iran	1		
5) Niemcy	1		
6) Portugalia	2		
7) Turcja	1		
8) Ukraina	1		
9) 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 2) Instytut Medycyny Doświadczalnej i Klinicznej im. Mirosława Mossakowskiego PAN 3) Instytut Hematologii i Transfuzjologii PAN 4) Instytut Biochemii i Biofizyki PAN 5) Instytut Biocybernetyki i Inżynierii Biomedycznej im. Macieja Nałęcz PAN
Dyscypliny, w których prowadzone jest kształcenie w szkole doktorskiej	1) Nauki medyczne 2) Nauki biologiczne 3) Inżynieria biomedyczna

Liczba doktorantów szkoły doktorskiej w instytucie naukowym PAN (w podziale na płeć doktorantów):				Liczba doktorantów pobierających stypendia:	
Liczba doktorantów szkoły doktorskiej - ogółem 8		w tym: przyjęci w roku sprawozdawczym 4		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		
7	1	3	1	8	

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) Indie	1	1) Indie	1

Nazwa szkoły doktorskiej prowadzonej przez instytut PAN lub wspólnie prowadzonej z innymi podmiotami	Szkoła Doktorska Biologii Molekularnej i Chemii Biologicznej
Podmiot odpowiedzialny za wprowadzanie danych do systemu POL-on i uprawniony do otrzymania środków finansowych na wspólne kształcenie w szkole doktorskiej	Instytut Biochemii i Biofizyki Polskiej Akademii Nauk
Podmioty wspólnie prowadzące szkołę doktorską	1) Instytut Biochemii i Biofizyki Polskiej Akademii Nauk
Dyscypliny, w których prowadzone jest kształcenie w szkole doktorskiej	1) Nauki biologiczne 2) Nauki chemiczne

Liczba doktorantów szkoły doktorskiej w instytucie naukowym PAN (w podziale na płeć doktorantów):				Liczba doktorantów pobierających stypendia:	
Liczba doktorantów szkoły doktorskiej - ogółem 13		w tym: przyjęci w roku sprawozdawczym 13		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		
8	5	8	5	13	

Blizsze 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) Turcja	1	1) Turcja	1

II.6.5 Wykaz uzyskanych doktoratów w ramach studiów doktoranckich pod kierunkiem promotora z jednostki PAN:

Imię i nazwisko	Tytuł pracy doktorskiej	Dziedzina i dyscyplina naukowa
Tomasz Sobieściak	Mikrowzory oraz klastery białek na chemicznie programowalnych, samoorganizujących monowarstwach.	dziedzina nauk ścisłych i przyrodniczych, dyscyplina nauki biologiczne
Błażej Kempański	Identyfikacja nowych sekwencji aminokwasowych kierujących białka do peroksysomów w drożdżach <i>Saccharomyces cerevisiae</i> .	dziedzina nauk ścisłych i przyrodniczych, dyscyplina nauki biologiczne
Ilona Marszałek	Kompleksy ternarne sensorów fluorescencyjnych dla jonów cynkowych.	dziedzina nauk ścisłych i przyrodniczych, dyscyplina nauki biologiczne
Anna Kotrys	Analiza funkcjonalna białka C6orf203, nowego czynnika zaangażowanego w metabolizm RNA w mitochondriach człowieka.	dziedzina nauk ścisłych i przyrodniczych, dyscyplina nauki biologiczne
Ewa Leśniewska	Nowe aspekty regulacji transkrypcji tRNA - od składu kompleksu polimerazy III RNA do jego degradacji.	dziedzina nauk ścisłych i przyrodniczych, dyscyplina nauki biologiczne

Damian Kołakowski	Charakterystyka i funkcja wybranych domen i motywu FFAT drożdżowego białka Vps13 i ludzkiej choreiny.	dziedzina nauk ścisłych i przyrodniczych, dyscyplina nauki biologiczne
Dorota Dziuban-Lech	Charakterystyka statusu redoks oraz profilu wybranych lipidów u myszy z deficytem białka naprawy DNA - ERCC1.	dziedzina nauk ścisłych i przyrodniczych, dyscyplina nauki biologiczne
Bartosz Bieszczad	Układy dibenzodiazocynowe jako dogodne struktury uprzywilejowane, użyteczne w projektowaniu związków aktywnych biologicznie.	dziedzina nauk ścisłych i przyrodniczych, dyscyplina nauki biologiczne
Justyna Maszkowska	Identyfikacja białek fosforylowanych przez kinazy białkowe SnRK2 (SNF1-related protein kinases 2) niezależnie od kwasu abscysynowego w odpowiedzi rośliny na stres zasolenia.	dziedzina nauk ścisłych i przyrodniczych, dyscyplina nauki biologiczne
Marta Stępniewska-Dziubińska	Wykorzystanie sieci neuronowych do przewidywania aktywności związków niskocząsteczkowych w układach ligand-receptor	dziedzina nauk ścisłych i przyrodniczych, 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.

Krótki opis: imię i nazwisko pracownika; zagraniczny ośrodek naukowy; forma kształcenia; okres kształcenia, rok od-do; wybrane uzyskane najważniejsze rezultaty badawcze (ew. publikacje).

Ze względu na sytuację pandemiczną wszelkie staże, wyjazdy na stypendia do ośrodków zagranicznych zostały odwołane.

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
49	21	11	7

II.7. Działalność dydaktyczna pracowników jednostki

wyszczególnienie	Liczba osób prowadzących, ogółem:	
	zajęcia ze studentami (wykłady, ćwiczenia seminarialne, itp.)	wykłady (inne, poza zajęciami ze studentami)
1. w kraju	16	6
a) w uczelniach	16	3
b) w innych instytucjach	0	3
2. za granicą	0	0

Wykaz krajowych i/lub zagranicznych ośrodków naukowych, w których pracownicy jednostki prowadzili działalność dydaktyczną w roku sprawozdawczym.

1. Uniwersytet Warszawski (Wydział Matematyki Informatyki i Mechaniki, Wydział Biologii, Bioinformatyka i Biologia Systemów)
2. Uniwersytet Gdański (Wydział Biologii, Wydział Oceanografii i Geografii)
3. Uniwersytet Kardynała Wyszyńskiego
4. Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego
5. Politechnika Warszawska
6. Światowe Centrum Słuchu Instytutu Fizjologii i Patologii Słuchu
7. BioCEN Polska
8. 24 Festiwal Nauki

II.8. Współpraca z zagranicą

II.8.1. Zagraniczne instytucje naukowe, z którymi współpracuje jednostka

lp	Kraj	Partner	Nazwa dokumentu	Okres obowiązywania
1	Chile	INACH	Memorandum of Understanding	Od 28.04.2017 r.
2	Chiny	Prof. Jiemin Wong East China Normal University Shanghai	Grant SHENG NCN	01.10.2019-30.09.2022
3	Francja	CNRS/Université de Strasbourg/ IBMC, prof. H. Becker	Projekt NAWA Polonium	01.2020-12.2021
4	Francja	Martin Teichmann Uniwersytet w Bordeaux	Projekt NAWA Polonium	01.2020-12.2021
5	Francja	Institut Jean-Pierre Bourgin (IJPB) INRAE	Projekt NAWA Polonium	01.01.2019-31.12.2021
6	Francja	Etienne Schwob Institute of Molecular Genetics, Montpellier	Grant HARMONIA 2017/26/M/NZ3/01044	05.2018-05.2021
7	Francja	Said El Alaoui Covalab S.A.S.	Mutual Nondisclosure Agreement (92/142/2018); Material Transfer Agreement	

			(03.12.2018)	
8	Francja	- Sanofi-Aventis Recherche & Developpement - Institut Pasteur, - Inserm Transfert Sa, - University Paris Descartes, - Inserm, Cnrs	Umowa o współpracy	Do 30/09/2020
9	Francja (oraz: Szwajcaria, Niemcy, Holandia, Szwecja)	CNRS	International Research Network (IRN) - Genome Editing in Ciliates (GEiC)	2020-2024
10	Hiszpania	IPLA-CSIC, Instituto de Productos Lacteos	porozumienie PAN/CSIC	od 2007 r.
11	Japonia	Hiroyuki Araki National Institute of Genetics, Mishima, Japonia	Grant HARMONIA 2017/26/M/NZ3/01044	05.2018-05.2021
12	Niemcy	Max Planck Institute of Molecular Plant Physiology, Potsdam- Golm	Projekt NCN "Beethoven Life", nr 2018/31/F/NZ1/02234	29.01.2020- 2023-01-28
13	Niemcy	Institute for Plant Sciences, University of Cologne	Projekt NCN "Beethoven Life", nr 2018/31/F/NZ1/02234	29.01.2020- 2023-01-28
14	Niemcy	Ruhr-Universitat Bochum	list intencyjny	od 2013, bezterminowo
15	Niemcy	Max-Planck Institute for Plant Breeding Research, Kolonja prof. Csaba Koncz, prof. George Coupland, dr Franziska Turck	Guest scientist contract	2021-12-31
16	Niemcy	Max-Planck Institute for Molecular Plant Physiology prof. Alisdair Ferne	Ferne_2018 collaboration	2022-07-31
17	Niemcy	Deutsches Herzzentrum München Prof. Stefan Holdenrieder	Bez dokumentu	bezterminowo
18	Tajlandia	Mahidol University, Prof. Apinunt Udomkit	Bez dokumentu	bezterminowo
19	USA	Roger Woodgate, Laboratory of Genomic Integrity, NIH	Grant HARMONIA 2015/18/M/NZ3/00402	04.2020
20	USA	Dr Vincent Tagliabracci, UT Southwestern Medical Center	OPUS 13 2017/25/B/NZ1/01883	10.01.2018- 09.10.2021
21	USA	MD Anderson/University of Texas prof. Mien- Chie Hung	Bez dokumentu	bezterminowo

22	USA	National Cancer Institute Prof. Louis Staudt	Bez dokumentu	bezterminowo
23	Wielka Brytania	University of York prof. Seth Davis	Bez dokumentu	bezterminowo
24	Wielka Brytania	University of Leeds Prof. Richard Bayliss	Ramy_wspolpracy_miedzynarodowej Richard Bayliss	2022-07-31

II.8.2. Wybrane 2 ważniejsze osiągnięcia jednostki we współpracy z instytucjami zagranicznymi (według katalogu: wspólna publikacja, patent, nowa metoda badawcza, nowa technologia, grant, inne; na każdy opis – max: 500 znaków ze spacjami)

Praca "**Assigning mitochondrial localization of dual localized proteins using a yeast Bi-Genomic Mitochondrial-Split-GFP**" opublikowana w *eLife* w wyniku współpracy dr hab. R. Kucharczyk z prof. Hubertem Beckerem donosi o utworzeniu szczepu reporterowego *S. cerevisiae*, w którym w genomie mitochondrialnym zakodowany jest fragment białka GFP obejmujący pierwszych dziesięć jego beta-kartek (GFP₁₋₁₀). Jest to narzędzie do wizualizacji **jedynie** mitochondrialnej puli białek o złożonej lokalizacji komórkowej. Badane białko w fuzji z jedenastą beta-kartką GFP eksprymujemy z plazmidu. Sygnał fluorescencji uzyskamy z mitochondrialnej jego puli.

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: 1

z tego:

Nazwa konferencji miejsce, data	Organizator, współorganizatorzy	Rodzaj konferencji	
		krajowa	międzynarod.
mini-symposium w Międzynarodowym Dniu Chorób Rzadkich, koordynowanym przez EURORDIS-Rare Diseases Europe	Instytut Biochemii i Biofizyki PAN, Instytut Matki i Dziecka, Polskie Towarzystwo Biochemiczne, Polskie Towarzystwo Biologii Komórki	X	

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 24 edycji Festiwalu Nauki (18-27.09.2020, Warszawa) zostały zaprezentowane następujące tematy:

Lekcje:

Jak „zobaczyć” geny plazmidowe u bakterii mlekowych? – 25.09.2020 r

dr hab. Magdalena Kowalczyk, dr Joanna Radziwiłł-Bieńkowska, doktoranci: Anna Radulewicz, Agnieszka Różga, Aleksandra Tymoszewska, Anastasiya Vasileuskaya, 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 oglądano ich komórki. Uczestnicy spotkania dowiedzieli się także, co i w jaki sposób mówią nam o sobie bakterie mlekowe. Pokazano wnętrze komórki bakteryjnej i jak wygląda jej DNA.

Pokazy i warsztaty:

Czym są plazmidy i jaką rolę odgrywają u bakterii? –25.09.2020 r.

dr hab. Izabela Kern-Zdanowicz, mgr Aleksandra Zasun

Podczas spotkania opowiedziano o tym czym są plazmidy, jaką rolę odgrywają u bakterii te cząsteczki DNA oraz dlaczego bakterie stają się niewrażliwe na antybiotyki i co mają plazmidy z tym wspólnego?

Antarktyka daleka i piękna – co badają naukowcy? – 25.09.2020 r.

mgr Małgorzata Rogala, mgr Kornelia Wójcik

Czy pingwiny są tak sprytne jak Kowalski z "Pingwinów z Madagaskaru", a może tańczą jak nieloty z "HappyFeet Tupot Małych Stóp"? Jesteście ciekawi, jak wygląda życie w Antarktyce? Tak?

Ale kwas! - czyli jak pracować z DNA – 26.09.2020 r.

mgr Anna Długajczyk, mgr Elżbieta Gryz, mgr Joanna Klim, mgr Aleksandra Woltyńska

W czasie warsztatów w przystępny sposób opowiedziano czym jest (deoksyrybonukleinowy) kwas. Przybliżono uczestnikom warsztatów czym zajmuje się biolog molekularny oraz przekonywano że praca z DNA to przyjemna sprawa!

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).

nie dotyczy

II.11.2. Laboratoria, stacje diagnostyczne, obserwatoria, prace terapeutyczne, itp.

zadania, usługi, świadczenia (rodzaj zadań, usług i świadczeń – krótki opis);

uzyskane certyfikaty za wdrożenia systemów jakości, międzynarodowych, przyjętych w UE (opis);

uzyskane akredytacje Polskiego Centrum Akredytacji lub równorzędnego, systemy jakości (opis).

nie 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).

Nagroda Prezesa Rady Ministrów	Za wysoko ocenione osiągnięcia będące podstawą nadania stopnia naukowego doktora habilitowanego	Prezes Rady Ministrów	Komu przyznana
Nagroda Prezesa Rady Ministrów	Za osiągnięcie w zakresie działalności naukowej, w tym twórczości artystycznej lub działalności wdrożeniowej	Prezes Rady Ministrów	Wojciech Bal
Nagroda Prezesa Rady Ministrów	Nagroda za wysoko ocenione osiągnięcia będące podstawą nadania stopnia doktora habilitowanego	Prezes Rady Ministrów	Roman Szczęsny
Nagroda Zespołowa	Za osiągnięcia badawcze	Rektor Uniwersytetu Warszawskiego	Anna Maria Ciemerych-Litwinienko Edyta Brzóska-Wójtowicz Iwona Grabowska-Kowalik Karolina Archacka Areta Czerwińska Małgorzata Zimowska-Wypych Anita Florkowska Marta Kobłowska Roksana Iwanicka-Nowicka Zuzanna Michalska Bartosz Mierzejewski Władysława Stremińska Katarzyna Jańczyk-Ilach
Nagroda Naukowa Zespołowa II stopnia	za osiągnięcie naukowe p.t.: „Molekularne i komórkowe mechanizmy stanów patologicznych w organizmie ludzkim oraz ocena potencjału związków naturalnych lub ich syntetycznych pochodnych w korekcie tych zmian”	Nagroda Rektora UG	Magdalena Gabig-Cimińska, Marta Moskot
Nagroda Zespołowa dla Doktoranta i Promotora	za działalność naukową za rok 2019	Nagroda Dziekana Wydziału Biologii UG	Magdalena Gabig-Cimińska
Ogólnopolska Nagroda Gospodarcza AMBASADOR INNOWACYJNOŚCI 2020	za realizację projektu pt.: „Poznanie molekularnych podstaw regulacji aktywności lizosomu, potencjalnego celu interwencji terapeutycznej w chorobach zapalnych skóry, na przykładzie łuszczycy”	Centrum Inteligentnego Rozwoju	Magdalena Gabig-Cimińska

Najlepsza praca doktorska obroniona w IBB PAN w roku 2019	Za pracę pt.: Analiza wybranych współzależności pomiędzy mikroorganizmami na etapie kwasogenezy i octanogenezy w beztlenowym rozkładzie materii organicznej.	Komisja ds. nagród IBB PAN	Anna Detman
I nagroda za najlepszą pracę przeglądową	Za pracę p.t.: The SOS system: A complex and tightly regulated response to DNA damage. 2019. Environ Mol Mutagen. 60(4):368-384.	Komisja ds. nagród IBB PAN	Masłowska K.H., Makiela-Dzbarska K., Fijałkowska I.J.
III nagroda za najlepszą pracę eksperymentalną	Za pracę p.t.: Defects in the GINS complex increase the instability of repetitive sequences via a recombination-dependent mechanism. 2019. PLoS Genet 15(12):e1008494	Komisja ds. nagród IBB PAN	Jedrychowska M, Denkiewicz-Kruk M, Alabrudzinska M, Skoneczna A, Jonczyk P, Dmowski M, Fijałkowska IJ

II.12.2. Nagrody i wyróżnienia przyznane za praktyczne zastosowanie wyników B+R
nazwa-rodzaj nagrody/za co przyznana/przez kogo/komu
nie było

III. ZATRUDNIENIE

Zatrudnienie średnioroczne w przeliczeniu na pełne etaty*:

Liczba ogółem/w tym naukowych – 238,40/105,00

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. W 2020 IBB PAN zostało zakwalifikowane jako jedna z jednostek naukowych gotowych do utworzenia **Centrum Doskonałości Naukowej Dioscure** – 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.	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

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-OPENSSCREEN, Polska Platforma Infrastruktury Skriningowej dla Chemii Bioorganicznej jako część konsorcjum europejskiego EU- OPENSSCREEN 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 Kopertka, - Uniwersytet Wrocławski, - Instytut Geofizyki PAN, - Instytut Oceanologii PAN, - Instytut Nauk Geologicznych PAN, - Akademia Morska w Gdyni, - Państwowy Instytut Geologiczny – Państwowy Instytut Badawczy, - Politechnika Gdańska, - Uniwersytet Warszawski, - Uniwersytet Łódzki, - Politechnika Warszawska.
3.	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

miejsce, dnia 08 lutego, 2021 r.

Imię i nazwisko, telefon do kontaktów osoby sporządzającej informację
Katarzyna Jagiełło-Wilgat, 22-592-21-41