

2021

SPRAWOZDANIE Z DZIAŁALNOŚCI IBB PAN ZA ROK 2021



INSTYTUT
BIOCHEMII
I BIOFIZYKI
POLSKIEJ
AKADEMII NAUK

SPIS TREŚCI

Informacje o Instytucie Biochemii i Biofizyki Polskiej Akademii Nauk	1
PN-01 - Pracownia Chemii Biologicznej Jonów Metali	3
PN-02 - Pracownia Bakterii Fermentacji Mlekowej	4
PN-03 - Zakład Biologii Antarktyki.....	5
PN-04 - Pracownia Inżynierii Genomu	7
PN-05 - Pracownia Genetycznych Podstaw Chorób Człowieka.....	8
PN-06 - Pracownia Spektrometrii Mas	9
PN-07 - Pracownia Fosforylacji Białek Roślinnych	11
PN-08 - Pracownia Replikacji DNA i Stabilności Genomu	12
PN-09 - Pracownia Biologii Molekularnej Chorób Skórnych Człowieka	13
PN-10 - Pracownia Metabolizmu RNA w Procesach Odpowiedzi Immunologicznej.....	15
PN-11 - Pracownia Modyfikacji i Uszkodzeń DNA i RNA	17
PN-12 - Pracownia Patogenezy Roślin	18
PN-13 - Pracownia Segregacji DNA i Cyklu Życiowego Proteobakterii	19
PN-14 - Pracownia Lekooporności Bakterii	20
PN-15 - Pracownia Biologii Grzybów	21
PN-16 - Pracownia Biologii Roślin i Mikroorganizmów.....	22
PN-17 - Pracownia Bioenergetyki i Mechanizmów Chorób Mitochondrialnych	23
PN-18 - Pracownia Biochemii Lipidów	25
PN-19 - Pracownia Biologii Bakteriofagów	26
PN-20 - Pracownia Niekodujących RNA i Rearanzacji Genomu.....	28
PN-21 - Pracownia Molekularnych Podstaw Aktywności Biologicznej	29
PN-22 - Pracownia Transkrypcji tRNA	30
PN-23 - Pracownia Regulacji Ekspresji Genów	32
PN-24 - Pracownia Białej Biotechnologii.....	33
PN-25 - Pracownia Homeostazy Białek Roślinnych	34
PN-26 - Pracownia Mechanizmów Stabilności Genetycznej.....	35
PN-27 - Pracownia Biologii RNA.....	37
PN-28 - Pracownia Mutagenezy i Tolerancji Uszkodzeń DNA	38
PN-29 - Pracownia Biologii Molekularnej Nasion	39
PN-30 - Laboratory of Molecular Basis of Aging and Rejuvenation	40
PN-31 - Pracownia Fizjologii Molekularnej Zwierząt.....	41

PN-32 - Pracownia Terapii Fagowej	42
PN-33 - Zakład Bioinformatyki	44
PN-34 - Pracownia Środowiskowej i Ewolucyjnej Biologii Systemów	45
PN-35 - Pracownia Genetyki i Biologii Molekularnej Drożdży	46
PN-36 - Pracownia Translatomiki.....	48
PN-37 - Pracownia Mechanizmów Transkrypcji	49
PN-38 - Laboratory of Intracellular Immunity.....	50
FA-01 - Środowiskowa Pracownia Mikroskopii Fluorescencyjnej	51
FA-02 - Środowiskowa Pracownia Spektrometrii Mas.....	52
FA-03 - Środowiskowa Pracownia Sekwencjonowania i Syntezy DNA.....	54
FA-04 - Środowiskowa Pracownia Hodowli Komórkowych i Produkcji Białek	57
FA-05 - Środowiskowa Pracownia Biologicznego NMR.....	59
FA-06 - Pracownia Analiz Mikromacierzy	59
ARTYKUŁY 2021	61
ABSTRAKTY 2021	95
ROZPRAWY HABILITACYJNE 2021	113
ROZPRAWY DOKTORSKIE 2021	114
PRACE MAGISTERSKIE 2021.....	117
MISCELLANEA 2021.....	119
Informacje o działalności jednostki naukowej PAN w 2021 r.	121
I. Misja, uprawiane dyscypliny naukowe oraz realizowane główne kierunki badawcze	122
II. Aktywność naukowa jednostki.....	125
II.1. Publikacje naukowe jednostki (liczbowo).....	125
II.2. Aktywność wydawnicza jednostki	125
II.3. Projekty, prace badawcze realizowane w roku sprawozdawczym	126
II.4. Działalność jednostki o charakterze innowacyjnym, aplikacyjnym.....	146
II.5. Działalność jednostki na rzecz terytorialnych struktur samorządowych.....	150
II.6. Kształcenie i rozwój kadry naukowej.....	150
II.7. Działalność dydaktyczna pracowników jednostki.....	158
II.8. Współpraca z zagranicą	159
II.9. Międzynarodowe centra naukowe (działające w strukturze jednostki).....	162
II.10. Upowszechnianie i promocja osiągnięć naukowych	163
II.11. Działalność zaplecza naukowego jednostki, o charakterze ogólnosrodowiskowym	164

II.12. Nagrody i wyróżnienia naukowe uzyskane przez pracowników jednostki w roku sprawozdawczym	165
III. Zatrudnienie	167
IV. Inne formy zrzeszenia jednostek naukowych PAN	167
IV.1. Działające w jednostce Centra Doskonałości	167
IV.2. Przynależność jednostki do centrów PAN	167
IV.3. Przynależność jednostki do sieci naukowych	167

Informacje o Instytucie Biochemii i Biofizyki Polskiej Akademii Nauk

Dyrektor IBB PAN
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.

Dotacje i przychody w roku 2021	
Działalność statutowa	42 270 700,00 zł
w tym:	
Subwencja	30 844 000,00 zł
Pomoc materialna dla doktorantów	49 700,00 zł
Dotacja podmiotowa - SPUB Zintegrowane laboratorium wielkoskalowych analiz genów i białek (2019-2021)	2 671 000,00 zł
Dotacja podmiotowa - SPUB Polska Stacja Antarktyczna im. H. Arctowskiego (2019-2021)	8 706 000,00 zł
Dotacje celowe	25 043 677,15 zł
ARCTOWSKI - PolarPOL - Polskie Multidyscyplinarne Laboratorium Badań Polarnych w Antarktyce (ogółem przyznano 87 949 000,00 zł; 2018-2023)	19 790 390,21 zł
Modernizacja komór chłodniczych w budynkach Instytutu Biochemii i Biofizyki Polskiej Akademii Nauk (ogółem przyznano 512 664,00 zł; 2020-2022)	253 664,00 zł
Dotacja aparaturowa: Wysokoprzepustowy spektrometr mas do proteomiki i analiz biofarmaceutyków. Dotacja MEiN: 4 749 641,79 zł, wkład własny: 249 981,15 zł	4 999 622,94 zł
Projekty badawcze: NCN, NCBiR, MNiSW, FNP, i inne	28 524 194,71 zł
w tym:	
Projekty badawcze NCN	18 645 736,91 zł
Fundusze strukturalne (FNP)	3 666 938,53 zł

<i>Projekty badawcze MNiSW</i>	<i>2 531 972,50 zł</i>
<i>Projekty badawcze NCBiR</i>	<i>2 564 682,89 zł</i>
<i>Projekty NAWA</i>	<i>-154 122,00 zł</i>
<i>Projekty UE, EMBO</i>	<i>1 116 645,88 zł</i>
<i>Stypendia - MNiSW</i>	<i>32 340,00 zł</i>
<i>Nagrody MNiSW</i>	<i>120 000,00 zł</i>
<i>inne</i>	<i>0,00 zł</i>
Inne	10 376 145,68 zł
w tym:	
<i>Prawa do wynalazku</i>	<i>128 597,41 zł</i>
<i>Działalność gospodarcza</i>	<i>1 432 665,69 zł</i>
<i>Sprzedaż usług naukowych</i>	<i>3 777 472,27 zł</i>
<i>HORIZON</i>	<i>178 916,67 zł</i>
<i>Przychody finansowe</i>	<i>59 342,47 zł</i>
<i>Refundacje z PAN</i>	<i>0,00 zł</i>
<i>Pozostałe</i>	<i>4 799 151,17 zł</i>
ŁĄCZNIE:	106 214 717,54 zł

Publikacje naukowe jednostki (liczbowo) - za rok 2021

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
209	6	0	196	0	7

PN-01 - Pracownia Chemii Biologicznej Jonów Metali

Kierownik: prof. dr hab. Wojciech Bal

Zespół: dr hab. Marcin Grynberg, dr hab. Adam Mieczkowski, dr Ewelina Stefaniak (do 7.03.2021), dr Krzysztof Drabikowski, dr Tomasz Frączyk, doktoranci: mgr Dawid Płonka, mgr Radosław Kotuniak, mgr Marta Wiśniewska, mgr Maciej Plichta, mgr Urszula Majcher-Seledyn (do 5.10.2021), mgr Joanna Ziemska-Legińska, mgr Dobromiła Sudzik, studentka: inż. Paulina Szczerba, dr Adrianna Łoniewska-Lwowska.

Cel badań:

Poznanie mechanizmów molekularnych leżących u podłoża procesów fizjologicznych z udziałem jonów metali, szczególnie miedzi i cynku oraz procesów toksycznych z udziałem jonów metali ciężkich i kancerogennych, w tym: niklu, kobaltu, kadmu, srebra i palladu, z uwzględnieniem praktycznego wykorzystania uzyskanych wyników. Stworzenie testów antygenowych do wykrywania wirusa SARS-CoV-2 w ślinie i testów do wykrywania przeciwciał anty SARS-CoV-2 w ślinie.

Opis realizowanych prac:

Wspólnie z badaczami z Warszawskiego Uniwersytetu Medycznego odkryto gromadzenie srebra i współgromadzenie miedzi w wątrobach do przeszczepu, co przypisano ekspozycji na nanocząstki srebra (6137). Wspólnie z badaczami z Wydziału Chemicznego Politechniki Warszawskiej kontynuowano badania właściwości kompleksów peptydów z rodziny A β , wykazując rolę ładunku N-końca w procesie agregacji (6177) i eksplorując możliwość wykorzystania A β 5-x jako sensorów chemicznych (6154, 6305). Wykazano tworzenie kompleksów ternarnych GHK z HSA i GSH, proponując ich rolę w fizjologii miedzi (6282, 6292). Zastosowanie β -alaniny w sekwencji peptydu ATCUN, zrealizowane z badaczami z Freie Universität Berlin pozwoliło na uzyskanie interesujących właściwości antyproliferacyjnych kompleksu miedziowego (6311). W kwestiach metodologicznych wykazano nieprzydatność MS do badań ilościowych (6296), wzięto też udział w wielośrodkowej pracy referencyjnej dla termoforezy mikroskalowej (6208). Dostarczono również danych do badań funkcjonalnych receptora ZnT8 prowadzonych przez współpracowników z King's College London (6153). Dr T. Frączyk przeprowadził analizę proteomu ludzkiego pod względem obecności N-końcowych motywów wiążących Cu(II) (6178) oraz zbadał wpływ fosforylacji na wiązanie miedzi w kompleksach ATCUN (6214). Dr hab. A. Mieczkowski, ze współpracownikami, kontynuował prace nad syntezą i właściwościami przeciwnowotworowymi nowych pochodnych heterocyklicznych (6119, 6128, 6224, 6248, 6271). Dr K. Drabikowski prowadził badania w celu stworzenia zestawu przeciwciał do wykrywania trzech najliczniejszych białek wirusa SARS-CoV-2: białka Spike, białka nukleokapsydu i białka M. Proces selekcji przeciwciał odbywał się całkowicie *in vitro* z wykorzystaniem technologii ribosome display nanobodies z lamy. Jako antygeny wykorzystywane są syntetyczne peptydy, odpowiadające fragmentom epitopów wirusa SARS-CoV-2. Kontynuował również badania z użyciem organizmu *Caenorhabditis elegans* (6228). Dr hab. M. Grynberg kontynuował badania regionów białek o niskiej złożoności w odniesieniu do wirusa SARS-CoV-2 (6172). Mgr M. Plichta opublikował artykuł na temat oksydoreduktaz *Campylobacter jejuni* we współpracy z badaczami z Wydziału Biologii Uniwersytetu Warszawskiego (6304).

Opis najważniejszych osiągnięć:

1. Odkrycie współgromadzenia nanocząstek srebra i jonów miedzi w wątrobach osób długotrwale hospitalizowanych (6137).
2. Identyfikacja kompleksu ternarnego GHK-Cu(II)-HSA (6282).

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Dr hab. M. Grynberg został współautorem patentu P.239615 B1 „Kompozycja szczepów grzybowych i sposób dezodoryzacji odpadów komunalnych”.

Publikacje:

6119, 6128, 6137, 6153, 6154, 6172, 6177, 6178, 6208, 6214, 6224, 6228, 6248, 6271, 6282, 6292, 6296, 6304, 6305, 6311

PN-02 - Pracownia Bakterii Fermentacji Mlekowej

Kierownik: prof. dr hab. Jacek Bardowski

Zespół: dr hab. Tamara Aleksandrak-Piekarczyk, dr hab. Magdalena Kowalczyk, dr Agnieszka Szczepankowska; doktoranci: mgr inż. Jakub Boreczek, mgr Magdalena Chmielewska-Jeznach, mgr Katarzyna Kosiorek, mgr Anna Radulewicz, mgr Agnieszka Sałańska, mgr Przemysław Sałański, mgr Anastasiya Vasileuskaya, mgr Aleksandra Tymoszewska

Cel badań:

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

Opis realizowanych prac:

Badania obejmowały:

- przeprowadzenie testów aktywności antybakteryjnej wybranych bakteriocyn oraz antybiotyków na uzyskanych mutantach spontanicznych *Lactococcus lactis*;
- analizy bioinformatyczne ścieżek syntezy kwasu propionowego w LAB;
- analizę uzyskanych wyników dotyczących produkcji egzopolisacharydów (EPS) przez szczepy z rodzaju *Weissella* wyizolowane z zakwasów piekarskich;
- analizę probiogenomiczną szczepów LAB o właściwościach antyproliferacyjnych i immunostymulujących;
- opisanie i porównanie dostępnych technik, (w szczególności wykorzystujących sekwencjonowanie genomu) oraz opracowanie odnośnych rekomendacji dla przemysłu spożywczego do szczepowej identyfikacji probiotyków;
- analizę funkcjonalną wybranych białek pochodzących z litycznych fagów *L. lactis* pod kątem zdolności wiązania i rozplatania substratów DNA i tworzenia multimerów, identyfikację kluczowych partnerów białkowych oraz badania substytucji wybranych aminokwasów na aktywność białka;
- dalsze prace nad charakterystyką cech probiotycznych wybranych szczepów LAB;
- analizę szczepów LAB oraz wytwarzanych przez nie pęcherzyków błonowych na aktywność proliferacyjną komórek linii nowotworu raka jelita grubego, w tym badania wpływu na poziom miRNA oraz poziomy cytokin;
- udział w pracach nad wpływem LAB na keranocyty wyprowadzone z biopsji skóry pacjentów z łuszczycą;

– opracowanie metody typowania potencjalnych interakcji fag-bakteria *in silico* na przykładzie bakteryjnych systemów obrony przed fagami i fagowych białek SSAP.

Opis najważniejszych osiągnięć:

1. Identyfikacja trójkomponentowego systemu regulacyjnego LiaFSR jako czynnika warunkującego oporność na aureocyno A53- i enterocyno L50-podobne bakteriocyny.
2. Identyfikacja LAB niosących geny warunkujące syntezę kwasu propionowego.
3. Wykazanie bezpieczeństwa i potencjału probiotycznego szczepów LAB o właściwościach antyproliferacyjnych i immunostymulujących.
4. Opracowanie zaktualizowanych wytycznych do identyfikacji probiotyków na poziomie szczepu.
5. Wykazanie funkcji ATP-zależnej helikazy w kierunku 5'-3' dla dwóch białek pochodzących z fagów litycznych *L. lactis*; wykazanie interakcji z białkami gospodarza znanymi ze swoich powiązań z procesem replikacji.
6. Identyfikacja szczepów LAB 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 (tj. rak jelita grubego, łuszczyca).
7. Wykazanie efektu antyproliferacyjnego wobec linii komórkowej raka jelita grubego dla pęcherzyków błonowych produkowanych przez szczep *L. lactis*.
8. Stworzenie nowej, wysokiej jakości, bazy białek SSAP, potwierdzenie pozytywnych/negatywnych interakcji fag-bakteria, ze wskazaniem prawdopodobnego udziału białek SSAP jako czynnika zaangażowanego w pokonywanie mechanizmu obronnego bakterii.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

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

Publikacje:

6115, 6139, 6186, 6221, 6231, 6259, 6286, 306/M, 1047/N, 4808/A, 4825/A, 4826/A, 4827/A, 4838/A, 4841/A, 4842/A

PN-03 - Zakład Biologii Antarktyki

Kierownik: dr hab. Robert Bialik, prof. instytutu

Zespół: dr Katarzyna Korczak- Abshire, dr Jakub Grzesiak, mgr Joanna Plenzler, mgr Katarzyna Tołkacz, mgr Michał Dziembowski, mgr Katarzyna Fudala; doktoranci: mgr Małgorzata Rogala, mgr Aleksandra Woltyńska, mgr Kornelia Wójcik-Długoborska, mgr Stanisław Cukier

Cel badań:

Celem badań była ocena indywidualnego zróżnicowania ruchów migracyjnych pingwinów *Pygoscelis* i preferowanych obszarów siedlisk dla kolonii zlokalizowanych wzdłuż Półwyspu Antarktycznego oraz podjęta została próba wyznaczenia trendów i plastyczności fenologii trzech gatunków *Pygoscelis* w obliczu obserwowanych, dynamicznie zachodzących, zmian klimatycznych. Analizowano również zmienność mikrobiomu porostów antarktycznych w gradiencie troficznym i czasowo-przestrzennym na Wyspie Króla Jerzego. Postawiono

również zadanie oceny transportu osadów z lodowców Szetlandów Południowych na podstawie wybranych metod teledetekcyjnych.

Opis realizowanych prac:

Przeprowadzono ocenę funkcjonalnej różnorodności mikrobiomu zamieszkującego powierzchnię i wewnątrz plechy *Leptogium puberulum*, eurytopowego porostu sinicowego endemicznego dla Antarktydy. Zbadano pięć zatoczek przylegających do różnych lodowców Wyspy Króla Jerzego na Antarktydzie poprzez pomiary powierzchniowe parametrów jakości wody. Próbki zostały zebrane w niespotykanej bliskiej odległości od czoł lodowców (<50 m odległości od lodowca w każdej zatoce). Pozwoliło to stworzyć unikalny zestaw danych. Cztery z pięciu zatok zostały skontrolowane poprzez profilowanie pionowe, aby pokazać zmienności parametrów wody wraz z głębokością. Prowadzone były monitoringi środowiska (morski, hydrologiczny, ekologiczny) na dużej części Wyspy Króla Jerzego.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Charakterystyka miejsca wzrostu porostów miała wpływ na różnorodność metaboliczną i intensywność oddychania zespołów bakteryjnych. Podczas gdy wysoka zawartość składników pokarmowych w porostach pochodzących z młodych obszarów proglacjalnych oraz z miejsc wzbogaconych w azot stymulowała aktywność kataboliczną bakterii, w starych obszarach proglacjalnych oraz w miejscach ubogich w składniki pokarmowe widoczne było ograniczenie aktywności metabolicznej, prawdopodobnie w wyniku specyficznych dla porostów mechanizmów kontroli mikrobiologicznej. Ponadto, wyniki badań wykazały zsynchronizowany wpływ topnienia wód lodowcowych (GMW) powodujący spadek zasolenia, temperatury i zawartości rozpuszczonej materii organicznej, w połączeniu ze wzrostem wartości pH, mętności i tlenu rozpuszczonego. Obecność GMW była najbardziej skorelowana z zawartością rozpuszczonej materii organicznej (93% przypadków >0,5 korelacji odnotowano z mętnością lub zasoleniem) i najmniej z temperaturą wody. Wykazano, że GMW pozostaje w granicznej warstwie powierzchniowej słupa wody.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Nasze wyniki wspierają wysiłki zmierzające do utworzenia morskiego obszaru chronionego wzdłuż zachodniej części Półwyspu Antarktycznego. Zimowe siedliska wykorzystywane przez pingwiny gentoo wyznaczają obszary o wysokim priorytecie dla poprawy zarządzania skoncentrowanymi przestrzennie i czasowo połowami kryla (*Euphausia superba*), które działają w tym regionie w okresie zimowym.

Publikacje:

6121, 6125, 6142, 6162, 6169, 6171, 6179, 6207, 6259, 6291, 4808/A, 4823/A, 4824/A, 4841/A, 4842/A

PN-04 - Pracownia Inżynierii Genomu

Kierownik: prof. dr hab. Matthias Bochtler

Zespół: dr Michał Pastor, dr Igor Helbrecht

Cel badań:

Analiza procesów metylacji i demetylacji DNA.

Opis realizowanych prac:

Funkcją modyfikacji DNA w organizmach prokariotycznych jest ochrona genomu gospodarza w ramach tzw. systemów restrykcji-modyfikacji. W niektórych przypadkach role są odwrócone i modyfikacje są wykorzystywane jako znaczniki obcego DNA. Wraz z współpracownikami z firmy New England Biolabs, odkryliśmy funkcję domen EVE z rodziny PUA w wykrywaniu modyfikacji DNA (Lutz et al., 2019, NAR), a następnie określiliśmy strukturę endonukleazy VcaM4I - typowego białka zawierającego taką domenę (Pastor et al., 2021, NAR). Ponadto, przedstawiliśmy wprowadzenie do artykułu opisującego nietypową grupę endonukleaz (typu IIL), która wydaje się zaprzeczać przyjętym zasadom działania systemów gospodarz-patogen (Bochtler, 2021, Structure).

W organizmach eukariotycznych, modyfikacje DNA pełnią przede wszystkim rolę epigenetyczną. Podstawową modyfikacją jest 5-metylocytosyna (5mC), ale potencjalna rola 6-metyloadeniny (6mA) jest ostatnio szeroko dyskutowana. Opublikowaliśmy artykuł przeglądowy, w którym zebraliśmy argumenty wskazujące, że w przypadku niższych eukariontów, 6mA istotnie odgrywa rolę w regulacji transkrypcji. Natomiast u wyższych eukariontów obecność 6mA wynika prawdopodobnie z odzysku nukleotydów z RNA i jest raczej uszkodzeniem DNA niż znacznikiem epigenetycznym (Bochtler and Fernandes, 2021, Bioessays). Jesteśmy w trakcie badań mających na celu analizę czasu wprowadzania modyfikacji DNA z użyciem analogów 2'-deoksynukleotydów (BrdU, EdU) oraz sekwencjonowania metodą nanopore umożliwiającego jednoczesne wykrywanie modyfikacji DNA i analogów w doświadczeniach typu pulse-chase. Prowadzimy ponadto badania swoistości enzymów odpowiedzialnych za demetylację DNA. Wraz z grupami dr. T. Jurkowskiego oraz dr. T. Hore, odkryliśmy rolę sekwencji otaczających docelowy fragment 5mCpG oraz przedstawiliśmy strukturalne wyjaśnienie zaobserwowanego efektu (Ravichandran et al., bioRxiv).

W ramach dodatkowego projektu, opracowaliśmy izotermiczną metodę wykrywania wirusa SARS-CoV-2 opartą o białka Cas12/Cas13, która łączy technologie CRISPR oraz LAMP. Amplifikacja DNA metodą LAMP okazała się być skuteczniejsza od oryginalnie zaplanowanej w projekcie techniki RPA.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Określiliśmy struktury krystaliczne endonukleazy o nowej domenie rozpoznającej modyfikowane DNA.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Endonukleazy swoiste w stosunku do modyfikacji DNA są komercyjnie ważne dla naszych współpracowników z firmy New England Biolabs. Metoda LAMP-CRISPR do wykrywania wirusa SARS-CoV-2 ma oczywiste zastosowanie praktyczne, ale znaczenie naszych wyników jest ograniczone, gdyż firmy opracowały podobne systemy szybciej od nas.

Publikacje:

6155, 6157, 6159, 6213

PN-05 - Pracownia Genetycznych Podstaw Chorób Człowieka

Kierownik: dr hab. Beata Burzyńska

Zespół: dr Monika Góra; doktoratka: mgr Karolina Maciak

Cel badań:

1. Badania genetyczne trudnych do zdiagnozowania przypadków wrodzonych niedokrwistości hemolitycznych przy wykorzystaniu sekwencjonowania nowej generacji i metod bioinformatycznych.
2. Kontynuacja badań mających na celu identyfikację transkryptów i miRNA w chorobach układu krążenia.

Opis realizowanych prac:

Ad 1. Została sprawdzona sekwencja genu *PIEZO1* u pacjentów z podejrzeniem odwodnionej stomatocytozy wrodzonej oraz wykonana analiza bioinformatyczna znalezionych wariantów. Wykonano sekwencjonowanie genu *PKLR* u pacjenta z podejrzeniem deficytu kinazy pirogronianowej oraz analizę bioinformatyczną znalezionych wariantów. Ponadto, u wybranych pacjentów przeprowadzono sekwencjonowanie egzomowe.

Ad 2. Porównano ekspresję wybranych transkryptów mRNA we krwi obwodowej pacjentów z przebudową lewej komory serca (LVR) i bez LVR po 6 miesiącach od przebytego zawału serca. Wraz z grupą z Toronto General Hospital wykonano reanalizę wyników z mikromacierzy pod kątem ogólnoustrojowej odpowiedzi zapalnej na zawał serca, co może następnie powodować uszkodzenie mięśnia sercowego i być związanym z incydentalną niewydolnością serca.

Na podstawie danych z sekwencjonowania opracowano listę miRNA a także put-miRNA, różnicujących pacjentów ze skuteczną ablacją od chorych z zabiegiem nieskutecznym.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Ad 1.) Analiza molekularna wykazała heterozygotyczną mutację w genie *PIEZO1* u dwóch pacjentów, którzy są rodzeństwem. Znaleziona mutacja (c.7367G>A) powoduje zmianę reszty argininy na resztę histydyny w pozycji 2456 w łańcuchu aminokwasowym (p.R2456H). Pozostali pacjenci mają poprawną sekwencję genu *PIEZO1*. U jednego z pacjentów po przeprowadzeniu dodatkowych badań klinicznych, pojawiło się podejrzenie uwodnionej stomatocytozy wrodzonej i w związku z tym sprawdzono sekwencję genu *RHAG*. Znaleziono mutację (c.194 T>C), która powoduje zmianę reszty fenyloalaniny na resztę seryny w pozycji 65 w sekwencji aminokwasowej (p.F65S).

U pacjenta z podejrzeniem deficytu kinazy pirogronianowej (PKD) wykryto mutację splicingową (c.101-1 G>A), która według danych zawartych w bazie Human Gene Mutation Database (HGMD) powoduje usunięcie egzonu 2 podczas obróbki pre-mRNA. Drugą znaną mutacją u tego pacjenta jest delecja trzech nukleotydów (c.1060delAAG), która powoduje usunięcie lizyny w pozycji 354 w łańcuchu aminokwasowym (p.K354del).

W pierwszym etapie, analiza wyników sekwencjonowania egzomowego (WES) została ograniczona do panelu znanych genów związanych z wrodzoną niedokrwistością hemolityczną (80 genów), a następnie została rozszerzona o geny kodujące inne białka ulegające ekspresji w krwince czerwonej (125 genów), jednak nie wykryto mutacji sprawczych.

Ad 2.) Analiza transkryptomyczna wykazała zróżnicowaną odpowiedź pacjentów na zawał serca, grupując pacjentów w oparciu o zmienność mediatorów zapalenia i aktywacji płytek krwi.

Dla wybranych miRNA została wykonana analiza związków z czynnikami ryzyka AF (nadciśnienie, cukrzyca) oraz z wybranymi parametrami elektrofizjologicznymi.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Otrzymane wyniki pozwolą określić podłoże genetyczne choroby u pacjentów z nieustaloną etiologią niedokrwistości a także przyczynią się do poszerzenia wiedzy na temat patofizjologii chorób krwinki czerwonej.

Profilowanie odpowiedzi molekularnej pacjentów na zawał serca może umożliwić zmniejszenie częstości występowania niewydolności serca i nawrotowego zawału.

Zbadanie profilu miRNA w migotaniu przedsionków i korelacja tego profilu z odpowiednimi genami umożliwi poznanie nowych, nieznanych dotychczas procesów patofizjologicznych.

Publikacje:

6256

PN-06 - Pracownia Spektrometrii Mas

Kierownik: prof. dr hab. Michał Dadlez

Zespół: dr Dominik Domański, dr Bartosz Frycz, dr Michał Burdukiewicz, dr Aleksandra Wyslouch-Cieszyńska, dr Alexander Moysa, dr Magdalena Kaus-Drobek, Lilia Zhukova; doktoranci: mgr Katarzyna Bąk, dr Agnieszka Fatałska, mgr Katarzyna Dąbrowska, mgr Aleksandra Robak, mgr Marta Żurawska, mgr Jakub Dąbrowski, mgr Weronika Puchała, mgr Magdalena Polakowska

Cel badań:

Celem badań strukturalnych MS jest uzyskiwanie informacji o cechach strukturalnych trudnych systemów białkowych z zastosowaniem MS. Na przykład: białek filamentu pośredniego, kompleksu receptora RAGE czy elongacji translacji. Badamy też rolę poprzednio zidentyfikowanych modyfikacji potranslacyjnych białek S100A8/A9 w regulacji aktywności.

W domenie proteomiki celowanej:

1. Rozwój metod proteomiki celowanej dla pomiaru poziomu i aktywności ścieżki RB i komponentów cyklu komórkowego do przewidywania podatności na leczenie inhibitorami CDK4/6.

2. Opracowanie panelu ilościowego określenia markerów raka, gruźlicy i zapalenia w wysiękach opłucnowych w celu określenia ich etiologii, co jest obecnie wyzwaniem klinicznym.

Opis realizowanych prac:

Zakończono tworzenie modeli molekularnych dwóch badanych struktur: kompleksu RAGE/S100B (6251) i kompleksu elongacji eEF1B (w recenzji). Opublikowano też wyniki badań kompleksu REP-Rab, niezbędnego dla prenylacji białka Rab (6293) oraz nukleobindyny Nuc2 (6243). Badamy dynamikę konformacyjną różnych form białek S100A8/A9, wewnątrz komórki oddziałują one z ponad stu różnymi białkami, a na zewnątrz są albo niestabilnymi proteolitycznie cytokinami, albo niezwykle stabilnymi kompleksami bakteriobójczymi. Należą one do klasy „moonlighting”, białek pełniących kilka zupełnie niezależnych od siebie funkcji. Wiele z nich ma związek z poważnymi chorobami człowieka i stanowi cel poszukiwania leków. Rezultaty naszych badań pokazują jak zmiany plastyczności różnych regionów S100A8/A9 tłumaczą różnice stanu oligomeryzacyjnego i ich aktywności biologicznej (publikacja w przygotowaniu).

Opracowane w laboratorium narzędzie do analizy danych HDX (HaDeX) zostało rozszerzone o nowe funkcjonalności i metody wizualizacji, pracujemy nad dodaniem do niego efektywnego sposobu symulowania danych eksperymentalnych oraz nowego testu semi-parametrycznego istotności statystycznej.

Kontynuowano rozwijanie czułych metod proteomiki celowanej, szczególnie do badania fosforylacji dla białek ścieżki retinoblastomy, komponentów cyklu komórkowego i białek efektorowych (CDK-RB-E2F) razem z badaniem ich dokładnego stanu fosforylacji metodami wzbogacania na złożu TiO_2 i analizy fosfopeptydów metodą PPQ. Skorzystano z bazy różnych linii komórkowych raka piersi ze zdefiniowaną opornością na inhibitory CDK4/6. Opracowano metodę frakcjonowania mikro-flow peptydów w wysokim pH z konkatenacją próbek i immunoprecypitacją, co umożliwiło ultraczuły (np. w biopsjach) pomiar MRM /PRM panelu 25 białek CDK-RB-E2F o niskim stężeniu. Kontynuowano budowę klasyfikatora panelu 34 markerów raka, gruczycy i infekcji w płynach wysiękowych. Przetestowano też parametry analityczne wyżej wspomnianej metody mikro-frakcjonowania w celu zwiększenia czułości dotychczasowego testu diagnostycznego płynów wysiękowych. Publikacje i patent w przygotowaniu.

Opis najważniejszych osiągnięć:

1. Modele kompleksów białek RAGE-S100B, eEF1B.
2. Panel ważnych biologicznie peptydów fosforylowanych CDK-RB-E2F o potencjale diagnostycznym w raku. Nowa metoda daje 14-krotnie lepszą czułość, obejmując 30 różnych miejsc fosforylacji (19 w CDK). Niska ilość RB1 i wzrost CDK4 i 6 wskazuje na lekooporność, odkryta fosforylacja na S249 w RB1 jest ważna dla immunologicznego punktu kontrolnego raka.
3. Panel diagnostyczny specyficznych markerów peptydowych pomocny w określeniu etiologii wysięków (80% dokładności), różnicujący między rakiem, gruczycą lub zapaleniem płuc (AUC: 0.859-869). Nasz test cechuje dwa razy lepsza czułość identyfikowania raka i krótszy czas analizy dla wykrywania gruczycy/zapalenia niż dotychczasowe testy kliniczne.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Publikacje, ale też potencjalne opatentowanie i zastosowania metod proteomiki celowanej:

1. Panelu peptydowego fosforylacji białek ścieżki retinoblastomy. Wymaga to przetestowania opracowanego panelu potencjalnych markerów aktywności inhibitora CDK4/6 w liniach komórkowych, PDX i próbkach pacjentów ze zdefiniowaną opornością. Panel znajdzie zastosowanie do przewidywania odpowiedzi pacjenta na terapię nowoczesnymi lekami i dostarczy nowych informacji o podłożu molekularnym lekooporności.
2. Panelu peptydowego wspomagającego diagnozę etiologii wysięków opłucnowych, co obecnie stanowi poważne wyzwanie kliniczne.

Publikacje:

6126, 6180, 6251, 6293, 6296, 4870/A, 4871/A, 4907/A, 4917/A, 1043/N

PN-07 - Pracownia Fosforylacji Białek Roślinnych

Kierownik: prof. dr hab. Grażyna Dobrowolska

Zespół: 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 Szelągowski

Cel badania:

Celem prowadzonych badań było:

1. Poznanie roli kinaz SnRK2 (SNF1-related protein kinases 2) w regulacji metabolizmu RNA, starzenia rośliny i ruchów chloroplastów.
2. Zbadanie roli domen białka PMI1 w jego subkomórkowej lokalizacji oraz ich znaczenia dla regulacji indukowanych światłem ruchów chloroplastów.
3. Zbadanie powiązań pomiędzy stresem zasolenia a ruchami chloroplastów – ustalenie roli fosforylacji białka THRUMIN1 przez kinazy SnRK2.
4. Zrozumienie mechanizmów fizjologicznych i molekularnych działania aneksyny1.

Opis realizowanych prac:

1. Potwierdzono negatywny wpływ fosforylacji S27 w białku GRP8 (Glycin-Rich protein 8) przez kinazy SnRK2 na wiązanie wyselekcjonowanych RNA oraz pozytywny wpływ na lokalizację GRP8 w Granulach Stresowych w odpowiedzi na zasolenie. W badaniach wykorzystano zmutowane formy białka GRP8 oraz technikę Electrophoretic Mobility Shift Assay, mikroskalową termoforezę, przejściową ekspresję w liściach *Nicotiana benthamiana* i mikroskopię konfokalną.
2. Zidentyfikowano dodatkowe dwa białka biorące udział w metabolizmie RNA, PAT1 oraz DDL, jako potencjalne substraty kinaz SnRK2.
3. Wykazano, że czynniki transkrypcyjne ORS1 i ATAF1 są fosforylowane przez kinazy SnRK2 oraz zmapowano miejsca ich fosforylacji.
4. Wykorzystując pojedyncze oraz wielokrotne mutanty insercyjne kinaz SnRK2 z grupy I wykazano, że podwójny mutant *snrk2.4/snrk2.10* charakteryzuje się opóźnionym starzeniem liści wywołanym wiekiem roślin.
5. Wykazano, że kinaza SnRK2.10 reguluje ekspresję wybranych czynników transkrypcyjnych z rodziny WRKY w odpowiedzi roślin na długotrwałe zasolenie oraz stres oksydacyjny w sposób antagonistyczny.
6. Rozpoczęto badania roli poszczególnych domen białka PMI1 w regulacji ruchów chloroplastów w odpowiedzi na światło wykorzystując w tym celu linie mutantów delecyjnych *Arabidopsis thaliana* pozbawione całego lub fragmentów genu PMI1 (uzyskane techniką CRISPR/Cas9). Uzyskane wyniki wskazują na kluczową rolę nieustrukturyzowanego fragmentu w środku białka. Przeprowadzono również analizę lokalizacji fragmentów białka PMI1 i zdefiniowano domenę odpowiedzialną za jego podbłonową lokalizację.
7. Wykazano, że fosforylacja białka THRUMIN1 w trakcie stresu zasolenia jest zmieniona w mutantach *snrk2* i te zaburzenia fosforylacji korelują z zaburzeniami ruchów chloroplastów w odpowiedzi na stres solny. Linie mutantów komplementowane wariantem białka z mutacją S146A wykazywały większe zahamowanie ruchów chloroplastów niż linie komplementowane natywnym wariantem białka, wskazując na pozytywną rolę fosforylacji w regulacji ruchów chloroplastów podczas stresu zasolenia.
8. Uzyskane wyniki wykazały udział aneksyny 1 w regulacji szlaku jasmonianów w odpowiedzi rośliny na stresy biotyczne oraz abiotyczne.

9. Kontynuowano badania dotyczące substratów kinaz CDPK: CPK4 i CPK11 rzodkiewnika oraz ZmCPK11 kukurydzy.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Wykazano, że aneksyna 1 bierze udział w regulacji odpowiedzi rośliny na stresy środowiskowe, m.in. zranienie, atak roślinożerców oraz natężenie światła poprzez regulację biosyntezy jasmonianów. Zidentyfikowano prawdopodobny mechanizm działania tego białka – udział w transporcie do chloroplastów białek kompleksu syntezy OPDA (bezpośredniego prekursora JA) – lipooksygenaz, syntazy allenu i cykazy allenu 2. Jest to pierwszy dobrze zdefiniowany efekt fizjologiczny, którego molekularnym podłożem jest działanie aneksyny 1. Wyniki wskazują, że modulujący wpływ aneksyny 1 na stres oksydacyjny nie wynika z bezpośredniej zdolności do neutralizacji wolnych rodników, ale ma charakter pośredni i jest konsekwencją aktywacji ścieżki kwasu jasmonowego.

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:

6205, 6238, 6246, 6262, 6295, 4828/A, 4829/A, 4834/A, 4835/A, 4836/A, 4837/A, 4843/A

PN-08 - Pracownia Replikacji DNA i Stabilności Genomu

Kierownik: prof. dr hab. Iwona Fijałkowska

Zespół: dr hab. Anna Bębenek, prof. instytutu, dr Michał Dmowski, dr Karolina Makiela Dzbeńska; doktoranci: mgr Milena Denkiewicz-Kruk, mgr Małgorzata Jędrychowska, mgr Krystian Łazowski

Cel badań:

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

Opis realizowanych prac:

W ramach badań nad mechanizmami inkorporacji i usuwania rybonukleotydów z DNA w komórkach *E. coli* prowadzono dalszą charakterystykę zmutowanych form głównej replikazy Pol III DNA zmienionych w serynie 759, znajdującej się w centrum aktywnym Pol III, w pobliżu bramki sterycznej. Analizowano wpływ rybonukleaz - RNazH (HII i HI) na poziom mutageny na obu niciach DNA w szczepach *E. coli* niosących warianty Pol III o obniżonej selektywności względem zasady azotowej i reszty cukrowej. Badano także częstość inkorporacji rybonukleotydów do DNA w szczepach niosących wybrane warianty Pol III oraz posiadających defekty w systemach naprawy (RER lub aktywności korektorskiej Pol III).

Do badań mechanizmów odpowiedzialnych za stabilne utrzymanie genomu eukaryota, wykorzystywaliśmy organizm modelowy *Saccharomyces cerevisiae*. Przeprowadzono analizę transkryptomiczną szczepów niosących mutacje *dpb2-100*, *dpb2-103*, *psf1-1* lub *psf1-100*. Mutacje te prowadzą do dysfunkcji Dpb2 oraz Psf1 stanowiących podjednostki odpowiednio polimerazy DNA epsilon (Pol ε) i kompleksu GINS. Sekwencjonowanie RNA uzyskanego z tych szczepów pozwoliło wyróżnić grupy genów, których ekspresja zmieniła się w porównaniu do szczepu typu dzikiego hodowanego w tych samych warunkach. Badano

również wpływ mutacji w genie *dpb2* zmieniającej oddziaływania w obrębie CMGE (helikaza-Pol ϵ DNA) na niestabilność powtarzających się sekwencji w DNA oraz analizowano mechanizmy tej niestabilności. Ponadto w mutancie *psf1-1* wykazano zwiększony udział polimerazy DNA delta (Pol δ) w replikacji nici wiodącej. Oznacza to, że w warunkach dysfunkcji kompleksu GINS główna replikaza nici wiodącej (Pol ϵ) jest częściowo zastępowana przez główną replikazę nici opóźnionej (Pol δ).

Opis najważniejszych osiągnięć:

Scharakteryzowano pierwsze zmutowane formy Pol III DNA o obniżonej selektywności względem zasady azotowej i reszty cukrowej. Potwierdzono, że RNaza HII pełni kluczową rolę w usuwaniu rybonukleotydów na nici wiodącej DNA. Wykazano, że RNaza HI odgrywa rolę w usuwaniu rybonukleotydów z nici opóźnionej, natomiast aktywność korektorska Pol III nie usuwa rybonukleotydów w DNA. Wykazano również, że aktywacja systemu RER zależnego od RNazy HII w szczepach niosących warianty Pol III zmienione w Ser759 nie wpływa na wierność replikacji nici wiodącej i opóźnionej. Wykazano, że nieprawidłowe funkcjonowanie kompleksu helikazy CMG powoduje dysfunkcję w replikacji nici wiodącej prowadzonej przez Pol ϵ DNA i zwiększony udział Pol δ DNA na tej nici.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Część wyników stanowi podstawę czterech prac doktorskich, jednej pracy magisterskiej oraz dwóch prac inżynierskich. Wyniki dotyczące badania mechanizmów usuwania rybonukleotydów z DNA w komórkach *E. coli* zaprezentowano na V Sympozjum Doktorantów IBB oraz na konferencji 11th Central European Genome Stability and Dynamics Meeting, Węgry (online).

Publikacje:

6266, 4919

PN-09 - Pracownia Biologii Molekularnej Chorób Skórnych Człowieka

Kierownik: prof. dr hab. Magdalena Gabig-Cimińska

Zespół: dr Marta Moskot

Cel badań:

1. (w toku) Ocena aktywności aparatu endosomalno-lizosomalnego w: hodowli 2D keratynocytów komercyjnej linii komórek skóry i keratynocytach pierwotnych pochodzących z naskórka, łuszczykowym modelu 3D oraz materiale skórnym pochodzącym od osób chorych: związek z łuszczyką.
2. (zakończone) Walidacja modelu łuszczykowego *in vitro*.
3. (w toku) Analiza związku deregulacji układu endosomalno-lizosomalnego z procesem prezentacji antygenów przy udziale cząsteczek MHC klasy II w odniesieniu do łuszczycy.
4. (w toku) Charakterystyka przedziału lizosomalnego w limfocytach CD4⁺ Th pacjentów dotkniętych łuszczyką.

Opis realizowanych prac:

Ad 1. Kontynuowano badania obejmujące analizy ilościowych zmian i jakościowych zaburzeń organelli aparatu endosomalno-lizosomalnego w komórkach z fenotypem łuszczykowym (Ps): monohodowli 2D keratynocytów linii komercyjnych (HaCaT, NHEK) oraz keratynocytów pierwotnych wyizolowanych z naskórka (pKC), traktowanych mieszaniną

cytokin prozapalnych Ps; komercyjnego modelu 3D skóry łuszczykowej PP (SOR-300-FT); także biopłatów skórnych PP/PN pacjentów łuszczykowych; w odniesieniu do odpowiednich kontroli, a w wybranych testach traktowanych dodatkowo modulatorami metabolizmu lizosomalnego i autofagii: rapamycyną, wortmaniną i chlorokiną. Określono liczbę kwaśnych organelli komórkowych, ich rozmieszczenie w komórce, wielkość, ultrastrukturę i zróżnicowanie w odniesieniu do: endosomów wczesnych i późnych, endolizosomów, autofagosomów oraz lizosomów, ich przepuszczalność i utrzymanie wewnątrzkomórkowego (lizosomalno-cytozolowego) gradientu pH, aktywność enzymów lizosomalnych – poprzez analizy LysoTracker Red DND-99, Acridine Orange (AO), LAMP1, EEA1, Rab7, LC3-II, z uwzględnieniem ich ko-lokalizacji, katepsyny D i kwaśnej fosfatazy – przy zastosowaniu mikroskopii (IF, IHC), ultramikroskopii (TEM) lub spektrofotometrii (SPEC). Poprzez użycie real-time qRT-PCR analiz pojedynczych, jak i wielopozycyjnych paneli badano z kolei aktywność genów (od kilku do 96): biogenezy i działania lizosomu, innych lizosomalnych, w tym czynników transkrypcyjnych rodziny MiT: MITF, TFEB, TFE3 i TFEC oraz enzymów hydrolitycznych, szlaków przemian sfingolipidów i glikozoaminoglikanów, związanych z działaniem kanałów TRPC oraz aktywnością fosfatazy serynowo-treoninowej (kalcyneuryna/PPP3) za pośrednictwem kanału MCOLN1, a także markerów immunozapalnych, jak i łuszczykowych (dla kontroli zastosowanego modelu). Kontynuowano badania komórkowych szlaków sygnalizacyjnych związanych z aktywacją lizosomów, gdzie przy użyciu IF analizowano lokalizację wewnątrzkomórkową czynnika TFEB oraz jego dojadrową translokację zależną od mTORC1. Te zaburzenia sygnalizacji mTOR/TFEB-zależnej w odniesieniu do fenotypu zapalnego badano poprzez analizę ekspresji ww. genów w HaCaT i pKC po wyciszeniu (knock-down) *mTOR*, *PPP3CA* i *TFEB* metodą interferencji RNA (siRNA). Analizowano też wpływ inhibitora PPP3CAB (takrolimus) na szlaki sygnalizacyjne PPP3CAB/TFEB w HaCaT i pKC względem fenotypu zapalnego. Zaburzenia sygnalizacji Akt/mTOR-zależnej w odpowiedzi na Ps fenotyp zapalny badano z kolei poprzez analizę poziomu fosforylacji białek GSK3b, IGF1R, IRS1, Akt, mTOR, p70S6K, IR, PTEN, GSK3a, TSC2 i RPS6 w HaCaT, pKC i SOR-300-FT z użyciem panelu 11-plex metodą MagPix. Wykonano ponadto oznaczenie poziomu białek błon kwaśnych organelli komórkowych oraz wybranych białek cytoplazmatycznych tj. 4E-BP1/p4E-BP1, p70S6/pp70S6, S100A9, TFEB, ERK1/2/pERK1/2, LAMP1, LAMP2 i p62 w HaCaT i pKC oraz ich konstruktach zawierających pcDNA3.1-TFEB-WT-MYC w odniesieniu do fenotypu zapalnego metodą Western-blot. W przypadku badań zaburzeń kaskad sygnałowych przemian sfingolipidów i zmian na poziomie komórkowym po indukcji stanu zapalnego w HaCaT i pKC dokonano analizy poziomu enzymatycznych białek lizosomalnych ASM, GBA, ASAH1 i SPHK1 metodą ELISA, podczas gdy analizy traw lipidowych w HaCaT o fenotypie łuszczykowym wykonano metodą IF stosując Vybrant Alexa Fluor 555 Lipid Raft Labeling.

Ad 2. Spośród przetestowanych modeli komórkowych *in vitro*, naśladujących stan zapalny skóry w łuszczycy, wyznaczono monohodowlę 2D pierwotnych keratynocytów wyizolowanych z naskórka (pKC) traktowanych mieszaniną cytokin (5MIX, tj. interleukiną (IL)-1 α , IL-17A, IL-22, onkostatyną M (OSM) i czynnikiem martwicy nowotworu α (TNF- α) w pożywce zawierającej 2 mM wapń (Ca²⁺) jako najlepiej odzwierciedlający model łuszczykowego zapalenia skóry podobnego do Ps *in vitro*.

Ad. 3. Kontynuacja prac dot. związku deregulacji układu endosomalno-lizosomalnego z procesem prezentacji antygenów przy udziale cząsteczek MHC klasy II w odniesieniu do łuszczycy, pozwoliła wykazać ekspresję cząsteczki HLA-DR na powierzchni keratynocytów linii komercyjnej (NHEK) w monohodowli 2D, stymulowanych interferonem γ (IFN- γ) za pomocą metody IF. Przeprowadzono analizę ekspresji mRNA obejmującego 785 genów i ok. 50 szlaków sygnalizacyjnych w NHEK stymulowanych bądź to IFN- γ w pożywce zawierającej Ca²⁺ $\leq$ 0.1 mM lub 2 mM, bądź mieszaniną cytokin 5MIX w pożywce zawierającej

$\text{Ca}^{2+} \leq 0.1 \text{ mM}$, w stosunku do odpowiednich kontroli, z użyciem technologii nanoString® i panelu nCounter® Host Response Panel.

Ad. 4. W toku badań, prowadzonych celem analizy aparatu endosomalno-lizosomalnego w limfocytach T CD4⁺ pochodzących od pacjentów z łuszczycą, przeprowadzono pomiar poziomu aktywacji stanu zapalnego w modelu komórkowym limfocytów Jurkat oraz Jurkat-Lucia™ NFAT, poddanych działaniu aktywatorów stanu zapalnego (PMA, PHA, jonomycyny) oraz modulatorów metabolizmu lizosomalnego i autofagii, związanych z również metabolizmem Ca^{2+} (bafilomycyny, chlorokiny, INCA6, konkanawaliny, rapamycyny, takrolimus, tapsigarginy, toryny, wortmaniny). Analiza poziomu translokacji czynnika transkrypcyjnego NFAT1, modulującego odpowiedź immunologiczną limfocytów T i podlegającego regulacji wapniowej analogicznie do czynnika TFEB (odpowiedzialnego za biosyntezę lizosomów), oraz ocena ultrastruktury badanych komórek pozwoliły wytypować warunki wskazujące na możliwą regulację stanu zapalnego w komórkach limfocytarnych, poprzez modulację procesów komórkowych związanych z autofagią. 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. Potwierdzono udział aparatu endosomalno-lizosomalnego w łuszczycy.
2. Zdefiniowano powtarzalną procedurę konstrukcji zapalnego modelu Ps *in vitro* przy użyciu monokultury pKC traktowanej koktajlem cytokin (5MIX) i 2 mM Ca^{2+} zastosowanymi w medium, wykazując profil genów markerowych specyficznych dla Ps.
3. Wykazano indukowalną czynnikiem IFN- γ ekspresję cząsteczek HLA-DR w NHEK.
4. Odkryto zmiany na poziomie transkryptomycznym w NHEK traktowanych IFN- γ /5MIX dotyczące m.in. szlaków JAK/STAT; MAPK; NF- κ B; szlaków indukowanych IFN typu I, II i III, cytokinami i chemokinami prozapalnymi; fagocytozą; apoptozą; sygnalizacją lizosomalną i autofagią.
5. Wykazano wpływ modulatorów metabolizmu lizosomalnego oraz autofagii na poziom translokacji czynnika jądrowego aktywacji limfocytów T, NFAT.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Brak.

Publikacje:

6279, 6263

PN-10 - Pracownia Metabolizmu RNA w Procesach Odpowiedzi Immunologicznej

Kierownik: dr Damian Graczyk

Zespół: dr Aneta Jurkiewicz, dr Talimur Reza; doktoranci: mgr Hitha Gopalan, mgr Neuton Gorjao

Cel badań:

Celem badań w naszej pracowni jest poznanie mechanizmów odpowiedzialnych za regulację ekspresji wybranych niekodujących RNA, które transkrybowane są przez polimerazę III RNA. Chcemy także poznać jak zmiana poziomu tych RNA wpływa na fizjologię komórek, w tym odpowiedź pro-zapalną, proliferację, migrację oraz śmierć

komórkową. Naszym modelem badawczym są komórki ssaków, a w szczególności komórki układu odpornościowego, makrofagi, oraz komórki nowotworowe, głównie raka jelita grubego.

Opis realizowanych prac:

W minionym okresie sprawozdawczym badaliśmy, jak nadekspresja białka MAF1, negatywnego regulatora polimerazy III RNA, jak i zahamowanie aktywności tego enzymu za pomocą specyficznego inhibitora wpływają na odpowiedź interferonową makrofagów. W ramach tego projektu badaliśmy także mechanizm obserwowanego zjawiska.

Poszczególne izoakceptory tRNA kodowane są zazwyczaj przez wiele genów. W komórkach ssaków ekspresja genów kodujących poszczególne izoakceptory nie jest jednakowa, a część genów tRNA nie ulega w ogóle ekspresji. Mechanizmy regulacji indywidualnych genów tRNA nie są dobrze poznane i był to przedmiot naszych badań. Badaliśmy, czy usunięcie aktywnych genów w obrębie rodziny izoakceptorów nie wpływa na geny o niższej lub zerowej ekspresji. Sprawdzaliśmy także, czy obecność terminatora oraz translokacja nieaktywnych genów tRNA w inne miejsce genomu mają wpływ na poziom ekspresji tRNA.

Czynnik martwicy nowotworu (guza) (ang. tumour necrosis factor alpha, TNF α), jest plejotropową cytokiną produkowaną przez komórki systemu wrodzonej odpowiedzi immunologicznej. Cytokina ta została odkryta jako czynnik wywołujący śmierć niektórych komórek nowotworowych i wiązano z nią duże nadzieje w związku z możliwością użycia jako lek przeciwnowotworowy. Niestety systemowe podawanie TNF α wiąże się z dużą toksycznością. Inną możliwością jest uwrażliwianie komórek nowotworowych na TNF α , który i tak produkowany jest w guzach. Nasze wcześniejsze badania pokazały, że obniżenie aktywności RNA polimerazy III uwrażliwia komórki raka jelita grubego na TNF α . W tym okresie sprawozdawczym badaliśmy mechanizm tego zjawiska.

W minionym okresie sprawozdawczym kontynuowaliśmy także badania nad jedną z podjednostek polimerazy RNA I i III, której nadekspresja wpływa na aktywność kinazy mTOR.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Wykazaliśmy, że modulacja aktywności polimerazy III RNA wpływa na odpowiedź interferonową makrofagów oraz udało się nam częściowo wyjaśnić mechanizm tego zjawiska.

Pokazaliśmy, że usunięcie aktywnych genów tRNA w obrębie rodziny izoakceptorów nie wpływa na aktywność innych tRNA w obrębie tej samej rodziny. Wykazaliśmy także, że terminator oraz translokacja tRNA w inne miejsce genomu nie mają wpływu na aktywność tego tRNA.

W ramach badania dotyczącego TNF α oraz polimerazy III RNA wykazaliśmy, że hamowanie tego enzymu indukuje śmierć komórkową w normalnie niewrażliwych na TNF α komórkach.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Nasze badania mają głównie charakter podstawowy i mają na celu poszerzenie naszej wiedzy dotyczącej regulacji i roli małych niekodujących RNA w fizjologii komórek ssaków. Niemniej, nasze badania mogą w przyszłości przyczynić się do opracowania nowych terapii chorób zapalnych czy nowotworów. Uzyskane wyniki wejdą w skład przygotowywanych publikacji.

Publikacje:

6302

PN-11 - Pracownia Modyfikacji i Uszkodzeń DNA i RNA

Kierownik: prof. dr hab. Elżbieta Grzesiuk

Zespół: dr Damian Mielecki; doktoranci mgr Michał Marcinkowski, mgr Damian Garbicz

Cel badań:

Celem badań była:

1. charakterystyka wiązanego z otyłością białka FTO;
2. interakcja FTO – kalmodulina;
3. określenie zmian w historii życia *Daphnia magna* na poziomie transkryptomu i proteomu pod wpływem cyklofosfamid (CDDP) i cisplatyny (CP);
4. wyselekcjonowanie aktywnych inhibitorów HDAC;
5. spopularyzowanie objętej patentem metody analizy moczu, szczególnie w stanach chorobowych.

Opis realizowanych prac:

Ad 1. Scharakteryzowano zależności pomiędzy strukturą i aktywnością dioksygenazy FTO przy zastosowaniu takich metod biofizycznych jak DSF, MST, SAXs. Odkryto nowe miejsce fosforylacji w białku FTO izolowanym w systemie bakulowirusa. Zaprezentowano stabilizację białka w obecności jonów Ca^{2+} i wykazano tworzenie homodimerów (6187).

Ad 2. Udowodniono tworzenie heterodimerów dioksygenazy FTO – kalmodulina (CaM). Stabilna struktura powstaje gdy połowa cząsteczki CaM nasycona Ca^{2+} oddziałuje z domeną C FTO a pozostała część zostaje wolna (6269).

Ad 3. Chroniczna obecność zanieczyszczeń lekami takimi jak CDDC i CP w środowisku wodnym prowadzi do zmian na poziomie transkryptomu i proteomu *Daphnia magna*, co prowadzi do wydłużenia czasu dojrzewania, obniżenia ilości jaj i wydłużenia czasu przy pierwszej reprodukcji.

Ad 4. Zsyntetyzowano bibliotekę 19 pochodnych Vorinostatu, inhibitora deacetylazy histonowej (HDAC). Trzy spośród nich wykazywały większą aktywność anty-HDAC niż referencyjny Vorinostat, wobec tego można rozpatrywać te pochodne jako potencjalne leki na leukemię i lymphoma (6248).

Ad 5. Wirowanie moczu prowadzi do usuwania części białek, które przechodzą do osadu i są eliminowane z dalszej fazy analizy, co, szczególnie w stanach chorobowych, zubaża preparat w niektóre markery. Po uzyskaniu patentu (nr 235564) metoda wraz ze szczegółowym opisem została opublikowana (6223).

Opis najważniejszych osiągnięć:

1. Dioxygenaza FTO tworzy aktywne homodimery (FTO-FTO) i heterodimery (FTO-Kalmodulina).
2. Stwierdzono zmiany w historii życia, transkrypcji i proteomie *Daphnia magna* pod wpływem zanieczyszczenia środowiska wodnego związkami alkilacyjnymi stosowanymi w terapii antynowotworowej.
3. Zsyntetyzowano i wyselekcjonowano inhibitory deacetylazy histonowej o wyższej aktywności antynowotworowej niż referencyjny Vorinostat.
4. Opatentowano ulepszoną metodę analizy moczu.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

1. Uzyskane nowe pochodne Vorinostatu, inhibitora deacetylazy histonowej (HDAC), które wykazują wyższą aktywność od leku referencyjnego mogą być wykorzystane w leczeniu białaczki.

2. Zmodyfikowana analiza moczu może posłużyć do nieinwazyjnej oceny stanu przeszczepu nerki.

Publikacje:

6160, 6184, 6187, 6223, 6248, 6269

PN-12 - Pracownia Patogenezy Roślin

Kierownik: prof. dr hab. Jacek Hennig

Zespół: dr Marta Grech-Baran, dr Anna Grupa-Urbańska, dr Małgorzata Lichocka, mgr Izabela Barymow-Filoniuk, mgr Agata Gorczyca; studentka: Aleksandra Kaczorowska

Cel badań:

Realizowane były dwa cele:

1. Charakterystyka receptora Ry_{sto}, należącego do rodziny TIR-NB-LRR, warunkującego odporność typu krańcowego (ang. Extreme Resistance, ER) podczas infekcji roślin wirusem Y ziemniaka (PVY).

2. Wykazanie udziału aneksyny 5 (ANN5) u *Arabidopsis*, w utrzymaniu integralności błony komórkowej w ziarnach pyłku podczas procesów rozwojowych oraz w odpowiedzi na zaburzenia równowagi osmotycznej lub jonowej.

Opis realizowanych prac:

Zweryfikowaliśmy doświadczalnie hipotezę zakładającą, że dla aktywacji receptora Ry_{sto} konieczne jest rozpoznanie struktury 3D centralnej części (CORE region) białka płaszcza (CP) PVY. Wykonaliśmy analizę ścieżki sygnałnej uruchamianej przez receptor Ry_{sto}. Wykazaliśmy, że dla jej prawidłowego funkcjonowania niezbędne są funkcjonalne białka: EDS1, SAG101 i NRG1. Badaliśmy także rolę białka aneksyny 5 w procesach kiełkowania ziaren pyłku u *Arabidopsis thaliana*. Wykazaliśmy, że białko to ma zdolność do wiązania się z błoną tworzącą się łagiewki pyłkowej.

Opis najważniejszych osiągnięć:

1. Wykazanie bezpośredniego wiązania się białka CP wirusa PVY z receptorem Ry_{sto}.
2. Białko aneksyny 5 wiąże się, odwracalnie, z błoną tworzącą się łagiewki pyłkowej.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Wyniki badań zostały/zostaną wykorzystane w publikacjach naukowych.

Publikacje:

1049/N

PN-13 - Pracownia Segregacji DNA i Cyklu Życiowego Proteobakterii

Kierownik: prof. dr hab. Grażyna Jagura-Burdzy

Zespół: dr hab. Aneta Bartosik, dr hab. Elżbieta Kraszewska, prof. instytutu, dr Adam Kawalek, dr Paweł Wawrzyniak; doktoranci: mgr Ewa Lewicka, mgr Magdalena Modrzejewska, mgr Monika Mitura, mgr Karolina Kotecka, mgr Joanna Drabińska; studentki: Zuzanna Bartczak, Alicja Czarnecka, Zuzanna Lewandowska, Karolina Saran, Dominika Woźniak

Cel badań:

Priorytetowym celem w roku sprawozdawczym było badanie zależności procesu segregacji chromosomów w *Pseudomonas aeruginosa* (*Pa*) i innych procesów komórkowych. Poprzednio wykazaliśmy istotną rolę białek ParA / ParB w segregacji chromosomów poprzez wiązanie ParB do 1) palindromowych sekwencji *parS1-4* w pobliżu *oriC* a także 2) ponad tysiąca motywów half-*parS*. W minionym roku ustalano znaczenie wiązania ParB do miejsc half-*parS* oraz badano zmiany ilości i lokalizacji ParB na chromosomie w czasie cyklu komórkowego. Charakteryzowano oddziaływania białek ParAB z ich partnerami komórkowymi, rolę nowych regulatorów transkrypcji, których poziom w komórce zależy od ParAB oraz białka PA2504 o nieznanej funkcji.

Opis realizowanych prac:

Skonstruowano szczep PAO1161 ze zmutowanymi 27 sekwencjami half-*parS* najsilniej wiążącymi ParB (W19) oraz jego pochodną, pozbawioną dodatkowo *parS1-4* (S19). Równolegle skonstruowano około 20 mutantów PAO1161 ze zmodyfikowanymi miejscami half-*parS* występującymi w regionach promotorowych do zbadania roli tych motywów na ekspresję sąsiednich genów (RT-qPCR).

Mutanty W19 i S19 wraz z licznymi szczepami kontrolnymi wykorzystano do 1) badania roli oddziaływań ParB z half-*parS* w topologii chromosomu (3C-seq) oraz 2) analizy wpływu wiązania ParB do najsilniejszych half-*parS* na globalną ekspresję genów (RNAseq).

Sprawdzono rozmieszczenie ParB na DNA w różnych warunkach wzrostu kultur *Pa* (ChIP-seq). Analizowano zmiany poziomu ParB w cyklu komórkowym i regulację ekspresji operonu *parAB*.

Mapowano domeny interakcji ParB z ParA oraz 4 innymi partnerami, a także badano lokalizację komórkową partnerów (mikroskopia fluorescencyjna).

Opracowano wyniki wysokoprzepustowych analiz ChIP-seq i RNAseq dla nowych regulatorów transkrypcji *Pa* i opublikowano je w czterech publikacjach. Poszukiwano partnerów białka PA2504 i analizowano transkryptom mutantu.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Analiza kontaktów w chromosomie *P. aeruginosa* wykazała 1) obecność domen interakcji CID (Chromosome Interaction Domains), 2) oddziaływania między ramionami (spinanie) chromosomu oraz 3) silne oddziaływania pomiędzy regionem *oriC* a resztą chromosomu.

Transkrypcja jest kluczowym czynnikiem determinującym częstość lokalnych oddziaływań w obrębie CID natomiast białko SMC i ParB są wymagane do spinania przeciwległych ramion chromosomu. Brak ParB lub zaburzenie jego wiązania z *parS1-4* zmieniło organizację domen wokół *oriC*, znosiło spinanie ramion przez SMC, a także oddziaływania pomiędzy regionem *oriC* a resztą chromosomu.

Wykazano liczne zmiany w transkryptomach mutantów Δ *parB*, W19 oraz S19. Inaktywacja 27 najsilniej wiążących ParB miejsc half-*parS* wpływa globalnie, a nie lokalnie na ekspresję genów, prawdopodobnie poprzez zmiany topologii chromosomu *Pa*.

Analiza ChIP-seq lokalizacji ParB na chromosomie wykazała zmiany ilościowe ale nie jakościowe w różnych warunkach wzrostu. W komórkach dzielących się ilość ParB spada kilkakrotnie w wyniku proteolizy przy udziale proteaz ClpB1/X i MucD. Ekspresja operonu *parAB* jest regulowana przez DnaA (inicjator replikacji chromosomu).

W ramach charakterystyki interakcji ParB ze zidentyfikowanymi partnerami wykazano, że N-końcowy motyw w ParB jest niezbędny do oddziaływania z ParA, ale nie z 4 innymi białkami partnerskimi. Trzy z tych białek wykazują polarną lokalizację, niezależną od ParB. Spekuluje się, że stanowią „kotwicę” dla kompleksów ParB-*parS1-4-oriC* w czasie cyklu komórkowego.

Zidentyfikowano trzy białka partnerskie dla PA2504 wyłącznie w fazie stacjonarnej.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Uzyskane wyniki były podstawą 9 publikacji, jednej pracy doktorskiej (4 w przygotowaniu) oraz 3 prac magisterskich. Wyniki były prezentowane na seminariach Instytutowych, seminariach grupy mikrobiologicznej oraz konferencji EMBO Young Scientists' Forum.

Publikacje:

6117, 6131, 6174, 6188, 6191, 6194, 6234, 6255, 6301, 4901/A, 1041/N, 1044/N, 1045/N, 1046/N,

PN-14 - Pracownia Lekooporności Bakterii

Kierownik: dr hab. Izabela Kern-Zdanowicz

Zespół: doktorantki: mgr Aleksandra Kuryłek, mgr Monika Stasiak (do 30.04.2021)

Cel badań:

1. Analiza systemu koniugacyjnego plazmidów z grupy IncM (dawniej IncL/M) odpowiedzialnych za rozprzestrzenianie różnych genów kodujących oporność na antybiotyki wśród bakterii, przedstawicieli rzędu *Enterobacterales* (ord. nov.), na przykładzie plazmidu pCTX-M3.

2. Poszukiwanie czynników wirulencji *Streptococcus anginosus*, bakterii uważanej uprzednio za komensala błon śluzowych, która coraz częściej powoduje u ludzi infekcje, także te zagrażające życiu.

Opis realizowanych prac:

Ad 1. System koniugacyjny plazmidu pCTX-M3 jest kodowany przez geny, zlokalizowane w dwóch rejonach, *tra* i *trb*. Upřednio zostało przez nas wykazane, że w regulacji ekspresji genów rejonu *tra* biorą udział: produkt genu *orf35*, położonego w rejonie wiodącym plazmidu (tym, który wchodzi jako pierwszy do komórki biorecy) oraz białka NAP (Nucleoid Associated Proteins), H-NS_{pCTX-M3} i Hha_{pCTX-M3}, kodowane w rejonie *tra*, w obrębie genu określanego uprzednio jako *orf36*, na nici komplementarnej. W ubiegłym roku przeprowadzono różnicową analizę ekspresji genów (RNAseq i DEseq) w szczepach *Escherichia coli*, niosących plazmid dzikiego typu (pCTX-M3) oraz plazmidy z usuniętymi regionami kodującymi regulatory: pCTX-M3*orf35::cat* i pCTX-M3*orf36::cat*. Potwierdzono i poszerzono wyniki uzyskane poprzednio: produkt *orf35* jest represorem pierwszych genów rejonu *tra* (*nikA* – *traL*), a białka NAP – genów *traH* – *traX*. Dodatkowo uzyskane wyniki pokazują, że białka NAP są również represorami genów rejonu *trb*. Co więcej, okazuje się, że cały szereg genów kodowanych w chromosomie *E. coli* ma obniżony poziom ekspresji w szczepach niosących

pCTX-M3orf35::cat i pCTX-M3orf36::cat, w porównaniu do szczepu z plazmidem dzikiego typu. Przy tym zarówno *orf35* jak i *h-ns*_{pCTX-M3} wraz z *hha*_{pCTX-M3} powodują także wzrost poziomu transkrypcji niektórych genów plazmidowych i chromosomalnych. Wyniki te będą dalej analizowane.

W oparciu o opublikowane protokoły oczyszczania transporterów typu IV białek z *Legionella pneumophila*, podjęta została próba oczyszczenia za szczepu *E. coli* z pCTX-M3orf35::cat, części aparatu koniugacyjnego zlokalizowanego w osłonach komórkowych.

Ad 2. Do inwazyjnego szczepu *S. anginosus* 980/01, wyizolowanego z krwi, został wprowadzony transpozon ISS1 na plazmidzie o termowrażliwej replikacji. Opracowano warunki, w których w czasie hodowli szczepu dochodzi do transpozycji ISS1, takie, że w każdym klonie doszło do pojedynczej integracji ISS1 do genomu w losowym miejscu. Powstała biblioteka mutantów transpozonowych *S. anginosus* 980/01, która będzie następnie analizowana poprzez sekwencjonowanie miejsc integracji transpozonu (metoda TraDIS – Transposon Directed Insertion Sequencing). W pierwszej kolejności, po hodowli całej biblioteki mutantów w warunkach optymalnych dla wzrostu, zostanie ustalona pula genów niezbędnych do życia tej bakterii. Następnie, poprzez testowanie zdolności do życia mutantów z tej biblioteki w różnych warunkach odzwierciedlających różne etapy infekcji, będą wytypowane geny istotne w tych etapach. Ostatecznie, rola wytypowanych genów będzie weryfikowana poprzez przygotowanie i analizę indywidualnych mutantów.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Ad 1. Określono pulę genów regulowanych przez produkt genu *orf35* i białka NAP, represory systemu koniugacyjnego w plazmidzie pCTX-M3. Stwierdzono, że te represory wpływają także na poziom ekspresji wielu genów chromosomalnych gospodarza plazmidu.

Ad 2. Przygotowano bibliotekę mutantów transpozonowych *S. anginosus* 980/01 do analizy TraDIS.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Przygotowanie publikacji naukowych.

Publikacje:

6183

PN-15 - Pracownia Biologii Grzybów

Kierownik: prof. dr hab. Joanna Kruszewska

Zespół: dr hab. Sebastian Piłsyk, dr Urszula Perlińska- Lenart, dr Anna Janik, doktorantka mgr Elżbieta Gryz, studentka mgr Patrycja Skalmowska

Cel badań:

1. Ściana komórkowa jako struktura charakterystyczna dla grzybów, jej różnorodność a różnice w genomie (6139).
2. Poszukiwanie czynników wpływających na patogenność *Candida albicans*.
3. Sposób zagospodarowania osadu ściekowego z wykorzystaniem grzybów strzępkowych.
4. Prace nad szczepionką grzybową do usuwania odorów podczas kompostowania (patent P.428092).

Opis realizowanych prac:

Ad.1. Scharakteryzowano strukturę ściany komórkowej u Mucoromycota. Do badań wzięto po dwa szczepy *Umbelopsis* (*U. isabellina*, *U. vinacea*) i *Mucor* (*M. circinatus*, *M. plumbeus*) wyizolowane z ziemi i dwa Mucorales (*Thiamnidium elegans* i *Mucor saturninus*) o wysokiej aktywności proteolitycznej i porównano wyniki do *Trichoderma* (Ascomycota). Stwierdzono obecność fukozy szczególnie wysoką w ścianie *Umbelopsis*, a nieobecną w ścianie *Trichoderma* oraz niezwykle wysoką zawartość chityny u wszystkich Mucoromycota, nawet 10 razy wyższą niż u *Trichoderma*. Różnice te są odzwierciedleniem obecności odpowiednich genów. U *Trichoderma*, u której brak fukozy w ścianie komórkowej, nie ma genu kodującego α -fukozyltransferazę, a u Mucorales gen ten występuje w 3-6 kopiach. Badania były częścią całościowej charakterystyki Mucoromycota oraz roli bakterii symbiotycznej u *Thiamnidium elegans*.

Ad.2. Stwierdzono, że synteza dolicholu, której jakość wpływa na tworzenie czynników patogenności u *Candida*, jest współregulowana z wydłużaniem kwasów tłuszczowych przez kompleks elongacyjny znajdujący się w reticulum endoplazmatycznym. Hamowanie syntezy dolicholu zachodzi podczas blokowania elongazy kw. tłuszczowych i odbywa się na wczesnych etapach szlaku mewalonowego a nie na etapie bezpośredniej syntezy dolicholi katalizowanej przez *cis*-prenylotransferazy (publikacja zaakceptowana).

Ad.3. Wykonano badania na skalę zbliżoną do docelową na terenie sortowni odpadów Sego w Rybniku. Opracowano metodę hodowli grzybów na dużą skalę.

Ad.4. Przebadano 200 szczepów grzybów strzępkowych na właściwość dezodoryzacji odpadów komunalnych.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Znalezienie powiązania regulacyjnego syntezy dolicholi i elongacji kwasów tłuszczowych.

Wyłonienie około 60 szczepów grzybów strzępkowych dezodoryzujących odpady komunalne.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Publikacje naukowe oraz wyniki wstępne do nowych projektów.

Publikacje:

6139

Patenty: P.415013, P.428092

PN-16 - Pracownia Biologii Roślin i Mikroorganizmów

Kierownik: dr hab. Magdalena Krzymowska

Zespół: dr Magdalena Górecka, dr Patrycja Zembek, mgr inż. Bartosz Baranowski; doktoranci: mgr Martyna Jonak, mgr Jakub Kwiatkowski, mgr Dominika Nowak, studentka Adeola Odeniyi

Cel badań:

Celem badań było poznanie funkcji skróconej formy receptora N z tytoniu warunkującego odporność na wirus mozaikowatości tytoniu (TMV).

Opis realizowanych prac:

Białko receptorowe N nadaje odporność roślinom na infekcje TMV. W wyniku rozpoznania przez N domeny helikazowej replikazy TMV, receptor przemieszcza się

z cytoplazmy do jądra komórkowego. W konsekwencji, dochodzi lokalnie do uruchomienia złożonej kaskady obronnej, której kulminacją jest aktywacja programowanej śmierci komórkowej. Proces ten służy zahamowaniu systemowej transmisji wirusa. Ekspresja N jest ściśle kontrolowana na różnych poziomach, tak by w zdrowych komórkach akumulowała się mała ilość białka. Ponadto receptor utrzymywany jest przez kompleks białek opiekuńczych w nieaktywnej formie. Podczas infekcji TMV powstają dwa warianty splicingowe mRNA N, z których syntetyzowane jest białko o strukturze TIR (Toll-Interleukin Receptor)-NB (Nucleotide-Binding) -LRR (Leucine-Rich Repeat) oraz białko skrócone N_{AL} zawierające, oprócz domen TIR i NB, jedynie pierwsze powtórzenie leucynowe. Nasze badania ujawniły, że wariant N_{AL} hamuje reakcję zainicjowaną rozpoznaniem TMV przez receptor N. Obie formy białka tworzą heterodimery w cytoplazmie. Przesunięcie całej puli receptora N do jądra unieruchamia w cytoplazmie pulę receptora pełnej długości, co prowadzi do atenuacji sygnału powstałego po rozpoznaniu wirusa.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Na podstawie naszych badań zaproponowaliśmy model, w którym wariant N_{AL}, tworząc kompleksy z białkiem N, unieruchamia pulę receptora w cytoplazmie, i tym samym hamuje odpowiedź obronną roślin tytoniu aktywowaną rozpoznaniem wirusa TMV.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Badania te przyczyniły się do zrozumienia procesów regulujących odpowiedź obronną roślin, co może w przyszłości być wykorzystywane w nowoczesnej hodowli odpornościowej. Ze względu na fakt, że aberracje w działaniu białek o podobnej strukturze do receptora N są przyczyną niektórych chorób autoimmunologicznych występujących u ludzi, zidentyfikowanie mechanizmów odpowiedzialnych za wygaszanie aktywności receptora może przełożyć się na opracowanie nowych metod terapii tych schorzeń.

Publikacje:

6150

PN-17 - Pracownia Bioenergetyki i Mechanizmów Chorób Mitochondrialnych

Kierownik: dr hab. Róża Kucharczyk, prof. instytutu

Zespół: dr Chiranjit Panja, dr Aneta Więsyk; doktorantki: mgr Masanta Suchismita, mgr Emilia Baranowska, mgr Sylwia Pilch, mgr Marta Kasabuła; studentka Iwona Rapała

Cel badań:

1. Izolacja i analiza biochemiczna supresorów mutantu *atp6-L187P Saccharomyces cerevisiae*, będącego modelem ataksji (SCA), w celu zbadania jak mutacja ta zaburza funkcję kanału FO syntazy ATP na poziomie molekularnym.
2. Funkcjonalna analiza ampylasy Fmp40 – roli w regulacji cyklu redoskyny Trx3 i programowanej śmierci komórki oraz regulacji aktywności systemu fosforylacji oksydacyjnej.
3. Konstrukcja szczepu reporterowego kodującego gen split-GFP1-10 w genomie mitochondrialnym (mtDNA), pozwalającego identyfikować białka relokalizujące się do przestrzeni mitochondrialnej.

Opis realizowanych prac:

Ad. 1. Mutant *atp6-L187P* nie jest zdolny do wzrostu na podłożu z niefermentowalnym źródłem węgla. Wyizolowaliśmy 24 szczepy supresorowe zdolne do wzrostu na tym podłożu. Zidentyfikowaliśmy w nich cztery substytucje supresorowe w białku Atp6. Pomiary zużycia tlenu przez mitochondria wyizolowane z tych szczepów są zakończone, jak również oznaczenie aktywności syntazy ATP. Badamy stan złożenia enzymu i prowadzimy analizę *in silico* zmian strukturalnych generowanych przez wyselekcjonowane substytucje aminokwasowe.

Ad. 2. Trzy ampylowane przez Fmp40 *in vitro* substraty Prx1 Trx3 i Grx2 lokalizują się w macierzy mitochondrialnej. Odkryliśmy, dzięki szczepowi BigSplit-GFP do identyfikacji białek macierzy mitochondrialnej, że Fmp40 obok lokalizacji w przestrzeni mitochondrialnej, również lokalizuje się w macierzy. Przygotowaliśmy plazmidy kodujące warianty tych redoksyn z substytucjami ampylowanych reszt aminokwasowych. Analiza fenotypowa komplementacji fenotypu szczepów *prx1Δ*, *trx3Δ* i *grx2Δ* przez redoksyny wyrażane z plazmidów wskazuje, że nie możemy prowadzić badań w tym układzie genetycznym (eksprymując warianty redoksyn z plazmidów). Dalsze badania skupiliśmy na oczyszczeniu interaktomu białka Fmp40, szczególnie jego puli macierzowej, by zidentyfikować substraty i ich modyfikacje Fmp40-zależne.

Infrastruktura Instytutu wzbogaciła się o czuły wysokoprzepustowy spektrometr – prowadzimy eksperymenty mające na celu identyfikację ampylomu mitochondrialnego u drożdży.

Zidentyfikowaliśmy niescharakteryzowane białko Mco10, które jest najprawdopodobniej strukturalną podjednostką syntazy ATP, lokalizującą się w miejscu scharakteryzowanej i wykrytej w strukturach enzymu metodami cryoEM podjednostki Atp19. W odróżnieniu od Atp19, Mco10 posiada bogatą w seryny sekwencję około 30 aminokwasów, oddzielającą od siebie początek i koniec białka Mco10, wysoce podobnych do białka Atp19. Zakładamy, że środkowy fragment białka Mco10, różniący je od Atp19, jest modyfikowany post-translacyjnie – fosforylacje zidentyfikowaliśmy w eksperymentach proteomicznych – i te modyfikacje decydują o związaniu lub dysocjacji Mco10 do/od enzymu.

Ad. 3. Zastosowaliśmy dwa podejścia eksperymentalne: fuzje sekwencji kodującej fragment GFP obejmujący pierwsze 10 beta kartek (GFP1-10) z genem *ATP18* oraz z sekwencjami kodującymi dwie pierwsze helisy cytochromu b, wstawiając *GFP1-10* pomiędzy nie. Geny hybrydowe wintegrowaliśmy w miejsce genu *ATP6* do mtDNA. W obu podejściach GFP1-10 zostało skutecznie po syntezie w macierzy przetransportowane do przestrzeni mitochondrialnej. Niestety nie uzyskaliśmy fluorescencji wprowadzając do tych szczepów geny kodujące białka przestrzeni w fuzji z 11-tą beta kartką (GFP-11). Analiza biochemiczna pokazała, że GFP1-10 występuje w przestrzeni mitochondrialnej w formie tetrameru, co zapewne blokuje samo-składanie się GFP-11 z GFP1-10. W kolejnym podejściu, nieskutecznym, zmodyfikowaliśmy sekwencję GFP1-10 wprowadzając dwie substytucje redukujące tetrameryzację. Jako że w pierwszym podejściu sekwencja GFP1-10 była identyczna jak ta, którą wprowadziliśmy do mtDNA i uzyskaliśmy monomer GFP1-10 w macierzy, wnosimy, że przyczyną jest bardziej utleniające środowisko przestrzeni w porównaniu do macierzy i tetrametry tworzone są poprzez mostki siarczkowe pomiędzy cysteinami w monomerach. Obecnie integrujemy w mtDNA sekwencję GFP1-10 pozbawioną cystein.

Opis najważniejszych osiągnięć:

1. Wyeksymulowaliśmy białko GFP1-10 z genomu mitochondrialnego, które zostało przetransportowane do przestrzeni mitochondrialnej.
2. Odkryliśmy nową podjednostkę strukturalną syntazy ATP.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Wyniki zadań 1 i 2 będą podstawą trzech publikacji oraz wejdą w skład dwóch rozpraw doktorskich. Realizacja zadania 3 zaowocowała nawiązaniem współpracy międzynarodowej z prof. Mayą Schuldiner (Weizmann Institute of Science, Rehovot). Oba szczepy: pozwalający identyfikować pulę białek zlokalizowaną wyłącznie w macierzy mitochondrialnej (który opublikowaliśmy w 2020 roku), jak i szczep konstruowany w ramach zadania 3, posłużą jako narzędzie środowisku naukowemu, nie tylko badaczom pracującym na modelu drożdżowym, do testowania lokalizacji białek w poszczególnych przedziałach mitochondrialnych.

Publikacje:

6139, 6299

PN-18 - Pracownia Biochemii Lipidów

Kierownik: prof. dr hab. Ewa Kula-Świeżewska

Zespół: dr hab. Liliana Surmacz, dr Daniel Buszewicz (do 14.05.2021), dr Marta Hoffman-Sommer, dr Aleksandra Weremczuk, dr Małgorzata Gutkowska-Stronkowska (do 30.09.2021), dr Karolina Skorupińska-Tudek, dr Konrad Zdanowski; doktoranci: mgr Przemysław Surowiecki, mgr Agnieszka Onyśk, mgr Natalia Piłka, mgr Marta Zajbt-Łuczniowska, mgr Karolina Sztompka; studentki: Maryna Soma, Zuzanna Bechler

Cel badań:

Głównym celem badań było poszerzenie wiedzy na temat biosyntezy i biologicznej roli izoprenoidów, głównie poliprenoli i dolicholi, w komórkach eukariotycznych. Badania prowadzono w następujących kierunkach:

1. *cis*-prenylotransferazy (CPT) – charakterystyka molekularna, białkowi partnerzy;
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:

1. Scharakteryzowano dwa białka wpływające na poziom akumulacji dolicholi w komórkach *Arabidopsis thaliana*: CPT3 (warunkuje syntezę kluczowych dolicholi odpowiedzialnych za glikozylację białek) oraz α/β -hydrolazę, równocześnie wykorzystując wyniki analiz QTL oraz GWAS wskazano szereg genów potencjalnie modulujących akumulację dolicholi, poliprenoli, plastochinonu i fitosteroli [publikacja, wsp. dr A. Ihnatowicz, UG].

2. Pokazano tworzenie kompleksu AtCPT4 z białkami AtLew1 oraz AtREF2 i wykazano wzajemne oddziaływanie białek AtREF2 i -3.

3. Optymalizowano warunki heterologicznej ekspresji skróconych form AtCPT3, -6 i -7 (wsp. prof. M. Nowotny, MIBMiK).

4. Badano regulatorową funkcję fosforylacji CPT7 *in planta*. Wskazano, iż kinazy SnRK2 mogą pełnić rolę negatywnych regulatorów aktywności wybranych CPT (wsp. prof. G. Dobrowolska, IBB).

5. Charakteryzowano funkcje CPT1 i -2 w komórkach *Paramecium tetraurelia* (wsp. dr J. Nowak, IBB).

6. Wykazano, iż czynniki transkrypcyjne HSFA1 są mediatorami wywołanej ciepłem akumulacji poliprenoli syntetyzowanych przez CPT7, które wpływają na architekturę

tylakoidów u *A. thaliana* [praca wysłana do redakcji, wsp. dr hab. Ł. Kowalewska, UW; Y-Y.Charng, ABRC AS Taiwan; prof. W. Gruszecki, UMCS].

7. Wykazano, że u *A. thaliana*, w przeciwieństwie do komórek zwierzęcych, C-terminalny fragment białka REP (Rab Escort Protein) nie jest zaangażowany w wiązanie nieprenylowanych białek Rab, podczas gdy brak funkcjonalnego REP prowadzi do męskiej sterility rośliny [publikacja, wsp. dr M. Kaus-Drobek, IBB]. Równolegle wykazano, że zależny od Rab transport pęcherzykowy wpływa na rozwój gametofitu żeńskiego, a także na proces zapylenia i tworzenia nasion [publikacja, wsp. dr J. Rojek, UG; prof. M. Tucker, University of Adelaide]. Wykazano, że mutacja w genie RGTB1 różnicowo wpływa na lokalizację białek Rab z różnych rodzin. Kontynuowane są badania biochemiczne.

8. Podsumowano funkcje białek Rab u roślin [publikacja].

9. Wykazano, że podjednostka C8 kompleksu TRAPP3 (Transport Protein Particle) jest zaangażowana w proces autofagii u *Arabidopsis* (manuskrypt, wsp. dr Y.Dagdas, GMIMPB, Wiedeń).

10. Uzyskano linie *Arabidopsis* pozbawione aktywności PPRD1 (metodą CRISPR/Cas9, wsp. dr S.Sacharowski, IBB). Optymalizowane są warunki heterologicznej ekspresji PPRD1 i-2 (system bakulowirusa, wsp. prof. M.Nowotny).

11. Kontynuowano badania nad lipofektantami zawierającymi kationowe pochodne poliizoprenoidów (PTAI) – próby terapii genowej nadciśnienia tętniczego w modelu mysim [publikacja, wsp. prof. E.Kompanowska-Jezińska, IMDiK].

12. Wykazano rolę poliprenoli w modulowaniu odpowiedzi roślin drzewiastych na stres zasolenia [dwie publikacje, wsp. prof. W.Dmuchowski, IOŚ]

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

Opis najważniejszych osiągnięć:

Wykazanie, iż mechanizm działania REP w procesie geranylogeranytacji białek Rab jest odmienny u roślin w stosunku do obserwowanego u zwierząt i drożdży, a knock-out genu *REP* jest letalny na poziomie tworzenia gametofitu męskiego.

Udowodnienie roli AtCPT3 w syntezie dolicholi niezbędnych do życia rośliny.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Obecnie brak planów wykorzystania wyników.

Publikacje:

6127, 6149, 6133, 6230, 6232, 6257, 6285, 6293, 302/M, 4809/A, 4822/A

PN-19 - Pracownia Biologii Bakteriofagów

Kierownik: prof. dr hab. Małgorzata Łobocka

Zespół: dr Emil Stefańczyk, mgr Monika Karasiewicz-Urbańska; doktoranci: mgr Agnieszka Bednarek, mgr Grzegorz Czerwonka (do września 2021), mgr Łukasz Kałuski

Cel badań:

Poznanie mechanizmów warunkujących szeroki zakres gospodarzy wybranych bakteriofagów oraz identyfikacja czynników bakteryjnych determinujących odporność na określone bakteriofagi.

Opis realizowanych prac:

1. W ramach identyfikacji funkcji litycznych bakteriofaga P1 aktywnych podczas lizy komórek różnych gospodarzy, wykazano, że spośród białek tego faga o cechach holin białko LydD jest pinholiną, a LydA i LydC pełnią funkcję kanonicznych holin. Tylko LydA i LydC umożliwiały lizę komórek przez faga P1 z genem *lyz*, kodującym endolizynę z domeną SAR, zamienionym na gen R faga lambda kodujący kanoniczną endolizynę. Ponadto pokazano, że zmiany w morfologii komórek podczas lizy przez dzikiego P1 są charakterystyczne dla lizy z działem endolizyny z domeną SAR i pinholiny, a zmiany w morfologii komórek podczas lizy przez mutantą *lydD* P1 są charakterystyczne dla lizy z udziałem kanonicznej pary endolizyna-holina. Zademonstrowano istotne różnice morfologiczne podczas lizy komórek *Escherichia coli* i *Enterobacter cloacae* przez faga dzikiego i różne mutanty P1. Dla pozyskania dodatkowej bakterii do badań nad lizą leczono szczep *Pantoea agglomerans* z plazmidów niekompatybilnych z P1 i uniemożliwiających stabilną lizogenezę tego szczepu przez P1.

2. Jednym z operonów P1 mogących odpowiadać za szeroki zakres gospodarzy tego faga jest operon kodujący białka podobne do plazmidowych białek warunkujących oporność na telluryn – czynnik wywołujący stres oksydacyjny. Wykazano, że szczepy *E. coli* zawierające profaga P1 są mniej wrażliwe na telluryn i że jest to związane z obecnością genów zidentyfikowanego operonu. Prowadzone są badania mające na celu określenie czy funkcją genów tego operonu jest ochrona komórek zainfekowanych P1 przed apoptozą związaną ze stresem oksydacyjnym wywołanym infekcją.

3. Kontynuowano prace nad identyfikacją funkcji litycznych oraz determinantów specyficzności szczepowej bakteriofagów rodzaju *Kayvirus* infekujących *Staphylococcus aureus*. Sklonowano w wahadłowym plazmidzie *E. coli* – *S. aureus* kilkanaście wybranych genów reprezentatywnego kaywirusa potencjalnie kodujących takie funkcje. Wpływ sklonowanych genów na wzrost komórek *E. coli* i *S. aureus* jest analizowany. Produkt jednego z nich jest aktywny w lizie komórek niosących endolizynę faga lambda.

4. W celu identyfikacji determinantów odporności szczepów *S. aureus* na różne kaywirusy określono kompletne sekwencje genomowe 48 szczepów *S. aureus* z różnych kompleksów klonalnych, w tym szczepów wrażliwych i odpornych na infekcję. Wytypowano w genomach szczepów odpornych potencjalne markery odporności. Są one przenoszone do szczepu wrażliwego w celu weryfikacji ich funkcji w ochronie antyfagowej.

5. W związku z uciążliwością metody modyfikacji genetycznych *S. aureus* z wykorzystaniem systemu CRISPR-Cas prowadzono prace nad wprowadzaniem do komórek *S. aureus* plazmidów z DNA donorowym do wymiany rekombinacyjnej metodą transdukcji. Zidentyfikowano fragmenty DNA wyizolowanego poprzednio faga rodzaju *Phietavirus*, które znacząco zwiększają częstość transdukcji plazmidów. Wykazano, że badany fag infekuje produktywnie lub nieproduktywnie prawie wszystkie badane szczepy *S. aureus*, co czyni go dogodnym narzędziem modyfikacji genomów tych szczepów.

Opis najważniejszych osiągnięć:

1. Wykazanie, że białko LydD bakteriofaga P1 jest pinholiną.
2. Identyfikacja fragmentów DNA gronkowcowego bakteriofaga z rodzaju *Phietavirus* podwyższających wydajność transdukcji plazmidowego DNA tym fagiem.
3. Identyfikacja potencjalnych markerów odporności na fagi z rodzaju *Kayvirus* w wybranych szczepach *S. aureus*.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Część wyników posłużyła do przygotowania manuskryptu publikacji, a część do przygotowania pracy licencjackiej.

Publikacje:

6189, 6227, 6240, 6273, 4876/A, 4928/A, 4929/A, 4930/A

PN-20 - Pracownia Niekodujących RNA i Rearanżacji Genomu

Kierownik: dr Jacek K. Nowak

Zespół: dr Julita Gruchota, dr Michał Jaśkiewicz; doktoranci mgr inż. Dawid Owsian, mgr inż. Katarzyna Nowak

Cel badań:

Paramecium tetraurelia jest jednokomórkowym eukariontem charakteryzującym się obecnością dwóch rodzajów jąder w obrębie cytoplazmy. Podczas każdego cyklu płciowego maczyne 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). W procesie tym uczestniczą różne klasy niekodujących RNA, między innymi krótkie, charakterystyczne dla mejozy skaningowe RNA (scnRNA) pochodzące z jądra generatywnego oraz dłuższe, niekodujące transkrypty syntetyzowane w starym oraz nowym jądrze somatycznym. Niekodujące RNA powstają w wyniku działania polimerazy RNA typu II przy udziale czynników elongacji transkrypcji Spt5/Spt4 i TFIIS, a następnie DICER i PIWI.

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 realizowanych projektów analizowana jest funkcja czynników potencjalnie odpowiedzialnych za modulowanie działania kompleksu polimerazy RNA II w stronę syntezy niekodujących transkryptów. Badamy także transport krótkich ncRNA oraz ich oddziaływanie z chromatyną i innymi transkryptami.

Opis realizowanych prac:

W wyniku zastosowania spektrometrii mas zidentyfikowano szereg białek jako potencjalnie oddziałujące z (1) badanymi przez nas czynnikami elongacji transkrypcji Spt5m i Spt4mA, (2) wyrażanym podczas procesów płciowych wiążącym krótkie RNA białkiem Ptiwi09, (3) odpowiedzialną za wiązanie białek PIWI z chromatyną helikazą Ema1. Listę wybranych białek poszerzono ponadto o szereg czynników związanych z metabolizmem RNA wyrażanych podczas mejozy. Zastosowano strategię badawczą polegającą na wyciszaniu ekspresji genów kodujących te białka i obserwację fenotypu związanego z rozwojem nowego makronukleusa. Wyselekcjonowano kilka genów wykazujących zwiększoną śmiertelność po procesie płciowym, co pozwala sądzić, iż mogą być zaangażowane w metabolizm niekodujących RNA. Dla dwóch genów: *GTSF1L* (kodujący białko z podwójnym palcem cynkowym) oraz *SEN2c* (kodujący helikazę RNA) przeprowadzono dalsze badania związane z lokalizacją wewnątrzkomórkową, wpływem na rearanżację genomu oraz syntezę krótkich ncRNA.

Prace nad nowym systemem umożliwiającym analizę interakcji białko-białko w systemie *in vivo* w oparciu o zjawisko FRET nie osiągnęły spodziewanych rezultatów ze względu na problemy z powtarzalnością eksperymentów oraz ze znalezieniem odpowiedniej kontroli negatywnej. Opracowano natomiast konstrukt do poszukiwania partnerów białkowych przy wykorzystaniu metody TurboID.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Ustalono, że białko Gtsf1L lokalizuje się w matczynym makronukleusie, a sekwencjonowanie sRNA wykazało, że czynnik ten jest niezbędny do selekcji scnRNA, która następuje właśnie w tym jądrze. Oceniono wpływ wyciszania *GTSF1L* na proces rearanżacji nowego makronukleusa przy użyciu wielkoskalowego sekwencjonowania DNA wyizolowanego z nowych makronukleusów, które zostały uzyskane metodą wirowania w gradiencie sacharozy oraz, dzięki współpracy z M. Betermier (I2BC, Gif-sur-Yvette, Francja), przy użyciu metody FACS. Wykazano, że Gtsf1L wpływa szczególnie na wycinanie znacznej liczby sekwencji IES oraz na eliminację sekwencji transpozonowych.

Helikaza Sen2c natomiast lokalizuje się w mejotycznych mikronukleusach, wpływa na poziom scnRNA oraz wycinanie niektórych sekwencji IES. Trwają dalsze analizy wpływu tego czynnika na metabolizm scnRNA oraz na rearanżacje genomu z wykorzystaniem sekwencjonowania wysokoprzepustowego.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Brak

Publikacje:

4820/A, 4821/A, 4822/A

PN-21 - Pracownia Molekularnych Podstaw Aktywności Biologicznej

Kierownik: prof. dr hab. Jarosław Poznański

Zespół: dr hab. Agnieszka Maciejewska, dr Daniel Paprocki, dr Maria Winiewska-Szajewska; doktoranci: mgr Izabela Dąbrowska, mgr Sławomir Kasperowicz, mgr Anna Stefaniuk, mgr Anna Szymaniec-Rutkowska

Cel badań:

Celem badań 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 (literaturowych bądź uzyskanych przez nas) 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:

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 (6159, 6211, 6299).

1. 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 (6148, 6164).

2. Optymalizacja algorytmów analizy danych biofizycznych/biochemicznych oraz wyznaczanie i analiza danych termodynamicznych dla układów o znaczeniu biologicznym (6128, 6137, 6210, 6267, 4809/A).

3. Analiza oddziaływania dioksygenaz z rodziny AlkB (ALKBHx/FTO) z partnerami niskocząsteczkowymi oraz białkowymi: określenie wpływu fosforylacji seryn oraz zależnego od jonów wapnia oddziaływania z kalmoduliną na aktywność i stabilność dioksygenazy FTO (6187, 6269). Poszukiwanie nowych substratów dla białek odpowiedzi adaptacyjnej *Escherichia coli* (4814/A).

4. Współpraca nad analizą ekspresji całego genomu *Aspergillus nidulans* wykazała, że regulator metabolizmu siarki MetR pełni rolę globalnego regulatora kontrolującego zależne od fitochromu fphA reakcje na światło, a także ekspresję setek innych genów, z których wiele bierze udział w powstawaniu metabolitów wtórnych (6163).

Opis najważniejszych osiągnięć:

W poprzednim roku wspólnie z grupą prof. Piotra Zielenkiewicza (IBB PAN) zaangażowaliśmy się w analizę oddziaływania związków niskocząsteczkowych z domeną RBD wirusowego białka S. Wstępne testy biochemiczne wykazały, że zaproponowane związki wykazują aktywność hamującą wiązanie wirusa do receptora ACE2 (6164). Z powodu niemożności uzyskania finansowania dalsze prace doświadczalne zostały zawieszone.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Uzyskane wyniki znalazły się (bądź znajdują się) w publikacjach naukowych. Wytypowane związki mogłyby być punktem wyjścia dla leków przeciw SARS-CoV-2 (zgłoszenia patentowe P.435261 i P.436491 oraz międzynarodowe PCT/PL2021/050094).

Publikacje:

6128, 6137, 6148, 6159, 6163, 6164, 6187, 6210, 6211, 6267, 6269, 4809/A, 4814/A

PN-22 - Pracownia Transkrypcji tRNA

Kierownik: prof. dr hab. Magdalena Rakowska-Boguta

Zespół: dr Małgorzata Cieśla, mgr Jan Słupski, Michał Tys; doktoranci: mgr Izabela Rudzińska, mgr Alicja Armatowska, mgr Dorota Olszewska, mgr Aleksandra Łopusińska

Cel badań:

Celem badań było sprawdzenie wpływu defektu składania RNA polimerazy III i obniżonego poziomu tRNA na transkrypcję mRNA z udziałem RNA polimerazy II u drożdży *Saccharomyces cerevisiae*.

Opis realizowanych prac:

W przeprowadzonych eksperymentach wykorzystano zmutowany szczep drożdży *Saccharomyces cerevisiae*, *rpc128-1007*, który charakteryzuje się defektem składania kompleksu Pol III, a w konsekwencji obniżonym poziomem tRNA. Analogiczne mutacje prowadzące do zaburzenia procesu biosyntezy Pol III u człowieka są przyczyną choroby neurodegeneracyjnej, leukodystrofii. Poziom ekspresji poszczególnych mRNA analizowano w mutancie *rpc128-1007* oraz w jego supresorach, szczepach *rpc128-1007* z nadprodukcją białek Prt1 i Rbs1. Prt1 jest podjednostką czynnika inicjacji translacji, eIF3, zaś Rbs1 jest czynnikiem wspomagającym składanie kompleksu Pol III. Funkcja Rbs1 w biogenezie Pol III zależy od zdolności wiązania Rbs1 do mRNA, uwarunkowanej aktywnością domeny R3H

w białku Rbs1. W celu przeprowadzenia analizy porównawczej ekspresji mRNA w mutancie *rpc128-1007* i szczepach supresorowych wykonano eksperyment sekwencjonowania RNA. mRNA wyizolowano z komórek mutantu *rpc128-1007* opcjonalnie transformowanych wielokopijnymi plazmidami kodującymi białka Prt1, Rbs1 i Rbs1 z nieaktywną domeną R3H. Efekty podwyższonej, w stosunku do szczepu kontrolnego, ekspresji mRNA były generalnie, w skali całego transkryptomu, silniejsze niż efekty obniżenia ekspresji. W celu kategoryzacji genów, dla których odnotowano statystycznie znaczące zmiany ekspresji, podzielono je na grupy o różnym poziomie zmienności poziomu mRNA w poszczególnych szczepach, a następnie przeprowadzono analizę funkcjonalną genów w obrębie pojedynczych grup. Pośród genów, których ekspresja była znacząco zwiększona w mutancie *rpc128-1007* odnotowano wzbogacenie w geny warunkujące biosyntezę aminokwasów, które są pod kontrolą czynnika transkrypcyjnego Gcn4. Zwiększenie ekspresji tych genów generalnie było niwelowane przez nadprodukcję białek Prt1 i Rbs1, lecz nie przez Rbs1 z nieaktywną domeną R3H. Przeciwną tendencję odnotowano dla genów, których funkcja wiąże się z degradacją białek, w tym 27 z 31 genów kodujących podjednostki proteasomu. Ekspresja tych genów była obniżona w mutancie *rpc128-1007*, a supresja przez Prt1 i Rbs1 wiązała się z częściowym odwróceniem tego efektu.

Niezależnie przeprowadzone eksperymenty wykazały wpływ Rbs1 na stymulację transkrypcji Gcn4-zależnych genów w kontrolnym szczepie dzikim. Efekt Rbs1 był w tym przypadku zależny od regulacji translacji poprzez wiązanie Rbs1 do mRNA. Aktywność Gcn4 jest regulowana poprzez translację *GCN4* mRNA oraz degradację białka Gcn4, zależną od kinazy Pho85 i cykliny Pcl5. Wykazano, że skutkiem wiązania Rbs1 do rejonu regulatorowego 5'UTR jest obniżenie poziomu translacji białka Pcl5 w szczepie z nadprodukcją Rbs1, a w konsekwencji spadek poziomu mRNA, których ekspresja zależy od aktywności Gcn4.

W wyniku badań oddziaływania Rbs1 z mRNA stworzono także rozszerzony model funkcjonowania Rbs1 jako czynnika, który stymuluje składanie kompleksu Pol III. Według naszej hipotezy, opisanej w pracy Turowski i Boguta, 2021, wczesny etap procesu składania Pol III zachodzi podczas translacji podjednostki Rpb10 kontrolowanej przez białko Rbs1 związane do 3'UTR *RPB10* mRNA.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Rbs1 ma istotny globalny wpływ na ekspresję genów zależnych od czynnika Gcn4, zarówno w szczepie z obniżonym poziomem tRNA jak i w szczepie kontrolnym.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Wyniki wchodzą w skład pracy doktorskiej Izabeli Rudzińskiej (obecnie w przygotowywaniu) oraz dwóch publikacji.

Publikacje:

6201, 6217, 4851/A, 4852/A, 4853/A, 4855/A, 4861/A, 4868/A, 1034/M

PN-23 - Pracownia Regulacji Ekspresji Genów

Kierownik: dr hab. Tomasz Sarnowski, prof. instytutu

Zespół: dr Szymon Kubala, dr Anna Maassen (do września 2021), dr Jakkapong Kluebsoongnoen (od listopada 2021); 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, mgr Apisara Saensuwanna, mgr Maryam Jozghorban; studentki: Joanna Kosior, Emilia Staszór, Weronika Gajewska

Cel badań:

Głównym celem badań prowadzonych w Pracowni w 2021 roku było rozszyfrowanie mechanizmu funkcjonowania kompleksów remodelujących chromatynę typu SWI/SNF oraz innych wielobiałkowych maszynerii kontrolujących strukturę chromatyny oraz ich wpływ na działanie podstawowych procesów regulacyjnych, które są zaburzone w różnych typach nowotworów jak np. rak nerki, zaawansowany rak gruczołowo-torbielowaty ślinianki, rak piersi. Nadrzędnym celem realizowanych badań było przeprowadzenie weryfikacji funkcjonalnej opracowanego czynnika przeciwko wirusowi SARS-CoV-2 za pomocą technik dostępnych w Pracowni.

Opis realizowanych prac:

Prowadzone przez nas badania wymagały wykorzystania najnowocześniejszych technik biologii molekularnej takich jak: sekwencjonowanie nowej generacji: MNase-seq, ChIP-seq, RNA-seq, spektrometria mas, oraz techniki genetyki molekularnej, fenotypowanie analizy metabolomiczne itp. Badania prowadzono z wykorzystaniem różnych układów modelowych: roślin *Arabidopsis*, ludzkich linii komórkowych oraz kreketek. Wykazany został istotny wpływ zaburzenia funkcjonowania maszynerii związanej z kontrolą struktur chromatyny na podstawowe procesy regulacyjne m.in. na działanie układu odpornościowego a także na rozwój wybranych typów nowotworów. Oceniono skuteczność opracowanego neutralizatora wirusa SARS-CoV-2.

Opis najważniejszych osiągnięć:

1. Usprawniono platformę umożliwiającą opracowanie VHH skutecznych przeciwko nowym wariantom koronawirusa i innym patogenom.
2. Określono wpływ zaburzenia kompleksów SWI/SNF na rozwój raka nerki.
3. Udowodniono istotną rolę kompleksów SWI/SNF w kontroli biosyntezy nukleotydów.
4. Ustalono funkcję kompleksów SWI/SNF w niekanonicznej roli receptorów błonowych.
5. Rozszyfrowano mechanizm działania wybranych szlaków hormonalnych u kreketek.
6. Oceniono wpływ zaburzenia kompleksów SWI/SNF na powstawanie alternatywnych transkryptów.
7. Wyselekcjonowano podjednostki kompleksów SWI/SNF, które mogą być kandydatami do wywołania syntetycznej letalności.
8. Wykazano istotną rolę kompleksów SWI/SNF w prawidłowym funkcjonowaniu układu odpornościowego.
9. Zaobserwowano istotną rolę białka SPIKE koronawirusa SARS-CoV-2 w deregulacji układu odpornościowego.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Uzyskane wyniki ujęte zostały w doniesieniach na międzynarodowych konferencjach naukowych w formie wykładów i plakatów. Wyniki uzyskane podczas realizacji zaplanowanych doświadczeń posłużyły do konstrukcji publikacji w międzynarodowych

czasopismach naukowych, a także zostały wykorzystane do konstrukcji nowych projektów badawczych oraz podczas szkolenia studentów.

Publikacje:

6172, 6173, 6242, 6254, 6315, 4872/A, 4873/A, 4874/A, 4875/A, 4876/A, 4877/A, 4878/A, 4879/A, 4880/A, 4881/A, 4882/A, 4891/A, 4911/A, 4916/A, 4920/A, 4921/A, 4922/A, 4923/A, 4924/A, 4925/A, 4926/A, 4927/A

PN-24 - Pracownia Białej Biotechnologii

Kierownik: dr hab. Anna Sikora, prof. instytutu

Zespół: dr inż. Anna Detman, Aneta Zimak (studentka), Paulina Walczak (stażystka)

Cel badań:

1. Określenie perspektyw dla dalszych prac nad innowacyjną technologią produkcji biowodoru i biometanu w oparciu o dwuetapowy system beztlenowego rozkładu melasy buraczanej.
2. Wpływ biowęgla różnego pochodzenia na wydajność produkcji gazu fermentacyjnego w systemach OXI-TOP – badania wstępne do projektu MINIATURA NCN.
3. Ocena przydatności wywarów gorzelnianych jako substratu do produkcji wodoru i źródła bakterii metabolizujących etanol.
4. Wstępna charakterystyka izolatu *Candida* sp. MAW1 (badania wstępne do projektu SONATA NCN) oraz izolacja i określenie aktywności antibakteryjnej drożdży z osadu beztlenowego oczyszczalni ścieków w cukrowni oraz wywarów gorzelnianych.

Opis realizowanych prac:

Ad 1. Zakończono realizację projektu BIOSTRATEG2/297310/13/NCBiR/2016. Nasze wyniki uzupełniły istniejący stan wiedzy na temat metabolicznych szlaków powstawania wodoru na etapie kwasogenezy i metanu w czasie acetogenezy i metanogenezy przez odkrycie nowych czynników hamujących i interakcji pomiędzy mikroorganizmami istotnych dla przebiegu procesów. Instalacja zachowuje porównywalną wydajność produkcji wodoru i metanu po 20- i 200-krotnym przeskalowaniu (Cukrownia Dobrzelin, Krajowa Spółka Cukrowa S.A.) w warunkach stabilnej ciągłej pracy całego układu. Kluczowe są parametry techniczne bioreaktora fermentacji wodorowych.

Ad 2. Testowane biowęgłe (dziewięć rodzajów) w systemie pomiarowym OxiTop wykazywały zróżnicowany wpływ na wydajność produkcji gazu fermentacyjnego z melasy buraczanej. Najbardziej obiecujące okazały się biowęgłe z kopry kokosowej, pestek wiśni oraz kory sosnowej.

Ad 3. Wywary gorzelniane po fermentacji alkoholowej przeterminowanej żywności oraz odpadów przemysłu piekarniczego podawane do bioreaktorów fermentacji wodorowych zmieniały typ fermentacji na alkoholową ze względu na obecność w nich drożdży, a gaz fermentacyjny zawierał blisko 100% ditlenku węgla. Wywary gorzelniane nie są źródłem bakterii wydajnie produkujących wodór. Wyselekcjonowane wspólnoty bakterii hodowane na podłożu zawierającym melasę i alkohol etylowy w warunkach beztlenowych produkowały gaz fermentacyjny zawierający maksymalnie 16% wodoru. Ponadto z wywarów wyizolowano w postaci czystych kultur szczepy bakteryjne z rodzajów *Exiguobacterium*, *Acinetobacter*, *Pseudomonas* zdolnych do wzrostu na alkoholu etylowym w warunkach tlenowych.

Ad 4. Sekwencja genomu szczepu drożdżowego *Candida* sp. MAW1 (wyizolowanego w naszej pracowni z bioreaktora ciemnej fermentacji i opisanego jako czynnik hamujący

produkcję wodoru oraz wzrost bakterii) została umieszczona w bazie danych NCBI (PRJNA785806). Charakterystyka metaboliczna *Candida* sp. MAW1 metodą mikromacierzy fenotypowych (BIOLOG) pokazała optymalny zakres pH 3.5-7 i zdolność do wzrostu na 60 różnych źródłach węgla. Komórki szczepu *Escherichia coli* AB1157 rosnącego w obecności filtratu po hodowli *Candida* sp. MAW1 wykazały filamentację, co wskazuje na zahamowanie ich podziału.

Z osadu beztlenowego oczyszczalni ścieków w cukrowni oraz wywarów gorzelnianych z pkt.3 wyizolowano drożdże zidentyfikowane jako *Saccharomyces cerevisiae*, *Pichia manshurica*, *Meira* sp., *Kazachstania humilis*, *Bulleromyces albus* oraz *Magnusiomyces ingens* i wykazano, że w warunkach kwaśnych są czynnikiem hamującym wzrost testowanych bakterii Gram-dodatnich i Gram-ujemnych.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Odkrycia dotyczące szlaków metabolicznych na etapie kwasogenezy są uniwersalne dla szeregu dziedzin opartych na procesach fermentacji kwaśnych.

Założenia dla idealnego bioreaktora fermentacji wodorowych i zastosowanie biowęgla do stymulacji procesu otwierają nowe perspektywy rozwoju produkcji wodoru metodą mikrobiologiczną.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

1. Publikacje w 2021 r.
2. Materiał do nowych manuskryptów i projektów rozwojowo-wdrożeniowych.
3. Badania wstępne w złożonych wnioskach grantowych NCN: MINIATURA (uzyskał finansowanie) i SONATA (oceniany).

Publikacje:

6118, 6122, 6184, 6204, 6226, 6298, 6307, 6308, 6312, 4847/A, 4848/A, 4849/A, 4850/A, 1050/N

PN-25 - Pracownia Homeostazy Białek Roślinnych

Kierownik: prof. dr hab. Agnieszka Sirko

Zespół: dr Jerzy Brzywczy, dr Anna Góra-Sochacka, dr Marcin Olszak, dr Marzena Sieńko, dr hab. Anna Wawrzyńska, mgr Anna Niemirowa, mgr Justyna Piotrowska

Cel badań:

Nasze badania koncentrują się wokół odpowiedzi roślin na abiotyczne stresy środowiskowe. Ich głównym celem jest poznanie molekularnych podstaw zmian metabolizmu roślin w odpowiedzi na stres oraz określenie funkcji białek, zidentyfikowanych przez nas wcześniej jako czynniki wpływające na optymalne dostosowanie roślin do warunków środowiska.

Opis realizowanych prac:

Realizowane prace można podzielić na trzy główne grupy:

1. Badania dotyczące udziału białek LSU (Response to Low Sulfur) w odpowiedzi na stresy środowiskowe: techniką CRISPR/Cas9 uzyskano pojedyncze i wielokrotne mutanty *Arabidopsis thaliana* w genach *LSU1-4*. Przeprowadzono dokładną weryfikację uzyskanych delecji, a następnie stabilizację linii homozygotycznych. Aktualnie prowadzona jest analiza fenotypowa linii delecyjnych. Równocześnie sklonowano promotory genów *LSU* do wektorów

binarnych umożliwiających kontrolę ekspresji genów reporterowych (GUS i GFP) i wprowadzono do roślin *Arabidopsis*. Uzyskano homozygotyczne linie, które wstępnie przeanalizowano pod względem odpowiedzi na wybrane modulatory ekspresji genów LSU. Spośród wielu białek oddziałujących z LSU skoncentrowano się na katalazie (Cat), w tym oddziaływaniu izoform Cat-2 i Cat-3 z białkami LSU1-4 oraz zmianie aktywności Cat w deletantach *lsu*.

2. Badania dotyczące roli selektywnego receptora autofagii, NBR1, w odpowiedzi roślin na stresy środowiskowe: dotychczasowe analizy fenotypowe linii nadprodukujących NBR1 i deletantów w genie *NBR1* nie doprowadziły do zidentyfikowania warunków uprawy roślin (skład pożywki, temperatura, nawodnienie, długość dnia etc.), w których linie te wykazywałyby jednoznaczny fenotyp różniący je od linii typu dzikiego. Potwierdza to hipotezę o pomocniczej roli NBR1 w odpowiedzi na zmiany środowiskowe oraz wskazuje na konieczność szczegółowej charakterystyki poszczególnych poziomów regulacji (np. modulacji szlaków sygnałowych hormonów roślinnych).

3. Badania dotyczące regulacji transkrypcji w odpowiedzi na stresy, w tym szczególnie znaczenia degradacji wybranych czynników transkrypcyjnych w prawidłowej kontroli poziomu ekspresji genów regulowanych przez stresy: analizowano m.in. czynniki transkrypcyjne związane z sygnalizacją kwasu abscysynowego i cytokinin, zidentyfikowane w trakcie naszych wcześniejszych badań jako białka wiązane przez NBR1. Kontynuowane były także badania nad SLIM1, kluczowym czynnikiem regulującym odpowiedź na stres deficytu siarki. Obecnie analizowane są związki metabolizmu siarkowego z metabolizmem węglowym/sygnalizacją glukozową.

Część naszych badań związana była także z kontynuacją prac nad szczepionkami DNA i optymalizacją plazmidów ekspresyjnych umożliwiających immunizację zwierząt w celu uzyskania specyficznych przeciwciał.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Uzyskanie pojedynczych oraz wielokrotnych mutantów delecyjnych w genach *LSU Arabidopsis thaliana*. Wykazanie, że SLIM1 zaangażowany jest w ko-regulację metabolizmu siarkowego i węglowego.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Przygotowano manuskrypty opisujące wyniki badań eksperymentalnych, które zostaną przedłożone do druku w następnym roku. Na podstawie dotychczasowych wyników uzyskano habilitację (Anna Wawrzyńska) oraz doktorat (Barbara Kalenik). Wstępne wyniki badań pozwoliły na złożenie i uzyskanie grantu w konkursie PRELUDIUM (Anna Niemirowa).

Publikacje:

6165, 6190, 4817/A, 4818/A, 4819/A, 300/M, 1029/N, 1031/N

PN-26 - Pracownia Mechanizmów Stabilności Genetycznej

Kierownik: dr hab. Adrianna Skoneczna, prof. instytutu

Zespół: doktoanci: mgr Justyna Antoniuk-Majchrzak, mgr Anna Długajczyk, mgr Tuguldur Enkhbaatar

Cel badań:

Poznanie potranslacyjnej regulacji rekombinazy Rad51 z drożdży *Saccharomyces cerevisiae*.

Opis realizowanych prac:

Doświadczenia wykorzystujące znakowane metką histydynową warianty ubiquityny lub SUMO umożliwiły wykazanie, że Rad51 ulega modyfikacjom potranslacyjnym. Wykryto zarówno SUMOilację jak i mono- oraz poli-ubikwitynację rekombinazy Rad51. Obecność tych modyfikacji potwierdzono w doświadczeniach immunoprecypitacji Rad51 na złożu opłaszczonym specyficznymi dla Rad51 przeciwciałami. Niektóre formy immunoprecypitowanego Rad51 rozpoznawane były również przez przeciwciała anty-SUMO czy anty-Ubi. Wskazano również szereg enzymów E2 i E3, od których dana modyfikacja potranslacyjna zależy, wśród nich: Rad6, Rad18, Dia2, Slx8, Rsp5, Apc11, Siz1 i Mms21. Przeprowadzona analiza spektrometrii mas nie umożliwiła identyfikacji reszt aminokwasowych, które ulegają modyfikacjom. Dlatego rozpoczęto przygotowanie klonów, w których wybrane lizyny obecne w sekwencji aminokwasowej rekombinazy Rad51 zamienione byłyby na argininy, co wykluczałoby modyfikację danej reszty aminokwasowej ubiquityną lub SUMO.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Wykazano obecność modyfikacji potranslacyjnych rekombinazy Rad51. Białko to ulega zarówno ubiquitynacji jak i SUMOilacji. Wykazano również, że poziom komórkowy Rad51 regulowany jest na drodze proteolizy zależnej od proteasomu, przy czym poliubikwitynacja Rad51 kierująca to białko do degradacji zależy od ligazy ubiquitynowej Rad18. W proces modyfikacji Rad51 zaangażowanych jest szereg ligaz ubiquitynowych oraz od ligazy SUMO. Aktywność niektórych z nich, jak np. ligazy ubiquitynowej Rsp5, stabilizuje Rad51, czemu towarzyszy, jak się wydaje, powstawanie form oligomerycznych tego białka.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Uzyskane dane umożliwiają lepsze zrozumienie regulacji rekombinacji homologicznej, procesu niezwykle istotnego dla zachowania stabilnego genomu każdej komórki, tak drożdżowej jak i ludzkiej. Dysfunkcje ludzkich homologów rekombinazy Rad51 (RAD51, BRCA1, BRCA2) predysponują do nowotworów piersi i jajnika. Rekombinaza Rad51 odpowiada za ważki dla rekombinacji homologicznej etap tworzenia filamentu presynaptycznego oraz za rekrutację i stymulację aktywności szeregu białek uczestniczących w dalszych etapach tego procesu. Poznanie sygnałów komórkowych, takich jak np. modyfikacje potranslacyjne tego białka oraz ich wpływu na funkcje molekularne Rad51, jego lokalizację komórkową czy trwałość, jak również identyfikacja ligaz wprowadzających te modyfikacje, a tym samym regulujących aktywność Rad51 w naprawie DNA, może ułatwić identyfikację podobnych pętli zależności w komórkach ludzkich. To z kolei, może pomóc w zrozumieniu mechanizmów nowotworzenia czy zasugerować właściwy dla danego przypadku (terapia celowana) cel terapeutyczny.

Publikacje:

6199, 4857/A, 4860/A, 4862/A, 4863/A, 4883/A, 4884/A, 4885/A, 4886/A

PN-27 - Pracownia Biologii RNA

Kierownik: dr hab. Roman Szczęsny

Zespół: dr hab. Rafał Tomecki, dr hab. Elżbieta Speina, dr Agnieszka Tudek, dr Marta Jedynak-Slyvka, dr Jolanta Czerwińska, doktoranci: mgr Joanna Grochowska, mgr Kamil Kobylecki, mgr Kamila Affek, mgr Karolina Wróbel, mgr Agata Jabczyńska, studenci: Wanda Płaska, Karolina Ryba, Marlena Sykutowska, Małgorzata Drabko

Cel badań:

Celem badań jest zrozumienie mechanizmów post-transkrypcyjnej regulacji ekspresji genów u Eukaryota. Szczególnym przedmiotem naszych zainteresowań są mechanizmy kontroli jakości i ilości RNA zależne od degradacji RNA.

Opis realizowanych prac:

Analiza mechanizmu aktywacji kompleksu egzozomu przez kompleks SKI w cytoplazmie oraz roli postranskrypcyjnej regulacji ogonów poli(A)

Przeprowadziliśmy serię eksperymentów mających na celu określenie struktury przestrzennej kompleksu SKI. Oczyszciliśmy kompleks i przeprowadziliśmy jego analizę z użyciem kriogenicznej mikroskopii elektronowej. Przeprowadziliśmy szereg eksperymentów mających na celu ustalenie roli poszczególnych domen podjednostek SKI w formowaniu tego kompleksu. Znacząca część przeprowadzonych doświadczeń biochemicznych była poświęcona potwierdzeniu oddziaływania kompleksu SKI z nowymi, zidentyfikowanymi przez nas wcześniej potencjalnymi partnerami kompleksu SKI. Jednocześnie przeprowadzona została globalna analiza 3' poliadenylacji RNA w drożdżach piekarniczych z zastosowaniem bezpośredniego sekwencjonowania RNA. Przeprowadzona analiza wykazała, że deadenylazy PAN2/3 i CCR4-NOT procesują różne transkrypty. Co więcej, stwierdziliśmy, że długość ogonów poli(A) jest regulowana przez warunki zewnętrzne – np. dostępność substancji odżywczych. We współpracy z prof. Marcinem Nowotnym (MIBMiK) przeprowadzono prace nad opracowaniem nowego narzędzia do wykrywania i analizy hybryd RNA/DNA (ang. R-loops). Wykonano również serię eksperymentów dotyczących regulacji dwuniciowego RNA w jądrze komórkowym – badania te wymagają kontynuacji.

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. We współpracy z dr. Carlo Vascotto (University of Udine, Włochy) stwierdziliśmy udział endonukleazy APE1 w kontroli jakości ludzkiego 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.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Identyfikacja roli poszczególnych deadenylaz RNA i warunków środowiskowych w regulacji ogonów 3' poliadenylacji RNA w drożdżach piekarniczych (publikacja Tudek i wsp. Nat Commun).

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Wyniki badań zostaną wykorzystane w publikacjach naukowych.

Publikacje:

6128, 6138, 6200, 6211, 6225, 6233, 6250, 6252, 6260, 6299, 6314, 304/M
Grochowska J, Czerwinska J, Borowski LS, Szczesny RJ. Mitochondrial RNA, a new trigger of the innate immune system. Wiley Interdiscip Rev RNA. 2021 Sep 8:e1690. doi: 10.1002/wrna.1690. Epub ahead of print. PMID: 34498404.

PN-28 - Pracownia Mutagenozy i Tolerancji Uszkodzeń DNA

Kierownik: prof. dr hab. Ewa Śledziwska-Gójska

Zespół: dr hab. Aneta Kaniak-Golik, dr hab. Justyna McIntyre, dr Agnieszka Hałas, dr Aleksandra Sobolewska; doktoranci: mgr Michał Krawczyk, mgr Renata Kuberska, mgr Mikołaj Fedorowicz, mgr Martyna Wiśniewska; studenci: Katarzyna Bagińska, Sandra Chojnacka

Cel badań:

Celem naszych prac jest identyfikacja procesów kontrolujących stabilność genetyczną komórek. W szczególności chcemy poznać mechanizmy regulujące działanie polimeraz zdolnych do syntezy poprzez uszkodzenia DNA jądrowego oraz czynniki wpływające na stabilność mitochondrialnego DNA.

Opis realizowanych prac:

Nasze wcześniejsze prace, na modelu komórek drożdży, wskazały na istnienie nowej drogi regulującej częstość powstawania mutacji spontanicznych. Wykazaliśmy, że nadprodukcja białka Mms2, znanego z antymutatorowej aktywności w kompleksie z Ubc13 w tolerancji uszkodzeń DNA, działa promutagenie w procesie niezależnym od Ubc13. Nasze wyniki wskazały też na zależność promutagennego efektu Mms2 od aktywności polimerazy zeta (Pol ζ) i białka Def1. Zaangażowanie tych białek sugerowało udział Mms2 w wymianie polimeraz biorących udział w syntezie DNA, z wiernej, replikacyjnej Pol δ na mutageną Pol ζ . Aby sprawdzić tę sugestię badaliśmy wpływ nadprodukcji Mms2 na poziom katalitycznej podjednostki Pol δ , Pol3. Do badań wykorzystaliśmy komórki drożdży kodujące w chromosomie Pol3-FLAG. Nasze wstępne wyniki sugerowały, że wysokokopijny plazmid nadprodukującego Mms2 obniża poziom Pol3, co potwierdzałoby hipotezę o wymianie polimeraz. Jednakże wynik ten okazał się być o tyle chimeryczny, że przyłączenie epitopu do Pol3 wpływa na zdolność komórki do replikacji wysokokopijnego plazmidu. Dlatego powyższy wynik musi zostać powtórzony w układzie nadprodukcji Mms2, w którym nie wykorzystuje się plazmidów wysokokopijnych. Stwierdziliśmy natomiast, że zgodnie z naszą hipotezą delecja Mms2 powoduje efekt podwyższenia poziomu Pol3 w fazie S cyklu komórkowego drożdży.

W bieżącym roku kontynuowaliśmy też badania dotyczące regulacji ludzkiej polimerazy iota (Pol ι) poprzez potranslacyjne modyfikacje tego białka: acetylację i ubikwitynację. Wcześniej wskazaliśmy, że Pol ι może być acetylowana przez acetylotransferazę p300/CBP, choć w normalnych warunkach Pol ι jest w komórce aktywnie deacetylowana. Podjęliśmy zatem próbę identyfikacji enzymu(ów) deacetylujących Pol ι . W komórkach ssaczy znanych jest 18 deacetylotransferaz zgrupowanych w czterech klasach ze względu na funkcję i podobieństwo sekwencji. Wykorzystując szereg inhibitorów deacetylotransferaz określiliśmy, że główny enzym deacetylujący Pol ι należy do pierwszej grupy, zawierającej 4 enzymy HDACs 1-3 i 8.

Ponadto, kontynuowaliśmy badania nad ligazami ubikwitynowymi oddziałującymi z Polt. Pokazaliśmy w badaniach *in vitro*, że oprócz Pirh2, Polt jest także substratem dla Mdm2, lecz nie dla Rnf2. Rnf2 oddziałuje z Polt i stabilizuje ją. Uzyskane wyniki sugerują, że jest to mechanizm pośredni i Rnf2 ubikwitynuje inne, nieznanne białko, prawdopodobnie powodując jego degradację, co z kolei stabilizuje Polt. Pokazaliśmy również, że Rnf2 oddziałuje oraz wpływa na poziom paraloga Polt, Poln.

W badaniach białek zaangażowanych w kontrolę stabilności mitochondrialnego DNA stwierdziliśmy obecność w mitochondriach PCNA, czynnika procesywności replikacji jądrowego DNA. Wyniki naszych badań wskazują na nieznaną do tej pory pozytywną regulację aktywności polimerazy TLS Rad30 (Pol eta), ale nie innych obecnych w mitochondriach polimeraz TLS takich jak Rev3 lub Rev1 zależną od ubikwitynacji PCNA.

Kontynuowaliśmy też poszukiwania mitochondrialnych (lub regulujących mitochondria) substratów kinaz Mec1/Tel1 inicjujących odpowiedź na uszkodzenia DNA. Analizujemy białka niosące rozpoznawane przez kinazy Mec1/ Tel1 motywy SQ/TQ. Wykazaliśmy, że białko Snf1 jest fosforylowane w motywie SQ/TQ w warunkach głodzenia glukozowego. Pokazaliśmy, że Snf1 lokalizuje się w mitochondrium w przestrzeni międzybłonowej. Zaskakująco stwierdziliśmy, że Snf1 nie jest substratem dla kinaz Mec1/Tel1, gdyż badana fosforylacja motywu SQ/TQ jest widoczna także w szczepach pozbawionych obydwu kinaz, co sugeruje aktywność innej kinazy rozpoznającej ten motyw w regulacji Snf1.

Opis najważniejszych osiągnięć:

1. Czynniki procesywności replikacji jądrowego DNA funkcjonuje w mitochondriach drożdży.
2. Mms2 wpływa na poziom replikacyjnej polimerazy Polδ w komórkach *Saccharomyces cerevisiae*.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

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

Publikacje:

6148, 6280, 4859/A, 4918/A, 1032/N, 1027/N

PN-29 - Pracownia Biologii Molekularnej Nasion

Kierownik: dr hab. Szymon Świeżewski

Zespół: dr Grzegorz Brzyżek, dr Ewa Krzywińska, dr Michał Krzysztoń, dr Sebastian Sacharowski, dr Ruslan Yatusevich, dr Julia Zinsmeister, dr Lien Brzeźniak, dr Ewa Krzywińska; doktoranci: mgr Elżbieta Lewandowska-Gnatowska, mgr Aleksandra Kmera, mgr Magdalena Wrona, mgr Ce Wang, mgr Fernan Sanchez, mgr Miguel Coelho; studentki: Maria Majchrowska, Katarzyna Muter, Katarzyna Pasieczna, Luiza Macieja

Cel badań:

Celem naszych prac w 2021 roku było kontynuowanie badań zmierzających do poznania 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.

Opis realizowanych prac:

W roku 2021 kontynuowaliśmy charakterystykę dwóch nowych niekodujących transkryptów na locus *DOG1*, które w przeciwieństwie do transkryptu *1GOD* są pozytywnymi regulatorami transkrypcji genu *DOG1* i przez to spoczynku nasion.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Za największe osiągnięcie roku 2021 uważam opisanie roli genu *DOG1* w odpowiedzi na stres w trakcie kiełkowania nasion. Wyniki te uzyskaliśmy badając regulację genu *DOG1* przez jeden z badanych przez nas niekodujących białka transkryptów (ncRNA) na genie *DOG1*. Nasze wyniki pokazują wyraźnie, że regulacja poprzez transkrypty ncRNA umożliwia odpowiedź na szeroki zakres warunków środowiskowych.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Uzyskane przez nas wyniki stały się podstawą wysłanej do druku publikacji naukowej.

Publikacje:

Brak.

PN-30 - Laboratory of Molecular Basis of Aging and Rejuvenation

Head of Laboratory: dr hab. Ulrike Topf

Team: dr Liput Kamila, dr Shahmoradi Ghahe, dr Katarzyna Jonak, Monika Stasiak;
PhD students: mgr Karolina Gościńska, mgr Isamil Tahmaz, mgr Ramin Zadalimomen;
Master student: Fasemire Ayomide Samson

Research objective:

Identification of post-transcriptional mechanisms restoring protein homeostasis upon cellular stress and during aging.

Description of the works carried out:

1. The role of the hexameric protein complex prefoldin under cellular stress conditions including mitochondrial stress. We performed a comprehensive analysis of the influence of various cellular stresses on cells lacking prefoldin. Our analysis confirmed a link between prefoldin and mitochondrial function. The stress assay analysis was used to determine best conditions to perform genetic screens to identify potential suppressors of the given phenotype. A targeted and an unbiased suppressor screen approach was established. Further, we performed a targeted approach to identify imbalance in mitochondrial protein levels upon prefoldin dysfunction. Moreover, we performed proteomics analysis to identify novel binding partners of prefoldin. This analysis allowed us linking prefoldin function to the proteasome activity. We used biochemical assays to analyse proteasome assembly and activity in the absence of prefoldin complex.

2. Composition of cytosolic ribosomes upon mitochondrial stress. Initial observations identified altered stoichiometry of the ribosomal protein Rpl40 in the cytosolic ribosomes upon mitochondrial stress. To obtain a comprehensive view on the ribosome composition we established polysome fractionation followed by size exclusion chromatography to purify 80S monosome and polysomes from yeast *S. cerevisiae*. A procedure for sample preparation of the ribosomes was prepared that will allow quantitative analysis of ribosomal proteins by mass spectrometry. To complement the unbiased proteomics approach, we are investigating the

function of selected ribosomal proteins upon cellular stress. We studied the role of the ribosomal protein Rps29 under cellular stress conditions and identified a dependence of adaptation to cold stress on *RPS29* depletion.

3. Investigation of protein turnover during aging. We evaluated a new tool for quantitative measurement of protein turnover *in vivo* during the lifetime of the nematode *Caenorhabditis elegans*. Initial trials with selective compounds were performed to assess the dynamic range of the readout. Moreover, we used compounds known for their beneficial effect on lifespan to assess locomotion of aged animals upon treatment. A method was established to obtain larger quantities of a synchronized population of aged animals. Aged worms were used for automatized recording of animal's body movement, a readout for health span.

Description of the most important achievements:

We identified the co-chaperone prefoldin as an essential protein complex maintaining protein homeostasis during basal and cellular stress conditions in *Saccharomyces cerevisiae*. We found that prefoldin is necessary to maintain solubility of endogenous proteins and facilitates the degradation of ubiquitinated protein species.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Part of the results obtained were used for the preparation of the PhD thesis which is currently being reviewed. Results were presented in national and international conferences (FEBS congress, FASEB conference, EMBO workshop, EMBO Young Scientist Forum).

Publications:

6228

Tahmaz I.[#], Shahmoradi Ghahe S.[#], Topf U. (2022) Prefoldin function in cellular protein homeostasis and human diseases. *Frontiers in Cell and Developmental Biology* doi: 10.3389/fcell.2021.816214

PN-31 - Pracownia Fizjologii Molekularnej Zwierząt

Kierownik: dr Michał Turek

Zespół: dr Agata Szczepańska; doktorantka mgr Klaudia Kołodziejska; student Ibrahim Abdulrahman Tudu

Cel badań:

Badanie funkcji oraz regulacji powstawania egzofer na poziomie komórkowym oraz organizmalnym.

Opis realizowanych prac:

1. Określenie nowej funkcji egzofer w kontekście reprodukcji. Przeprowadziliśmy szereg eksperymentów, które miały za zadanie wykazać, że egzofery służą do transportu białek z mięśni do tkanek rozrodczych. Następnie pokazaliśmy, że przetransportowane białka służą do wspomagania wzrostu rozwijającego się potomstwa.

2. Badanie wpływu czynników środowiskowych na powstawanie mięśniowych egzofer. Zbadaliśmy jaki wpływ ma temperatura, zagęszczenie populacji, oraz jakość pożywienia na produkcję egzofer przez tkankę mięśniową.

3. Przeprowadzenie badań przesiewowych mających na celu odkrycie czynników regulujących powstawanie egzofer. Wykonaliśmy pierwszy etap badań przesiewowych opartych na interferencji RNA, które mają za zadanie odkrycie genów regulujących produkcję

egzofer. Uzyskane wyniki pozwoliły zidentyfikować kilka nowych regulatorów wpływających na powstawanie egzofer.

4. Analiza wpływu zwiększonej proliferacji komórek na powstawanie egzofer. Dokonaliśmy wstępnej analizy fenotypowej nicieni, które posiadają zaburzone mechanizmy regulacji proliferacji komórkowej.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Za najważniejsze osiągnięcie z omawianego okresu sprawozdawczego uważam odkrycie nowej roli i sposobu regulacji mięśniowych egzofer w nicieniu *Caenorhabditis elegans*. Wykazaliśmy, że egzofery są w stanie przenosić pomiędzy mięśniami a tkanką rozrodczą materiał biologiczny wspomagający rozwój potomstwa. Uzyskane wyniki zostały opublikowane w czasopiśmie naukowym EMBO Reports (Turek et al. 2021) i ze względu na swój przełomowy charakter zostały wyróżnione na okładce czasopisma oraz w sekcji „News & Views”.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Niektóre z opisanych powyżej wyników zostały opublikowane w czasopiśmie naukowym EMBO Reports (Turek et al. 2021). Pozostałe wyniki są przygotowywane do publikacji.

Publikacje:

6221, 6237

PN-32 - Pracownia Terapii Fagowej

Kierownik: dr hab. Alicja Węgrzyn, prof. IBB PAN

Zespół: dr Sylwia Bloch (zatrudniona do września 2021 r.), dr Monika Maciąg-Doroszyńska (zatrudniona do grudnia 2021 r.)

Cel badań:

1. Określenie roli fizjologicznie zmieniających się poziomów ppGpp w procesie replikacji DNA.
2. Dokonanie oceny efektów supresji mutacji w genach białek uczestniczących w replikacji materiału genetycznego poprzez mutacje w genach odpowiedzi ścisłej.
3. Analiza profilu proteomicznego bakterii morskich (*Alivibrio fischeri*, *Vibrio harveyi* i *Shewanella baltica*) hodowanych w warunkach stresu osmotycznego.
4. Określenie roli cząsteczek typu mikroRNA, UpRoi_1 i UpRoi_2, w regulacji metabolizmu bakterii *Escherichia coli* podczas procesu indukcji profaga $\Phi 24_B$ mitomycyną C oraz podczas infekcji *E. coli* bakteriofagiem $\Phi 24_B$.
5. Optymalizacja warunków opłaszczania elektrod cząstkami faga $\Phi 24_B$ w celu testowania biosensorów pod kątem czułości „wychwytywania” komórek bakterii *E. coli*.
6. Charakterystyka bakteriofagów vB_Eco4M7 i vB_EfaS-271 zwalczających patogenne dla człowieka szczepy bakteryjne, odpowiednio *E. coli* oraz *Enterococcus faecalis* oraz fagów eliminujących patogeny ryb pstrągowatych.
7. Wykonanie wielopoziomowej analizy poziomu kilkunastu interleukin pro i przeciwzapalnych, limfocytów oraz białka CRP w surowicy oraz narządach kurcząt zakażonych bakteriami *Salmonella* i leczonych preparatem fagowym.
8. Określenie właściwości antybakteryjnych, antygrzybiczych i antynowotworowych bakterii z rodzaju promieniowców izolowanych z tatrzańskich jaskiń.

Opis realizowanych prac:

1. Analiza wpływu cząsteczek typu mikroRNA, UpRoi_1 oraz UpRoi2, na metabolizm bakterii *E. coli* podczas procesu indukcji profaga $\Phi 24_B$ mitomycyną C wykazała, iż ich ekspresja wpływa na poziom wolnych aminokwasów, AMP, NAD⁺, UMP, glutationu, asparginianu, fumaranu, bursztynianu, hipoksantyny i ksantyny, dodatkowo wyżej wymienione cząsteczki ukierunkowują faga na lityczną drogę rozwoju.

2. Optymalizacja warunków opłaszczania elektrod fagami $\Phi 24_B$, w celu testowania biosensorów pod kątem czułości „wychwytywania” komórek bakterii *E. coli* wykazała, ich niezwykłą czułość (zaledwie 100 cząstek faga wystarczy do identyfikacji interakcji z komórkami gospodarza).

3. Charakterystyka nowo zidentyfikowanych bakteriofagów vB_Eco4M7 i vB_EfaS-271, zwalczających patogenne szczepy bakteryjne, odpowiednio *E. coli* oraz *E. faecalis* została przeprowadzona na poziomie genetycznym, morfologicznym oraz fizjologicznym, a także sprawdzono ich skuteczność w zwalczaniu biofilmów bakteryjnych i oddziaływania z komórkami eukariotycznymi.

4. Z wykorzystaniem testów Elisa oraz cytometru przepływowego wykonano analizę poziomu kilkunastu interleukin pro i przeciwzapalnych, limfocytów oraz białka CRP w surowicy oraz narządach kurcząt zakażonych bakteriami *Salmonella* i leczonych preparatem fagowym.

Opis najważniejszych osiągnięć:

1. Skonstruowano szczepy niosące kombinację mutacji w genach białek uczestniczących w replikacji oraz w genach indukujących odpowiedź ścisłą.

2. Wykazano w jaki sposób morskie bakterie, *Alivibrio fisheri*, *Vibrio harveyi* i *Shewanella baltica* dostosowują się do życia w warunkach hiper i hiposmotycznego stresu.

3. Zoptymalizowano hodowlę szczepu typu dzikiego MG1655 oraz mutantu *ArelAspoT203* w warunkach stresów węglowego, azotowego oraz kwasów tłuszczowych – przygotowano próby do analiz zmian w profilach transkryptomicznych.

4. Wykazano rolę cząsteczek typu mikroRNA pochodzenia fagowego, UpRoi_1 i UpRoi_2, w regulacji metabolizmu bakterii *Escherichia coli* oraz rozwoju faga $\Phi 24_B$.

5. Zoptymalizowano szybką metodę identyfikacji interakcji bakteria – bakteriofag opartą na biosensorach.

6. Scharakteryzowano bakteriofagi vB_Eco4M7 i vB_EfaS-271, które mogą być w przyszłości wykorzystane w fagoterapii i w zwalczaniu biofilmów utworzonych przez patogenne bakterie.

7. Przeanalizowano spektra gospodarzy, warunki lizy oraz stabilność kilkunastu fagów eliminujących patogenne bakterie ryb hodowlanych w celu stworzenia preparatu fagowego.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Wyniki prac zostaną opublikowane w renomowanych czasopismach o zasięgu międzynarodowym, a także zostaną zaprezentowane na międzynarodowych konferencjach, jak również były podstawą trzech prac magisterskich i pięciu licencjatów. Rezultatem prowadzonych badań jest patent krajowy nr P.431559 przyznany 10.12.2021.

Publikacje:

6145, 6151, 6156, 6196, 6216, 6249, 6264, 6276

PN-33 - Zakład Bioinformatyki

Kierownik: prof. dr hab. Piotr Zielenkiewicz

Zespół: dr hab. Szymon Kaczanowski, prof. instytutu, dr Dorota Niedziałek, dr hab. Piotr Pawłowski, prof. dr hab. Leszek Pączek, dr Kamil Steczkiewicz, dr Paweł Siedlecki; pracownicy inni: prof. Krzysztof Mucha, dr n. med. Radosław Zagożdżon, mgr Agnieszka Gromadka, mgr Joanna Klim, mgr Marcin Nurzyński, dr Norbert Odolczyk, mgr Piotr Zarębski, dr Łukasz Kniżewski, dr Kinga Mieczkowska, mgr Jan Solak; doktoranci: mgr Mehment Fatih Ozhelvaci, mgr Jakub Poziemski

Cel badań:

Przewidywanie i symulacje *in silico* procesów biologicznych na poziomie molekularnym.

Opis realizowanych prac:

Poddano optymalizacji zaprojektowane wcześniej peptydowe inhibitory blokujące utworzenie kompleksu odpowiedzialnego za początkowy etap infekcji wirusem SARS-CoV-2 (ACE2-SPIKE). Nowe peptydy zostały zsyntetyzowane i przekazane do weryfikacji eksperymentalnej. Przy pomocy mikroskalowej termoforezy (MST) wykazano, iż najlepsze peptydy wiążą się do powierzchni wirusowego białka SPIKE ze stałą dysocjacji $K_D \sim 20$ nM. Wykonano również doświadczenia przy pomocy MST oraz testu płytkowego ELISA w układach trójskładnikowych, dzięki którym wykazano, iż peptydy wiążące się do powierzchni białka wirusowego skutecznie blokują jego oddziaływanie z ludzkim receptorem ACE2.

Zbadano powinowactwo hybryd takrynowo-akrydynowych do enzymów acetylo- i butyrylocholinesterazy w zależności od długości alifatycznego łańcucha łączącego oba heterocykliczne związki. Wyniki symulacji dokowania, a następnie dynamiki molekularnej oceniających trwałość kompleksów enzymów oraz serii badanych ligandów były zgodne z wynikami *in vitro* otrzymanymi na UMED w Łodzi.

Zaproponowano statystyczną procedurę estymacji składu aminokwasowego minimalnego samodzielnie funkcjonującego genomu w oparciu o dane doświadczalne *Nasua deltocephalinicola*, *Carsonella ruddii*, *Nanoarchaeum equitans* oraz postulat Ventera. Oceniono wpływ strukturalnego ładunku elektrycznego naładowanych aminokwasów na infekcyjność wirusa SARS-Cov-2 oraz zbudowano model długozasięgowych ekranowanych oddziaływań kulombowskich białka spike z receptorem ACE2.

Zajmowano się modelowaniem białek oraz symulacjami molekularnymi ich kompleksów ze związkami niskocząsteczkowymi. Porównywano właściwości takich układów, korelowano cechy fizykochemiczne i strukturalne z wynikami eksperymentalnymi, stosując narzędzia uczenia maszynowego i głębokiego.

Prowadzono badania nad nowymi metodami analizy selekcji naturalnej. Opracowaną metodę wykrywania selekcji działającej na mutacje nonsensowne zastosowano do analizy ewolucji w różnych doświadczeniach prowadzonych na modelu drożdżowym. Ponadto stworzono metodę analizy selekcji naturalnej opartej na teście dN/dS i modelowaniu białek, którą zastosowano do analizy ewolucji zarodźca malarii.

Przewidziano struktury przestrzenne i funkcje dla białek PA2504 i KfrA. Zbudowano model oddziaływania receptora RAGE z białkiem S100B. Zbadano zależności pomiędzy ekologią a zawartością genomów grzybów. Scharakteryzowano grupę białek SSAP kodowanych w genomach fagów. Przeanalizowano zmienność strukturalną oraz zidentyfikowano nowe rodziny peptydaz cysteinowych i kaspaz. Zbadano dynamiczne podstawy oddziaływania pomiędzy białkami S100A8 i S1009 w świetle wyników eksperymentalnych.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Zaprojektowanie sekwencji krótkiego peptydu – inhibitora oddziaływania wirusa SARS-CoV-2 z receptorem Ace2.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Zgłoszenia patentowe, publikacje.

Publikacje:

6117, 6130, 6135, 6140, 6137, 6139, 6251, 6152, 6157, 6164, 6167, 6168, 6175, 6186, 6198, 6199, 6209, 6212, 6215, 6239, 6242, 6251, 6254, 6255, 6274, 6275, 6287, 6294, 6283, 6289, 6302

PN-34 - Pracownia Środowiskowej i Ewolucyjnej Biologii Systemów

Kierownik: dr hab. Urszula Zielenkiewicz

Zespół: dr hab. Anna Kurlandzka, prof. instytutu, dr hab. Anna Muszewska; doktorantki: mgr Vandana Kaushal, mgr Małgorzata Orłowska; studentki: Anna Grymuła, Blanka Sokołowska

Cel badań:

Celem prowadzonych badań jest poznanie mechanizmów powstawania i ewolucji naturalnych systemów biologicznych.

Opis realizowanych prac:

W zakresie badań funkcjonalnych naturalnych systemów biologicznych przeprowadzono szczegółową analizę danych pochodzących z sekwencjonowania metagenomów oczyszczalni ścieków oraz metatranskryptomów bioreaktorów metanowych i wodorowych znajdujących się na terenie Cukrowni Dobrzelin. Zrekonstruowano od kilku do kilkudziesięciu genomów mikroorganizmów w poszczególnych wspólnotach. W celu określenia potencjalnej funkcji zidentyfikowanych transkryptów, wykonano ich adnotację wykorzystując bazy danych eggNOG, Pfam, CAZy, MEROPS, LED, KEGG i GO. Zidentyfikowano ponad 70 wspólnych szlaków metabolicznych dla badanych próbek (m.in. szlaki metabolizmu metanu, azotu i siarki) oraz pojedyncze szlaki występujące wyłącznie w obrębie badanego systemu.

Pobrano próbki, a następnie zsekwencjonowano wyizolowane metagenomowe DNA z nowo-powstałych bioreaktorów w skali ćwierćtechnicznej w Cukrowni Dobrzelin, produkujących wodór i biometan.

We współpracy z Zakładem Bioinformatyki kontynuowano eksperymentalne testowanie hipotezy endosymbiotycznego pochodzenia apoptozy. Do genomów szczepów drożdży *Saccharomyces cerevisiae*, w miejsce oryginalnych genów kodujących białka apoptotyczne, wprowadzono odpowiedniki (ortologi) pochodzące z organizmów należących do różnych domen filogenetycznych. Równolegle skonstruowane zostały szczepy niosące identyczne ortologi połączone z białkiem GFP, dzięki czemu można było sprawdzić lokalizację badanych ortologów w komórkach drożdży. Pokazano, że wszystkie wprowadzone do *S. cerevisiae* apoptotyczne białka ortologiczne są obecne w tych samych strukturach komórek co odpowiednie białka drożdżowe.

Przeprowadzona została poszerzona adnotacja genomu środowiskowego szczepu *Acetobacter lwoffii*. Genom ten, złożony z 3569925 par zasad (jeden kołowy chromosom) zawiera 3,197 sekwencji kodujących białka (CDS; w tym 930 hipotetyczne), 87 genów tRNA oraz 21 genów rybosomalnego RNA (rRNA). Wśród zanotowanych genów jest 35 związanych z antybiotykoopornościami, 3 czynniki wirulencji oraz kilkanaście genów oporności na metale.

Wcześniej, osobno, przeprowadzono pełną analizę plazmidomu szczepu *A. lwoffii* ZS207.

Od lat w pracach genomowych obserwowane są opisy powtarzających się rodzin białkowych. Poprzez systematyczną analizę proteomów starych ewolucyjnie grzybów i wybrano z nich listę rodzin białek potencjalnie odpowiedzialnych za zdolności adaptacyjne grzybów, którą nazwano adaptasomem. W przygotowanej publikacji opisano cechy i funkcje tych rodzin białek.

Przeprowadzono adnotację transpozonów w genomie *Rhyzopertha dominica*. Podczas analiz wykazano obecność i ekspansję transpozonów obecnych również w genomach innych chrząszczy. Współautorzy wykazali szereg dostosowań tego owada do unikania środków owadobójczych.

Analiza genów z horyzontalnego transferu genów w ponad 44 genomach organizmów reprezentujących stare ewolucyjnie grzyby wykazała, że geny metaboliczne, krótsze i ubogie w obszary o niskiej złożoności częściej ulegają transferowi genów.

Dodatkowo, przeprowadzono pierwsze badanie *in vivo*, z użyciem modelu reumatoidalnego zapalenia stawów u myszy, efektu działania roślinnego miRNA172a na procesy zapalne.

Opis najważniejszych osiągnięć:

1. Wskazanie lokalizacji ortologicznych białek apoptotycznych w komórkach drożdży.
2. Zrekonstruowanie pełnych genomów bakterii z sekwencji metagenomowych bioreaktorów.
3. Adnotacja genomu *A. Lwoffii* ZS207.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

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

Publikacje:

6116, 6139, 6166, 6168, 6198, 6199, 4856/A

PN-35 - Pracownia Genetyki i Biologii Molekularnej Drożdży

Kierownik: prof. dr hab. Teresa Żołądek

Zespół: dr hab. Joanna Kamińska, dr hab. Marek Skoneczny, dr Anna Chełstowska (do 28.03.2021); doktoranci: mgr Piotr Soczewka (do 31.08.2021), mgr Zuzanna Frydzińska

Cel badań:

1. Poznanie funkcjonowania białek Vps13 i VPS13A w drożdżowym modelu choroby neurodegeneracyjnej płasawicy-akantocytozy w celu zrozumienia mechanizmów molekularnych jej powstawania, znalezienia celów terapeutycznych i potencjalnych leków.
2. Identyfikacja białek drożdży uczestniczących w niekonwencjonalnej sekrecji całogenomowym testem przesiewowym.
3. Analiza skutków zmienionej lokalizacji katalazy A w komórkach drożdży.

Opis realizowanych prac:

1. Użyliśmy modelu drożdżowego do zbadania co determinuje interakcję białek Vps13 i VPS13A z błonami aparatu Golgiego. Badanie mutantu o obniżonej aktywności GTPazy Arf1 i pozbawionego białka Vps13 pokazało, że białka Arf1 i Vps13 współpracują w aparacie Golgiego. Pokazaliśmy, że Vps13 wiąże Arf1 C-terminalną domeną PH-like (Plekstrin

homology-like). Domena PH-like Vps13 wiąże również dwufosforan 4,5 fosfatydyloinozytolu w eksperymentach *in vitro* z użyciem liposomów. Homologiczna domena z ludzkiego białka VPS13A wykazuje te same właściwości. Ponadto domena PH-like w fuzji z białkiem zielonej fluorescencji (GFP) lokalizuje się w aparacie Golgiego, co jest zależne od obecności Arf1. Wyniki te wskazują, że domena PH-like i GTPaza Arf1 determinują lokalizację białek Vps13 i VPS13A w aparacie Golgiego u drożdży i ludzi.

2. Zbadaliśmy wpływ 4-ch związków z grupy leków antyhistaminowych na komórki drożdży typu dzikiego i mutantu *vps13Δ*. Sprawdziliśmy odwracanie fenotypów mutacji *vps13Δ* i pokazaliśmy, że wszystkie badane związki poprawiały organizację cytoszkieletu aktynowego mutantu. Natomiast wpływ tych związków na pobudzenie kinazy MAPK, Slt2 był różny w zależności od związku i różnił się pomiędzy szczepem typu dzikiego i mutantem.

3. Hsp31p jest wydzielane do periplazmy najprawdopodobniej drogą niekonwencjonalną. W minionym roku identyfikowaliśmy białka potencjalnie uczestniczące w niekonwencjonalnej sekrecji z wykorzystaniem Hsp31p jako białka markerowego, którego obecność w periplazmie chroni komórki przez toksycznością metylogliksalu. Zastosowaliśmy cało-genomowy test przesiewowy na kolekcji szczepów delecyjnych drożdży i technikę mikromacierzy molekularnych kodów kreskowych. Wynikiem testu była lista około 200 genów, których brak osłabia zdolność Hsp31p do ochrony komórek przed toksycznością metylogliksalu. Wśród nich są geny kodujące białka powiązane funkcjonalnie z peryferiami komórki, które mogą uczestniczyć w sekrecji Hsp31p.

4. Katalaza A drożdży jest białkiem peroksysomalnym, na co wskazują wyniki naszych wcześniejszych badań. Jednak niektórzy badacze postulują jej dodatkową lokalizację mitochondrialną. Mimo pozornego biologicznego sensu takiej lokalizacji, skoro mitochondria są głównym źródłem komórkowym reaktywnych form tlenu, doniesienia literaturowe o obecności katalazy w mitochondriach są niezwykle rzadkie. W minionym roku sprawdzaliśmy jakie warunki są konieczne do kierowania katalazy A do mitochondriów oraz czy ewentualna obecność katalazy A w mitochondriach jest dla komórki korzystna, czy może szkodliwa. Okazało się, że katalaza A jest importowana do mitochondriów dopiero po dołączeniu na N-końcu polipeptydu mitochondrialnej sekwencji liderowej. Zatem wspomniane wyniki pochodzące z innego laboratorium są błędne. Ponadto obecność katalazy A w mitochondriach nie ma wpływu na żywotność komórek drożdży poddanych stresowi oksydacyjnemu pochodzenia zewnętrznego i generowanemu w mitochondriach, co podważa sens biologiczny obecności w mitochondriach tej aktywności enzymatycznej.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Domeny PH-like drożdżowego białka Vps13 i ludzkiego hVPS13A wiążą GTP-azę Arf1, która reguluje ich funkcje związane z lokalizacją w aparacie Golgiego.

Katalaza A jest białkiem peroksysomalnym, a jej wymuszona lokalizacja mitochondrialna jest obojętna dla komórki drożdży *Saccharomyces cerevisiae*.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Wyniki były podstawą kilku publikacji, pracy magisterskiej i pracy doktorskiej.

Publikacje:

6114, 6130, 6144, 6163, 6165, 6199, 6280, 4807/A, 4844/A, 4845/A, 4846/A, 4857/A, 4858/A, 4862/A, 4885/A, 305/M, 1039/N, 1048/N

PN-36 - Pracownia Translatomiki

Kierownik: dr hab. Agata Starosta, prof. instytutu

Zespół: dr Olga Iwańska, doktoranci: mgr Przemysław Latoch, mgr Maria Kovalenko, mgr Natalia Kopik

Cel badań:

Badanie regulacji ekspresji genów na poziomie translacji u bakterii.

Opis realizowanych prac:

1. Regulacja ekspresji genów u sporulującej bakterii *Bacillus subtilis*.

Regulacja ekspresji genów na poziomie translacyjnym pozwala na szybką odpowiedź na różnorodne bodźce lub zmiany środowiskowe, pozwalając na adaptację wzrostu komórek. Taka adaptacja przejawiałaby się nie w zmianie składu transkryptomu, ale raczej w zmienionym tempie w jakim mRNA jest rozpoznawane przez rybosom, co prowadzi w konsekwencji do zmiany translatomu – co skutkuje zmianą w poziomie syntezy białka. Przez dziesięciolecia rybosomy uważano za jednorodne makrocząsteczki niosące niezmienny zestaw rybosomalnych RNA i białek, a rola rybosomów w regulacji ekspresji genów była pomijana. Z biegiem czasu dowody eksperymentalne sugerowały, że rybosomy mogą odgrywać rolę elementów regulacyjnych. Ze względu na dużą złożoność maszynerii translacyjnej, adaptację rybosomów można osiągnąć różnymi sposobami, w tym zróżnicowaną stechiometrią białek rybosomalnych, obecnością paralogicznych białek rybosomalnych, potranslacyjnymi modyfikacjami białek r lub zmianami w sekwencjach rRNA. Ponadto wiadomo, że wyspecjalizowane czynniki translacji pomagają maszynerii biosyntezy białek w odpowiedzi na aberracje warunków wzrostu bakterii. Na przykład współczynnik wydłużenia EF-P pomaga w tłumaczeniu kolejnych odcinków poliproliny. Adaptacja funkcjonalna maszynerii translacyjnej może oznaczać możliwość natychmiastowego wdrożenia informacji o zmianach środowiskowych, zapewniając komórce system szybkiej reakcji związany z wykorzystaniem określonej puli mRNA.

W naszym laboratorium wykorzystujemy proces sporulacji bakterii *Bacillus subtilis* jako model do badania wyspecjalizowanych rybosomów. *B. subtilis* jest bakterią tworzącą endospory. Gdy komórka zaangażuje się w zarodnikowanie, przestaje się dzielić i wchodzi w wielogodzinny, możliwy do opanowania proces, aby stać się zarodnikiem, co daje doskonały model do badania zaangażowania aparatu translacyjnego w regulację zarodnikowania. W tym projekcie poszukujemy czynników, które mogą determinować specjalizację rybosomów podczas sporulacji.

Wykorzystujemy kombinację analiz transkryptomu (RNAseq) i translatomu (Ribosome profiling, RIBOseq) w oparciu o sekwencjonowanie nowej generacji do identyfikacji genów regulowanych przez działanie badanych czynników, w połączeniu z genetyką, biologią molekularną, biochemią i analizami bioinformatycznymi, aby wyjaśnić molekularną rolę tych czynników w regulacji ekspresji genów.

2. Metagenomowe analizy osadów z dna Jeziora Słonego – historyczna rekonstrukcja na podstawie zmian w mikrobiomie i indykatorach poleolimnologicznych.

Wykorzystując metody sekwencjonowania wysokoprzepustowego, analizujemy prastare sedymentarne DNA w celu analiz zachodzących zmian środowiskowych.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Brak afiliacji IBB PAN.

Okrycie pradawnych włókien konopnych w Jeziorze Słonym. Analizy mikrobiomu/enzymów odpowiedzialnych za procesy przygotowania włókien do dalszych procesów. Publikacja protokołu do badania translatomów.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Badania podstawowe.

Publikacje:

Brak z afiliacją IBB PAN.

PN-37 - Pracownia Mechanizmów Transkrypcji

Kierownik: dr Tomasz Turowski

Zespół: dr Katarzyna Grelewska-Nowotko, dr Udai Singh; doktorant: mgr Jan Mikołajczyk

Cel badań:

Aplikacja podstawowego rozumienia mechanizmów transkrypcji do opracowywania nowych obszarów w terapii koronawirusów i leukodystrofiach powodowanych mutacjami polimerazy III RNA.

Opis realizowanych prac:

Pracownia rozpoczęła funkcjonowanie 2 sierpnia 2021 roku i pierwsze miesiące zostały poświęcone na formowania zespołu badawczego, szkolenie pracowników i przydzielanie im zadań. Równolegle finalizowano remont, zakupy wyposażania i odczynników.

W ciągu ostatnich miesięcy wdrożono podstawowe protokoły biologii molekularnej oraz protokół sekwencjonowania tRNA. Członkowie zespołu nabyli kompetencje w pracy z liniami komórkowymi. Zaprojektowano i zamówiono układ eksperymentalny do mutagenyzy linii komórkowych z wykorzystaniem metodologii CRISPR. Wdrożono metodologię modelowania matematycznego do modelowania infekcji koronawirusami.

Opis najważniejszych osiągnięć:

1. Sformowanie zespołu badawczego i wyposażenie pracowni
2. Opracowanie pierwszej wersji modelu matematycznego infekcji pojedynczej komórki przez cząsteczki wirusa SARS-CoV-2.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Uzyskane wyniki mają wstępny charakter i na ich podstawie będą prowadzone dalsze badania.

Publikacje:

6201, 6217

PN-38 - Laboratory of Intracellular Immunity

Head of laboratory: dr Michał Wandel

Team: dr Marta Modzelan, PhD student: mgr Aleksandra Bajger

Research objective:

In the Laboratory of Intracellular Immunity we are interested in host-pathogen interactions and aim to understand intracellular anti-microbial mechanisms of innate immunity and inflammation.

Inflammasomes and interferons (IFNs) are one of the major means by which the innate immune system fights pathogens and promotes host survival. IFNs are a groups of signalling proteins made and released by host cells in response to the presence of infection. IFN exposure enhances intracellular immunity for efficient control of diverse intracellular pathogens through the induction of target genes. Lipopolysaccharide (LPS) is a component of the outer membrane of Gram-negative bacteria that triggers strong immune responses. LPS inside a human cell activates the protease enzyme caspase-4, which then activates the pore-forming protein gasdermin-D, leading to a form of cell death known as pyroptosis.

Pyroptotic death of infected cells in response to detection of LPS within the membrane of cytosolic bacteria is driven by assembly of a signalling platform (inflammasome) on the bacterial surface. Family of IFN-induced GTPases called guanylate-binding proteins (GBPs) assemble on the surface of cytosol-invading bacteria to create a signalling platform that recruits and activates caspase-4. The GBP-driven signalling pathway is required for caspase-4 to activate gasdermin-D and the proinflammatory cytokine interleukin-18, which is secreted to alert immune cells to the presence of infection. However, despite recent advances, the molecular details of how IFN-enhanced immunity protects the cytosol of human cells against bacterial incursion is not fully understood. Moreover, other, so far unknown, anti-bacterial defence factors may protect the host cell cytosol.

Our aim is to identify and analyse novel key factors of cytosolic, IFN inducible, anti-bacterial defence mechanisms of the innate immunity. We will employ large-scale state-of-the-art screening approaches to identify new host factors required for pyroptosis upon cytosolic invasion of bacteria and to find new effector proteins of known anti-bacterial restriction factors. Next, we will determine the specific mechanism of action of newly identified immunity factors. Finally, we will characterise IFN-inducible protein that acts as a putative anti-bacterial restriction factor.

The identification of host immunity factors may allow future development of novel therapies directed against pathogenic bacteria, including difficult to treat multidrug resistant strains, or reduce the excessive immune response. Furthermore, since IFN plays an essential role in the development of systemic autoimmunity, understanding of the molecular mechanisms initiating pro-inflammatory processes may lead to better treatment of inflammatory diseases and hence, impact on human health.

Description of the works carried out:

While waiting for the completion of refurbishment of our regular molecular biology laboratory and set up of a BSL2 cell culture laboratory, the three of us, but in particular Marta Modzelan, organized the work in the future laboratories, e.g. by purchasing equipment and materials. Aleksandra Bajger worked on a review article on the subject of anti-bacterial signalling platforms, which we plan to submit soon. I wrote and submitted two grants to secure additional funding - Sonata17 and ERC StG.

Description of the most important achievements:

None.

Use of the obtained results:

None.

Publications:

None.

FA-01 - Środowiskowa Pracownia Mikroskopii Fluorescencyjnej

Kierownik: dr Anna Anielska-Mazur

Zespół: dr Anna Anielska-Mazur, dr Małgorzata Lichocka (formalnie Pracownia Patogenezy Roślin)

Cel badań:

Środowiskowa Pracownia Mikroskopii Fluorescencyjnej wykonuje analizy mikroskopowe w oparciu o techniki mikroskopii świetlnej i fluorescencyjnej. Analiza mikroskopowa materiału biologicznego realizowana jest w ramach usługi oraz współpracy naukowej. Działalność pracowni obejmuje również prowadzenie indywidualnych szkoleń dla zainteresowanych samodzielnie pracą użytkowników.

Opis realizowanych prac:

W oparciu o infrastrukturę Środowiskowej Pracowni Mikroskopii Fluorescencyjnej wykonywane były analizy mikroskopowe żywych i utrwalonych komórek roślinnych, utrwalonych linii komórkowych oraz bakterii, drożdży i pierwotniaków.

W roku sprawozdawczym zrealizowano wszystkie zgłoszone szkolenia z obsługi mikroskopu fluorescencyjnego Nikon E800 oraz mikroskopu konfokalnego Nikon C1, umożliwiając samodzielność pracy. W ramach kontynuacji współpracy realizowano analizy z zespołami prof. G. Dobrowolskiej, prof. E. Świeżewskiej, prof. J. Henniga. Dla zainteresowanych stron realizowano zlecenia analiz mikroskopowych. W 2021 roku z infrastruktury ŚPMF korzystali pracownicy IBB PAN, doktoranci oraz magistranci z następujących Pracowni: Fosforylacji Białek Roślinnych, Metabolizmu RNA w Procesach Odpowiedzi Immunologicznej, Patogenezy Roślin, Segregacji DNA i Cyklu Życiowego Proteobakterii, Biologii Roślin i Mikroorganizmów, Bioenergetyki i Mechanizmów Chorób Mitochondrialnych, Biologii Bakteriofagów, Niekodujących RNA i Rearanżacji Genomu, Regulacji Ekspresji Genów, Homeostazy Białek Roślinnych, Translatomiki, Biochemii Lipidów, Podstaw Molekularnych Starzenia i Odmładzania, Fizjologii Molekularnej Zwierząt oraz Zakład Biologii Systemów (UW). W roku 2021 zainteresowane jednostki zewnętrzne nie zrealizowały wnioskowanych usług. Prowadzono nadzór nad stanem technicznym mikroskopów i sprzętu w ŚPMF oraz bieżące konserwacje w celu nieprzerwanej funkcjonalności pracowni. W roku 2021 mikroskop konfokalny Nikon C1 wykorzystano w wymiarze 857 godzin, natomiast mikroskop fluorescencyjny Nikon E-800 wykorzystano w wymiarze 212 godzin.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Zbadano lokalizację kinaz SnRK2.4 i SnRK2.10 w tkankach fotosyntetyzujących w liniach transgenicznym rdzkiennika: pSnRK2.4::SnRK2.4-YFP i pSnRK2.10::SnRK2.10-YFP oraz przeprowadzono analizę indeksów szparkowych w roślinach typu dzikiego i mutantach

insercyjnych w obrębie genów kodujących powyższe kinazy (współpraca dr A. Anielska-Mazur z dr A. Kulik) (Mazur et al., 2021).

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 (współpraca dr M. Lichocka z dr M. Gutkowska) (Rojek et al., 2021).

Przeprowadzono badania lokalizacji białek z rodziny RAB w korzeniach rzodkiewnika dzikiego typu oraz w mutancie *rep-1*, z zaburzeniami w prenylacji niektórych białek Rab (współpraca dr M. Lichocka z dr M. Gutkowska) (Gutkowska et al., 2021).

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:

1. Z współautorstwem zespołu FA-01: 6149, 6293, 6295.
2. Bez współautorstwa zespołu FA-01, z wykorzystaniem danych otrzymanych w FA-01: 6150, 6188, 6232, 6238, 6280.

FA-02 - Środowiskowa Pracownia Spektrometrii Mas

Kierownik: prof. Michał Dadlez

Zespół: dr Dominik Domański, dr Ewa Sitkiewicz, dr Agata Malinowska, mgr Magdalena Bakun, mgr Jacek Olędzki, mgr Agnieszka Stewart, mgr Bianka Świdarska, mgr Emila Samborowska, mgr Piotr Zarębski, mgr Michał Kistowski mgr Mariusz Radkiewicz; doktoranci: mgr Radosław Jaźwiec, mgr Katarzyna Dąbrowska, mgr Marta Żurawska, mgr Dominik Cysewski

Cel badań:

Analizy proteomiczne i metabolomiczne, jakościowe i ilościowe, globalne i celowane, analizy modyfikacji potranslacyjnych białek.

Opis realizowanych prac:

Pracownia kontynuowała współpracę naukowe w grantach, świadczenie analiz zleconych dla grup badawczych i przemysłu. Wykonano rozbudowany zestaw analiz proteomicznych próbek osocza zabranych w ramach grantu STRATEGMED, dotyczącego poszukiwań prognostycznych markerów lekooporności w padaczce. W ramach współpracy z przemysłem wykonano analizy dla firm Captor Therapeutics, nCAGE, Adamed, ChromoTek i Cellis. Pomyślnie opublikowano wyniki badań zrealizowanych we współpracy z Państwowym Instytutem Weterynaryjnym (6253) nad sekretomem komórek zakażonych wirusem końskiej opryszczki, a także z Instytutem Rozrodu Zwierząt i Badań Żywności PAN, dotyczących zmian rozwojowych w proteomie nasienia sandacza. Współpraca z obiema instytucjami jest kontynuowana, a pod koniec roku wykonano również analizy dla Zakładu Ichtiobiologii i Gospodarki Rybackiej PAN. W ramach badań podstawowych opublikowano wyniki globalnych analiz modyfikacji potranslacyjnych – palmitylacji (6300) w wątrobie mysiej oraz homocysteinyłacji w modelu drożdżowym (6192) – oraz badań dotyczących białka sortiliny

i jego interakcji z białkami apoE I FABP7. Proteomikę w zastosowaniach medycznych realizowano w analizach śliny pacjentów z chorobą Parkinsona (6203).

Część laboratorium zajmująca się analizą substancji niskocząsteczkowych kontynuowała oznaczanie ewerolimusu 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 firmami: OncoArendi (rozwijanie nowatorskich substancji leczniczych) oraz FiLeClo (stworzenie nowych substancji bakteriobójczych będących pochodnymi Salinomycyny), Cellis (oznaczanie cytostatyków uwalnianych z nośników białkowych opracowywanych przez nich w celu poprawy bezpieczeństwa terapii przeciwnowotworowej). We współpracy z prof. Bzowską (Wydział Fizyki, UW) kontynuowaliśmy badanie absorpcji potencjalnych leków hamujących enzymy metabolizmu puryn przez *Helicobacter pylori* (immucylina H). Kontynuowaliśmy współpracę z zespołami prof. dr. hab. Marcina Ufnala (WUM) i dr. hab. Roberta Oleka (AWF Poznań) w ramach oznaczenia metabolitów bakterii jelitowych: trimetyloaminy (TMA) i jej tlenku (TMAO) w osoczu oraz krótkołańcuchowych kwasów tłuszczowych (KŁKT) w próbkach biologicznych. Wykonywano oznaczenia neuroprzekazników w homogenatach różnych struktur mózgu w ramach współpracy z dr. hab. Adamem Hamedem (IBD PAN). Opracowano metody oznaczania metabolitów alkoholu etylowego (dr Idziakowska-Głuszcak (WUM)), deksametazonu, gilteritinibu, trametinibu (IHiT). Ustawiono metodę oraz wykonano oznaczenia simwastatyny w osoczu i homogenatach tkanki mięśniowej u chorych z dystrofią mięśniową Duchenne dla dr hab. Agnieszki Łobody (UJ Kraków).

Uruchomiony w roku 2021 nowy układ pomiarowy złożony z chromatografu Evosep One oraz spektrometru Orbitrap Exploris 480 umożliwił wprowadzenie do oferty znakowania typu TMT 16-plex oraz 18-plex, umożliwiających ilościową analizę proteomów 16/18 próbek w jednym eksperymencie, a niedostępnych przy poprzedniej konfiguracji sprzętu ze względu na niższą rozdzielczość. Umożliwił też wdrożenie nowatorskiej metody SureQuant umożliwiającej znaczne poszerzenia panelu peptydów obserwowanego w trakcie analizy celowanej. Nowy sprzęt zwiększył również przepustowość analiz i ich wydajność. W końcu 2021 laboratorium uruchomiło następne dwa nowe aparaty: chromatograf gazowy sprzężony z tandemowym spektrometrem mas typu potrójnego kwadrupola oraz spektrometr mas Orbitrap Exploris 480. Nowy sprzęt pozwoli nam rozszerzyć ofertę świadczonych usług o analizy globalne metabolomiczne i lipidomiczne.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Finalizacja analiz osocza pacjentów w granie STRATEGMED z określeniem panelu białek różnicujących badane grupy pacjentów.

Publikacja wyników badań nad modyfikacjami potranslacyjnymi oraz analiz ilościowych, proteomicznych i metabolomicznych.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Publikacje.

Publikacje:

6120, 6129, 6131, 6134, 6136, 6182, 6185, 6187, 6192, 6203, 6206, 6218, 6222, 6236, 6241, 6242, 6253, 6258, 6261, 6262, 6269, 6270, 6277, 6278, 6288, 6300, 6303, 6304, 6310, 1037/N

FA-03 - Środowiskowa Pracownia Sekwencjonowania i Syntezy DNA

Kierownik: dr Robert Gromadka

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

W 2021 roku ramach działalności usługowej dla IBB zsyntetyzowano 2 990 oligonukleotydów oraz zsekwencjonowano na aparatach ABI 3730 i ABI 3730 xl 10 537 matryc DNA, co przy średniej długości odczytu 850bp daje 8 956 450 zasad.

Dla 100 zlecniodawców spoza IBB zostały zrealizowane zamówienia na zsekwencjonowanie 29 893 matryc i zsyntetyzowano 10 240 oligonukleotydów.

Za pomocą sekwenatorów genomowych Illumina MiSeq, NextSeq oraz NovaSeq zsekwencjonowano dla IBB 73 genomy bakteryjne, 36 próbek środowiskowych, 147 prób RNASeq, 66 prób ChipSeq oraz 16 prób 3C-seq uzyskując łącznie 531GB par zasad.

W ramach współpracy z jednostkami spoza Instytutu zsekwencjonowano: 50 genomów bakteryjnych, 1 genom bakteriofaga, 9 metagenomów oraz 64 próbki środowiskowe otrzymując łącznie około 80GB par zasad.

Za pomocą sekwenatora genomowego GridION zsekwencjonowano dla IBB 55 genomów bakteryjnych, oraz 1 genom SARS-CoV-2 uzyskując łącznie 21GB par zasad.

W ramach współpracy z jednostkami spoza Instytutu zsekwencjonowano: 8 genomów bakterii i 8 genomów alg otrzymując łącznie około 15GB par zasad.

Syntezy oligonukleotydów i sekwencjonowanie matryc wykonano dla następujących zakładów IBB:

		matryce	oligonukleotydy
1.	Pracownia Bakterii Fermentacji Mlekowej	659	207
2.	Pracownia Białej Biotechnologii	577	150
3.	Pracownia Bioenergetyki i Mechanizmów Chorób Mitochondrialnych	48	38
4.	Pracownia Biochemii Lipidów	175	68
5.	Pracownia Biologii Bakteriofagów	987	349
6.	Pracownia Biologii Grzybów	440	173
7.	Pracownia Biologii RNA	467	88
8.	Pracownia Fosforylacji Białek Roślinnych	299	69
9.	Pracownia Genetyki i Biologii Molekularnej Drożdży	960	94
10.	Pracownia Genetycznych Podstaw Chorób Człowieka	80	47
11.	Pracownia Homeostazy Białek Roślinnych	59	51
12.	Pracownia Hodowli komórkowych i Produkcji Białek	145	30
13.	Pracownia Lekooporności Bakterii	722	458
14.	Pracownia Mechanizmów Stabilności Genetycznej	29	20
15.	Pracownia Metabolizmu RNA w Procesach Odpowiedzi Immunologicznej	384	127
16.	Pracownia Modyfikacji i Uszkodzeń DNA i RNA	83	25
17.	Pracownia Molekularnych Podstaw Aktywności Biologicznej	37	15
18.	Pracownia Mutagenezy i Tolerancji Uszkodzeń DNA	69	55
19.	Pracownia Niekodujących RNA i Rearanżacji Genomu	156	37
20.	Pracownia Regulacji Ekspresji Genów	985	157

21.	Pracownia Replikacji DNA i Stabilności Genomu	429	187
22.	Pracownia Segregacji DNA i Cyklu Życiowego Proteobakterii	850	190
23.	Pracownia Transkrypcji tRNA	56	36
24.	Środowiskowa Pracownia Sekwencjonowania i Syntezy DNA	425	179
25.	Zakład Biologii Antarktyki	366	75
26.	IGiB	1050	65

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

1.	Centrum Badań Molekularnych i Makromolekularnych PAN, Łódź
2.	Instytut Biocybernetyki i Inżynierii Biomedycznej PAN, Warszawa
3.	Instytut Biologii Doświadczalnej im. M. Nenckiego PAN, Warszawa
4.	Instytut Chemii Bioorganicznej PAN, Poznań
5.	Instytut Chemii Fizycznej PAN, 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 Immunologii i Terapii i Doświadczalnej PAN, Wrocław
11.	Instytut Medycyny Doświadczalnej i Klinicznej PAN, Warszawa
12.	Instytut Podstawowych Problemów Techniki PAN, Warszawa
13.	Międzynarodowy Instytut Biologii Molekularnej i Komórkowej, Warszawa
14.	Zakład Ichtiobiologii i Gospodarki Rybackiej PAN, Gołysz
15.	Instytut Fizjologii i Patologii Słuchu, Warszawa
16.	Instytut Hematologii i Transfuzjologii, Warszawa
17.	Instytut Matki i Dziecka, Warszawa
18.	Instytut Medycyny Wsi, Lublin
19.	Instytut Psychiatrii i Neurologii, Warszawa
20.	Instytut Włókien Naturalnych i Roślin Zielarskich, Poznań
21.	Narodowy Instytut Leków, Warszawa
22.	Narodowy Instytut Zdrowia Publicznego - PZH, Warszawa
23.	Wojskowy Instytut Higieny i Epidemiologii, Warszawa
24.	Centralny Instytut Ochrony Pracy PIB, Warszawa
25.	Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin PIB /oddziały
26.	Instytut Ochrony Roślin PIB, Poznań
27.	Instytut Zootechniki PIB, Kraków
28.	Narodowy Instytut Onkologii PIB im. Marii Skłodowskiej-Curie, Warszawa
29.	Uniwersytet Gdański, Gdańsk
30.	Uniwersytet im. A. Mickiewicza, Poznań
31.	Uniwersytet im. Kardynała Stefana Wyszyńskiego, Warszawa
32.	Uniwersytet Jagielloński, Kraków
33.	Uniwersytet Jana Kochanowskiego, Kielce
34.	Uniwersytet Kazimierza Wielkiego, Bydgoszcz

35.	Uniwersytet Marii Curie-Skłodowskiej, Lublin
36.	Uniwersytet Mikołaja Kopernika, Toruń
37.	Uniwersytet Rzeszowski, Rzeszów
38.	Uniwersytet Szczeciński, Szczecin
39.	Uniwersytet Warszawski, Warszawa
40.	Uniwersytet Wrocławski, Wrocław
41.	Politechnika Bydgoska, Bydgoszcz
42.	Politechnika Gdańska, Gdańsk
43.	Politechnika Łódzka, Łódź
44.	Politechnika Rzeszowska, Rzeszów
45.	Politechnika Warszawska, Warszawa
46.	Politechnika Wrocławska, Wrocław
47.	Zachodniopomorski Uniwersytet Technologiczny, Szczecin
48.	Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego Warszawa
49.	Uniwersytet Przyrodniczo Humanistyczny, Siedlce
50.	Uniwersytet Przyrodniczy Poznań
51.	Uniwersytet Przyrodniczy, Lublin
52.	Uniwersytet Przyrodniczy, Wrocław
53.	Uniwersytet Rolniczy, Kraków
54.	Gdański Uniwersytet Medyczny, Gdańsk
55.	Pomorski Uniwersytet Medyczny, Szczecin
56.	Śląski Uniwersytet Medyczny, Katowice
57.	Uniwersytet Medyczny, Lublin
58.	Uniwersytet Medyczny, Łódź
59.	Uniwersytet Medyczny, Poznań
60.	Uniwersytet Medyczny, Wrocław
61.	Warszawski Uniwersytet Medyczny, Warszawa
62.	Uniwersytecki Szpital Dziecięcy, Lublin
63.	Uniwersyteckie Centrum Kliniczne WUM, Warszawa
64.	Wojewódzki Inspektorat Weterynarii, Gdańsk
65.	Wojewódzki Inspektorat Weterynarii, Opole
66.	Wojewódzka Stacja Sanitarno-Epidemiologiczna, Bydgoszcz
67.	4CellTherapies SA, Gliwice
68.	Adamed Pharma SA, Pieńków
69.	Alab Laboratoria sp. z o.o., Warszawa
70.	Animallab s.c., Łódź
71.	Bacto-Tech sp. z o.o., Toruń
72.	Bioceltix sp. z o.o., Wrocław
73.	Borlamed, Warszawa
74.	Cellis sp. z o.o., Warszawa
75.	CELON PHARMA SA, Kielcin
76.	Celther Polska sp. z o.o., Łódź
77.	Cigen sp. z o.o., Ostrów Wielkopolski
78.	Clematis sp. z o.o., Pruszków
79.	Curiosity diagnostics sp. z o.o., Warszawa
80.	Dermalab sp. z o.o., Wrocław
81.	ElementZero Biolabs, Berlin

82.	EURx sp. z o.o., Warszawa
83.	FamiCordTX SA, Warszawa
84.	Genomtec S.A, Wrocław
85.	Hurt-Chem Hurtownia Odczynników Chemicznych, Duchnice
86.	Instytut Biotechnologii Surowic i Szczepionek Biomed SA, Warszawa
87.	Labiol.pl, Warszawa
88.	Laboratorium Badań Genetycznych sp. z o.o., Lublin
89.	Medgen sp.z o.o., Warszawa
90.	Medigen sp.z o.o., Warszawa
91.	Medycyna Diagnostyczna PUM sp. z o. o., Szczecin
92.	Niepubliczny Zakład Opieki Zdrowotnej sp.z o.o., Toruń
93.	Onkologiczna Pracownia Molekularna sp.z o.o., Olsztyn
94.	Personather sp.z o.o., Konstantynów Łódzki
95.	Plant Mikrobiotiks sp.z o.o., Jastków
96.	Read Gene SA, Szczecin
97.	Samodzielny Publiczny Zespół Opieki Zdrowotnej nr.1, Rzeszów
98.	Synevo Polska, Warszawa
99.	Terrabio sp.z o.o., Wrocław

FA-04 - Środowiskowa Pracownia Hodowli Komórkowych i Produkcji Białek

Kierownik: dr hab. Ewa Szolajska

Zespół: mgr inż. Małgorzata Podsiadła-Białoskórska, mgr Kamil Kobylecki, opiekun cytometru przepływowego dr hab. Elżbieta Speina (Pracownia Biologii RNA)

Cel działania:

Udostępnienie przestrzeni laboratoryjnej BSL2 wyposażonej w podstawowy sprzęt potrzebny do prowadzenia badań obejmujących hodowle komórek ssaczych oraz analizy metodą cytometrii przepływowej. Działalność Pracowni obejmuje również produkcję rekombinowanych białek.

Opis realizowanych prac:

Z infrastruktury Środowiskowej Pracowni Hodowli Komórkowych w 2021 korzystali pracownicy i doktoranci kilku jednostek IBB PAN: Pracowni Biologii RNA, Pracowni Chemii Biologicznej Jonów Metali, Pracowni Modyfikacji i Uszkodzeń DNA i RNA, Pracowni Molekularnych Podstaw Aktywności Biologicznej, Pracowni Regulacji Ekspresji Genów i Środowiskowej Pracowni Spektrometrii Mas. W Pracowni realizowali również dwa projekty pracownicy Instytutu Genetyki i Biotechnologii, Wydziału Biologii Uniwersytetu Warszawskiego. Analizy z użyciem cytometru przepływowego wykonywali badacze z Pracowni: Bioenergetyki i Mechanizmów Chorób Mitochondrialnych, Mechanizmów Stabilności Genetycznej, Metabolizmu RNA w Procesach Odpowiedzi Immunologicznej, Molekularnych Podstaw Starzenia i Odmładzania, Mutagenyzy i Tolerancji Uszkodzeń DNA oraz Pracowni Replikacji DNA i Stabilności Genomu.

W ramach wsparcia jednostek badawczych IBB w Pracowni produkowano rekombinowane białka. Otrzymana w systemie bakulowirusa ludzka demetylaza FTO była wykorzystywana w badaniach wpływu modyfikacji potranslacyjnych na jej strukturę i funkcję, prowadzonych

przez grupę prof. dr hab. Elżbiety Grzesiuk (Pracownia Modyfikacji i Uszkodzeń DNA i RNA) (Marcinkowski i wsp. *International Journal of Molecular Sciences*, 6187). We współpracy z dr. hab. Rafałem Tomeckim (Pracownia Biologii RNA) otrzymywano w komórkach owadzie białka wchodzące w skład ludzkiego kompleksu SKI, czynnika pomocniczego egzosomu.

Równolegle zostały przygotowane cztery odczynniki zawierające rekombinowane białka, produkowane w bakteryjnym systemie ekspresyjnym, przeznaczone do otrzymywania bibliotek DNA, oczyszczania mRNA i rekombinowanych białek oraz proteaza służąca do usuwania znaczników fuzyjnych z białek rekombinowanych. Odczynniki są udostępniane pracownikom i doktorantom IBB PAN nieodpłatnie.

W okresie sprawozdawczym kontynuowano prace badawcze zmierzające do wykorzystania nieinfekcyjnej nanocząstki wirusopodobnej, dodekahedronu adenowirusowego, jako platformy dostarczającej antygeny w modelu szczepionki przeciw pneumokokom. We współpracy z zespołem prof. Cyryla Grandjean (Uniwersytet w Nant, Francja) prowadzono w modelu zwierzęcym badania funkcjonalności koniugatu dodekahedronu z syntetycznym tetrasacharydem, odpowiadającym fragmentowi polisacharydu otoczkowego *Streptococcus pneumoniae* serotypu 14 (Prasanna i wsp. *Glycoconjugate Journal*, 6220).

Kontynuowano również prowadzone w ubiegłych latach współpracy (1) z dr. hab. Adamem Mieczkowskim (Pracownia Chemii Biologicznej Jonów Metali), obejmującą badania działania cytotoksycznego analogów tadalafilu - inhibitora fosfodiesterazy 5 (PDE5) w hodowlach komórek ludzkich (Mieczkowski i wsp. *Molecules*, 6128) oraz (2) z dr. hab. Anetą Bartosik (Pracownia Segregacji DNA i Cyklu Życiowego Proteobakterii), w ramach projektu dotyczącego badania funkcji regulatorów transkrypcji *Pseudomonas aeruginosa*: białek PA3458 (Kotecka i wsp. *International Journal of Molecular Sciences*, 6174) oraz PA3027 (Kotecka i wsp. *International Journal of Molecular Sciences*, 6191).

W ramach działalności usługowej rozpoczęto realizację zlecenia komercyjnego Spółki z o.o. Science4Beauty obejmującego oczyszczanie rekombinowanego białka.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Dla wywołania przez glikokoniugat dodekahedronu długotrwałej swoistej odpowiedzi humoralnej, skierowanej przeciw otoczkowemu polisacharydowi *Streptococcus pneumoniae*, kluczowe znaczenie ma stosunek ilości przyłączonego antygeny do nośnika. Zwiększenie immunogenności preparatu szczepionkowego wymaga zmiany zastosowanej metody koniugacji na umożliwiającą przyłączenie większej liczby cząsteczek polisacharydu oraz ich lepszą ekspozycję na powierzchni dodekahedronu (Prasanna i wsp. *Glycoconjugate Journal*, 6220).

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Wyniki badań zostały opublikowane w czasopismach o zasięgu międzynarodowym.

Publikacje:

6128, 6174, 6187, 6191, 6220

FA-05 - Środowiskowa Pracownia Biologicznego NMR

Kierownik: dr Igor Żukow

Zespół: dr Igor Żukow

Cel badań:

Analiza strukturalna oraz szczegółowa ocena procesów dynamiki molekularnej dla krótkich peptydów oraz białek w roztworze w celu poznania mechanizmów oddziaływania, tworzenia kompleksów oraz procesów oligomeryzacji.

Opis realizowanych prac:

Wspólnie z Wydziałem Chemii Uniwersytetu Gdańskiego zostały wykonane badania zmian procesów dynamiki molekularnej dla ludzkiego białka cystatyny C w oddziaływaniach z deuterowanymi micelami DPC:SDS (6123) oraz fosfolipidem DMPC (6124). Analiza strukturalna części transbłonowej wirusa herpes została wykonana na podstawie modelowych peptydów (6181). Modelowanie komputerowe wspólnie z danymi fluorescencji pozwoliło na poznanie mechanizmu blokowania oddziaływania hemaglutyniny z receptorem za pomocą oligorybonukleotydów (6265). Szczegółowo opisany został efekt oddziaływania między domenami w ludzkim białku prionowym przy wiązaniu jonów Zn(II) (6281). Opublikowano proces oligomeryzacji cząsteczki glutationu przy wiązaniu jonów Cu(I) (6292).

Opis najważniejszych osiągnięć:

1. Wprowadzenie nowych eksperymentów relaksacyjnych na jądrach ^{15}N oraz ^{13}C oraz pomiaru dyfuzji translacyjnej (6292) do rutynowych badań NMR.
2. Pokazanie regulowania oddziaływań pomiędzy domenami w ludzkim białku prionowym poprzez związanie jonów Zn(II) do domeny N (6281).
3. Wykazanie różnic w oddziaływaniu białka cystatyna C z modelowymi lipidami na podstawie analizy eksperymentów NMR (6123, 6124).

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Jako jednostka badawczo-usługowa udostępniamy spektrometry NMR 400 i 500 MHz zainstalowane w Laboratorium Biologicznego NMR pracownikom IBB PAN do rutynowych pomiarów NMR. Wykorzystując doświadczenia w wielowymiarowej spektroskopii NMR wykonujemy badania NMR w ramach zleceń zewnętrznych i wewnętrznych na zasadach komercyjnych.

Publikacje:

6123, 6124, 6128, 6181, 6265, 6281, 6292

FA-06 - Pracownia Analiz Mikromacierzy

Kierownik: dr hab. Marta Koblowska

Zespół: dr hab. Roksana Iwanicka-Nowicka

Cel badań:

Analizy z zastosowaniem mikromacierzy DNA i sekwencjonowania wysokoprzepustowego.

Opis realizowanych prac:

W 2021 roku w Pracowni Analiz Mikromacierzy przeprowadzono eksperymenty z użyciem technologii mikromacierzy DNA zarówno do badań na poziomie transkryptomu (24 mikromacierze – transkryptom *Arabidopsis thaliana*, 20 mikromacierzy – transkryptom człowieka) jak i epigenomu (160 mikromacierzy – analiza metylacji DNA). W Pracowni wykonano także szereg analiz qPCR, które potwierdziły wyniki mikromacierzowe oraz które pozwoliły skontrolować właściwe wykonanie immunoprecypitacji chromatyny przeprowadzonej w celu dalszej analizy typu ChIP-seq. Wykonano także analizy funkcjonalne list genów uzyskanych po transkryptomicznej analizie z użyciem mikromacierzy. Do badań funkcjonalnych wykorzystano ogólnodostępne narzędzia: gProfiler, ToppGene, GSEA oraz komercyjne oprogramowanie QIAGEN *Ingenuity Pathway Analysis (QIAGEN IPA)*.

Kontynuowano współpracę naukowe związane z badaniami linii komórkowych jasnokomórkowego raka nerki (ang. Clear cell renal cell carcinoma, ccRCC), analizami zmian poziomu metylacji DNA izolowanego z prób nowotworów pobranych od pacjentek chorych na nowotwory jajnika oraz badaniami dotyczącymi starzenia komórkowego.

Naukowcy, z którymi Pracownia współpracowała w 2021 r.:

1. Dr hab. Anna Bielak, Instytut Biologii Doświadczalnej im. M. Nenckiego PAN.
2. Prof. dr hab. Agnieszka Piekiełko-Witkowska, Centrum Medycznego Kształcenia Podyplomowego.
3. Dr hab. Joanna Bogusławska, prof. CMKP, Centrum Medycznego Kształcenia Podyplomowego.
4. Prof. dr hab. Maria Anna Ciemerych-Litwinienko, Wydział Biologii, Uniwersytetu Warszawskiego.
5. Dr n. med. Łukasz Szafron, Centrum Onkologii – Instytut im. Marii Skłodowskiej-Curie
6. Dr hab. n. med. Tomasz Mazurek, Warszawski Uniwersytet Medyczny.
7. Prof. dr hab. Ewa Kula-Świeżewska, Instytut Biochemii i Biofizyki PAN.
8. Dr hab. Elżbieta Speina, Instytut Biochemii i Biofizyki PAN.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Wykonana wcześniej analiza funkcjonalna transkryptów o zmienionej ekspresji w linii komórkowej jasno-komórkowego raka nerki (ang. clearcellrenalcell carcinoma, ccRCC) z obniżoną ekspresją czynnika splicingowego CWC22 wskazała, że to obniżenie może przyczyniać się do zwiększenia migracji i inwazyjności komórek. Za pomocą metod analiz fenotypowych udało się potwierdzić zwiększenie potencjału migracyjnego tak zmodyfikowanych komórek. Potwierdzono także za pomocą metody qPCR zidentyfikowane wcześniej za pomocą mikromacierzy zmiany w poziomach transkryptów wybranych genów kluczowych dla procesu migracji. W oparciu o dane transkryptomiczne z bazy TCGA z użyciem platformy UACLAN (<http://ualcan.path.uab.edu>) ustalono, że wiele z tych zmian koreluje u pacjentów ze złym rokowaniem.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Uzyskane wyniki będą opublikowane w międzynarodowych czasopismach.

Publikacje:

6200, 6238, 6274

ARTYKUŁY 2021

6114

BINIĘDA K., RZEPNIKOWSKA W., KOŁAKOWSKI D., KAMIŃSKA J., SZCZEPANKIEWICZ A.A., NIEZNAŃSKA H., KOCHAŃSKI A., KABZIŃSKA D.,

Mutations in *GDAP1* influence structure and function of the Trans-Golgi network.

International Journal of Molecular Sciences (2021) 22(2): 914

DOI: 10.3390/ijms22020914

IF 5.923 (2020)

6115

TYMOSZEWSKA A., ALEKSANDRZAK-PIEKARCZYK T.,

The Lactococcal *dgkB* (*yecE*) and *dxsA* genes for lipid metabolism are involved in the resistance to cell envelope-acting antimicrobials.

International Journal of Molecular Sciences (2021) 22(3): 1014

DOI: 10.3390/ijms22031014

IF 5.923 (2020)

6116

GOLAN M.P., PIŁSYK S., MUSZEWSKA A., WAWRZYŃSKI A.,

Ferritins in *Chordata*: potential evolutionary trajectory marked by discrete selective pressures.

Bioessays (2021) 43(1): e2000207 (10 p.)

DOI: 10.1002/bies.202000207

IF 4.345 (2020)

6117

LEWICKA E., MITURA M., STECZKIEWICZ K., KIERACIŃSKA J., SKRZYŃSKA K., ADAMCZYK M., JAGURA-BURDZY G.,

Unique properties of the alpha-helical DNA-binding protein KfrA encoded by the IncU incompatibility group plasmid RA3 and its host-dependent role in plasmid maintenance.

Applied and Environmental Microbiology (2021) 87(2): e01771-20

DOI: 10.1128/AEM.01771-20

IF 4.792 (2020)

6118

SŁOWAKIEWICZ M., BORKOWSKI A., SYCZEWSKI M.D., PERROTA I.D., OWCZAREK F., SIKORA A., DETMAN A., PERRI E., TUCKER M.E.,

Newly-discovered interactions between bacteriophages and the process of calcium carbonate precipitation.

Geochimica et Cosmochimica Acta (2021) 292: 482-498

DOI: 10.1016/j.gca.2020.10.012

IF 5.010 (2020)

6119

MIECZKOWSKI A., FRĄCZYK T., PSURSKI M., WIŃSKA P., SIEDLECKI P., DZIEŁAK M., TRZYBIŃSKI D., WILCZEK M., BAGIŃSKI M., BIESZCZAD B., WOŹNIAK K.,

Design and in vitro characterization of tricyclic benzodiazepine derivatives as potent and selective antileukemic agents.

Chemistry and Biodiversity (2021) 18(1): e2000733 (14 p.)

DOI: 10.1002/cbdv.202000733

IF 2.408 (2020)

6120

OLKOWICZ M., TOMCZYK M., DĘBSKI J., TYRANKIEWICZ U., PRZYBOROWSKI K., BORKOWSKI T., ZABIELSKA-KACZOROWSKA M., SZUPRYCZYŃSKA N., KOCHAN Z., SMEDA M., DADLEZ M., CHŁOPICKI S., SMOLEŃSKI R.T.,
Enhanced cardiac hypoxic injury in atherogenic dyslipidaemia results from alterations in the energy metabolism pattern.

Metabolism: Clinical and Experimental (2021) 114: 154400 (16 p.)

DOI: 10.1016/j.metabol.2020.154400

IF 8.694 (2020)

6121

WÓJCIK-DŁUGOBORSKA K.A., BIALIK R.J.,

The influence of shadow effects on the spectral characteristics of glacial meltwater.

Remote Sensing (2021) 13(1): 36 (25 p.)

DOI: 10.3390/rs13010036

IF 4.848 (2020)

6122

DETMAN A., LAUBITZ D., CHOJNACKA A., WIKTOROWSKA-SOWA E., PIOTROWSKI J., SALAMON A., KAŻMIERCZAK W., BŁASZCZYK M.K., BARBERAN A., CHEN Y., ŁUPIKASZA E., YANG F., SIKORA A.,

Dynamics and complexity of dark fermentation microbial communities producing hydrogen from sugar beet molasses in continuously operating packed bed reactors.

Frontiers in Microbiology (2021) 11: 612344 (19 p.)

DOI: 10.3389/fmicb.2020.612344

IF 5.640 (2020)

6123

JURCZAK P., SIKORSKA E., CZAPLEWSKA P., RODZIEWICZ-MOTOWIDŁO S., ZHUKOV I., SZYMAŃSKA A.,

The influence of the mixed DPC:SDS micelle on the structure and oligomerization process of the human cystatin C.

Membranes (2021) 11(1): 17 (22 p.)

DOI: 10.3390/membranes11010017

IF 4.106 (2020)

6124

JURCZAK P., SZUTKOWSKI K., LACH S., JURGA S., CZAPLEWSKA P., SZYMAŃSKA A., ZHUKOV I.,

DMPC phospholipid bilayer as a potential interface for human cystatin C oligomerization: analysis of protein-liposome interactions using NMR spectroscopy.

Membranes (2021) 11(1): 13 (14 p.)

DOI: 10.3390/membranes11010013

IF 4.106 (2020)

6125

KORCZAK-ABSHIRE M., HINKE J.T., MILINEVSKY G., JUÁRES M.A., WATTERS G.M.,
Coastal regions of the northern Antarctic Peninsula are key for gentoo populations.

Biology Letters (2021) 17(1): 20200708

DOI: 10.1098/rsbl.2020.0708

IF 3.703 (2020)

6126

FATALSKA A., RUSETSKA N., BAKUŁA-ZALEWSKA E., KOWALIK A., ZIĘBA S., WRÓBLEWSKA A., ZALEWSKI K., GORYCA K., DOMAŃSKI D., KOWALEWSKA M.,
Inflammatory proteins HMGA2 and PRTN3 as drivers of vulvar squamous cell carcinoma progression.

Cancers (2021) 13(1): 27

DOI: 10.3390/cancers13010027

IF 6.639 (2020)

6127

DMUCHOWSKI W., BACZEWSKA-DĄBROWSKA A.B., GOZDOWSKI D., BRĄGOSZEWSKA P., GWOREK B., SUWARA I., CHOJNACKI T., JÓŹWIAK A., ŚWIEŻEWSKA E.,
Effect of salt stress in urban conditions on two *Acer* species with different sensitivity.

PeerJ (2021) 9: e10577 (26 p.)

DOI: 10.7717/peerj.10577

IF 2.984 (2020)

6128

MIECZKOWSKI A., SPEINA E., TRZYBIŃSKI D., WINIEWSKA-SZAJEWSKA M., WIŃSKA P., BORSUK E.M., PODSIADŁA-BIAŁOSKÓRSKA M., PRZYGODZKI T., DRABIKOWSKI K., STAŃCZYK L., ZHUKOV I., WATAŁA C., WOŹNIAK K.,
Diketopiperazine-based, flexible tadalafil analogues: synthesis, crystal structures and biological activity profile.

Molecules (2021) 26(4): 794

DOI: 10.3390/molecules26040794

IF 4.411 (2020)

6129

OLKOWICZ M., CZYŻYŃSKA-CICHOŃ I., SZUPRYCZYŃSKA N., KOSTOGRYS R.B., KOCHAN Z., DĘBSKI J., DADLEZ M., CHŁOPICKI S., SMOLEŃSKI R.T.,
Multi-omic signatures of atherogenic dyslipidaemia: pre-clinical target identification and validation in humans.

Journal of Translational Medicine (2021) 19(1): 6

DOI: 10.1186/s12967-020-02663-8

IF 5.531 (2020)

6130

WARDASZKA P., SOCZEWSKA P., SIENKO M., ŻOŁĄDEK T., KAMIŃSKA J.,
Partial inhibition of calcineurin activity by Rcn2 as a potential remedy for Vps13 deficiency.

International Journal of Molecular Sciences (2021) 22(3): 1193

DOI:10.3390/ijms22031193

IF 5.923 (2020)

6131

ADAMCZYK M., LEWICKA E., SZATKOWSKA R., NIEZNAŃSKA H., LUDWICZAK J., JASIŃSKI M., DUNIN-HORKAWICZ S., SITKIEWICZ E., ŚWIDERSKA B., GOCH G., JAGURA-BURDZY G.,
Revealing biophysical properties of KfrA-type proteins as a novel class of cytoskeletal, coiled-coil plasmid-encoded proteins.

BMC Microbiology (2021) 21(1): 32

DOI:10.1186/s12866-020-02079-w

IF 3.605 (2020)

6132

REZA A.M.T., YUAN Y-G.,

microRNAs mediated regulation of the ribosomal proteins and its consequences on the global translation of proteins.

Cells (2021) 10(1): 110

DOI: 10.3390/cells10010110

IF 6.600 (2020)

6133

GAWRYŚ O., RAK M., BARANOWSKA I., BOBIS-WOZOWICZ S., SZARO K., MADEJA Z., ŚWIEŻEWSKA E., MASNYK M., CHMIELEWSKI M., KARNAS E., KOMPANOWSKA-JEZIERSKA E.,

Polyprenol-based lipofecting agents for in vivo delivery of therapeutic DNA to treat hypertensive rats.

Biochemical Genetics (2021) 59(1): 62-82

DOI: 10.1007/s10528-020-09992-9

IF 1.890 (2020)

6134

SKRZYPECKI J., IZDEBSKA J., KAMIŃSKA A., BADOWSKA J., PRZYBEK-SKRZYPECKA J., BOMBUIY J., SAMBOROWSKA E., SZAFLIK J.P.,

Glaucoma patients have an increased level of trimethylamine, a toxic product of gut bacteria, in the aqueous humor: a pilot study.

International Ophthalmology (2021) 41(1): 341-347

DOI: 10.1007/s10792-020-01587-y

IF 2.031 (2020)

6135

APOSTOLOPOULOS V., BOJARSKA J., CHAI T-T., ELNAGDY S., KACZMAREK K., MATSOUKAS J., NEW R., PARANG K., LOPEZ O.P., PARHIZ H., PERERA C.O., PICKHOLZ M., REMKO M., SAVIANO M., SKWARCZYŃSKI M., TANG Y., WOLF W.M., YOSHIYA T., ZABROCKI J., ZIELENKIEWICZ P., ALKHAZINDAR M., BARRIGA V., KELAIDONIS K., SARASIA E.M., TOTH I.,

A global review on short peptides: frontiers and perspectives.

Molecules (2021) 26(2): 430

DOI: 10.3390/molecules26020430

IF 4.411 (2020)

6136

SIKORA M., STEC A., CHRABĄSZCZ M., GIEBUŁTOWICZ J., SAMBOROWSKA E., JAŻWIEC R., DADLEZ M., OLSZEWSKA M., RUDNICKA L.,

Clinical implications of intestinal barrier damage in Psoriasis.

Journal of Inflammation Research (2021) 14: 237–243

DOI: 10.2147/JIR.S292544

IF 6.922 (2020)

6137

POZNAŃSKI J., SOŁDACKI D., CZARKOWSKA-PĄCZEK B., BONNA A., KORNASIEWICZ O., KRAWCZYK M., BAL W., PĄCZEK L.,

Cirrhotic liver of liver transplant recipients accumulate silver and co-accumulate copper.

International Journal of Molecular Sciences (2021) 22(4): 1782

DOI: 10.3390/ijms22041782

IF 5.923 (2020)

6138

KOTRYS A.V., BOROWSKI Ł.S., SZCZĘSNY R.J.,

High-throughput measurement of mitochondrial RNA turnover in human cultured cells.

Chapter 11 in: **Mitochondrial Gene Expression: Methods and Protocols, Methods in Molecular Biology**, vol. 2192, Springer. Ed. M.Minczuk, J. Rorbach; ISBN 978-1-0716-0833-3 2021, p.133-146
DOI: 10.1007/978-1-0716-0834-0_11

6139

MUSZEWSKA A., OKRASIŃSKA A., STECZKIEWICZ K., DRGAS O., ORŁOWSKA M.,
PERLIŃSKA-LENART U., ALEKSANDRZAK-PIEKARCZYK T., SZATRAJ K.,
ZIELENKIEWICZ U., PIŁSYK S., MALC E.P., MIECZKOWSKI P., KRUSZEWSKA J.S.,
BERNAT P., PAWŁOWSKA J.,

Metabolic potential, ecology and presence of associated bacteria is reflected in genomic diversity of *Mucoromycotina*.

Frontiers in Microbiology (2021) 12: 636986 (21 p.)

DOI: 10.3389/fmicb.2021.636986

IF 5.640 (2020)

6140

ŻEGARSKA J., WIESIK-SZEWCZYK E., HRYNIEWIECKA E., WOLSKA-KUŚNIERZ B.,
SOŁDACKI D., KACPRZAK M., SOBCZYŃSKA-TOMASZEWSKA A., CZERSKA K.,
SIEDLECKI P., JAHNZ-ROZYK K., BERNATOWSKA E., ZAGOŹDŻON R., PĄCZEK L.,

Tumor necrosis factor receptor-associated periodic syndrome (TRAPS) with a new pathogenic variant in TNFRSF1A gene in a family of the adult male with renal AA amyloidosis-diagnostic and therapeutic challenge for clinicians.

Journal of Clinical Medicine (2021) 10(3): 465

DOI: 10.3390/jcm10030465

IF 4.241 (2020)

6141

RAK M., GÓRA-SOCHACKA A., MADEJA Z.,

Lipofection-based delivery of DNA vaccines.

Chapter 20 in: **Vaccine Delivery Technology: Methods and Protocols, Methods in Molecular Biology**, vol. 2183, Springer. Ed. B.A. Pfeifer, A. Hill. ISBN 978-1-0716-0794-7, p.391-404

DOI: 10.1007/978-1-0716-0795-4_20

6142

OSIŃSKA M., BIALIK R.J., WÓJCIK-DŁUGOBORSKA K.A.,

Interrelation of quality parameters of surface waters in five tidewater glacier coves of King George Island, Antarctica.

Science of the Total Environment (2021) 771: 144780

DOI: 10.1016/j.scitotenv.2020.144780

IF 7.963 (2020)

6143

BLOCH S., LEWANDOWSKA N., WĘGRZYN G., NEJMAN-FALEŃCZYK B.,

Bacteriophages as sources of small non-coding RNA molecules.

Plasmid (2021) 113 (Special Issue): 102527

DOI: 10.1016/j.plasmid.2020.102527

IF 3.466 (2020)

6144

SOCZEWKA P., TRIBOUILLARD-TANVIER D., DI RAGO J.-P., ŻOŁĄDEK T., KAMIŃSKA J.,
Targeting copper homeostasis improves functioning of *vps13Δ* yeast mutant cells, a model of *VPS13*-
related diseases.

International Journal of Molecular Sciences (2021) 22(5): 2248

DOI: 10.3390/ijms22052248

IF 5.923 (2020)

6145

TURNAU K., FIAŁKOWSKA E., WAŻNY R., ROZPADEK P., TYLKO G., BLOCH S., NEJMAN-
FALEŃCZYK B., GRABSKI M., WĘGRZYN A., WĘGRZYN G.,
Extraordinary multi-organismal interactions involving bacteriophages, bacteria, fungi, and rotifers:
quadruple microbial trophic network in water droplets.

International Journal of Molecular Sciences (2021) 22(4): 2178

DOI: 10.3390/ijms22042178

IF 5.923 (2020)

6146

RUCIŃSKA A., OLSZAK M., ŚWIERSZCZ S., NOBIS M., ZUBEK SZ., KUSZA G.,
BOCZKOWSKA M., NOWAK A.,

Looking for hidden enemies of metabarcoding: Species composition, habitat and management can
strongly influence DNA extraction while examining grassland communities.

Biomolecules (2021) 11(2): 318

DOI: 10.3390/biom11020318

IF 4.879 (2020)

6147

NIEDZIAŁKOWSKA M., DOAN K., GÓRNY M., STANKOVIC A., ET AL.

Winter temperature and forest cover have shaped red deer distribution in Europe and the Ural
Mountains since the Late Pleistocene.

Journal of Biogeography (2021) 48(1): 147-159

DOI: 10.1111/jbi.13989

IF 4.324 (2020)

6148

HAŁAS A., FIJAK-MOSKAL J., KUBERSKA R., PIEŃKOWSKI V.M., KANIAK-GOLIK A.,
POLLAK A., POZNAŃSKI J., RYDZANICZ M., BIK-MULTANOWSKI M., ŚLEDZIEWSKA-
GÓJSKA E., PŁOSKI R.,

Developmental delay with hypotrophy associated with homozygous functionally
relevant *REV3L* variant.

Journal of Molecular Medicine (2021) 99(3): 415-423

DOI: 10.1007/s00109-020-02033-3

IF 4.599 (2020)

6149

ROJEK J., TUCKER M.R., PINTO S.C., RYCHŁOWSKI M., LICHOCKA M., SOUKUPOVA H.,
NOWAKOWSKA J., BOHDANOWICZ J., SURMACZ G., GUTKOWSKA M.,
Rab-dependent vesicular traffic affects female gametophyte development in *Arabidopsis*.

Journal of Experimental Botany (2021) 72(2): 320-340

DOI: 10.1093/jxb/eraa430

IF 6.992 (2020)

6150

GAWROŃSKI P., BURDIAK P., SCHARFF L.B., MIELECKI J., GÓRECKA M., ZABOROWSKA M., LEISTER D., WASZCZAK C., KARPİŃSKI S.,
CIA2 and CIA2-LIKE are required for optimal photosynthesis and stress responses in *Arabidopsis thaliana*.

The Plant Journal (2021) 105(3): 619–638

DOI: 10.1111/tpj.15058

IF 6.417 (2020)

6151

TOPKA-BIELECKA G., DYDECKA A., NECEL A., BLOCH S., NEJMAN-FALEŃCZYK B.,
WĘGRZYN G., WĘGRZYN A.,

Bacteriophage-derived depolymerases against bacterial biofilm.

Antibiotics (2021) 10(2): 175

DOI: 10.3390/antibiotics10020175

IF 4.639 (2020)

6152

BAKUŁA Z., SIEDLECKI P., GROMADKA R., GAWOR J., GROMADKA A., POMORSKI J.J.,
PANAGIOTOPOULOU H., JAGIELSKI T.,

A first insight into the genome of *Prototheca wickerhamii*, a major causative agent of human protothecosis.

BMC Genomics (2021) 22(1): 168

DOI: 10.1186/s12864-021-07491-8

IF 3.969 (2020)

6153

CATAPANO M.C., PARSONS D.S., KOTUNIAK R., MLADĚNKA P., BAL W., MARET W.,
Probing the structure and function of the cytosolic domain of the human zinc transporter ZnT8 with Nickel(II) ions.

International Journal of Molecular Sciences (2021) 22(6): 2940

DOI: 10.3390/ijms22062940

IF 5.923 (2020)

6154

TOBOLSKA A., WEZYNFELD N.E., WAWRZYNIAK U.E., BAL W., WRÓBLEWSKI W.,
Copper(II) complex of N-truncated amyloid- β peptide bearing a His-2 motif as a potential receptor for phosphate anions.

Dalton Transactions (2021) 50(8): 2726–2730

DOI: 10.1039/d0dt03898a

IF 4.390 (2020)

6155

PASTOR M., CZAPIŃSKA H., HELBRECHT I., KRAKOWSKA K., LUTZ T., XU S-Y.,
BOCHTLER M.,

Crystal structures of the EVE-HNH endonuclease VcaM4I in the presence and absence of DNA.

Nucleic Acids Research (2021) 49(3): 1708–1723

DOI: 10.1093/nar/gkaa1218

IF 16.971 (2020)

6156

TOPKA-BIELECKA G., NEJMAN-FALEŃCZYK B., BLOCH S., DYDECKA A., NECEL A.,
WĘGRZYN A., WĘGRZYN G.,

Phage-bacteria interactions in potential applications of bacteriophage vB_EfaS-271
against *Enterococcus faecalis*.

Viruses (2021) 13(2): 318

DOI: 10.3390/v13020318

IF 5.048 (2020)

6157

BOCHTLER M., FERNANDES H.,

DNA adenine methylation in eukaryotes: Enzymatic mark or a form of DNA damage?

Bioessays (2021) 43(3): e2000243

DOI: 10.1002/bies.202000243

IF 4.345 (2020)

6158

BOCHON K., ZIELNIOK K., GAWLAK M., ZAWADA K., ZARYCHTA-WIŚNIEWSKA W.,
SIENNICKA K., STRUZIŁ S., PĄCZEK L., BURDZIŃSKA A.,

The effect of L-ascorbic acid and serum reduction on tenogenic differentiation of human mesenchymal
stromal cells.

International Journal of Stem Cells (2021) 14(1): 33-46

DOI: 10.15283/ijsc20023

IF 2.500 (2020)

6159

CZAPIŃSKA H., WINIEWSKA-SZAJEWSKA M., SZYMANIEC-RUTKOWSKA A., PIASECKA
A., BOCHTLER M., POZNAŃSKI J.,

Halogen atoms in the protein-ligand system. structural and thermodynamic studies of the binding of
bromobenzotriazoles by the catalytic subunit of human protein kinase CK2.

Journal of Physical Chemistry B (2021) 125(10): 2491-2503

DOI: 10.1021/acs.jpcc.0c10264

IF 2.991 (2020)

6160

OLSZEWSKI J., ZABIELSKI R., SKRZYPEK T., MATYBA P., WIERZBICKA M., ADAMSKI A.,
GRZESIUK E., SADY M., GAJEWSKI Z., FERENC K.,

Differences in intestinal barrier development between intrauterine growth restricted and normal birth
weight piglets.

Animals (2021) 11(4): 990

DOI: 10.3390/ani11040990

IF 1.654 (2020)

6161

YUAN Y-G., CAI H.Q., WANG J-L., MESALAM A., REZA A.M.T., LI L., CHEN L., QIAN CH.,
Graphene oxide-silver nanoparticle nanocomposites induce oxidative stress and aberrant methylation
in caprine fetal fibroblast cells.

Cells (2021) 10(3): 682

DOI: 10.3390/cells10030682

IF 6.600 (2020)

6162

TOŁKACZ K., RODO A., WDOWIARSKA A., BAJER A., BEDNARSKA M.,
Impact of *Babesia microti* infection on the initiation and course of pregnancy in BALB/c mice.
Parasites & Vectors (2021) 14(1): 132
DOI: 10.1186/s13071-021-04638-0
IF 3.876 (2020)

6163

YU Z., GAO J., IGBALAJOB O., SKONECZNY M., SIENKO M., MACIEJEWSKA A.M.,
BRZYWCZY J., FISCHER R.,
The sulfur metabolism regulator MetR is a global regulator controlling phytochrome-dependent light responses in *Aspergillus nidulans*.
Science Bulletin (2021) 66(6): 592-602
DOI: 10.1016/j.scib.2020.11.001
IF 11.780 (2020)

6164

ODOLCZYK N., MARZEC E., WINIEWSKA-SZAJEWSKA M., POZNAŃSKI J.,
ZIELENKIEWICZ P.,
Native structure-based peptides as potential protein–protein interaction inhibitors of SARS-CoV-2 spike protein and human ACE2 receptor .
Molecules (2021) 26(8): 2157
DOI: 10.3390/molecules26082157
IF 4.411 (2020)

6165

KLIONSKY D.J., ŻOŁĄDEK T., SIRKO A., KAMIŃSKA J., WAWRZYŃSKA A., ET AL.
Guidelines for the use and interpretation of assays for monitoring autophagy (4th edition).
Autophagy (2021) 17(1): 1-382
DOI:10.1080/15548627.2020.1797280
IF 16.016 (2020)

6166

KOCZYK G., PAWŁOWSKA J., MUSZEWSKA A.,
Terpenoid biosynthesis dominates among secondary metabolite clusters in *Mucoromycotina* genomes.
Journal of Fungi (2021) 7(4): 285
DOI: 10.3390/jof7040285
IF 5.816 (2020)

6167

NIEMCZYK M., GŁADKI A., GROMADKA A., ZIELENKIEWICZ P., PĄCZEK L.,
Potential role of plant microRNAs in the pathogenesis of autosomal dominant polycystic kidney disease: an in silico study.
Polish Archives of Internal Medicine (2021) 131(3): 306-308
DOI: 10.20452/pamw.15804
IF 2.309 (2020)

6168

KLIM J., ZIELENKIEWICZ U., KURLANDZKA A., KACZANOWSKI S.,
The adaptive landscape of genetic interaction network has no impact on yeast adaptive evolution.
Frontiers in Genetics (2021) 12: 640501
DOI: 10.3389/fgene.2021.640501
IF 4.599 (2020)

6169

ZNÓJ A., GRZESIAK J., GAWOR J., GROMADKA R., CHWEDORZEWSKA K.J.,
Bacterial communities associated with *Poa annua* roots in central european (Poland) and Antarctic
settings (King George Island).

Microorganisms (2021) 9(4): 811

DOI: 10.3390/microorganisms9040811

IF 4.128 (2020)

6170

VERSCHAFFELT, P., VAN DEN BOSSCHE T., GABRIEL W., BURDUKIEWICZ M., SOGGIU
A., MARTENS L., RENARD B.Y., SCHIEBENHOEFER H., MESUERE B.,
MegaGO: a fast yet powerful approach to assess functional gene ontology similarity across meta-
omics data sets.

Journal of Proteome Research (2021) 20(4): 2083-2088

DOI:10.1021/acs.jproteome.0c00926

IF 4.466 (2020)

6171

GALERA H., RUDAK A., PIELECH M., ZNÓJ A., CHWEDORZEWSKA K.J., WÓDKIEWICZ M.,
Influence of the population spatial structure on seed rain distribution of an invasive plant under harsh
environment.

Polar Biology (2021) 44(3): 587-591

DOI: 10.1007/s00300-021-02808-5

IF 2.310 (2020)

6172

GRUCA A., ZIEMSKA-LEGIECKA J., JARNOT P., SARNOWSKA E., SARNOWSKI T.J.,
GRYNBERG M.,

Common low complexity regions for SARS-CoV-2 and human proteomes as potential multidirectional
risk factor in vaccine development.

BMC Bioinformatics (2021) 22(1): 182

DOI:10.1186/s12859-021-04017-7

IF 3.169 (2020)

6173

KLUEBSOONGNOEN J., PANYIM S., SARNOWSKI T.J., UDOMKIT A.,

Retinoid X receptor modulates vitellogenin gene expression in black tiger shrimp, *Penaeus monodon*.

Comparative Biochemistry and Physiology. Part A (2021) 254: 110877

DOI:10.1016/j.cbpa.2020.110877

IF 1.274 (2020)

6174

KOTECKA K., KAWAŁEK A., KOBYLECKI K., BARTOSIK A.A.,

The MarR-type regulator PA3458 is involved in osmoadaptation control in *Pseudomonas aeruginosa*.

International Journal of Molecular Sciences (2021) 22(8): 3982

DOI: 10.3390/ijms22083982

IF 5.923 (2020)

6175

PAWŁOWSKI P.H.,

Charged amino acids may promote coronavirus SARS-CoV-2 fusion with the host cell.

AIMS Biophysics (2021) 8(1): 111-120

DOI: 10.3934/biophy.2021008

IF -

6176

GASANOV E.V., JĘDRYCHOWSKA J., PASTOR M., WIWEGER M., METHNER A., KORZH V.P.,

An improved method for precise genome editing in zebrafish using CRISPR-Cas9 technique.

Molecular Biology Reports (2021) 48(2): 1951-1957

DOI: 10.1007/s11033-020-06125-8

IF 2.316 (2020)

6177

STEFANIAK E., ATRIAN-BLASCO E., GOCH W., SABATER L., HUREAU CH., BAL W.,

The aggregation pattern of A β ₁₋₄₀ is altered by the presence of N-truncated A β ₄₋₄₀ and/or Cu^{II} in a similar way through ionic interactions.

Chemistry-A European Journal (2021) 27(8): 2798-2809

DOI: 10.1002/chem.202004484

IF 5.236 (2020)

6178

FRĄCZYK T.,

Cu(II)-binding N-terminal sequences of human proteins.

Chemistry and Biodiversity (2021) 18(4): e2100043

DOI: 10.1002/cbdv.202100043

IF 2.408 (2020)

6179

GRZYBEK M., ANTOLOVÁ D., TOŁKACZ K., ALSARRAF M., BEHNKE-BOROWCZYK J., NOWICKA J., PALEOLOG J., BIERNAT B., BEHNKE J.M., BAJER A.,

Seroprevalence of *Toxoplasma gondii* among sylvatic rodents in Poland.

Animals (2021) 11(4): 1048

DOI: 10.3390/ani11041048

IF 2.752 (2020)

6180

FATALSKA A., STEPINAC E., RICHTER M.M., KOVACS L., PIETRAS Z., PUCHINGER M., DONG G., DADLEZ M., GLOVER D.M.,

The dimeric Golgi protein Gorab binds to Sas6 as a monomer to mediate centriole duplication.

eLife (2021) 10: e57241

DOI: 10.7554/eLife.57241

IF 8.140 (2020)

6181

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

Investigation of the effects of primary structure modifications within the RRE motif on the conformation of synthetic bovine herpesvirus 1-encoded UL49.5 protein fragments.

Chemistry and Biodiversity (2021) 18(2): e2000883

DOI: 10.1002/cbdv.202000883

IF 2.408 (2020)

6182

MAZUR M., WOJCIECHOWSKA D., SITKIEWICZ E., MALINOWSKA A., ŚWIDERSKA B., KMITA H., WOJTKOWSKA M.,

Mitochondrial processes during early development of *Dictyostelium discoideum*: from bioenergetic to proteomic studies.

Genes (2021) 12(5): 638

DOI: 10.3390/genes12050638

IF 4.096 (2020)

6183

KERN-ZDANOWICZ I.,

pCTX-M3—structure, function and evolution of a multi-resistance conjugative plasmid of a broad recipient range.

International Journal of Molecular Sciences (2021) 22(9): 4606

DOI: 10.3390/ijms22094606

IF 5.923 (2020)

6184

SKRZYPEK T., FERENC K., SIKORA A., GRZESIUK E.,

Microbial life in the gut.

Chapter 7 in: **Atlas of the Pig Gut. Research and techniques from birth to adulthood**, Academic Press. Ed. R. Zabielski, T. Skrzypek; ISBN 978-0-12-818958-0, 2021, p. 119-125

DOI: 10.1016/B978-0-12-818958-0.00007-7

6185

GEWARTOWSKA O., ARANAZ-NOVALICHES G., KRAWCZYK P.S., MROCZEK S., KUSIO-KOBIĄŁKA M., TARKOWSKI B., SPOUTIL F., BENADA O., KOFROŇOVÁ O., SZWEDZIAK P., CYSEWSKI D., GRUCHOTA J., SZPILA M., CHLEBOWSKI A., SEDLACEK R., PROCHAZKA J., DZIEMBOWSKI A.,

Cytoplasmic polyadenylation by TENT5A is required for proper bone formation.

Cell Reports (2021) 35(3): 109015

DOI: 10.1016/j.celrep.2021.109015

IF 9.423 (2020)

6186

STECZKIEWICZ K., PRESTEL E., BIDNENKO E., SZCZEPANKOWSKA A.K.,

Expanding diversity of *Firmicutes* single-strand annealing proteins: a putative role of bacteriophage-host arms race.

Frontiers in Microbiology (2021) 12: 644622

DOI: 10.3389/fmicb.2021.644622

IF 5.640 (2020)

6187

MARCINKOWSKI M., PILŹYS T., GARBICZ D., PIWOWARSKI J., MIELECKI D., NOWACZYK G., TAUBE M., GIELNIK M., KOZAK M., WINIEWSKA-SZAJEWSKA M., SZOŁAJSKA E., DĘBSKI J., MACIEJEWSKA A.M., PRZYGOŃSKA K., FERENC K., GRZESIUK E., POZNAŃSKI J.,

Effect of posttranslational modifications on the structure and activity of FTO demethylase.

International Journal of Molecular Sciences (2021) 22(9): 4512

DOI: 10.3390/ijms22094512

IF 5.923 (2020)

6188

MITURA M., LEWICKA E., GODZISZEWSKA J., ADAMCZYK M., JAGURA-BURDZY G.,
Alpha-helical protein KfrC acts as a switch between the lateral and vertical modes of dissemination of
broad-host-range RA3 plasmid from IncU (IncP-6) incompatibility group.

International Journal of Molecular Sciences (2021) 22(9): 4880

DOI: 10.3390/ijms22094880

IF 5.923 (2020)

6189

ŁOBOCKA M., DĄBROWSKA K., GÓRSKI A.,

Engineered bacteriophage therapeutics: rationale, challenges and future.

BioDrugs (2021) 35(3): 255-280

DOI: 10.1007/s40259-021-00480-z

IF 5.807 (2020)

6190

SIRKO A., WAWRZYŃSKA A., BRZYWCZY J., SIENKO M.,

Control of ABA signaling and crosstalk with other hormones by the selective degradation of pathway
components.

International Journal of Molecular Sciences (2021) 22(9): 4638

DOI: 10.3390/ijms22094638

IF 5.923 (2020)

6191

KOTECKA K., KAWALEK A., KOBYLECKI K., BARTOSIK A.A.,

The AraC-type transcriptional regulator GliR (PA3027) activates genes of glycerolipid metabolism
in *Pseudomonas aeruginosa*.

International Journal of Molecular Sciences (2021) 22(10): 5066

DOI: 10.3390/ijms22105066

IF 5.923 (2020)

6192

PERŁA-KAJAN J., MALINOWSKA A., ZIMNY J., CYSEWSKI D., SUSZYŃSKA-ZAJCZYK J.,
JAKUBOWSKI H.,

Proteome-wide analysis of protein lysine *N*-homocysteinylation in *Saccharomyces cerevisiae*.

Journal of Proteome Research (2021) 20(5): 2458-2476

DOI: 10.1021/acs.jproteome.0c00937

IF 4.466 (2020)

6193

SU X., DAUTANT A., RAK M., GODARD F., EZKURDIA N., BOUHIER M., BIETENHADER M.,
MUELLER D.M., KUCHARCZYK R., DI RAGO J.-P., TRIBOUILLARD-TANVIER D.,

The pathogenic m.8993T>G mutation in mitochondrial *ATP6* gene prevents proton release from the
subunit c-ring rotor of ATP synthase.

Human Molecular Genetics (2021) 30(5): 381-392

DOI: 10.1093/hmg/ddab043

IF 6.150 (2020)

6194

NOWAK K.P., SOBOLEWSKA-RUTA A., JAGIEŁŁO A., BIERCZYŃSKA-KRZYSIK A.,
KIERYŁ P., WAWRZYNIAK P.,

Molecular and functional characterization of MobK protein—a novel-type relaxase involved in mobilization for conjugational transfer of *Klebsiella pneumoniae* plasmid pIGRK.

International Journal of Molecular Sciences (2021) 22(10): 5152

DOI: 10.3390/ijms22105152

IF 5.923 (2020)

6195

HARAŃCZYK H., STRZAŁKA K., KUBAT K., ANDRZEJOWSKA A., OLECH M., JAKUBIEC D., KIJAK P., PALFNER G., CASANOVA-KATNY A.,

A comparative analysis of gaseous phase hydration properties of two lichenized fungi: *Niebla tigrina* (Follman) Rundel & Bowler from Atacama Desert and *Umbilicaria antarctica* Frey & I. M. Lamb from Robert Island, Southern Shetlands Archipelago, maritime Antarctica.

Extremophiles (2021) 25(3): 267-283

DOI: 10.1007/s00792-021-01227-y

IF 2.395 (2020)

6196

GRABOWSKI Ł., ŁEPEK K., STASIŁOJĆ M., KOSZNIK-KWAŚNICKA K., ZDROJEWSKA K., MACIĄG-DORSZYŃSKA M., WĘGRZYN G., WĘGRZYN A.,

Bacteriophage-encoded enzymes destroying bacterial cell membranes and walls, and their potential use as antimicrobial agents.

Microbiological Research (2021) 248: 126746

DOI: 10.1016/j.micres.2021.126746

IF 5.415 (2020)

6197

SZULC N., GAŚIOR-GŁOGOWSKA M., WOJCIECHOWSKI J.W., SZEFCZYK M., ŻAK A.M., BURDUKIEWICZ M., KOTULSKA M.,

Variability of amyloid propensity in imperfect repeats of CsgA protein of *Salmonella enterica* and *Escherichia coli*.

International Journal of Molecular Sciences (2021) 22(10): 5127

DOI: 10.3390/ijms22105127

IF 5.923 (2020)

6198

ORŁOWSKA M., STECZKIEWICZ K., MUSZEWSKA A.,

Utilization of cobalamin is ubiquitous in early-branching fungal phyla.

Genome Biology and Evolution (2021) 13(4): evab043

DOI: 10.1093/gbe/evab043

IF 3.416 (2020)

6199

KLIM J., ZIELENKIEWICZ U., SKONECZNY M., SKONECZNA A., KURLANDZKA A., KACZANOWSKI S.,

Genetic interaction network has a very limited impact on the evolutionary trajectories in continuous culture-grown populations of yeast.

BMC Ecology and Evolution (2021) 21(1): 99

DOI:10.1186/s12862-021-01830-9

IF -

6200

SHAHMORADI-GHAHE S., KOSICKI K., WOJEWÓDZKA M., MAJCHRZAK B.A., FOGTMAN A., IWANICKA-NOWICKA R., CIUBA A., KOBŁOWSKA M., KRUSZEWSKI M., TUDEK B., SPEINA E.,

Increased DNA repair capacity augments resistance of glioblastoma cells to photodynamic therapy.

DNA Repair (2021) 104: 103136

DOI: 10.1016/j.dnarep.2021.103136

IF 4.913 (2020)

6201

TUROWSKI T.W., BOGUTA M.,

Specific features of RNA polymerases I and III: structure and assembly.

Frontiers in Molecular Biosciences (2021) 8: 680090

DOI: 10.3389/fmolb.2021.680090

IF 5.246 (2020)

6202

SZULC N., BURDUKIEWICZ M., GAŚSIOR-GŁOGOWSKA M., WOJCIECHOWSKI J.W.,

CHILIMONIUK J., MACKIEWICZ P., SNEIDERIS T., SMIRNOVAS V., KOTULSKA M.,

Bioinformatics methods for identification of amyloidogenic peptides show robustness to misannotated training data.

Scientific Reports (2021) 11(1): 8934

DOI: 10.1038/s41598-021-86530-6

IF 4.380 (2020)

6203

FIGURA M., SITKIEWICZ E., ŚWIDERSKA B., MILANOWSKI Ł., SZLUFIK S.,

KOZIOROWSKI D., FRIEDMAN A.,

Proteomic profile of saliva in Parkinson's disease patients: a proof of concept study.

Brain Sciences (2021) 11(5): 661

DOI: 10.3390/brainsci11050661

IF 3.394 (2020)

6204

DETMAN A., BUCHA M., TREU L., CHOJNACKA A., PLEŚNIAK Ł., SALAMON A.,

ŁUPIKASZA E., GROMADKA R., GAWOR J., GROMADKA A., DRZEWICKI W., JAKUBIAK

M., JANIGA M., MATYASIK I., BŁASZCZYK M.K., ORION-JĘDRYSEK M., CAMPANARO S.,

SIKORA A.,

Evaluation of acidogenesis products' effect on biogas production performed with metagenomics and isotopic approaches.

Biotechnology for Biofuels (2021) 14(1): 125

DOI: 10.1186/s13068-021-01968-0

IF 6.040 (2020)

6205

MALABARBA J., MEENTS A.K., REICHELT M., SCHOLZ S.S., PEITER E., RACHOWKA J.,

KONOPKA-POSTUPOLSKA D., WILKINS K.A., DAVIES J.M., OELMÜLLER R., MITHÖFER

A.,

ANNEXIN1 mediates calcium-dependent systemic defense in Arabidopsis plants upon herbivory and wounding.

New Phytologist (2021) 231(1): 243-254

DOI: 10.1111/nph.17277

IF 10.151 (2020)

6206

JOACHIMIAK E., OSINKA A., FARAHAT H., ŚWIDERSKA B., SITKIEWICZ E., POPRZECZKO M., FABCZAK H., WŁOGA D.,

Composition and function of the C1b/C1f region in the ciliary central apparatus.

Scientific Reports (2021) 11(1): 11760

DOI: 10.1038/s41598-021-90996-9

IF 4.380 (2020)

6207

SZOPIŃSKA M., LUCZKIEWICZ A., JANKOWSKA K., FUDAŁA-KSIĄŻEK S., POTAPOWICZ J., KALINOWSKA A., BIALIK R.J., CHMIEL S., POLKOWSKA Ż.,

First evaluation of wastewater discharge influence on marine water contamination in the vicinity of Arctowski Station (Maritime Antarctica).

Science of the Total Environment (2021) 789: 147912

DOI: 10.1016/j.scitotenv.2021.147912

IF 7.963 (2020)

6208

LOPEZ-MENDEZ B., BARON B., BRAUTIGAM C.A., JOWITT T.A., KNAUER S.H., UEBEL S., WILLIAMS M.A., SEDIVY A., ABIAN O., ABREU C., ADAMCZYK M., BAL W., ET AL.

Reproducibility and accuracy of microscale thermophoresis in the NanoTemper Monolith: a multi laboratory benchmark study.

European Biophysics Journal with Biophysical Letters (2021) 50(3-4): 411-427

DOI: 10.1007/s00249-021-01532-6

IF 1.733 (2020)

6209

KAMIŃSKA J., STOPIŃSKI M., MUCHA K., PAC M., GOŁĘBIEWSKI M., NIEWCZAS M., PĄCZEK L., FORONCEWICZ B.,

Circulating osteoprotegerin in chronic kidney disease and all-cause mortality.

International Journal of General Medicine (2021) 14: 2413–2420

DOI: 10.2147/IJGM.S302251

IF 2.466 (2020)

6210

NARCZYK M., MIODUSZEWSKI Ł., OKSIEJUK A., WINIEWSKA-SZAJEWSKA M., WIELGUS-KUTROWSKA B., GOJDŹ A., CIEŚLA J., BZOWSKA A.,

Single tryptophan Y160W mutant of homooligomeric E. coli purine nucleoside phosphorylase implies that dimers forming the hexamer are functionally not equivalent.

Scientific Reports (2021) 11: 11144

DOI: 10.1038/s41598-021-90472-4

IF 4.380 (2020)

6211

WINIEWSKA-SZAJEWSKA M., MACIEJEWSKA A.M., SPEINA E., POZNAŃSKI J., PAPROCKI D.,

Synthesis of novel halogenated heterocycles based on o-phenylenediamine and their interactions with the catalytic subunit of protein kinase ck2.

Molecules (2021) 26(11): 3136

DOI: 10.3390/molecules26113163

IF 4.411 (2020)

6212

MOSZCZUK B., KIRYLUK K., PĄCZEK L., MUCHA K.,
Membranous nephropathy: from research bench to personalized care.

Journal of Clinical Medicine (2021)10(6): 1205

DOI: 10.3390/jcm10061205

IF 4.241 (2020)

6213

BOCHTLER M.,

Distinction between self and non-self in restriction modification: The mysterious case of type IIL enzymes.

Structure (2021) 29(6): 512-514

DOI: 10.1016/j.str.2021.05.007

IF 5.006 (2020)

6214

FRĄCZYK T.,

Phosphorylation impacts Cu(II) binding by ATCUN motifs.

Inorganic Chemistry (2021) 60(12): 8447-8450

DOI: 10.1021/acs.inorgchem.1c00939

IF 5.165 (2020)

6215

TRUSZEWSKA A., WIRKOWSKA A., GALA K., TRUSZEWSKI P., KRZEMIEN-OJAK Ł.,
MUCHA K., PĄCZEK L., FORONCEWICZ B.,

EBV load is associated with cfDNA fragmentation and renal damage in SLE patients.

Lupus (2021) 30(8): 1214-1225

DOI: 10.1177/09612033211010339

IF 2.911 (2020)

6216

CIEŚLIK M., BAGIŃSKA N., JOŃCZYK-MATYSIAK E., WĘGRZYN A., WĘGRZYN G.,
GÓRSKI A.,

Temperate bacteriophages - the powerful indirect modulators of eukaryotic cells and immune functions.

Viruses (2021) 13(6): 1013 (17p.)

DOI: 10.3390/v13061013

IF 5.048 (2020)

6217

RUDZIŃSKA I., CIEŚLA M., TUROWSKI T., ARMATOWSKA A., LEŚNIEWSKA E., BOGUTA
M.,

Reprogramming mRNA expression in response to defect in RNA polymerase III assembly in the yeast *Saccharomyces cerevisiae*.

International Journal of Molecular Sciences (2021) 22(14): 7298 (15 p.)

DOI: 10.3390/ijms22147298

IF 5.923 (2020)

6218

JANKOWSKA U., SKUPIEŃ-RABIAN B., ŚWIDERSKA B., PRUS G., DZIEDZICKA-WASYLEWSKA M., KĘDRACKA-KROK S.,

Proteome analysis of PC12 cells reveals alterations in translation regulation and actin signaling induced by clozapine.

Neurochemical Research (2021) 46(8): 2097-2111

DOI: 10.1007/s11064-021-03348-4

IF 3.996 (2020)

6219

BLICHARZ S., BEEMSTER G.T.S., RAGNI L., DE DIEGO N., SPICHAL L., HERNANDIZ A.E., MARCZAK Ł., OLSZAK M., PERLIKOWSKI D., KOSMAŁA A., MALINOWSKI R.,

Phloem exudate metabolic content reflects the response to water-deficit stress in pea plants (*Pisum sativum* L.).

Plant Journal (2021) 106(5): 1338-1365

DOI: 10.1111/tjp.15240

IF 6.417 (2020)

6220

PRASANNA M., PODSIADŁA-BIAŁOSKÓRSKA M., MIELECKI D., RUFFIER N., FATEH A., LAMBERT A., FENUÉL M., CAMBERLEIN E., SZOŁAJSKA E., GRANDJEAN C.,

On the use of adenovirus dodecahedron as a carrier for glycoconjugate vaccines.

Glycoconjugate Journal (2021) 38(4): 437-446

DOI: 10.1007/s10719-021-09999-3

IF 2.916 (2020)

6221

BUKSA K., KOWALCZYK M., BORECZEK J.,

Extraction, purification and characterisation of exopolysaccharides produced by newly isolated lactic acid bacteria strains and the examination of their influence on resistant starch formation.

Food Chemistry (2021) 362: 130221 (10p.)

DOI: 10.1016/j.foodchem.2021.130221

IF 7.514 (2020)

6222

DIETRICH M.A., JUDYCKA S., ŻARSKI D., MALINOWSKA A., ŚWIDERSKA B., PALIŃSKA-ŻARSKA K., BŁAŻEJEWSKI M., CIERESZKO A.,

Proteomic analysis of pikeperch seminal plasma provides novel insight into the testicular development of domesticated fish stocks.

Animal (2021) 15(7): 100279 (13p.)

DOI: 10.1016/j.animal.2021.100279

IF 3.240 (2020)

6223

GARBICZ D., PILŻYS T., WIŚNIEWSKI I., GRZESIUŁ M., CYLKE R., KOSIERADZKI M., GRZESIUŁ E., PIWOWARSKI J., MARCINKOWSKI M., LISIK W.,

Replacing centrifugation with mixing in urine analysis enriches protein pool in the urine samples.

Analytical Biochemistry (2021) 628: 114284 (9p.)

DOI: 10.1016/j.ab.2021.114284

IF 3.365 (2020)

6224

BEDNARSKA-SZCZEPANIAK K., MIECZKOWSKI A., KIEROZALSKA A., PAVLOVIĆ SAFTIĆ D., GŁĄBAŁA K., PRZYGODZKI T., STAŃCZYK L., KAROLCZAK K., WATAŁA C., RAO H., GAO Z.G., JACOBSON K.A., LEŚNIKOWSKI Z.J.,

Synthesis and evaluation of adenosine derivatives as A1, A2A, A2B and A3 adenosine receptor ligands containing boron clusters as phenyl isosteres and selective A3 agonists.

European Journal of Medicinal Chemistry (2021) 223: 113607 (24p.)

DOI: 10.1016/j.ejmech.2021.113607

IF 6.514 (2020)

6225

BARCHIESI A., BAZZANI V., JABCZYŃSKA A., BOROWSKI Ł.S., OELJEKLAUS S., WARSCHIED B., CHACIŃSKA A., SZCZĘSNY R.J., VASCOTTO C.,

DNA repair protein APE1 degrades dysfunctional abasic mRNA in mitochondria affecting oxidative phosphorylation.

Journal of Molecular Biology (2021) 443(18): 167125 (21p.)

DOI: 10.1016/j.jmb.2021.167125

IF 5.469 (2020)

6226

DETMAN A., LAUBITZ D., CHOJNACKA A., KIELA P.R., SALAMON A., BARBERAN A., CHEN Y., YANG F., BŁASZCZYK M.K., SIKORA A.,

Dynamics of dark fermentation microbial communities in the light of lactate and butyrate production.

Microbiome (2021) 9(1): 158 (21p.)

DOI: 10.1186/s40168-021-01105-x

IF 14.650 (2020)

6227

ŁOBOCKA M., GAĞAŁA U.,

Prophage P1: an example of a prophage that is maintained as a plasmid.

Chapter in: **Bacteriophages**, Springer. Ed. D.R. Harper, S.T. Abedon, B.H. Burrowes, M.L. McConville; online ISBN 978-3-319-40598-8, 2021 (13 p.)

DOI: 10.1007/978-3-319-40598-8_54-1

6228

ŚLADOWSKA M., TUREK M., KIM M-J., DRABIKOWSKI K., MUSSULINI B.H.M., MOHANRAJ K., SERWA R.A., TOPF U., CHACIŃSKA A.,

Proteasome activity contributes to pro-survival response upon mild mitochondrial stress in *Caenorhabditis elegans*.

Plos Biology (2021) 19(7): e3001302 (32 p.)

DOI: 10.1371/journal.pbio.3001302

IF 8.029 (2020)

6229

WIERZBICKI A.T., BLEVINS T., ŚWIEŻEWSKI S.,

Long noncoding RNAs in plants.

Annual Review of Plant Biology (2021) 72: 245 - 271

DOI: 10.1146/annurev-arplant-093020-035446

IF 26.379 (2020)

6230

DALLNER G., BENTINGER M., HUSSAIN S., SINHA I., YANG J., SCHWANK-XU C., ZHENG X., ŚWIEŻEWSKA E., BRISMAR K., VALLADOLID-ACEBES I., TEKLE M.,
Dehydro-tocotrienol-counteracts oxidative-stress-induced diabetes complications in *db/db* mice.

Antioxidants (2021) 10(7): 1070 (20 p.)

DOI: 10.3390/antiox10071070

IF 6.312 (2020)

6231

BERTHOLD-PLUTA A., GARBOWSKA M., STEFAŃSKA I., STASIAK-RÓŻAŃSKA L.,
ALEKSANDRZAK-PIEKARCZYK T., PLUTA A.,

Microbiological quality of nuts, dried and candied fruits, including the prevalence of *Cronobacter* spp.

Pathogens (2021) 10: 900 (13 p.)

DOI: 10.3390/pathogens10070900

IF 3.492 (2020)

6232

ROJEK J., TUCKER M.R., RYCHŁOWSKI M., NOWAKOWSKA J., GUTKOWSKA M.,
The Rab Geranylgeranyl Transferase beta subunit is essential for embryo and seed development
in *Arabidopsis thaliana*.

International Journal of Molecular Sciences (2021) 22(15): 7907 (26 p.)

DOI: 10.3390/ijms22157907

IF 5.923 (2020)

6233

JEDYNAK-SLYVKA M., JABCZYŃSKA A., SZCZĘSNY R.J.,
Human mitochondrial RNA processing and modifications: overview.

International Journal of Molecular Sciences (2021) 22(15): 7999 (23 p.)

DOI: 10.3390/ijms22157999

IF 5.923 (2020)

6234

MODRZEJEWSKA M., KAWAŁEK A., BARTOSIK A.A.,
The LysR-type transcriptional regulator BsrA (PA2121) controls vital metabolic pathways
in *Pseudomonas aeruginosa*.

mSystems (2021) 6(4): e0001521 (19 p.)

DOI: 10.1128/mSystems.00015-21

IF 6.496 (2020)

6235

STEFANOWICZ K., SZYMAŃSKA-CHARGOT M., TRUMAN W., WALEROWSKI P., OLSZAK
M., AUGUSTYNIAK A., KOSMALA A., ZDUNEK A., MALINOWSKI R.,
Plasmodiophora brassicae-triggered cell enlargement and loss of cellular integrity in root systems are
mediated by pectin demethylation.

Frontiers in Plant Science (2021) 12: 711838 (15 p.)

DOI: 10.3389/fpls.2021.711838

IF 5.753 (2020)

6236

SIKORA M., KISS N., STEC A., GIEBUŁTOWICZ J., SAMBOROWSKA E., JAŻWIEC R., DADLEZ M., OLSZEWSKA M., RUDNICKA L.,
Trimethylamine *N*-Oxide, a gut microbiota-derived metabolite, is associated with cardiovascular risk in Psoriasis: a cross-sectional pilot study.

Dermatology and Therapy (2021) 11(4): 1277-1289

DOI: 10.1007/s13555-021-00547-3

IF 3.264 (2020)

6237

TUREK M., BANASIAK K., PIECHOTA M., SHANMUGAM N., MACIAS M., ŚLIWIŃSKA M.A., NIKLEWICZ M., KOWALSKI K., NOWAK N., CHACIŃSKA A., POKRZYWA W.,
Muscle-derived exophers promote reproductive fitness.

EMBO Reports (2021) 22(8): e5207 (13 p.)

DOI: 10.15252/embr.202052071

IF 8.807 (2020)

6238

JAROŃCZYK K., SOSNOWSKA K., ZABOROWSKI A., PUPEL P., BUCHOLC M., MAŁECKA E., SIWIRYKOW N., STACHULA P., IWANICKA-NOWICKA R., KOBLOWSKA M., JERZMANOWSKI A., ARCHACKI R.,
Bromodomain-containing subunits BRD1, BRD2, and BRD13 are required for proper functioning of SWI/SNF complexes in *Arabidopsis*.

Plant Communications (2021) 2(4): 100174 (15 p.)

DOI: 10.1016/j.xplc.2021.100174

IF -

6239

ZIELNIOK K., BURDZIŃSKA A., PIENKOWSKI V.M., KOPPOLU A., RYDZANICZ M., ZAGOŹDŻON R., PĄCZEK L.,
Gene expression profile of human mesenchymal stromal cells exposed to hypoxic and pseudohypoxic preconditioning—an analysis by RNA sequencing.

International Journal of Molecular Sciences (2021) 22(15): 8160 (25 p.)

DOI: 10.3390/ijms22158160

IF 5.923 (2020)

6240

WALKER P.J., SIDDELL S.G., LEFKOWITZ E.J., MUSHEGIAN A.R., ADRIAENSSENS E.M., ALFENAS-ZERBINI P., DAVISON A.J., DEMPSEY D.M., DUTILH B.E., GARCIA M.L., HARRACH B., HARRISON R.L., HENDRICKSON R.C. JUNGLEN S., KNOWLES N.J., KRUPOVIC M., KUHN J.H., LAMBERT A.J., ŁOBOCKA M., ET AL.

Changes to virus taxonomy and to the International Code of Virus Classification and Nomenclature ratified by the International Committee on Taxonomy of Viruses (2021).

Archives of Virology (2021) 166(9): 2633-2648

DOI: 10.1007/s00705-021-05156-1

IF 2.574 (2020)

6241

KONOPELSKI P., KONOP M., PERLEJEWSKI K., BUKOWSKA-OSKO I., RADKOWSKI M., ONYSZKIEWICZ M., JAWORSKA K., MOGILNICKA I., SAMBOROWSKA E., UFNAL M.,
Genetically determined hypertensive phenotype affects gut microbiota composition, but not vice versa.

Journal of Hypertension (2021) 39(9): 1790-1799

DOI: 10.1097/HJH.0000000000002864

IF 4.844 (2020)

6242

JANCEWICZ I., SZARKOWSKA J., KONOPÍŃSKI R., STACHOWIAK M., ŚWIĄTEK M., BŁACHNIO K., KUBALA S., OKSIŃSKA P., ĆWIEK P., RUSETSKA N., TUPALSKA A., ZEBER-LUBECKA N., GRABOWSKA E., ŚWIDERSKA B., MALINOWSKA A., MIKUŁA M., JAGIELSKA B., WALEWSKI J., SIEDLECKI J.A., SARNOWSKI T.J., MARKOWICZ S., SARNOWSKA E.,

PD-L1 overexpression, SWI/SNF complex deregulation, and profound transcriptomic changes characterize cancer-dependent exhaustion of persistently activated CD4⁺ T cells.

Cancers (2021) 13(16): 4148 (21 p.)

DOI: 10.3390/cancers13164148

IF 6.639 (2020)

6243

BYSTRANOWSKA D., SKORUPSKA A., SOŁTYS K., PADJASEK M., KRĘŻEL A., ŻAK A., KAUS-DROBEK M., TAUBE M., KOZAK M., OŻYHAR A.,

Nucleobindin-2 consists of two structural components: The Zn²⁺-sensitive N-terminal half, consisting of nesfatin-1 and -2, and the Ca²⁺-sensitive C-terminal half, consisting of nesfatin-3.

Computational And Structural Biotechnology Journal (2021) 19: 4300-4318

DOI: 10.1016/j.csbj.2021.07.036

IF 7.271 (2020)

6244

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

Assessment of internal radiation exposure to Antarctic biota due to selected natural radionuclides in terrestrial and marine environment.

Journal Of Environmental Radioactivity (2021) 237: 106713 (9 p.)

DOI: 10.1016/j.jenvrad.2021.106713

IF 2.674 (2020)

6245

CHRISTENSEN L.F.B., ALIJANVAND S.H., BURDUKIEWICZ M., HERBST F-A., KJELDAL H., DUEHOLM M.S., OTZEN D.E.,

Identification of amyloidogenic proteins in the microbiomes of a rat Parkinson's disease model and wild-type rats.

Protein Science (2021) 30(9): 1854-1870

DOI: 10.1002/pro.4137

IF 6.725 (2020)

6246

MASZKOWSKA J., SZYMAŃSKA K.P., KASZTELAN A., KRZYWIŃSKA E., SZTATELMAN O., DOBROWOLSKA G.,

The multifaceted regulation of SnRK2 kinases.

Cells (2021) 10(9): 2180 (23 p.)

DOI: 10.3390/cells10092180

IF 6.600 (2020)

6247

SYNORADZKI K.J., BARTNIK E., CZARNECKA A.M., FIEDOROWICZ M., FIRLEJ W., BRODZIAK A., STASIŃSKA A., RUTKOWSKI P., GRIEB P.,

TP53 in biology and treatment of osteosarcoma.

Cancers (2021) 13(17): 4284 (24 p.)

DOI: 10.3390/cancers13174284

IF 6.639 (2020)

6248

BIESZCZAD B., GARBICZ D., ŚWITALSKA M., DUDEK M.K., WARSZYCKI D., WIETRZYK J., GRZESIUŁ E., MIECZKOWSKI A.,

Improved HDAC inhibition, stronger cytotoxic effect and higher selectivity against leukemias and lymphomas of novel, tricyclic Vorinostat analogues.

Pharmaceuticals (2021) 14(9): 851 (17 p.)

DOI: 10.3390/ph14090851

IF 5.863 (2020)

6249

PODLACHA M., GRABOWSKI Ł., KOSZNIK-KWAŚNICKA K., ZDROJEWSKA K., STASIŁOJĆ M., WĘGRZYN G., WĘGRZYN A.,

Interactions of bacteriophages with animal and human organisms—safety issues in the light of phage therapy.

International Journal of Molecular Sciences (2021) 22(16): 8937 (40 p.)

DOI: 10.3390/ijms22168937

IF 5.923 (2020)

6250

TUDEK A., KRAWCZYK P.S., MROCZEK S., TOMECKI R., TURTOŁA M., MATYLLA-KUŁIŃSKA K., JENSEN T.H., DZIEMBOWSKI A.,

Global view on the metabolism of RNA poly(A) tails in yeast *Saccharomyces cerevisiae*.

Nature Communications (2021) 12(1): 4951 (14 p.)

DOI: 10.1038/s41467-021-25251-w

IF 14.919 (2020)

6251

MOYSA A., STECZKIEWICZ K., NIEDZIAŁEK D., HAMMERSCHMID D., ZHUKOVA L., SOBOTT F., DADLEZ M.,

A model of full-length RAGE in complex with S100B.

Structure (2021) 29(9): 989-1002

DOI: 10.1016/j.str.2021.04.002

IF 5.006 (2020)

6252

TURTOŁA M., MANAV M.C., KUMAR A., TUDEK A., MROCZEK S., KRAWCZYK P.S., DZIEMBOWSKI A., SCHMID M., PASSMORE L.A., CASAÑAL A., JENSEN T.H.,

Three-layered control of mRNA poly(A) tail synthesis in *Saccharomyces cerevisiae*.

Genes & Development (2021) 35(17-18): 1290-1303

DOI: 10.1101/gad.348634.121

IF 11.361 (2020)

6253

ROŻEK W., KWAŚNIK M., MALINOWSKA A., STASIAK K., LARSKA M., ROLA J.,
Proteomic analysis of the secretome of equine herpesvirus-1 infected rabbit kidney cells.

Research in Veterinary Science (2021) 140: 134-141

DOI: 10.1016/j.rvsc.2021.08.014

IF 2.534 (2020)

6254

SZYMAŃSKI M., RUSETSKA N., JANCEWICZ I., ARMATOWSKA A., LIGAJ M., CHRZAN A., HINCZA K., KOWALIK A., MIKA P., KISIEL M., ŻOŁNIEREK J., KOSIOR J., DEMKOW T., SIEDLECKI J.A., SARNOWSKI T.J., SARNOWSKA E.,

Succinate dehydrogenase-deficient renal cancer featuring fructose-1,6-biphosphatase loss, pyruvate kinase M2 overexpression, and SWI/SNF chromatin remodeling complex aberrations: a rare case report.

Oncologist (2021) 26(9): e1652-e1655

DOI: 10.1002/onco.13825

IF 5.550 (2020)

6255

DRABIŃSKA J., STECZKIEWICZ K., KUJAWA M., KRASZEWSKA E.,

Searching for biological function of the mysterious PA2504 protein from *Pseudomonas aeruginosa*.

International Journal of Molecular Sciences (2021) 22(18): 9833 (18 p.)

DOI: 10.3390/ijms22189833

IF 5.923 (2020)

6256

CHABIOR A., GĄSECKA A., MARCHEL M., GOZDOWSKA R., MAKOWSKA A., MACIAK K., GÓRA M., FILIPIAK K.J., BURZYŃSKA B., OPOLSKI G.,

Expression of versican mRNA transcript to predict cardiac remodeling after myocardial infarction.

Kardiologia Polska (2021) 79 (7-8): 833-840

DOI: 10.33963/KP.a2021.0042

IF 3.108 (2020)

6257

SYNEK L., PLESKOT R., SEKEREŠ J., SERRANO N., VUKAŠINOVIĆ N., ORTMANNOVÁ J., KLEJCHOVÁ M., PEJCHAR P., BATYSTOVÁ K., GUTKOWSKA M., JANKOVÁ-DRDOVÁ J., MARKOVIĆ V., PEČENKOVÁ T., SANTRUČEK J., ŽARSKÝ V., POTOCKÝ M.,

Plasma membrane phospholipid signature recruits the plant exocyst complex via the EXO70A1 subunit.

Proceedings of the National Academy of Sciences USA (2021) 118(36): e2105287118 (12 p.)

DOI: 10.1073/pnas.2105287118

IF 11.205 (2020)

6258

SOSNOWSKA M., KUTWIN M., STROJNY B., WIERZBICKI M., CYSEWSKI D.,

SZCZEPANIAK J., FICEK M., KOCZOŃ P., JAWORSKI S., CHWALIBOG A., SAWOSZ E.,

Diamond nanofilm normalizes proliferation and metabolism in liver cancer cells.

Nanotechnology Science and Applications (2021) 14: 115-137

DOI: 10.2147/NSA.S322766

IF -

6259

GRZESIAK J., WOLTYŃSKA A., ZDANOWSKI M.K., GÓRNIAK D., ŚWIĄTECKI A., OLECH M.A., ALEKSANDRZAK-PIEKARCZYK T.,

Metabolic fingerprinting of the Antarctic cyanolichen *Leptogium puberulum*–associated bacterial community (Western Shore of Admiralty Bay, King George Island, Maritime Antarctica).

Microbial Ecology (2021) 82(3): 818-829

DOI: 10.1007/s00248-021-01701-2

IF 4.552 (2020)

6260

HOJKA-OSIŃSKA A., CHLEBOWSKI A., GROCHOWSKA J., OWCZAREK E.P., AFFEK K., KŁOSOWSKA-KOSICKA K., SZCZĘSNY R.J., DZIEMBOWSKI A.,

Landscape of functional interactions of human processive ribonucleases revealed by high-throughput siRNA screenings.

iScience (2021) 24(9): 103036 (31 p.)

DOI: 10.1016/j.isci.2021.103036

IF 5.458 (2020)

6261

MUCHA O., PODKALICKA P., KAZIRÓD K., SAMBOROWSKA E., DULAK J., ŁOBODA A., Simvastatin does not alleviate muscle pathology in a mouse model of Duchenne muscular dystrophy.

Skeletal Muscle (2021) 11(1): 21 (16 p.)

DOI: 10.1186/s13395-021-00276-3

IF 4.912 (2020)

6262

ŁABUZ J., SZTATELMAN O., JAGIEŁŁO-FLASIŃSKA D., HERMANOWICZ P., BAŻANT A., BANAŚ A.K., BARTNICKI F., GIZA A., KOZŁOWSKA A., LASOK H., SITKIEWICZ E., KRZESZOWIEC W., GABRYŚ H., STRZAŁKA W.,

Phototropin interactions with SUMO proteins.

Plant and Cell Physiology (2021) 62(4): 693-707

DOI: 10.1093/pcp/pcab027

IF 4.927 (2020)

6263

BOCHEŃSKA K., MOSKOT M., SMOLIŃSKA-FIJOŁEK E., JAKÓBKIEWICZ-BANECKA J., SZCZERKOWSKA-DOBOSZ A., SŁOMIŃSKI B., GABIG-CIMIŃSKA M.,

Impact of isoflavone genistein on psoriasis in in vivo and in vitro investigations.

Scientific Reports (2021) 11(1): 18297

DOI: 10.1038/s41598-021-97793-4

IF 4.380 (2020)

6264

NECEL A., BLOCH S., NEJMAN-FALEŃCZYK B., DYDECKA A., TOPKA-BIELECKA G., WĘGRZYN A., WĘGRZYN G.,

A validation system for selection of bacteriophages against Shiga toxin-producing *Escherichia coli* contamination.

Toxins (2021) 13(9): 664 (14 p.)

DOI: 10.3390/toxins13090644

IF 4.546 (2020)

6265

TKACHUK Z., MELNICHUK N., NIKOLAIEV R.O., SZUTKOWSKI K., ZHUKOV I.,

The natural oligoribonucleotides functionalized by D-mannitol affected interactions of hemagglutinin with glycan receptor indicating anti-influenza activity.

Membranes (2021) 11(10): 757 (13 p.)

DOI: 10.3390/membranes11100757

IF 4.106 (2020)

6266

VAISMAN A., ŁAZOWSKI K., REIJNS M.A.M., WALSH E., MCDONALD J.P., MORENO K.C., QUIROS D.R., SCHMIDT M., KRANZ H., YANG W., MAKIEŁA-DZBEŃSKA K., WOODGATE R.,

Novel *Escherichia coli* active site dnaE alleles with altered base and sugar selectivity.

Molecular Microbiology (2021) 116(3): 909-925

DOI: 10.1111/mmi.14779

IF 3.501 (2020)

6267

CHRABASZCZEWSKA M., WINIEWSKA-SZAJEWSKA M., OSTROWSKA N., BOJARSKA E., STĘPIŃSKI J., MANCEWICZ Ł., ŁUKASZEWICZ M., TRYLSKA J., TAUBE M., KOZAK M., DARŻYNKIEWICZ E., GRZELA R.,

Insight into the binding and hydrolytic preferences of hNudt16 based on nucleotide diphosphate substrates.

International Journal of Molecular Sciences (2021) 22(20): 10929 (22 p.)

DOI: 10.3390/ijms222010929

IF 5.923 (2020)

6268

HEROK M., WAWRZYNÓW B., MAŁUSZEK M.J., OLSZEWSKI M.B., ŻYLICZ A., ŻYLICZ M., Chemotherapy of HER2-and MDM2-enriched breast cancer subtypes induces homologous recombination DNA repair and chemoresistance.

Cancers (2021) 13(18): 4501 (20 p.)

DOI: 10.3390/cancers13184501

IF 6.639 (2020)

6269

MARCINKOWSKI M., PILŹYS T., GARBICZ D., PIWOWARSKI J., PRZYGOŃSKA K., WINIEWSKA-SZAJEWSKA M., FERENC K., SKOROBOGATOV O., POZNAŃSKI J., GRZESIUŁ E.,

Calmodulin as Ca²⁺-dependent interactor of FTO dioxygenase.

International Journal of Molecular Sciences (2021) 22(19): 10869 (18 p.)

DOI: 10.3390/ijms221910869

IF 5.923 (2020)

6270

WOJTYŚ M.I., JAŻWIEC R., KAZAŻIĆ S., AŠLER I.L., KNEŽEVIĆ P., SABO V.A., LUIĆ M., JAGUSZTYN-KRYNICKA E.K., BZOWSKA A.,

A comprehensive method for determining cellular uptake of purine nucleoside phosphorylase and adenylosuccinate synthetase inhibitors by *H. pylori*.

Applied Microbiology and Biotechnology (2021) 105(20): 7949-7967

DOI: 10.1007/s00253-021-11510-9

IF 4.813 (2020)

6271

BOJARSKA J., MIECZKOWSKI A., ZIORA Z., SKWARCZYŃSKI M., TOTH I., SHALASH A.O., PARANG K., EL-MOWAFI S.A., MOHAMMED E.H.M., ELNAGDY S., ALKHAZINDAR M., WOLF W.M.,

Cyclic dipeptides: the biological and structural landscape with special focus on the anti-cancer proline-based scaffold.

Biomolecules (2021) 11(10): 1515 (66)

DOI: 10.3390/biom11101515

IF 4.879 (2020)

6272

KOMIAŻYK M., WALORY J., GAWOR J., KSIĄŻEK I., GROMADKA R., BARANIAK A.,
Case report of COVID-19 after full vaccination: viral loads and anti-Sars-Cov-2 antibodies.

Diagnostics (2021) 11(10): 1815 (6 p.)

DOI: 10.3390/diagnostics11101815

IF 3.706 (2020)

6273

KRUPOVIC M., TURNER D., MOROZOVA V., ŁOBOCKA M., ET AL.

Bacterial Viruses Subcommittee and Archaeal Viruses Subcommittee of the ICTV: update of taxonomy changes in 2021.

Archives of Virology (2021) 166(11): 3239 - 3244

DOI: 10.1007/s00705-021-05205-9

IF 2.574 (2020)

6274

KONWERSKI M., GROMADKA A., ARENDARCZYK A., KOBLOWSKA M., IWANICKA-NOWICKA R., WILIMSKI R., CZUB P., FILIPIAK K.J., HENDZEL P., ZIELENKIEWICZ P., OPOLSKI G., GAŚECKA A., MAZUREK T.,

Atherosclerosis pathways are activated in pericoronary adipose tissue of patients with coronary artery disease.

Journal of Inflammation Research (2021) 14: 5419-5431

DOI: 10.2147/JIR.S326769

IF 6.922 (2020)

6275

RAKHMETULLINA A., ZIELENKIEWICZ P., PYRKOVA A., UTEULIN K., IVASHCHENKO A.,
Prediction of characteristics of interactions of miRNA with mRNA of GRAS, ERF, C2H2 genes of *A. thaliana*, *O. sativa* and *Z. mays*.

Current Plant Biology (2021) 28: 100224 (10 p.)

DOI: 10.1016/j.cpb.2021.100224

IF - (2020)

6276

JAROSZEWICZ W., BIELAŃSKA P., LUBOMSKA D., KOSZNIK-KWAŚNICKA K., GOLEC P., GRABOWSKI Ł., WIECZERZAK E., DRÓŻDŻ W., GAFFKE L., PIERZYNOWSKA K., WĘGRZYN G., WĘGRZYN A.,

Antibacterial, antifungal and anticancer activities of compounds produced by newly isolated *Streptomyces* strains from the Szczelina Chocholowska Cave (Tatra Mountains, Poland).

Antibiotics (2021) 10(10): 1212 (19 p.)

DOI: 10.3390/antibiotics10101212

IF 4.639 (2020)

6277

JASIECKI J., SZCZOCZARZ A., CYSEWSKI D., LEWANDOWSKI K., SKOWRON P., WALERON K., WASĄG B.,

Butyrylcholinesterase-protein interactions in human serum.

International Journal of Molecular Sciences (2021) 22(19): 10662 (14 p.)

DOI: 10.3390/ijms221910662

IF 5.924 (2020)

6278

ASARO A., SINHA R., BAKUN M., KALNYTSKA O., CARLO-SPIEWOK A-S., RUBEL T., ROZEBOOM A., DADLEZ M., KAMIŃSKA B., ARONICA E., MALIK A.R., WILLNOW T.E., ApoE4 disrupts interaction of sortilin with fatty acid-binding protein 7 essential to promote lipid signaling.

Journal of Cell Science (2021) 134(20): jcs258894 (12 p.)

DOI: 10.1242/jcs.258894

IF 5.285 (2020)

6279

BOCHEŃSKA K., MOSKOT M., GABIG-CIMIŃSKA M.,

Use of cytokine mix-, imiquimod-, and serum-induced monoculture and lipopolysaccharide-and interferon gamma-treated co-culture to establish in vitro psoriasis-like inflammation models.

Cells (2021) 10(11): 2985 (19 p.)

DOI: 10.3390/cells10112985

IF 6.600 (2020)

6280

KOŁAKOWSKI D., RZEPNIKOWSKA W., KANIAK-GOLIK A., ŻOŁĄDEK T., KAMIŃSKA J., The GTPase Arf1 is a determinant of yeast Vps13 localization to the Golgi apparatus.

International Journal of Molecular Sciences (2021) 22(22): 12274 (21 p.)

DOI: 10.3390/ijms222212274

IF 5.924 (2020)

6281

GIELNIK M., TAUBE M., ZHUKOVA L., ZHUKOV I., WÄRMLÄNDER S.K.T.S., SVEDRUŽIĆ Ž., KWIATEK W.M., GRÄSLUND A., KOZAK M.,

Zn(II) binding causes interdomain changes in the structure and flexibility of the human prion protein.

Scientific Reports (2021) 11(1): 21703 (15 p.)

DOI: 10.1038/s41598-021-00495-0

IF 4.380 (2020)

6282

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

Ternary Cu²⁺ complexes of human serum albumin and glycyl-l-histidyl-l-lysine.

Inorganic Chemistry (2021) 60(22): 16927–16931

DOI: 10.1021/acs.inorgchem.1c03084

IF 5.165 (2020)

6283

PAC M., KRATA N., MOSZCZUK B., WYCZAŁKOWSKA-TOMASIK A., KALETA B., FORONCEWICZ B., RUDNICKI W., PĄCZEK L., MUCHA K.,

NR3C1 glucocorticoid receptor gene polymorphisms are associated with membranous and IgA nephropathies.

Cells (2021) 10(11): 3186 (19 p.)

DOI: 10.3390/cells10113186

IF 6.600 (2020)

6284

MAJOR J., FORONCEWICZ B., SZAFLIK J.P., MUCHA K.,

Immunology and donor-specific antibodies in corneal transplantation.

Archivum Immunologiae et Therapiae Experimentalis (2021) 69(1): 32 (10 p.)

DOI: 10.1007/s00005-021-00636-3

IF 4.291 (2020)

6285

KOZIEŁ E., SUROWIECKI P., PRZEWODOWSKA A., BUJARSKI J.J., OTULAK-KOZIEŁ K.,
Modulation of expression of PVY^{NTN} RNA-dependent rna polymerase (NIb) and heat shock cognate
host protein HSC70 in susceptible and hypersensitive potato cultivars.

Vaccines (2021) 9(11): 1254 (27 p.)

DOI: 10.3390/vaccines9111254

IF 4.422 (2020)

6286

TYMOSZEWSKA A., OVCHINNIKOV K.V., DIEP D.B., SŁODOWNIK M., MARON E.,
MARTINEZ B., ALEKSANDRZAK-PIEKARCZYK T.,

Lactococcus lactis resistance to aureocin A53- and enterocin L50-like bacteriocins and membrane-
targeting peptide antibiotics relies on the YsaCB-KinG-LlrG four-component system.

Antimicrobial Agents and Chemotherapy (2021) 65(12): e0092121 (19 p.)

DOI: 10.1128/AAC.00921-21

IF 5.191 (2020)

6287

PAWŁOWSKI P.H.,

The codon usage in the minimal natural cell.

Origins of Life and Evolution of Biospheres (2021) 51(3): 215 - 230

DOI: 10.1007/s11084-021-09616-1

IF 1.950 (2020)

6288

LISOWSKA-MYJAK B., ZBOROWSKA H., JAŻWIEC R., KARLIŃSKA M., SKARŻYŃSKA E.,
Serum indoxyl sulphate and its relation to albumin and α 1-acid glycoprotein as a potential biomarkers
of maternal intestinal metabolism during pregnancy and postpartum.

PLOS ONE (2021) 16(11): e0259501 (10 p.)

DOI: 10.1371/journal.pone.0259501

IF 3.240 (2020)

6289

DYMOWSKA M., AKSAMIT A., ZIELNIOK K., KNIOTEK M., KALETA B., ROSZCZYK A.,
ZYCH M., DĄBROWSKI F., PĄCZEK L., BURDZIŃSKA A.,

Interaction between macrophages and human mesenchymal stromal cells derived from bone marrow
and Wharton's jelly—a comparative study.

Pharmaceutics (2021) 13(11): 1822 (24 p.)

DOI: 10.3390/pharmaceutics13111822

IF 6.321 (2020)

6290

WYRĘBEK J., MOLCAN T., MYSZCZYŃSKI K., VAN DIEPENINGEN A.D., STAKHEEV A.A.,
ŻELECHOWSKI M., BILSKA K., KULIK T.,

Uncovering diagnostic value of mitogenome for identification of cryptic species *Fusarium*
graminearum sensu stricto.

Frontiers in Microbiology (2021) 12: 714651 (11 p.)

DOI: 10.3389/fmicb.2021.714651

IF 5.640 (2020)

6291

GALERA H., ZNÓJ A., CHWEDORZEWSKA K.J., WÓDKIEWICZ M.,
Evaluation of factors influencing the eradication of annual bluegrass (*Poa annua* L.) from Point
Thomas Oasis, King George Island, Maritime Antarctica.

Polar Biology (2021) 44(12): 2255-2268

DOI: 10.1007/s00300-021-02941-1

IF 2.310 (2020)

6292

UFNALSKA I., DREW S.C., ZHUKOV I., SZUTKOWSKI K., WAWRZYNIAK U.E.,
WRÓBLEWSKI W., FRĄCZYK T., BAL W.,
Intermediate Cu(II)-thiolate species in the reduction of Cu(II)GHK by glutathione: a handy chelate for
biological Cu(II) reduction.

Inorganic Chemistry(2021) 60(23): 18048–18057

DOI: 10.1021/acs.inorgchem.1c02669

IF 5.165 (2020)

6293

GUTKOWSKA M., KAUS-DROBEK M., HOFFMAN-SOMMER M., PAMUŁA M.M., LEJA A.D.,
PERYCZ M., LICHOCKA M., WITEK A., WOJTAS M., DADLEZ M., ŚWIEŻEWSKA E.,
SURMACZ L.,

Impact of C-terminal truncations in the *Arabidopsis* Rab escort protein (REP) on REP-Rab interaction
and plant fertility.

The Plant Journal (2021) 108(5): 1400-1421

DOI: 10.1111/tpj.15519

IF 6.486 (2020)

6294

PAWŁOWSKI P.H.,
Additional positive electric residues in the crucial spike glycoprotein S regions of the new SARS-
CoV-2 variants.

Infection and Drug Resistance (2021) 14: 5099—5105

DOI: 10.2147/IDR.S342068

IF 4.003 (2020)

6295

MAZUR R., MASZKOWSKA J., ANIELSKA-MAZUR A., GARSTKA M., POLKOWSKA-
KOWALCZYK L., CZAJKOWSKA A., ŻMIENKO A., DOBROWOLSKA G., KULIK A.,
The SnRK2.10 kinase mitigates the adverse effects of salinity by protecting photosynthetic machinery.

Plant Physiology (2021) 187(4): 2785–2802

DOI: 10.1093/plphys/kiab438

IF 8.340 (2020)

6296

PŁONKA D., KOTUNIAK R., DĄBROWSKA K., BAL W.,
Electrospray-induced mass spectrometry is not suitable for determination of peptidic Cu(II)
complexes.

Journal of the American Society for Mass Spectrometry (2021) 32(12): 2766-2776

DOI: 10.1021/jasms.1c00206

IF 3.109 (2020)

6297

CYSKE Z., JAROSZEWICZ W., ŻABIŃSKA M., LORENC P., SOCHOCKA M., BIELAŃSKA P., GRABOWSKI Ł., GAFFKE L., PIERZYNOWSKA K., WĘGRZYN G.,

Unexplored potential: Biologically active compounds produced by microorganisms from hard-to-reach environments and their applications.

Acta Biochimica Polonica (2021) 68(4): 565-574

DOI: 10.18388/abp.2020_5887

IF 2.149 (2020)

6298

DREŹEK K., KOZŁOWSKA J., DETMAN A., MIERZEJEWSKA J.,

Development of a continuous system for 2-phenylethanol bioproduction by yeast on whey permeate-based medium.

Molecules (2021) 26(23): 7388 (12 p.)

DOI: 10.3390/molecules26237388

IF 4.412 (2020)

6299

PAPROCKI D., WINIEWSKA-SZAJEWSKA M., SPEINA E., KUCHARCZYK R., POZNAŃSKI J.,
5,6-diiodo-1H-benzotriazole: new TBBt analogue that minutely affects mitochondrial activity.

Scientific Reports (2021) 11: 23701 (10 p.)

DOI: 10.1038/s41598-021-03136-8

IF 4.380 (2020)

6300

ZIEMIŃSKA E., SOBOCIŃSKA J., ŚWIĄTKOWSKA A., HROMADA-JUDYCKA A.,
TRACZYK G., MALINOWSKA A., ŚWIDERSKA B., MIETELSKA-POROWSKA A.,
CIESIELSKA A., KWIATKOWSKA K.,

Palm oil-rich diet affects murine liver proteome and S-palmitoylome.

International Journal of Molecular Sciences (2021) 22(23): 13094 (33)

DOI: 10.3390/ijms222313094

IF 5.924 (2020)

6301

MODRZEJEWSKA M., KAWAŁEK A., BARTOSIK A.A.,

The Lrp/AsnC-type regulator PA2577 controls the EamA-like transporter gene *PA2576* in *Pseudomonas aeruginosa*.

International Journal of Molecular Sciences (2021) 22(24): 13340 (27 p.)

DOI: 10.3390/ijms222413340

IF 5.924 (2020)

6302

JASTRZĄB R., GRACZYK D., SIEDLECKI P.,

Molecular and cellular mechanisms influenced by postbiotics.

International Journal of Molecular Sciences (2021) 22(24): 13475 (34 p.)

DOI: 10.3390/ijms222413475

IF 5.924 (2020)

6303

LUDWIKOWSKA K.M., OKARSKA-NAPIERAŁA M., DUDEK N., TRACEWSKI P., KUSA J., PIWOŃSKI K.P., AFELT A., CYSEWSKI D., BIELA M., WERNER B., JACKOWSKA T., SUSKI-GRABOWSKI C., KURSA M.B., KUCHAR E., SZENBORN L., MOIS COR STUDY GROUP
Distinct characteristics of multisystem inflammatory syndrome in children in Poland.

Scientific Reports (2021) 11(1): 23562 (13 p.)

DOI: 10.1038/s41598-021-02669-2

IF 4.380 (2020)

6304

BANAŚ A.M., BOCIAN-OSTRZYCKA K.M., DUNIN-HORKAWICZ S., LUDWICZAK J., WILK P., ORLIKOWSKA M., WYSZYŃSKA A., DĄBROWSKA M., PLICHTA M., SPODZIEJA M., POLAŃSKA M.A., MALINOWSKA A., JAGUSZTYN-KRYNICKA E.K.,
Interplay between DsbA1, DsbA2 and C8J_1298 periplasmic oxidoreductases of *Campylobacter jejuni* and their impact on bacterial physiology and pathogenesis.

International Journal of Molecular Sciences (2021) 22(24): 13451 (37 p.)

DOI: 10.3390/ijms222413451

IF 5.924 (2020)

6305

TOBOLSKA A., WEZYNFELD N.E., WAWRZYNIAK U.E., BAL W., WRÓBLEWSKI W.,
Tuning receptor properties of metal-amyloid beta complexes. Studies on the interaction between Ni(II)-A β ₅₋₉ and phosphates/nucleotides.

Inorganic Chemistry (2021) 60(24): 19448–19456

DOI: 10.1021/acs.inorgchem.1c03285

IF 5.165 (2020)

6306

ŁABĘDZKA-DMOCH K., KOLONDRĄ A., KARPIŃSKA M.A., DĘBEK S., GROCHOWSKA J., GROCHOWSKI M., PIĄTKOWSKI J., BUI T.H.D., GOLIK P.,
Pervasive transcription of the mitochondrial genome in *Candida albicans* is revealed in mutants lacking the mtEXO RNase complex.

RNA Biology (2021) 18 (supl1): 303-317

DOI: 10.1080/15476286.2021.1943929

IF 4.652 (2020)

6307

SIKORA A., DETMAN A., WIKTOROWSKA-SOWA E., NOSEK M., SZEWCZYK M., NOWAK SZ., PIOTROWSKI J.,

Beztlenowy rozkład produktów ubocznych i odpadowych przemysłu cukrowniczego jako źródło biopaliw gazowych.

Rozdział w: **Nauki ścisłe i przyrodnicze – przegląd wybranych zagadnień**, Wydawnictwo

Naukowe Tygiel. Red. J. Jędrzejewska, A. Danielewska; ISBN 978-83-67104-13-5, 2021, s. 189-203

6308

WALCZAK P., SIKORA A., DETMAN A., DREŹEK K.,

Wywary gorzelniane jako źródło bakterii wykorzystujących do wzrostu etanol.

Rozdział w: **Nauki ścisłe i przyrodnicze – przegląd wybranych zagadnień**, Wydawnictwo

Naukowe Tygiel. Red. J. Jędrzejewska, A. Danielewska; ISBN 978-83-67104-13-5, 2021, s. 50-61

6309

ŻELECHOWSKI M., MOLCAN T., BILSKA K., MYSZCZYŃSKI K., OLSZEWSKI J.,
KARPIESIUŁ K., WYRĘBEK J., KULIK T.,

Patterns of diversity of *Fusarium* fungi contaminating soybean grains.

Toxins (2021) 13(12): 884 (11 p.)

DOI: 10.3390/toxins13120884

IF 4.546 (2020)

6310

KARBOWNIK A., SZKUTNIK-FIEDLER D., GRABOWSKI T., WOLC A., STANISŁAWIAK-
RUDOWICZ J., JAŻWIEC R., GRZEŚKOWIAK E., SZĄŁEK E.,

Pharmacokinetic drug interaction study of sorafenib and morphine in rats.

Pharmaceutics (2021) 13(12): 2172 (13 p.)

DOI: 10.3390/pharmaceutics13122172

IF 6.321 (2020)

6311

HEINRICH J., BOSSAK-AHMAD K., RIISOM M., HAERI H.H., STEEL T.R., HERGL V.,
LANGHANS A., SCHATTSCHNEIDER C., BARRERA J., JAMIESON S.M.F., STEIN M.,

HINDERBERGER D., HARTINGER CH.G., BAL W., KULAK N.,

Incorporation of beta-Alanine in Cu(II) ATCUN Peptide Complexes Increases ROS Levels, DNA
Cleavage and Antiproliferative Activity.

Chemistry-A European Journal (2021) 27(72): 18093-18102

DOI: 10.1002/chem.202102601

IF 5.236 (2020)

6312

SIKORA A., [REDAKCJA]

Anaerobic Digestion in Built Environments.

Anaerobic Digestion in Built Environments (2021) IntechOpen. Ed. A. Sikora; ISBN 978-1-83969-
224-6

DOI: 10.5772/intechopen.92507

6313

NAZARUK P., MONTICOLO M., JĘDRZEJCZAK A., KRATA N., MOSZCZUK B., SAŃKO-
RESMER J., PILECKI T., URBANOWICZ A., FLORCZAK M., PĄCZEK L., FORONCEWICZ B.,
MUCHA K.,

Unexpectedly High Efficacy of SARS-CoV-2 BNT162b2 Vaccine in Liver versus Kidney Transplant
Recipients-Is It Related to Immunosuppression Only?

Vaccines (2021) 9(12): 1454 (18 p.)

DOI: 10.3390/vaccines9121454

IF 4.422 (2020)

6314

TOMECKI R., KOBYLECKI K., DRAŻKOWSKA K., HYJEK-SKŁADANOWSKA M.,
DZIEMBOWSKI A.,

Reproducible and efficient new method of RNA 3'-end labelling by CutA nucleotidyltransferase-
mediated CC-tailing.

RNA Biology (2021) 18(sup2): 623-639

DOI: 10.1080/15476286.2021.1999104

IF 4.652 (2020)

6315

SZARKOWSKA J., ĆWIEK P., SZYMAŃSKI M., RUSETSKA N., JANCEWICZ I.,
STACHOWIAK M., ŚWIĄTEK M., LUBA M., KONOPIŃSKI R., KUBALA S., ZUB R.,
KUCHARZ J., WIECHNO P., SIEDLECKI J.A., MARKOWICZ S., SARNOWSKA E.,
SARNOWSKI T.J.,

RRM2 gene expression depends on BAF180 subunit of SWISNF chromatin remodeling complex and correlates with abundance of tumor infiltrating lymphocytes in ccRCC.

American Journal of Cancer Research (2021) 11(12): 5965-5978

IF 6.166 (2020)

ABSTRAKTY 2021

4807/A

KAMIŃSKA J.,

Model drożdżowy w badaniach chorób rzadkich i poszukiwaniu leków.

Dzień Chorób Rzadkich: Terapie Dostępne i Poszukiwanie Nowych, 26 luty 2021, online

Abstrakty

4808/A

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

Bacteria inside a lichen? A case of the Antarctic lichen *Leptogium puberulum* microbiome.

9th Intercollegiate Biotechnology Symposium "Symbioza", Warsaw Society of Biotechnology 21st - 23rd of May 2021, online

Abstract books P-09 p.71

4809/A

LIPKO A., JÓŹWIAK A., KANIA M., DANIKIEWICZ W., HOFFMAN-SOMMER M., SURMACZ L., ROHMER M., POZNAŃSKI J., ŚWIEŻEWSKA E.,

Biochemical tools to monitor isoprenoid biosynthesis - the case of polyprenol and dolichol.

Scientific Seminar with International Participation: New Frontiers in Natural Product Chemistry, A Destiny on the Altar of Research Dedicated to Academician Pavel Vlad, Cisinau, Republic of Moldova, 4 June 2021

Book of Abstracts p.11

Oral presentation

4810/A

MALIK A., BAKUN M., FLISZKIEWICZ M., DADLEZ M., KAMIŃSKA B.,

New players in glia biology: VPS10P proteins as sorting receptors in astrocytes.

XV European Meeting on Glial Cells in Health and Disease, July 5–9, 2021, virtual meeting

Glia (2021) 69(S1): E244-E245

4811/A

MALIK D., KRAWCZYK P., KOBYŁECKI K., DZIEMBOWSKI A., TOMECKI R., NOWOTNY M.,

Structural basis for NTP specificity of non-canonical CutA nucleotidyltransferase.

The 45th FEBS Congress, Ljubljana, Slovenia, 3-8 July 2021, virtual meeting.

FEBS OPEN BIO 2021 11(suppl. 1): 142, P-01.4-20

4812/A

TAHMAZ I., TOPF U.,

The function of the molecular co-chaperone prefoldin during mitochondrial stress.

The 45th FEBS Congress, Ljubljana, Slovenia, 3-8 July 2021, virtual meeting.

FEBS OPEN BIO 2021 11(suppl. 1): 171, P-02.4-05

4813/A

SKORUPSKA A., KAUS-DROBEK M., OŻYHAR A., BYSTRANOWSKA D.,

The Zn²⁺-dependent change of Nucleobindin-2 structure.

The 45th FEBS Congress, Ljubljana, Slovenia, 3-8 July 2021, virtual meeting.

FEBS OPEN BIO 2021 11(suppl. 1): 195, P-02.5-49

4814/A

DĄBROWSKA I., RUSZCZYŃSKA-BARTNIK K., DYLEWSKA M., POZNAŃSKI J.,
MACIEJEWSKA A.M.,

AlkB dioxygenase repairs acrolein adducts to adenine, but not its isomer derived from Dimroth rearrangement.

The 45th FEBS Congress, Ljubljana, Slovenia, 3-8 July 2021, virtual meeting.

FEBS OPEN BIO 2021 11(suppl. 1): 245,P-04.4-02

4815/A

TUDEK A., KRAWCZYK P., MROCZEK S., TOMECKI R., TURTOLA M., MATYLLA-
KULIŃSKA K., JENSEN T.H., DZIEMBOWSKI A.,

Global view on the metabolism of RNA poly(A) tails in yeast *Saccharomyces cerevisiae*.

Eukaryotic mRNA Processing, 24-27 August, virtual meeting.

Meetings & Courses Program, p.28

4816/A

LIUDKOVSKA V., KRAWCZYK P.S., MROCZEK S., CYSEWSKI D., DRABIKOWSKI K.,
DZIEMBOWSKI A.,

TENT5 cytoplasmic non-canonical poly(A) polymerases regulate the innate immune response in animals.

Eukaryotic mRNA Processing, 24-27 August, virtual meeting.

Meetings & Courses Program, p.50

4817/A

WAWRZYŃSKA A., SIRKO A.,

Proteasomal degradation of proteins is crucial for the proper transcriptional response to sulfur deficiency in Arabidopsis.

Joint Meeting for Plant and Human Sulfur Biology and Glucosinolates, Seville, Spain, 26-30 September 2021

Scientific Program and Abstracts, S2-5, p. 39-40

4818/A

PIOTROWSKA J., NIEMIRO A., SIENKO M., OLSZAK M., WAWRZYŃSKA A., SIRKO A.,
CRISPR/CAS9-mediated production of LSU family mutants to clarify their molecular function in sulfur deficiency stress in Arabidopsis thaliana.

Joint Meeting for Plant and Human Sulfur Biology and Glucosinolates, Seville, Spain, 26-30 September 2021

Scientific Program and Abstracts, P6, p.110-111

4819/A

NIEMIRO A., WAWRZYŃSKA A., SIRKO A.,

Role of Nbr1 and LSU in regulation of catalase upon sulfur starvation.

Joint Meeting for Plant and Human Sulfur Biology and Glucosinolates, Seville, Spain, 26-30 September 2021

Scientific Program and Abstracts, P14, p.125

4820/A

GRUCHOTA J., NOWAK K.P., NOWAK J.,

U11-48K CHHC zinc-finger domain containing protein in the genome rearrangements process in *Paramecium tetraurelia*.

2021 Ciliate Molecular Biology Meeting, 19-22 July 2021 - virtual meeting

Abstracts Poster 3.32

4821/A

OWSIAN D., GRUCHOTA J., ARNAIZ O., NOWAK J.K.,
Transient Spt4-Spt5 complex as an upstream regulator of non-coding RNAs during development.

2021 Ciliate Molecular Biology Meeting, 19-22 July 2021 - virtual meeting

Abstracts Talk 2.5

4822/A

ONYŚK A., SUROWIECKI P., ŚWIEŻEWSKA E., NOWAK J.K., SURMACZ L.,
Polyisoprenoid biosynthesis in the unicellular eukaryote *Paramecium*.

2021 Ciliate Molecular Biology Meeting, 19-22 July 2021 - virtual meeting

Abstracts Talk 7.24

4823/A

KORCZAK-ABSHIRE M., ZMARZ A., RODZEWICZ M., DĄBSKI M., CHWEDORZEWSKA K.J.,

Application of remote sensing data for multi-faceted analysis of polar regions.

2nd International seminar and workshop on geoinformatics, remote sensing and engineering in spatial planning and environmental science, Warsaw, 27-28 September 2021

Program, Oral Presentation

4824/A

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

Geomorfologiczne kartowanie przedpoli lodowców na Wyspie Króla Jerzego na podstawie zdjęć z bezzałogowego statku powietrznego.

XII Zjazd Geomorfologów Polskich, Gdańsk, 14-16 października 2021

Program, Poster BS

4825/A

TYMOSZEWSKA A., ALEKSANDRZAK-PIEKARCZYK T.,

Garvicin D – a new narrow-spectrum bacteriocin that targets Man-PTS.

13th International Symposium on Lactic Acid Bacteria - online, 23-25 August 2021

Abstract Book, Poster, p.135

4826/A

ALEKSANDRZAK-PIEKARCZYK T., STASIAK-RÓŻAŃSKA L., PIWOWAREK K.P.,

Complementation of the propylene glycol pathway in propionic acid biosynthesis in selected lactic acid bacteria.

13th International Symposium on Lactic Acid Bacteria - online, 23-25 August 2021

Abstract Book, p.163

4827/A

RADULEWICZ A., BARDOWSKI J.K., SZCZEPANKOWSKA A.K.,

In silico and functional analysis of the potential replication module of the *Lactococcus lactis* bacteriophage 94p4.

13th International Symposium on Lactic Acid Bacteria - online, 23-25 August 2021

Abstract Book, p.57

4828/A

RACHOWKA J., SZELAŃGOWSKI D., GIERCZEWSKA K., TANWAR U., KONOPKA-POSTUPOLSKA D.,

Arabidopsis thaliana ANNEXIN1 promotes jasmonic acid accumulation in high light.

10th Biennial PSEPB Conference: Experimental Plant Biology at Various Scales: from Molecules to Environment, Katowice, Poland, 20-23 September 2021, virtual conference

Abstracts Book, p.35

4829/A

SZTATELMAN O., STASZAŁEK Z., CIEŚLAK D., ANIELSKA-MAZUR A., GIECZEWSKA K., DOBROWOLSKA G.,

Mapping the regions of PLASTID MOVEMENT IMPAIRED 1 protein responsible for the regulation of chloroplast movement.

10th Biennial PSEPB Conference: Experimental Plant Biology at Various Scales: from Molecules to Environment, Katowice, Poland, 20-23 September 2021, virtual conference

Abstracts Book, p.54

4830/A

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

Linker histones - their roles beyond the chromatin architecture.

10th Biennial PSEPB Conference: Experimental Plant Biology at Various Scales: from Molecules to Environment, Katowice, Poland, 20-23 September 2021, virtual conference

Abstracts Book, p.76

4831/A

BRZEŹNIAK L., CEPOWSKA E., JĘDRZEJOWSKA K., KRZYSZTOŃ M., DOĞAN E., LIU CH., ŚWIEŻEWSKI S.,

Genes show a distinct asymmetric chromatin structure that is stabilized by a general transcription factor IIB (TFIIB1).

10th Biennial PSEPB Conference: Experimental Plant Biology at Various Scales: from Molecules to Environment, Katowice, Poland, 20-23 September 2021, virtual conference

Abstracts Book, p.82

4832/A

MAŁECKA E., ARCHACKI R.,

A new insight into the functional relationship between linker histones H1 and other chromatin regulators in *Arabidopsis*.

10th Biennial PSEPB Conference: Experimental Plant Biology at Various Scales: from Molecules to Environment, Katowice, Poland, 20-23 September 2021, virtual conference

Abstracts Book, p.83

4833/A

YATUSEVICH R., ŚWIEŻEWSKI S., WRONA M., LEWANDOWSKA-GNATOWSKA E.,

Regulation of DOG1 gene during secondary dormancy induction in *Arabidopsis* seeds.

10th Biennial PSEPB Conference: Experimental Plant Biology at Various Scales: from Molecules to Environment, Katowice, Poland, 20-23 September 2021, virtual conference

Abstracts Book, p.86

4834/A

WĘGRZYN A., KRYSIAK M., KULIK A., MAZUR R.,

Prolonged darkness has an impact on LHCII proteins phosphorylation status in *Arabidopsis thaliana*.
10th Biennial PSEPB Conference: Experimental Plant Biology at Various Scales: from Molecules to Environment, Katowice, Poland, 20-23 September 2021, virtual conference

Abstracts Book, p.108

4835/A

CIEŚLAK D., LAVALLE Y., SITKIEWICZ E., DOBROWOLSKA G., SZTATELMAN O.,
Mapping the interaction site of PLASTID MOVEMENT IMPAIRED 1 with SNF1-RELATED KINASES 2.

10th Biennial PSEPB Conference: Experimental Plant Biology at Various Scales: from Molecules to Environment, Katowice, Poland, 20-23 September 2021, virtual conference

Abstracts Book, p.116

4836/A

KASZTELAN A., RADKIEWICZ M., ORDYNIAK K., DOBROWOLSKA G.,

The role of group I SnRK2s in the regulation of miRNA biogenesis and function by phosphorylation of HYL1.

10th Biennial PSEPB Conference: Experimental Plant Biology at Various Scales: from Molecules to Environment, Katowice, Poland, 20-23 September 2021, virtual conference

Abstracts Book, p.121

4837/A

KULIK A., RACHOWKA J., MAZUR R., DOBROWOLSKA G.,

The SnRK2.10 kinase maintains resistance of *Arabidopsis thaliana* to long-term salinity.

10th Biennial PSEPB Conference: Experimental Plant Biology at Various Scales: from Molecules to Environment, Katowice, Poland, 20-23 September 2021, virtual conference

Abstracts Book, p.124

4838/A

WASILEWSKA A., SZCZEPANKOWSKA A.K., BARDOWSKI J.K.,

Investigation of probiotic characteristics of lactic acid bacteria strains with anticancer activity .

13th International Symposium on Lactic Acid Bacteria - online, 23-25 August 2021

Abstract Book, p.84

4839/A

MASANTA S., KUCHARCZYK R.,

Fmp40 - the only known ampylase in *S. cerevisiae* - role in redox homeostasis.

15th International Congress on Yeasts (ICY) and the 30th International Conference on Yeast Genetics and Molecular Biologs (ICYGMB30), Vienna, Austria, 23-27 August 2021

Abstract Book, Poster, p.426

4840/A

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

S. cerevisiae - an invaluable tool for studying ATP synthase dysfunctions due to mutations in mitochondrial DNA.

15th International Congress on Yeasts (ICY) and the 30th International Conference on Yeast Genetics and Molecular Biologs (ICYGMB30), Vienna, Austria, 23-27 August 2021

Abstract Book, p.121, Oral Presentation

4841/A

WOLTYŃSKA A., ZDANOWSKI M.K., GAWOR J., ŻUCHNIEWICZ K., OLECH M., ALEKSANDRZAK-PIEKARCZYK T., GROMADKA R., GÓRNIAK D., GRZESIAK J., Lichen-bacteria interactions at the Ecology Glacier foreland (King George Island, Maritime Antarctica).

XXXVIII Międzynarodowe Sympozjum Polarne „Environmental Changes In Polar Regions: New Problems – New Solutions” Toruń, 18-20 listopada 2021

Abstracts, plakat

4842/A

GRZESIAK J., WOLTYŃSKA A., ZDANOWSKI M.K., GAWOR J., ŻUCHNIEWICZ K., OLECH M., ALEKSANDRZAK-PIEKARCZYK T., GROMADKA R., GÓRNIAK D., Habitat-related variability in Antarctic lichen-hosted bacterial communities.

XXXVIII Międzynarodowe Sympozjum Polarne „Environmental Changes In Polar Regions: New Problems – New Solutions” Toruń, 18-20 listopada 2021

Abstracts, Oral Presentation

4843/A

RACHOWKA J.,

Overexpression of annexin 1 affects photoperiodic flowering regulation in *Arabidopsis thaliana*.

Annexins. International Digital Conference, 15-16 June 2021

Abstracts

4844/A

SOCZEWKA P., TRIBOUILLARD-TANVIER D., DI RAGO J.-P., ŻOŁĄDEK T., KAMIŃSKA J., Targeting copper homeostasis improves functioning of *vps13Δ* yeast mutant cells, a model of VPS13-related diseases.

15th International Congress on Yeasts (ICY) and the 30th International Conference on Yeast Genetics and Molecular Biologs (ICYGMB30), Vienna, Austria, 23-27 August 2021

Abstract Book p.123

4845/A

KAMIŃSKA J., SOCZEWKA P., KOŁAKOWSKI D., WARDASZKA P., ŻOŁĄDEK T., Vps13 protein and calcium signaling in yeast.

10th International Meeting on Neuroacanthocytosis Syndromes, Barcelona, Spain, 10-12 march 2021 (online)

Proceedings of the Tenth International Meeting on Neuroacanthocytosis Syndromes, p.9

4846/A

SOCZEWKA P., TRIBOUILLARD-TANVIER D., DI RAGO J.-P., ŻOŁĄDEK T., KAMIŃSKA J., Targeting copper homeostasis improves functioning of *vps13Δ* yeast mutant cells, a model of VPS13-related diseases.

10th International Meeting on Neuroacanthocytosis Syndromes, Barcelona, Spain, 10-12 march 2021 (online)

Proceedings of the Tenth International Meeting on Neuroacanthocytosis Syndromes, POSTER # 5

4847/A

SIKORA A.,

Wspólnoty mikroorganizmów w beztlenowym rozkładzie materii organicznej.

V Ogólnopolskie Sympozjum Mikrobiologiczne „Metagenomy różnych środowisk”, Warszawa, 17-18 czerwca 2021

Abstrakty s.27, wykład plenarny

4848/A

WALCZAK P., SIKORA A., DETMAN A.,

Wywary gorzelniane jako źródło bakterii zdolnych do wykorzystania do wzrostu etanolu.

V Ogólnopolska Mikrobiologiczna Konferencja Naukowa Microbs , 11-12 czerwca 2021, online

Abstrakty, s.50, plakat

4849/A

SIKORA A., DETMAN A., PIOTROWSKI J.,

Beztlenowy rozkład produktów ubocznych i odpadowych przemysłu cukrowniczego jako źródło biopaliw gazowych.

V Ogólnopolskie Sympozjum Energia „Energetyka na skalę XXI wieku – współczesne rozwiązania i przyszłość branży energetycznej” 21 maja 2021

Abstrakty s. 18, wystąpienie ustne

4850/A

SIKORA A.,

Wieloetapowe systemy beztlenowego rozkładu biomasy od strony mikrobiologicznej i aplikacyjnej.

54. Konferencja Mikrobiologiczna "Mikroorganizmy różnych środowisk", Lublin, 20-21 września 2021

Abstrakty, s. 28, wykład

4851/A

RUDZIŃSKA I., CIEŚLA M., TUROWSKI T., ARMATOWSKA A., LEŚNIEWSKA E., BOGUTA M.,

Defect in RNA polymerase III assembly in yeast *Saccharomyces cerevisiae* results in reprogramming of mRNA expression.

OddPols 2021: International Conference on Transcription Mechanism and Regulation, Denver, USA, 14-18 June 2021, online

Abstract Book, p.30

4852/A

CIEŚLA M., TUROWSKI T., TOLLERVEY D., BOGUTA M.,

Biogenesis of yeast RNA polymerases III involves co-translational assembly mechanism.

OddPols 2021: International Conference on Transcription Mechanism and Regulation, Denver, USA, 14-18 June 2021, online

Abstract Book, p.37

4853/A

CIEŚLA M., BOGUTA M.,

The R3H domain-containing Rbs1 protein and the Upf1 helicase modulate the expression of Rpb10, a small subunit common to RNA polymerases.

OddPols 2021: International Conference on Transcription Mechanism and Regulation, Denver, USA, 14-18 June 2021, online

Abstract Book, p.60

4854/A

GORJÃO N., REZA A.M.T., WIŚNIEWSKA M., GRACZYK D.,

POLR1D, a common subunit of RNA polymerase I and III, influences its own expression.

OddPols 2021: International Conference on Transcription Mechanism and Regulation, Denver, USA, 14-18 June 2021, online

Abstract Book, p. 78

4855/A

ARMATOWSKA A., ŚLUPSKI J., BOGUTA M., CIEŚLA M.,

The connection between Maf1, a negative regulator of RNA polymerase III, and translation in yeast.
OddPols 2021: International Conference on Transcription Mechanism and Regulation, Denver, USA,
14-18 June 2021, online

Abstract Book, p.99

4856/A

KAUSHAL V., ZIELENKIEWICZ U., KACZANOWSKI S.,

Is apoptosis the cost for domesticating mitochondria?

15th International Congress on Yeasts (ICY) and the 30th International Conference on Yeast Genetics
and Molecular Biologs (ICYGMB30), Vienna, Austria, 23-27 August 2021

Abstract Book, poster, p. 433

4857/A

SKONECZNA A., ANTONIUK-MAJCHRZAK J., DŁUGAJCZYK A., KAMIŃSKA J.,
SKONECZNY M.,

Tight control of Rad51 recombinase level ensures proper DNA content after cell division.

15th International Congress on Yeasts (ICY) and the 30th International Conference on Yeast Genetics
and Molecular Biologs (ICYGMB30), Vienna, Austria, 23-27 August 2021

Abstract Book, p.155

4858/A

FRYDZIŃSKA Z., NATKAŃSKA U., SKONECZNY M.,

Hsp31p, a budding yeast protein protecting against external stresses, is
specifically secreted to periplasm via unconventional pathway.

15th International Congress on Yeasts (ICY) and the 30th International Conference on Yeast Genetics
and Molecular Biologs (ICYGMB30), Vienna, Austria, 23-27 August 2021

Abstract Book, p. 354

4859/A

WIŚNIEWSKA M., ŚLEDZIEWSKA-GÓJSKA E., KANIAK-GOLIK A.,

Uncovering non-canonical functions of Mec1/ATR and Tel1/ATM in yeast cells: phosphorylation of
Snf1/AMPK.

15th International Congress on Yeasts (ICY) and the 30th International Conference on Yeast Genetics
and Molecular Biologs (ICYGMB30), Vienna, Austria, 23-27 August 2021

Abstract Book, p. 356

4860/A

ENKHBAATAR T., ANTONIUK-MAJCHRZAK J., SKONECZNA A.,

The SRS2 mRNA colocalizes with P-bodies and stress granules during genotoxic and replication
stress.

15th International Congress on Yeasts (ICY) and the 30th International Conference on Yeast Genetics
and Molecular Biologs (ICYGMB30), Vienna, Austria, 23-27 August 2021

Abstract Book, p. 377

4861/A

CIEŚLA M., TUROWSKI T., NOWOTNY M., TOLLERVEY D., BOGUTA M.,

Assembly of RNA polymerase III complex in yeast: novel layer of regulation.

15th International Congress on Yeasts (ICY) and the 30th International Conference on Yeast Genetics
and Molecular Biologs (ICYGMB30), Vienna, Austria, 23-27 August 2021

Abstract Book, p. 380

4862/A

DŁUGAJCZYK A., KRÓL K., SKONECZNY M., SKONECZNA A.,

Malfunctions of the vesicular trafficking affect the post-translational modifications status, activity, and localization of DNA repair proteins.

15th International Congress on Yeasts (ICY) and the 30th International Conference on Yeast Genetics and Molecular Biologs (ICYGMB30), Vienna, Austria, 23-27 August 2021

Abstract Book, p. 383

4863/A

ANTONIUK-MAJCHRZAK J., SKONECZNA A.,

The absence of Las17, or nucleolar retention of this protein, both lead to nucleolus division defects or fragmentation.

15th International Congress on Yeasts (ICY) and the 30th International Conference on Yeast Genetics and Molecular Biologs (ICYGMB30), Vienna, Austria, 23-27 August 2021

Abstract Book, p. 417

4864/A

REZA A.M.T., GORJÃO N., JURKIEWICZ A., NAIR H.G., GRACZYK D.,

Investigation of the effects of tRNA genes knock-out in human cells.

OddPols 2021: International Conference on Transcription Mechanism and Regulation, Denver, USA, 14-18 June 2021, online

Abstract Book, p.83

4865/A

NAIR H.G., GRACZYK D.,

RNA polymerase III inhibition affects cytotoxic and tumour promoting effects of TNF α .

OddPols 2021: International Conference on Transcription Mechanism and Regulation, Denver, USA, 14-18 June 2021, online

Abstract Book, p.100

4866/A

JURKIEWICZ A., GRACZYK D.,

MAF1 is involved in the regulation of RNA polymerase III activity in macrophages upon LPS treatment.

OddPols 2021: International Conference on Transcription Mechanism and Regulation, Denver, USA, 14-18 June 2021, online

Abstract Book, p.101

4867/A

JURKIEWICZ A., NAIR H.G., REZA A.M.T., GRACZYK D.,

Manipulation of MAF1 levels affects pro-inflammatory functions of mouse macrophages.

OddPols 2021: International Conference on Transcription Mechanism and Regulation, Denver, USA, 14-18 June 2021, online

Abstract Book, p.137

4868/A

ARMATOWSKA A., SŁUPSKI J., BOGUTA M., CIEŚLA M.,

The link between negative regulator of RNA polymerase III, Maf1 and translation.

18th Annual Vienna BioCenter PhD Program Symposium "Building Bridges", Vienna, Austria, 4-5 November 2021

Abstracts BS

4869/A

MOSSAKOWSKA B., FABISIEWICZ A., SIEDLECKI J.A., TUDEK B.,
Heme metabolism and resistance to photodynamic therapy with 5-aminolevulinic acid in vulvar cancer.

The 6th Warsaw Conference on Perspectives of Molecular Oncology, 15-16 September 2021

Abstract Book BS

4870/A

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

Diagnosis of pleural effusions using mass spectrometry-based targeted proteomics.

The 6th Warsaw Conference on Perspectives of Molecular Oncology, 15-16 September 2021

Abstract Book BS

4871/A

ŻURAWSKA M., BASIK M., AGUILAR-MAHECHA A., DADLEZ M., DOMAŃSKI D.,
Development of a multiplexed protein panel using a targeted proteomics approach for the study of sensitivity to CDK4/6 inhibitors in breast cancer.

The 6th Warsaw Conference on Perspectives of Molecular Oncology, 15-16 September 2021

Abstract Book BS

4872/A

KLUEBSOONGNOEN J., KUBALA S., MAASSEN A., STECIUK J., OKSIŃSKA P., ĆWIEK P., ZABOROWSKA M., WILGA M., KOSIOR J., SARNOWSKA E., SARNOWSKI T.J., UDOMKIT A.,

The exploration the crosstalk role of ecdysteroid hormone pathway, and tumor-related SWI/ SNF genes in regulating ovarian development in *Penaeus monodon*.

The 6th Warsaw Conference on Perspectives of Molecular Oncology, 15-16 September 2021

Abstract Book BS

4873/A

MAASSEN A., WILGA M., KOSIOR J., SZARKOWSKA J., JANCEWICZ I., ŚWIĄTEK M., STACHOWIAK M., SIEDLECKI J.A., SARNOWSKA E., SARNOWSKI T.J.,
Alterations in SWI/SNF complex subunit abundance characterize different stages of clear cell renal cell carcinoma.

The 6th Warsaw Conference on Perspectives of Molecular Oncology, 15-16 September 2021

Abstract Book BS

4874/A

SZURMAK J., ĆWIEK P., KUBALA S., ZABOROWSKA M., WILGA M., OKSIŃSKA P., SARNOWSKA E., SARNOWSKI T.J.,

Identification of epigenetic mechanisms regulating the expression of key tumor suppressors in clear cell kidney cancer.

The 6th Warsaw Conference on Perspectives of Molecular Oncology, 15-16 September 2021

Abstract Book BS

4875/A

BINKOWSKI R., ĆWIEK P., KUBALA S., STECIUK J., SARNOWSKI T.J.,

Overexpression and purification of SS18-SSX and EZH2 proteins for subsequent study aiming at their precise inactivation.

The 6th Warsaw Conference on Perspectives of Molecular Oncology, 15-16 September 2021

Abstract Book BS

4876/A

ĆWIEK P., KUBALA S., SIERPIŃSKI R., STACHOWIAK M., JANCEWICZ I., SZARKOWSKA J., SZURMAK J., ŚWIĄTEK M., KONOPIŃSKI R., SIENNICKA K., OKSIŃSKA P., ZABOROWSKA M., KLUEBSOONGNOEN J., KUCHTA E., CABAN K., STECIUK J., WÓJCIK A., POJDA Z., MARKOWICZ S., ZAGOŹDŻON R., BAJON M., GRACZYK-JARZYŃKA A., MARHELAVA K., KRAWCZYK M., FRICZUK M., ŁOBOCKA M., GRZESIUŁ E., WALEWSKI J., SARNOWSKI T.J., SARNOWSKA E.,

A hybrid-M13 phage conjugated to a specific VHH -a new treatment for COVID-19 disease.
The 6th Warsaw Conference on Perspectives of Molecular Oncology, 15-16 September 2021

Abstract Book BS

4877/A

STECIUŁ J., CIEŚŁA M., ROLICKA A.T., SARNOWSKA E., SARNOWSKI T.J.,
SWI/SNF subunits as candidates for cancer treatment based on synthetic lethality.

The 6th Warsaw Conference on Perspectives of Molecular Oncology, 15-16 September 2021

Abstract Book BS

4878/A

AMBROZIAK M., KONOPIŃSKI R., STACHOWIAK M., ŚWIĄTEK M., SZARKOWSKA J., JANCEWICZ I., ĆWIEK P., KUBALA S., SZURMAK J., MARKOWICZ S., WALEWSKI J., SARNOWSKI T.J., SARNOWSKA E.,

Identification of CD30-binding VHH from immunologically naïve alpacas.

The 6th Warsaw Conference on Perspectives of Molecular Oncology, 15-16 September 2021

Abstract Book BS

4879/A

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

SWI/SNF chromatin remodeling complex is disrupted in advanced bladder cancer.

The 6th Warsaw Conference on Perspectives of Molecular Oncology, 15-16 September 2021

Abstract Book BS

4880/A

SARNOWSKA E., KUBALA S., ĆWIEK P., SACHAROWSKI S.P., OKSIŃSKA P., STECIUK J., ZABOROWSKA M., SZURMAK J., DUBIAŃSKI R., MAASSEN A., STACHOWIAK M., HUETTEL B., CIEŚŁA M., NOWICKA K., ROLICKA A.T., ALSEEKH S., BUCIOR E., FRANZEN R., KLEPACZ A., DOMAGALSKA M., AMAR S., SIEDLECKI J.A., FERNIE A.R., DAVIS S.J., SARNOWSKI T.J.,

A Novel Nuclear Function ERECTA Family Proteins in Arabidopsis.

The 6th Warsaw Conference on Perspectives of Molecular Oncology, 15-16 September 2021

Abstract Book BS

4881/A

RUSETSKA N., STACHOWIAK M., JANCEWICZ I., SZARKOWSKA J., KUBALA S., MAASSEN A., WILGA M., SIEDLECKI J.A., SARNOWSKI T.J., SARNOWSKA E.,

Does the SWI/SNF chromatin remodeling complex play similar roles in various types of cancer?

The 6th Warsaw Conference on Perspectives of Molecular Oncology, 15-16 September 2021

Abstract Book BS

4882/A

ŚWIĄTEK M., STACHOWIAK M., KUBALA S., ĆWIEK P., SZURMAK J., WALEWSKI J., MARKOWICZ S., SARNOWSKI T.J., SARNOWSKA E.,

Immunogenicity of SARS-CoV-2 S glycoprotein (SPIKE) in human immune cells.

The 6th Warsaw Conference on Perspectives of Molecular Oncology, 15-16 September 2021

Abstract Book BS

4883/A

SKONECZNA A.,

Intracellular level of *S. cerevisiae* Rad51 is regulated via Ubi-dependent proteolysis.

11th Central European Genome Stability and Dynamics meeting, online, Szeged, Hungary, 23-24 March 2021

Abstracts p.6

4884/A

ANTONIUK-MAJCHRZAK J., SKONECZNA A.,

Excessive nucleolar retention of budding yeast Las17 leads to division defects or fragmentation of nucleolus.

11th Central European Genome Stability and Dynamics meeting, online, Szeged, Hungary, 23-24 March 2021

Abstracts p.28

4885/A

DŁUGAJCZYK A., KRÓL K., SKONECZNA A., SKONECZNY M.,

Malfunctions of the vesicular trafficking affect the post-translational modifications status, activity, and localization of DNA repair proteins.

11th Central European Genome Stability and Dynamics meeting, online, Szeged, Hungary, 23-24 March 2021

Abstracts, p.29

4886/A

ENKHBAATAR T.,

The SRS2 mRNA colocalizes with Pbodies and stress granules during genotoxic and replication stress.

11th Central European Genome Stability and Dynamics meeting, online, Szeged, Hungary, 23-24 March 2021

Abstracts, p.31-32

4887/A

DRAŹKOWSKA K., BARAN N., WARMIŃSKI M., TOMECKI R., DEPAIX A., CYSEWSKI D., KOWALSKA J., JEMIELITY J., SIKORSKI P.J.,

2'-O-methylation of the second transcribed nucleotide in eukaryotic RNA 5' cap impacts protein production levels and transcript susceptibility to DXO-mediated degradation.

12th EMBO Young Scientists Forum, Warsaw, Poland, 21-22 October 2021

Abstract Book, p.24

4888/A

REZA A.M.T., GORJÃO N., JURKIEWICZ A., NAIR H.G., GRACZYK D.,

Investigation of the effects of tRNA genes knock-out in human cells.

12th EMBO Young Scientists Forum, Warsaw, Poland, 21-22 October 2021

Abstract Book, p.33

4889/A

SARNOWSKA E., KUBALA S., ĆWIEK P., SACHAROWSKI S.P., OKSIŃSKA P., STECIUK J., ZABOROWSKA M., SZURMAK J., DUBIAŃSKI R., MAASSEN A., STACHOWIAK M., HUETTEL B., CIEŚLA M., NOWICKA K., ROLICKA A.T., ALSEEKH S., BUCIOR E., FRANZEN R., KLEPACZ A., DOMAGALSKA M., AMAR S.,

A Novel Nuclear Function ERECTA Family Proteins in Arabidopsis.

12th EMBO Young Scientists Forum, Warsaw, Poland, 21-22 October 2021

Abstract Book, p.29

4890/A

SACHAROWSKI S.P., KRZYSZTOŃ M., MUTER K., ŚWIEŻEWSKI S.,
Long noncoding RNA involved in seed dormancy and evolutionary strategy of Arabidopsis survival.
12th EMBO Young Scientists Forum, Warsaw, Poland, 21-22 October 2021
Abstract Book, p.34

4891/A

SZYMAŃSKI M., SZARKOWSKA J., ĆWIEK P., JANCEWICZ I., STACHOWIAK M., ŚWIĄTEK M., KUBALA S., RUSETSKA N., ZUB R., DEMKOW T., SIEDLECKI J.A., SARNOWSKI T.J., SARNOWSKA E.,
Transcriptomic alterations of RRM genes in clear cell renal cell carcinoma (ccRCC) as a basis for new anticancer therapy.
12th EMBO Young Scientists Forum, Warsaw, Poland, 21-22 October 2021
Abstract Book, p.55

4892/A

DRABIŃSKA J., STECZKIEWICZ K., KRASZEWSKA E.,
Deciphering the role of PA2504 protein of *P. aeruginosa* – physiological studies.
12th EMBO Young Scientists Forum, Warsaw, Poland, 21-22 October 2021
Abstract Book, p.57

4893/A

NAIR H.G., GRACZYK D.,
RNA polymerase III inhibition affects cytotoxic and tumour promoting effects of TNF α .
12th EMBO Young Scientists Forum, Warsaw, Poland, 21-22 October 2021
Abstract Book, p.66

4894/A

GORJÃO N., REZA A.M.T., WIŚNIEWSKA M., GRACZYK D.,
POLR1D, a common subunit of RNA polymerase I and III, influences its own expression.
12th EMBO Young Scientists Forum, Warsaw, Poland, 21-22 October 2021
Abstract Book, p.67

4895/A

GROCHOWSKA J., GROCHOWSKI M., ŁABĘDZKA-DMOCH K., GOLIK P., SZCZĘSNY R.J.,
Maintaining of the activity of complex III depends on proper biogenesis of cytochrome c oxidase.
12th EMBO Young Scientists Forum, Warsaw, Poland, 21-22 October 2021
Abstract Book, p.69

4896/A

GRZESIAK K., PUCHAŁA W., BOGDAN M., DADLEZ M., BURDUKIEWICZ M.,
A novel semiparametric model for hydrogen-deuterium exchange monitored by mass spectrometry data.
12th EMBO Young Scientists Forum, Warsaw, Poland, 21-22 October 2021
Abstract Book, p.70

4897/A

JABCZYŃSKA A., BOROWSKI Ł.S., KOBYLECKI K., SZCZĘSNY R.J.,
Identification and functional analysis of novel RNA-binding proteins in human mitochondria.
12th EMBO Young Scientists Forum, Warsaw, Poland, 21-22 October 2021
Abstract Book, p.72

4898/A

JEDYNAK-SLYVKA M., KACZMARSKA Z., BOROWSKI Ł.S., FIGIEL M., SZCZĘSNY R.J., NOWOTNY M.,

Engineered RNase H as a tool for R-loop detection.

12th EMBO Young Scientists Forum, Warsaw, Poland, 21-22 October 2021

Abstract Book, p.74

4899/A

JURKIEWICZ A., NAIR H.G., REZA A.M.T., GRACZYK D.,

MAF1-dependent regulation of RNA polymerase III is required for mouse macrophage pro-inflammatory function.

12th EMBO Young Scientists Forum, Warsaw, Poland, 21-22 October 2021

Abstract Book, p.75

4900/A

KASZTELAN K., AFFEK K., CHLEBOWSKI A., DZIEMBOWSKI A., SZCZĘSNY R.J.,

Accumulation of double-stranded RNA in the nucleoplasm of human cells.

12th EMBO Young Scientists Forum, Warsaw, Poland, 21-22 October 2021

Abstract Book, p.82

4901/A

KAWAŁEK A., BARTOSIK A.A., GAWOR J., GŁĄBSKI K., WOŹNIAK D., WAWRZYNIAK P., JAGURA-BURDZY G.,

ParB from *Pseudomonas aeruginosa*: a multitasking protein involved in chromosome segregation and other cell cycle related processes.

12th EMBO Young Scientists Forum, Warsaw, Poland, 21-22 October 2021

Abstract Book, p.84

4902/A

KOPIK N., CHROBAK O., LATOCH P., STAROSTA A.L.,

More accessible ribosome profiling (RIBO-seq) method for standard laboratory equipment.

12th EMBO Young Scientists Forum, Warsaw, Poland, 21-22 October 2021

Abstract Book, p.88

4903/A

KOVALENKO M., LATOCH P., CHROBAK O., STAROSTA A.L.,

Modified pipeline for selective ribosome profiling (SeRP).

12th EMBO Young Scientists Forum, Warsaw, Poland, 21-22 October 2021

Abstract Book, p.89

4904/A

LATOCH P., CHROBAK O., STAROSTA A.L.,

Time course translation analysis based on RNA-seq and RIBO-seq count data.

12th EMBO Young Scientists Forum, Warsaw, Poland, 21-22 October 2021

Abstract Book, p.93

4905/A

ORŁOWSKA M., STECZKIEWICZ K., MUSZEWSKA A.,

Utilization of cobalamin is ubiquitous in early-branching fungal phyla.

12th EMBO Young Scientists Forum, Warsaw, Poland, 21-22 October 2021

Abstract Book, p.102

4906/A

PUCHAŁA W., BURDUKIEWICZ M., KISTOWSKI M., DĄBROWSKA K., GRZESIAK K., CYSEWSKI D., DADLEZ M.,

HaDeX 2.0: complex tool for the hydrogen-deuterium exchange mass spectrometry experiments data.
12th EMBO Young Scientists Forum, Warsaw, Poland, 21-22 October 2021

Abstract Book, p.108

4907/A

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

Diagnosis of pleural effusions using mass spectrometry-based targeted proteomics.
12th EMBO Young Scientists Forum, Warsaw, Poland, 21-22 October 2021

Abstract Book, p.113

4908/A

SEKRETARSKA J., OSINKA A., SAMSEL Z., FARAHAT H., ŚWIDERSKA B., SITKIEWICZ E., FABCZAK H., WŁOGA D., JOACHIMIAK E.,

Towards understanding the basis of cilia motility defects – solving protein composition and significance of C1b and C2b central apparatus projections in Tetrahymena cilia.

12th EMBO Young Scientists Forum, Warsaw, Poland, 21-22 October 2021

Abstract Book, p.116

4909/A

SINGH U., SCHEPACHEV V., GODDARD B.D., TOLLERVEY D., TUROWSKI T.W.,
A mathematical model of early infection with SARS-CoV-2 as a tool to predict new targets in COVID19 therapy.

12th EMBO Young Scientists Forum, Warsaw, Poland, 21-22 October 2021

Abstract Book, p.119

4910/A

SLYVKA A., ZAGORSKAITE E., CZAPIŃSKA H., SASNAUSKAS G., BOCHTLER M.,
EcoKMcrA N-terminal domain (NEco): a novel way of specific recognition of 5mC and 5hmC in DNA.

12th EMBO Young Scientists Forum, Warsaw, Poland, 21-22 October 2021

Abstract Book, p.120

4911/A

SZURMAK J., ĆWIEK P., KUBALA S., WILGA M., OKSIŃSKA P., ZABOROWSKA M., SARNOWSKA E., SARNOWSKI T.J.,

Identification of epigenetic mechanisms regulating the expression of key tumor suppressors in clear cell kidney cancer.

12th EMBO Young Scientists Forum, Warsaw, Poland, 21-22 October 2021

Abstract Book, p.127

4912/A

TAHMAZ I., TOPF U.,

The function of the co-chaperone prefoldin during cellular stress.

12th EMBO Young Scientists Forum, Warsaw, Poland, 21-22 October 2021

Abstract Book, p.130

4913/A

WANDEL M.,

Cytosolic bacteria as platforms for innate immune signalling.

12th EMBO Young Scientists Forum, Warsaw, Poland, 21-22 October 2021

Abstract Book, p.137

4914/A

WIŚNIEWSKA M., AUTOWICZ M., SKROBECKI P., NAUDE M., FALLER P., VILENO B.,
LEBRUN V., BAL W.,

Detection of the His-brace motif in the N-truncated HSA isoform.

12th EMBO Young Scientists Forum, Warsaw, Poland, 21-22 October 2021

Abstract Book, p.140

4915/A

WOJCIECHOWSKI J.W., SZULC N., GAŚSIOR-GŁOGOWSKA M., SZEFCZYK M.,
BURDUKIEWICZ M., KOTULSKA M.,

What makes them aggregation prone? Case study of CsgA imperfect repeats from *Escherichia coli* and *Salmonella enterica*.

12th EMBO Young Scientists Forum, Warsaw, Poland, 21-22 October 2021

Abstract Book, p.141

4916/A

ZABOROWSKA M., OKSIŃSKA P., ĆWIEK P., SACHAROWSKI S.P., ROLICKA A.T.,
SARNOWSKA E., KUBALA S., SARNOWSKI T.J.,

The role of SWI/SNF chromatin remodeling complexes in organ-specific alternative transcripts formation.

12th EMBO Young Scientists Forum, Warsaw, Poland, 21-22 October 2021

Abstract Book, p.145

4917/A

ŻURAWSKA M., AGUILAR-MAHECHA A., BASIC M., DADLEZ M., DOMAŃSKI D.,
Development of a multiplexed protein panel using a targeted proteomics approach for the study of sensitivity to CDK4/6 inhibitors in breast cancer.

12th EMBO Young Scientists Forum, Warsaw, Poland, 21-22 October 2021

Abstract Book, p.146

4918/A

WIŚNIEWSKA M., KUBERSKA R., ŚLEDZIEWSKA-GÓJSKA E., KANIAK-GOLIK A.,
Non-canonical functions of Mec1/ATR and Tel1/ATM kinases in yeast cells: phosphorylation of Snf1/AMPK in a DDR-independent manner.

11th Central European Genome Stability and Dynamics meeting, online, Szeged, Hungary, 23-24 March 2021

Abstracts, p.14

4919

ŁAZOWSKI K.,

Novel *Escherichia coli* replicase active site mutants with altered base and/or sugar selectivity.

11th Central European Genome Stability and Dynamics meeting, online, Szeged, Hungary, 23-24 March 2021

Abstracts, p.15-16

4920/A

SARNOWSKI T.J., SARNOWSKA E.,
M13 bacteriophage and anti-SARS-COV-2 VHH as a potential therapy against COVID-19.
XXV Gliwice Scientific Meetings, Gliwice, 19-20 November 2021
Abstract Book, L-21

4921/A

MAASSEN A., WILGA M., KOSIOR J., SZARKOWSKA J., JANCEWICZ I., ŚWIĄTEK M.,
STACHOWIAK M., SIEDLECKI J.A., SARNOWSKA E., SARNOWSKI T.J.,
Different stages of clear cell renal cell carcinoma are characterized by various alterations in SWI/SNF
complex subunit abundance.
EACR 2021 Virtual Congress, 9-12 June 2021
Abstracts EP-421

4922/A

KUBALA S., JANCEWICZ I., JAGIELSKA B., RUSETSKA N., DURZYŃSKA M., CHMIELIK E.,
PAUL P., RUTKOWSKI T., 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.
EACR 2021 Virtual Congress, 9-12 June 2021
Abstracts EP-407

4923/A

ĆWIEK P., SZARKOWSKA J., LESZCZYŃSKI M., KUBALA S., BALCERAK A., FERNIE A.R.,
KONCZ C., SIEDLECKI J.A., SARNOWSKI T.J., SARNOWSKA E.,
New insights into evolutionary conserved interdependence between chromatin remodeling, mRNA
splicing and novel nuclear function of TOR kinase in cancer development.
EACR 2021 Virtual Congress, 9-12 June 2021
Abstracts EP-411

4924/A

RUSETSKA N., STACHOWIAK M., JANCEWICZ I., SZARKOWSKA J., KUBALA S.,
MAASSEN A., WILGA M., SIEDLECKI J.A., SARNOWSKA E., SARNOWSKI T.J.,
Does the SWI/SNF chromatin remodeling complex play similar roles in various types of cancer?
EACR 2021 Virtual Congress, 9-12 June 2021
Abstracts EP-422

4925/A

JANCEWICZ I., RUSETSKA N., ARMATOWSKA A., STACHOWIAK M., POGODA K.,
OLSZEWSKI W., NOWECKI Z., SARNOWSKI T.J., SIEDLECKI J.A., SARNOWSKA E.,
BRM, the ATPase subunit of SWI/SNF chromatin remodelling complex is involved in EMT in triple
negative breast cancer.
EACR 2021 Virtual Congress, 9-12 June 2021
Abstracts EP-220

4926/A

ŚWIĄTEK M., JANCEWICZ I., ZUB R., MAASSEN A., SIEDLECKI J.A., SARNOWSKI T.J.,
SARNOWSKA E.,
Implications of HIF1A alternative transcript variants in clear cell renal cell carcinoma cells.
EACR 2021 Virtual Congress, 9-12 June 2021
Abstracts EP-246

4927/A

STACHOWIAK M., SZYMAŃSKI M., ORNOCH A., RUSETSKA N., JANCEWICZ I., CHRZAN A., SIEDLECKI J.A., SARNOWSKI T.J., SARNOWSKA E.,
Epigenetic and metabolic alterations in advanced bladder cancer.
EACR 2021 Virtual Congress, 9-12 June 2021

Abstracts EP-258

4928/A

BEDNAREK A., CENA A., WOŹNICA W., ŁOBOCKA M.,
Dissection of P1 bacteriophage holin functions reveals the biological sense of P1 lytic system complexity.
24th Biennial Evergreen International Phage Meeting, Olympia, 1-6 August 2021

Abstract Book, p.109

4929/A

KALUSKI Ł. SZCZYPKOWSKA A., STEFAŃCZYK E., GŁOWACKA A., GAWOR J., EMPEL J., GOŁĘBIEWSKI M., GROMADKA R., ŁOBOCKA M.,
Characteristic of a new phage with a potential to transduce genetic material between *Staphylococcus aureus* cells of different clonal complexes.
24th Biennial Evergreen International Phage Meeting, Olympia, 1-6 August 2021

Abstract Book, p. 103

4930/A

ŁOBOCKA M.,
Perspektywy terapii fagowej zakażeń gronkowcowych u psów i kotów.
XVI Kongres Polskiego Towarzystwa Nauk Weterynaryjnych, Warszawa, 26-27 listopada 2021

Program, wykład plenarny

ROZPRAWY HABILITACYJNE 2021

1027/N

McINTYRE JUSTYNA

Regulacja ludzkiej polimerazy α .

Regulation of human polymerase α .

2021-03-21

Awarding of the degree of Doctor Habilitatus - March 23, 2021

Research done in Institute of Biochemistry and Biophysics, Polish Academy of Sciences.

1028/N

TOPF ULRIKE

Regulacja homeostazy białkowej po stresie mitochondrialnym.

Regulation of protein homeostasis upon mitochondrial stress.

2021-05-11

Awarding of the degree of Doctor Habilitatus - May 11, 2021

Research done in Institute of Biochemistry and Biophysics, Polish Academy of Sciences.

1029/N

WAWRZYŃSKA ANNA

Wybrane mechanizmy regulacyjne odpowiedzi na niedobór siarki u roślin.

Selected regulatory mechanisms of response to sulfur deficiency in plants.

2021-05-11

Awarding of the degree of Doctor Habilitatus - May 11, 2021

Research done in Institute of Biochemistry and Biophysics, Polish Academy of Sciences.

1030/N

PIŁSYK SEBASTIAN

Aspekty pobierania siarczanu i regulacji u nitkowatych grzybów workowych

saprofitycznych, symbiotycznych i patogennych.

2021-06-29

Awarding of the degree of Doctor Habilitatus - June 29, 2021

Research done in Institute of Biochemistry and Biophysics, Polish Academy of Sciences.

ROZPRAWY DOKTORSKIE 2021

1031/N

KALENIK BARBARA MAŁGORZATA

Profile transkryptomiczne śledzion kur immunizowanych szczepionkami przeciwko wirusowi grypy ptaków H5N1.

(Spleen transcriptomic profiles of chickens immunized with vaccines against influenza virus H5N1.)

Presented February 2, 2021

Research done in Institute of Biochemistry and Biophysics Polish Academy of Sciences.

Ph.D. Thesis Supervisors: prof. dr hab. Agnieszka Sirko, dr Anna Góra-Sochacka

[pol-ang]

1032/N

SOBOLEWSKA ALEKSANDRA

Regulacja polimeraz DNA z rodziny Y, zdolnych do syntezy poprzez uszkodzenia matrycy, w cyklu komórkowym *Saccharomyces cerevisiae*.

(Regulation of translesion synthesis Y-family DNA polymerases in cell cycle of *Saccharomyces cerevisiae*.)

Presented March 18, 2021

Research done in Institute of Biochemistry and Biophysics, Polish Academy of Sciences.

Ph.D. Thesis Supervisors: prof. dr hab. Ewa Śledziwska-Gójska, dr Justyna McIntyre

[pol]

1033/N

MALIK DEEPSHIKHA

Mechanizm działania egzonukleazy REXO2 i niekanonicznej nukleotydylotransferazy CutA w rozpadzie mRNA.

(Mechanism of action of exonuclease REXO2 and noncanonical nucleotidyl transferase CutA in mRNA decay.)

Presented May 18, 2021

Research done in Institute of Biochemistry and Biophysics, Polish Academy of Sciences and International Institute of Molecular and Cell Biology.

Ph.D. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Marcin Nowotny

[ang]

1034/N

PŁONKA MARTA

Aggregation of Rbs1 protein and its effect on cell cycle control in yeast *Saccharomyces cerevisiae*.

(Agregacja białka Rbs1 i jego wpływ na kontrolę cyklu komórkowego u drożdży *Saccharomyces cerevisiae*.)

Presented February 2, 2021

Research done in Institute of Biochemistry and Biophysics, Polish Academy of Sciences.

Ph.D. Thesis Supervisors: prof. dr hab. Magdalena Boguta, dr Małgorzata Cieśla

[pol]

1035/N

SZALONEK MICHAŁ

Rola aneksyny 1 z ziemniaka (*Solanum tuberosum* L) w adaptacji roślin do suszy.

Presented February 16, 2021

Research done in Institute of Biochemistry and Biophysics, Polish Academy of Sciences.

Ph.D. Thesis Supervisor: dr hab. Dorota Konopka-Postupolska

[pol]

1036/N

SLYVKA ANTON

Specyficzne rozpoznawanie i przetwarzanie zmodyfikowanych zasad cytozyny w DNA.
(Specific recognition and processing of modified cytosine bases in DNA.)

Presented March 9, 2021

Research done in Institute of Biochemistry and Biophysics, Polish Academy of Sciences and International Institute of Molecular and Cell Biology.

Ph.D. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Matthias Bochtler

[ang]

1037/N

MALINOWSKA AGATA

Problemy analizy i walidacji wyników uzyskanych z jakościowych i ilościowych wielkoskalowych eksperymentów proteomicznych, przeprowadzanych metodą spektrometrii mas.

(Challenges of analysis and validation of results derived from qualitative and quantitative high-throughput, mass spectrometry – based proteomics experiments.)

Presented May 25, 2021

Research done in Institute of Biochemistry and Biophysics, Polish Academy of Sciences.

Ph.D. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Michał Dadlez

[ang]

1038/N

JURKIEWICZ ANETA

Regulacja polimerazy RNA III w makrofagach.

(Regulation of RNA polymerase III in macrophages.)

Presented September 21, 2021

Research done in Institute of Biochemistry and Biophysics, Polish Academy of Sciences.

Ph.D. Thesis Supervisors: prof. dr hab. Magdalena Rakowska-Boguta, dr Damian Graczyk

[ang]

1039/N

SOCZEWKA PIOTR

Wykorzystanie szczepu drożdży *vps13Δ* jako modelu płasawicy-akantocytozy w celu poszukiwania supresorów genetycznych i chemicznych.

(Using yeast *vps13Δ* chorea-acanthocytosis model for genetic and chemical suppressor screens.)

Presented September 28, 2021

Research done in Institute of Biochemistry and Biophysics, Polish Academy of Sciences.

Ph.D. Thesis Supervisor: dr hab. Joanna Kamińska

[ang]

1040/N

KLIM JOANNA

Eksperymentalna ewolucja drożdży *Saccharomyces cerevisiae*. Badanie ewolucji i stabilności modułów funkcjonalnych.

(Experimental evolution of yeast *Saccharomyces cerevisiae*. A detailed analysis of the evolution and stability of the functional modules.)

Presented October 19, 2021

Research done in Institute of Biochemistry and Biophysics, Polish Academy of Sciences.

Ph.D. Thesis Supervisor: dr hab. Szymon Kaczanowski

[pol-ang]

1041/N

LEWICKA EWA

Ekspresja modułu stabilizacyjnego i rola jego składników w stabilnym utrzymywaniu się plazmidu RA3 (IncU) w szerokim spektrum bakterii.

(Expression of the stability module and the role of its components in the stable maintenance of RA3 plasmid (IncU) in a wide range of bacterial hosts.)

Presented October 28, 2021

Research done in Institute of Biochemistry and Biophysics Polish Academy of Sciences.

Ph.D. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Grażyna Jagura-Burdzy

[ang]

1042/N

BRZYŻEK GRZEGORZ

(Identification and characterization of novel spliceosome related histone methyltransferase SDG45.)

Presented November 23, 2021

Research done in Institute of Biochemistry and Biophysics Polish Academy of Sciences.

Ph.D. Thesis Supervisor: dr hab. Szymon Świeżewski

[ang]

1043/N

FATALSKA AGNIESZKA

(Structural studies of core centriolar proteins and their complexes using hydrogen-deuterium exchange monitored by mass spectrometry.)

Presented December 17, 2021

Research done in University of Cambridge and Institute of Biochemistry and Biophysics Polish Academy of Sciences.

Ph.D. Thesis Supervisors: prof. dr hab. Michał Dadlez, prof. David Glover

[ang]

PRACE MAGISTERSKIE 2021

1044/N

POPLAVSKAYA KRISTINA

Charakterystyka potencjalnych białek partycyjnych kodowanych w obrębie integrującego elementu koniugującego ICEPae1161 w *Pseudomonas aeruginosa*.

(Characterization of potential partition proteins encoded within the integrative conjugative element ICEPae1161 in *Pseudomonas aeruginosa*.)

Presented January 7, 2021

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 Karolina Chreptowicz, dr Adam Kawałek

1045/N

WOŹNIAK DOMINIKA

Analiza interakcji białka partycyjnego ParB z ATPazami typu Walkera w *Pseudomonas aeruginosa*.
(Analysis of the ParB partition protein interaction with Walker-type ATPases in *Pseudomonas aeruginosa*.)

Presented July 5, 2021

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 inż. Joanna Żylińska-Urban, opiekun naukowy dr Adam Kawałek

1046/N

CZARNECKA ALICJA

Znaczenie interakcji białka partycyjnego ParB z *Pseudomonas aeruginosa* z sekwencjami *hparS*.

(The role of interaction of partition protein ParB with *hparS* sequences in *Pseudomonas aeruginosa*.)

Presented July 7, 2021

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 inż. Tadeusz Zdrojewski, konsultacje dr Adam Kawałek

1047/N

ŁUKASZEWICZ WERONIKA

Badanie czynników wpływających na infekcję szczepów bakterii *Lactococcus lactis* przez lityczne fagi *Ceduvirus*.

(Study of factors influencing infection of *Lactococcus lactis* strains by lytic *Ceduvirus* phages.)

Presented July 13, 2021

Research done in Faculty of Biology University of Warsaw and Institute of Biochemistry and Biophysics Polish Academy of Sciences.

M.Sc.Thesis Supervisors: dr hab. Monika Radlińska, dr Agnieszka Szczepankowska

1048/N

GAŚOWSKA MARIA ANNA

Analiza działania wybranych związków antyhistaminowych na komórki drożdży *S. cerevisiae*.
(Activity analysis of selected antihistamine compounds in *S. cerevisiae* yeast cells.)

Presented 6 July, 2021

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 inż. Karolina Drężek, dr hab. Joanna Kamińska

1049/N

KACZOROWSKA ALEKSANDRA

Określenie czynników warunkujących temperatur-niewrażliwy profil receptora Ry^{sto} niosącego odporność na wirusa Y ziemniaka.

(Determination of factors responsible for temperature-insensitive profile of Ry^{sto} receptor conferring resistance to potato virus Y.)

Presented 29 October, 2021

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 Supervisor: dr Marta Grech-Baran

1050/N

ZIMAK ANETA

Izolacja i charakterystyka drożdży z osadu komory beztlenowej przycukrownianej oczyszczalni ścieków oraz wywaru gorzelnianego.

(Isolation and characterization of yeast from the anaerobic reactor from the wastewater treatment plant and from distillery decoctions.)

Presented July 7, 2021

Research done in 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 inż Anna Detman

1051/N

KRAWCZYK IZABELA M.

Rola białka Cdc45 w utrzymaniu stabilności genomu w komórkach drożdży *Saccharomyces cerevisiae*.

(The role of Cdc45 protein in maintaining genome stability in *Saccharomyces cerevisiae* cells.)

Presented November 5, 2021

Research done in Warsaw University of Life Sciences and Institute of Biochemistry and Biophysics Polish Academy of Sciences.

M.Sc.Thesis Supervisor: prof. dr hab. Iwona Fijałkowska

MISCELLANEA 2021

300/M

SIRKO A., MASCLAUX-DAUBRESSE C.,

Advances in plant autophagy.

(Editorial).

Cells (2021) 10(1): 194.

DOI:10.3390/cells10010194

IF 6.600 (2020)

301/M

BOROWSKI Ł.S., SZCZĘSNY R.J.,

Loading messenger RNAs onto ribosomes in human mitochondria: lessons learned from a bacterial toxin.(Commentary)

FEBS Journal (2021) 288(2): 434-436.

DOI: 10.1111/febs.15435

IF 5.542 (2020)

302/M

GUTKOWSKA M., HOFFMAN-SOMMER M., KUBSKI P.J.,

Funkcje białek Rab w roślinach – na poziomie komórki i organizmu.

Postępy Biochemii (2021) 67(1): 16-27

DOI: 10.18388/pb.2021_368

IF-

303/M

FARRONA S., MOZGOVA I., ARCHACKI R., CASAS-MOLLANO J.A.,

Editorial: Chromatin stability and dynamics: targeting and recruitment of chromatin modifiers.

Frontiers in Plant Science (2021) 12: 678702 (3 p.)

DOI: 10.3389/fpls.2021.678702

IF 5.753 (2020)

304/M

TOMECKI R., DRAŻKOWSKA K.,

An integrative approach uncovers transcriptome-wide determinants of mRNA stability regulation in *Saccharomyces cerevisiae*. (Editorial Material).

FEBS Journal (2021) 288: 3418-3423

DOI: 10.1111/febs.15742

IF 5.542 (2020)

305/M

KAMIŃSKA J., ŻOŁĄDEK T.,

Editorial: Yeast models and molecular mechanisms of neurodegenerative diseases.

International Journal of Molecular Sciences (2021) 22(16): 8775

DOI: 10.3390/ijms22168775

IF 5.923 (2020)

306/M

KOWALCZYK M.,

Identification of Probiotics at the strain level - Guidance Document.

Bulletin of the International Dairy Federation (2021): 513

307/M

KRUSZEWSKA J.S.,

Sprawozdanie z prac projektu: „Innowacyjna technologia efektywnego ekonomicznie i ekologicznie zagospodarowywania osadów ściekowych z wykorzystaniem grzybów strzępkowych przez ich osuszanie z wartością dodaną w postaci przetwarzania osadów na biopaliwo stałe”.

Sprawozdanie z prac projektu: „Innowacyjna technologia efektywnego ekonomicznie i ekologicznie zagospodarowywania osadów ściekowych z wykorzystaniem grzybów strzępkowych przez ich osuszanie z wartością dodaną w postaci przetwarzania osadów na biopaliwo stałe”,
Warszawa 2021, wyd. I; ISBN 978-83-962349-0-2

Informacje o działalności jednostki naukowej PAN w 2021 r.

(sporządzane i przekazywane adresatom wyłącznie w wersji elektronicznej)

Adresaci:

1) Wydział PAN (właściwy merytorycznie i organizacyjnie)

2) Biuro Upowszechniania i Promocji Nauki PAN

Termin: 31.01.2022 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.edu.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

prof. dr hab. Wojciech Bal

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. 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 biologiczne 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, związania łańcuchów białkowych, powstawania kryształów białkowych, tworzenia struktur białko-kwas nukleinowy, analiz filogenetycznych, modelowania molekularnego. Prowadzone są prace nad różnicową analizą oddziaływań białko-białko na poziomie komórki (interaktomów), co powinno umożliwić znalezienie kluczowych interakcji dla np. procesów chorobowych. Rozwijane są metody znajdowania inhibitorów oddziaływań białek jako potencjalnych leków w chorobach molekularnych i dla zastosowań w biotechnologii. Badania nad tym zagadnieniem prowadzone są w kierunku opracowania metodologii projektowania takich inhibitorów dającej się zastosować do dowolnych par białek o znanej strukturze. Przeprowadzane są także symulacje kinetyki ekspresji wybranych genów.

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 czterech 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, 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 Skryningowej 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 Synchronicznego	Krajowa infrastruktura badawcza stanowiąca wkład w międzynarodowy projekt „CERIC-ERIC”	Uniwersytet Jagielloński w Krakowie

W czerwcu 2021 r. IBB PAN rozpoczął realizację dwuletniego projektu „Welcome to IBB Center” finansowanego ze środków Narodowej Agencji Wymiany Akademickiej w ramach programu „Welcome to Poland”. Projekt ma na celu zwiększenie umiędzynarodowienia Instytutu oraz poprawę jakości obsługi zagranicznej kadry naukowej i studentów poprzez stworzenie punktu Welcome Center wspierającego obcokrajowców. W projekcie zaplanowano szereg działań informacyjnych, promocyjnych oraz integracyjnych, które całościowo służą budowaniu miejsca przyjaznego naukowcom z zagranicy.

Działalność Welcome Center spotyka się z pozytywnym odbiorem zarówno pracowników Instytutu jak i samych obcokrajowców. Nie ulega wątpliwości, że powstanie jednostki specjalizującej się w obsłudze obcokrajowców przyczyniło się do uporządkowania i zwiększenia przejrzystości procedur dotyczących obcokrajowców i już na tym etapie do zwiększenia jakości wsparcia oferowanego przez IBB zagranicznym pracownikom i doktorantom.

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
209	6	0	196	0	7

II.2. Aktywność wydawnicza jednostki

II.2.1. Wydawnictwa własne jednostki w roku sprawozdawczym (liczbowo, dotyczy wydawnictw, które ukazały się w roku sprawozdawczym)

ogółem wydane		z tego								
		wydawnictwa zwarte		wydawnictwa ciągłe					Pozostałe	
				w tym <i>czasopisma: drukowane</i>		<i>wyłącznie w wersji elektronicznej</i>	inne wydawnictwa ciągłe			
liczba tytułów	nakład w egz.	liczba tytułów	nakład w egz.	liczba tytułów	nakład w egz.	liczba tytułów	liczba tytułów	nakład w egz.	liczba tytułów	nakład w egz.
N/D	N/D	N/D	N/D	N/D	N/D	N/D	N/D	N/D	N/D	N/D

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
Projekty finansowane lub dofinansowane ze środków Narodowego Centrum Nauki	1	Mechanizmy inkorporacji i usuwania rybonukleotydów w komórkach <i>E. coli</i> .	dr Karolina Makieła-Dzbeńska	2016	2021	549 360 zł	Narodowe Centrum Nauki	National Institutes of Child Health and Human Development, USA
	2	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	2022	1 518 680 zł	Narodowe Centrum Nauki	
	3	Poszukiwanie aktywowanego przez aneksynę 1 mechanizmu molekularnego ochrony chloroplastów przed stresem oksydacyjnym w <i>Arabidopsis thaliana</i> .	dr hab. Dorota Konopka-Postupolska	2016	2021	1 213 200 zł	Narodowe Centrum Nauki	
	4	Zmiany w profilu transkryptomicznym i proteomicznym oraz elementach historii życia <i>Daphnia</i> w odpowiedzi na związki alkilujące zanieczyszczające środowisko.	prof. dr hab. Elżbieta Grzesiuk	2017	2022	1 059 740 zł	Narodowe Centrum Nauki	
	5	Badanie roli i biosyntezy poliprenoli typu bakteryjnego w komórkach eukariotycznych.	dr Liliana Surmacz	2017	2023	900 000 zł	Narodowe Centrum Nauki	

	6	Czy mikrobioty ryzosfer antarktycznych roślin kwiatowych zwiększają ich odporność?	mgr Anna Znój	2017	2021	148 800 zł	Narodowe Centrum Nauki	
	7	Zależny od białek Rab transport pęcherzykowy i równowaga biosyntezy steroli - gdzie szukać połączenia?	dr Małgorzata Gutkowska-Stronkowska	2017	2022	432 800 zł	Narodowe Centrum Nauki	
	8	Nowe powiązania funkcjonalne w komórce eukariotycznej: transport pęcherzykowy strażnikiem stabilności genetycznej.	dr hab. Adrianna Skoneczna, prof. instytutu	2017	2021	1 069 400 zł	Narodowe Centrum Nauki	
	9	Rola wzajemnego wpływu potranslacyjnych modyfikacji cystein i wiązania jonów metali na konformacyjną i funkcjonalną plastyczność ludzkich białek S100A8 i S100A9 - biomarkerów wrodzonej odporności i nowotworzenia.	dr Aleksandra Wysłouch-Cieszyńska	2016	2022	1 033 600 zł	Narodowe Centrum Nauki	
	10	Rola białka Cdc45 w utrzymaniu stabilności genomu w komórkach drożdży <i>Saccharomyces cerevisiae</i> .	mgr Milena Denkiewicz-Kruk	2017	2023	150 000 zł	Narodowe Centrum Nauki	
	11	Promutagenne działanie pseudoubikwitynazy Mms2 w komórkach drożdży <i>S. cerevisiae</i> .	mgr Michał Krawczyk	2017	2021	149 900 zł	Narodowe Centrum Nauki	

	12	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, 3) University of Saskatchewan, Kanada, 4) Karlsruhe Institute of Technology, Niemcy, 5) St. Mary College, Notre Dame, USA
	13	Poznanie mechanizmu funkcjonowania mitochondrialnej syntazy ATP poprzez badanie fenotypów mutacji patologicznych w mitochondrialnym DNA na modelu drożdżowym.	dr hab. Róża Kucharczyk	2017	2022	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
	14	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
	15	Polihydroksykwas zimnolubnych bakterii z regionów polarnych – rola w adaptacji bakterii do	dr Jakub Grzesiak	2017	2022	647 116 zł	Narodowe Centrum Nauki	Materials Research Centre, Faculty of Chemistry, Brno

		warunków stresowych i potencjał biotechnologiczny.						University of Technology, Czechy
16		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	2022	818 000 zł	Narodowe Centrum Nauki	
17		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	
18		Badania termodynamiczne wiązania halogenowego w klatce (bio)molekularnej.	prof. dr hab. Jarosław Poznański	2018	2022	1 398 000 zł	Narodowe Centrum Nauki	
19		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
20		Analiza wybranych procesów wpływających na architekturę genomów i skład proteomów u grzybów.	dr hab. Anna Muszewska	2018	2022	403 840 zł	Narodowe Centrum Nauki	
21		Rola białek z rodziny ALKBH w rozwoju otyłości i cukrzycy typu 2 na modelu świni.	prof. dr hab. Elżbieta Grzesiuk	2019	2022	1 240 920 zł	Narodowe Centrum Nauki	
22		Identyfikacja funkcji jądrowej kinazy TOR u Arabidopsis.	mgr Paweł Ćwiek	2018	2022	180 000 zł	Narodowe Centrum Nauki	Max Planck Institute of Molecular Plant Physiology, Niemcy

	23	Kompleks helikazy-polimerazy CMGE jako czynnik integrujący regulację przebiegu cyklu komórkowego i replikacji DNA.	dr Michał Dmowski	2018	2022	1 288 000 zł	Narodowe Centrum Nauki	1) National Institute of Genetics, Japonia 2) Institut de Génétique Moléculaire de Montpellier, Francja
	24	Mechanizmy regulacji biosyntezy poliprenoli na poziomie transkrypcji.	dr Daniel Buszewicz	2018	2022	990 000 zł	Narodowe Centrum Nauki	
	25	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
	26	Ilościowa ocena transportu osadów z lodowców Szetlandów Południowych na podstawie wybranych metod teledetekcyjnych.	dr hab. Robert Bialik, prof. instytutu	2018	2022	898 400 zł	Narodowe Centrum Nauki	Stacja Antarktyczna im. Juana Carlosa I, Chile
	27	Zmienność mikrobiomu porostów antarktycznych w gradiencie troficznym i czasowo przestrzennym (King George Island, South Shetland Islands).	dr Jakub Grzesiak	2018	2022	817 020 zł	Narodowe Centrum Nauki	
	28	Czy maszyneria apoptotyczna jest starą adaptacją do warunków tlenowych?	dr hab. Szymon Kaczanowski, prof. instytutu	2018	2022	786 200 zł	Narodowe Centrum Nauki	
	29	Kinazy białkowe SnRK2 jako integratory sygnałów środowiskowych w regulacji procesu starzenia u roślin.	dr Anna Marta Kulik	2018	2022	1 552 100 zł	Narodowe Centrum Nauki	
	30	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	2022	1 457 500 zł	Narodowe Centrum Nauki	The Sainsbury Laboratory, University of East Anglia, Wielka Brytania

	31	Charakterystyka klonów <i>Streptococcus pyogenes</i> opornych na makrolidy.	dr Izabela Kern-Zdanowicz	2018	2021	1 027 302 zł	Narodowe Centrum Nauki	
	32	Integracja przekazu sygnału od światła i stresu osmotycznego - funkcje molekularne białka PMI1 z <i>Arabidopsis thaliana</i> .	mgr Olga Sztatelman	2019	2023	1 242 600 zł	Narodowe Centrum Nauki	
	33	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
	34	Charakterystyka determinantów genetycznych systemu mannozo-specyficznej fosfotransferazy (Man-PTS) warunkujących wrażliwość na nowo zidentyfikowane bakteriocyny podklasy IId.	mgr Aleksandra Tymoszevska	2019	2022	139 800 zł	Narodowe Centrum Nauki	
	35	Rola i współdziałanie dehydrogenazy AidB i diokszgenazy AlkB w naprawie uszkodzeń zasad DNA i RNA.	dr hab. Agnieszka Maciejewska	2019	2023	924 400 zł	Narodowe Centrum Nauki	
	36	Analiza zależności funkcjonalnej pomiędzy organo-specyficznym wyborem alternatywnych miejsc startu transkrypcji (altTSS)	dr Szymon Kubala	2019	2022	1 618 800 zł	Narodowe Centrum Nauki	Max Planck Institute for Plant Breeding Research, Niemcy

		a remodelingiem chromatyny zależnym od kompleksu SWI/SNF u <i>Arabidopsis</i>						
37		Ocena funkcji biologicznej podjednostki typu SNF5 kompleksu SWI/SNF u <i>Arabidopsis thaliana</i> z wykorzystaniem nowej linii inercyjnej 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
38		Nowe mechanizmy molekularne w pozakomórkowym transporcie miedzi	prof. dr hab. Wojciech Bal	2019	2023	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
39		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	
40		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	
41		Białko PA2504 - nowy gracz w systemie regulacji egzotoksyny A <i>Pseudomonas aeruginosa</i> .	mgr Joanna Drabińska	2019	2022	138 720 zł	Narodowe Centrum Nauki	
42		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
	43	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	
	44	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	University of Strasburg, Francja, Francja
	45	"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	
	46	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
	47	Rola efektora HopAG1 w wirulencji bakteryjnych patogenów roślinnych.	dr Magdalena Górecka	2019	2022	1 021 800 zł	Narodowe Centrum Nauki	
	48	Projektowanie fotoprzełączalnych rozbrajaczy biomateriałów zbudowanych z włókien amyloidowych.	dr Dorota Niedziałek	2019	2022	618 600 zł	Narodowe Centrum Nauki	
	49	Identyfikacja nieznanych regulatorów wtórnego czasu spoczynkowego nasion u Arabidopsis.	dr Ruslan Yatusewich	2019	2022	1 456 400 zł	Narodowe Centrum Nauki	

	50	Biologia i systematyka antarktycznych szczepów bakterii kwasu mlekowego z rodzaju <i>Carnobacterium</i> w świetle analiz fenotypowych i genomicznych.	mgr inż. Katarzyna Kosiorek	2019	2022	139 980 zł	Narodowe Centrum Nauki	
	51	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, prof. instytutu	2019	2022	1 499 400 zł	Narodowe Centrum Nauki	1) University of Leeds, Wielka Brytania 2) Max-Planck Institute of Molecular Plant Physiology, Niemcy
	52	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	
	53	Mechanizmy zachowania metylacji DNA u ssaków: czas, wierność i podstawy kopiowania wzoru metylacji.	prof. dr hab. Matthias Bochtler	2019	2023	1 737 600 zł	Narodowe Centrum Nauki	East China Normal University, College of Life Science, Chiny
	54	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
	55	Identyfikacja czynników wirulencji <i>Streptococcus anginosus</i> .	dr hab. Izabela Kern-Zdanowicz	2019	2022	1 005 620 zł	Narodowe Centrum Nauki	
	56	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

	57	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	
	58	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
	59	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	
	60	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
	61	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
	62	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	
	63	W jaki sposób heterogenność rybosomów przyczynia się do obrony przed stresem komórkowym?	dr Ulrike Topf	2020	2025	3 861 212 zł	Narodowe Centrum Nauki	

	64	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	
	65	Analiza supresorów mutacji ydiU Escherichia coli 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	
	66	Identyfikacja i całościowa klasyfikacja peptydaz.	dr Kamil Steczkiewicz	2020	2023	878 400 zł	Narodowe Centrum Nauki	
	67	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	
	68	Zróźnicowana 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	
	69	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

	70	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
	71	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	
	72	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	
	73	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	
	74	Wpływ zmiany poziomu tRNA na heterogenność rybosomów.	dr Abu Musa MD Talimur Reza	2020	2021	49 940 zł	Narodowe Centrum Nauki	
	75	W roztworze czy w błonie? Ustalenie partycji peptydów beta-amyloidowych między fazą wodną i fosfolipidową i jej efektorów niskocząsteczkowych.	prof. dr hab. Wojciech Bal	2021	2024	2 269 200 zł	Narodowe Centrum Nauki	1) Univeristy of Strasbourg, Francja 2) University of Toulouse, Francja 3) Korea Advanced Institute of Science and Technology (KAIST), Daejeon 4) University of St. Andrews, Wielka Brytania

	76	Nowe aspekty mechanizmu wirulencji HopBF1 - bakteryjnego efektoru, którego działanie nakierowane jest na białko HSP90 gospodarza.	dr hab. Magdalena Krzymowska	2021	2025	2 131 200 zł	Narodowe Centrum Nauki	
	77	Ocena kompleksów białko-ligand za pomocą modeli ML/DL opartych o symulacje dynamiki molekularnej.	dr hab. Paweł Aleksander Siedlecki	2021	2024	517 280 zł	Narodowe Centrum Nauki	Marseille Cancer Research Center, Marseille, Francja
	78	Mechanizm molekularny łączący mutacje polimerazy III RNA z rozwojem leukodystrofii typu HLD.	dr Tomasz Wojciech Turowski	2021	2024	1 535 600 zł	Narodowe Centrum Nauki	
	79	Specyfika funkcjonalna wirusowej RNA-zależnej polimerazy RNA, głównego celu w terapii COVID19.	dr Tomasz Turowski	2021	2022	198 000 zł	Narodowe Centrum Nauki	
	80	Identyfikacja zależności pomiędzy kompleksem remodelującym chromatynę typu SWI/SNF, kontrolą metabolizmu i modyfikacją RNA w raku gruczołowotorbielowatym ślinianki jako podstawa dla nowej terapii celowanej.	dr hab. Tomasz Jacek Sarnowski	2021	2025	2 532 720 zł	Narodowe Centrum Nauki	
	81	Nowy mechanizm kontroli ekspresji genów u Eukaryota poprzez regulację długości ogonów poliadenozynowych kodujących transkryptów.	dr Agnieszka Irena Tudek	2021	2024	1 642 400 zł	Narodowe Centrum Nauki	
	82	Indukowane interferonem czynniki odporności przeciwbakteryjnej w cytozolu komórki gospodarza.	dr Michał Piotr Wandel	2021	2025	2 586 000 zł	Narodowe Centrum Nauki	
	83	LCRPlatform: nowe algorytmy i metody identyfikacji, kategoryzacji oraz adnotacji	dr hab. Marcin Maciej Grynberg	2021	2025	464 820 zł	Narodowe Centrum Nauki	

		regionów białkowych o niskiej złożoności.						
	84	Identyfikacja i charakteryzacja nowych czynników obrony przeciwbakteryjnej.	dr Michał Wandel	2021	2022	200 000 zł	Narodowe Centrum Nauki	
	85	Rola alternatywnych EF-G w regulacji translacji podczas biosyntezy antybiotyków u <i>Myxococcus xanthus</i> .	dr hab. Agata Lucyna Starosta, prof. instytutu	2021	2025	3 513 000 zł	Narodowe Centrum Nauki	
	86	Różnorodność gatunkowa pasożytów przewodu pokarmowego kotika antarktycznego (<i>Arctocephalus gazella</i>).	dr Katarzyna Tołkacz	2021	2022	49 995 zł	Narodowe Centrum Nauki	
	87	Identyfikacja nowych białek zaangażowanych w segregację i kondensację DNA u <i>Pseudomonas aeruginosa</i> z wykorzystaniem sekwencjonowania transpozonowego (Tn-seq).	dr Adam Kawałek	2021	2022	49 500 zł	Narodowe Centrum Nauki	
	88	Określenie wpływu wybranych biowęgla na przebieg procesów ciemnej fermentacji: wydajność produkcji wodoru z melasy buraczanej i stabilność wspólnot mikroorganizmów w układach ciągłych.	dr inż. Anna Detman	2021	2022	49 896 zł	Narodowe Centrum Nauki	

	89	Molekularne podstawy powstawania chorób neurodegeneracyjnych - wpływ wybranych nanocząsteczek metalicznych.	dr hab. Igor Żukow	2021	2025	366 000 zł	Narodowe Centrum Nauki	1) European Synchrotron Radiation Facility, Grenoble, Francja 2) Deutsches Elektronen-Synchrotron, Hamburg, Niemcy 3) Diamond Light Source, Harwell Science and Innovation Campus, Oxfordshire, Wielka Brytania
Projekty finansowane lub dofinansowane ze środków Narodowego Centrum Badań i Rozwoju	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, prof. instytutu	2016	2021	2 544 270 zł	NCBiR	
	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	
	3	Rozwój testów antygenowych do wykrywania wirusa SARS-CoV-2 i przeciwciał anty SARS-CoV-2 w ślinie.	dr Krzysztof Drabikowski	2021	2022	2 221 375 zł	NCBiR	

Projekty finansowane przez inne organizacje krajowe (w tym MNiSW, NAWA)	1	Selektywna autofagia w <i>Arabidopsis thaliana</i> .	prof. dr hab. Agnieszka Sirko	2019	2021	20 000 zł	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	Identyfikacja i charakteryzacja nowych czynników obrony przeciwbakteryjnej.	dr Michał Wandel	2021	2025	1 780 000 zł	NAWA	1) MRC Laboratory of Molecular Biology, Cambridge, Wielka Brytania 2) Howard Hughes Medical Institute, Yale Systems Biology Institute, USA
	6	Specyfika funkcjonalna wirusowej RNA-zależnej polimerazy RNA, głównego celu w terapii COVID19.	dr Tomasz Turowski	2021	2025	1 760 000 zł	NAWA	1) Wellcome Centre for Cell, Biology, University of Edinburgh, Wielka Brytania 2) School of Mathematics, University of Edinburgh, Wielka Brytania

								3) Max Planck Institute for Terrestrial Microbiology in Marburg, Niemcy
	7	Welcome to IBB Center	dr hab. Roman Szczęsny	2021	2023	316 260 zł	NAWA	
	8	POL-OPENSREEN - Polska Platforma Infrastruktury Skriningowej dla Chemii Biologicznej.	prof. dr hab. Piotr Zielenkiewicz	2018	2023	11 500 000 zł	MNiSW	
	9	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	
	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	Lady Davis Institute for Medical Research - Jewish General Hospital, McGill University, Kanada
	11	Mitochondrial double-stranded RNA: its origin, turnover and involvement in human diseases.	dr hab. Roman Szczęsny	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	
	15	Translation regulation in spore-forming bacterium – Specialized ribosomes in <i>Bacillus subtilis</i> .	dr Agata Starosta, prof. instytutu	2020	2022	3 019 579 zł	FNP	
	16	Gene-loops and antisense transcription as mediators of stress memory in plants.	dr Lien Brzeźniak	2018	2021	800 000 zł	FNP	
Projekty finansowane przez podmioty/instytucje zagraniczne	1	Translation regulation in bacteria – Specialized ribosomes in <i>Bacillus subtilis</i> .	dr Agata Starosta, prof. instytutu	2021	2021	639 425 zł	Europejska Organizacja Biologii Molekularnej	
	2	Intracellular mechanisms of anti-microbial immunity.	dr Michał Wandel	2021	2024	235 000 zł	Europejska Organizacja Biologii Molekularnej	
	3	Population-wide analysis of molecular and metabolic features intrinsic to dormancy variability in single seeds — POP1Seed.	dr Julia Zinsmeister	2021	2024	623 788 zł	Unia Europejska H2020 Marie Skłodowska-Curie Individual Fellowships	
Inne projekty	1	Identyfikacja epigenetycznych mechanizmów regulujących ekspresję kluczowych supresorów nowotworzenia w jasnokomórkowym raku nerki.	dr hab. Tomasz Sarnowski, prof. instytutu	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 realizowanych lub zrealizowanych w roku sprawozdawczym.

The SnRK2.10 kinase mitigates the adverse effects of salinity by protecting photosynthetic machinery.

MAZUR R., MASZKOWSKA J., ANIELSKA-MAZUR A., GARSTKA M., POLKOWSKA-KOWALCZYK L., CZAJKOWSKA A., ŻMIENKO A., DOBROWOLSKA G., KULIK A.
Plant Physiology (2021) 187(4): 2785–2802 DOI: 10.1093/plphys/kiab438 IF 8.340 (2020)

W 2021 roku wykonano analizy porównawcze dla roślin *A. thaliana* typu dzikiego oraz 2 mutantów insercyjnych w genie kodującym kinazę SnRK2.10. Z wykorzystaniem barwnika Amplex Red zmierzono stężenie H₂O₂ w roślinach poddanych działaniu stresu solnego. Zmierzono wydajność fotosyntetyczną roślin potraktowanych PEG; przewodność szparkową i indeks szparkowy; określono lokalizację kinaz SnRK2.4 i SnRK2.10 w liściach. Udowodniono, że SnRK2.10 jest zaangażowana w mechanizm tolerancji stresu solnego.

Dynamics of dark fermentation microbial communities in the light of lactate and butyrate production.

DETMAN A., LAUBITZ D., CHOJNACKA A., KIELA P.R., SALAMON A., BARBERAN A., CHEN Y., YANG F., BŁASZCZYK M.K., SIKORA A.,
Microbiome (2021) 9(1): 158 (21p.) DOI: 10.1186/s40168-021-01105-x IF 14.650 (2020)

Ciemna fermentacja jest atrakcyjną metodą pozyskiwania biopaliwa gazowego (bio-H₂) z biomasy. W pracy wykazano, że równowaga pomiędzy bakteriami kwasu mlekowego i bakteriami wspólnoty ciemnej fermentacji (WCF) produkującymi maślan razem z pH środowiska są kluczowe w procesie transformacji mleczanu i octanu do maślanu i H₂. Szlak ten stymuluje efektywne pozyskiwanie H₂ metodą mikrobiologiczną. Niskie pH i mniejsza bioróżnorodność WCF skutkują dominacją mleczanu i etanolu w produktach fermentacji.

Najważniejsze w roku sprawozdawczym osiągnięcie działalności naukowej jednostki o znaczeniu ogólnospołecznym lub gospodarczym, jeżeli zjawisko wystąpiło.

Cirrhotic liver of liver transplant recipients accumulate silver and co-accumulate copper.

POZNAŃSKI J., SOŁDACKI D., CZARKOWSKA-PĄCZEK B., BONNA A., KORNASIEWICZ O., KRAWCZYK M., BAL W., PĄCZEK L.,
International Journal of Molecular Sciences (2021) 22(4): 1782 DOI: 10.3390/ijms22041782 IF 5.923 (2020)

Nanocząstki srebra (AgNP) są powszechnie stosowane w sposób nieregulowany w medycynie, do prewencji i zwalczania zakażeń oraz w wyrobach codziennego użytku (kosmetyki).

Zespół IBB PAN i Warszawskiego Uniwersytetu Medycznego wykazał, że w wątrobach pacjentów transplantologicznych jest akumulowane srebro. Konsekwencje tego odkrycia, świadczące o konieczności wprowadzenia mechanizmów kontroli zawartości AgNP przedstawiono szerokiej opinii publicznej w materiałach prasowych i audycjach telewizyjnych.

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.

Naukowcy IBB PAN, pod kierownictwem dr Agnieszki Szczepankowskiej, wyselekcjonowali szczepy bakterii mlekowych o właściwościach probiotycznych ukierunkowanych na obniżenie ryzyka, opóźnienie rozwoju oraz zmniejszenie dolegliwości chorób neurodegeneracyjnych. W efekcie badań doszło do sprzedaży firmie Olimp Laboratories Sp. z o. o. konkretnych szczepów bakterii kwasu mlekowego, które wykazywały pożądane właściwości. Docelowo, mają one pozwolić Olimp Lab. opracowywaniu serii innowacyjnych produktów.

P.415013 2015-11-30 Pat.239427 Kompozycja szczepów grzybów i sposób utylizacji odpadów ściekowych. Joanna Kruszewska, Urszula Perlińska-Lenart, Sebastian Piłsyk, Marcin Grynberg, Jacek Dach; Instytut Biochemii i Biofizyki PAN

Osad ściekowy po odwodnieniu mechanicznym w suszarniach zawiera ok. 80 % wody. Chroniona patentem metoda dalszego osuszania osadu przy użyciu kompozycji grzybów strzępkowych, opracowana przez grupę prof. J. Kruszewskiej, pozwala uzyskać spadek wilgotności osadu do 32,1%. Licencję na wynalazek kupiła firma Demeter Sp. z o.o., by opracować technologię osuszania osadów z użyciem grzybów (grant NCBR POIR.01.01.01-00-0071/17, prace na skalę półtechniczną w oczyszczalni ścieków SEGO w Rybniku).

II.4. Działalność jednostki o charakterze innowacyjnym, aplikacyjnym

II.4.1. Ochrona własności intelektualnej (dotyczy uprawnień jednostki z tytułu patentu/prawa ochronnego w myśl obowiązujących aktów prawnych z zakresu ochrony własności przemysłowej), w tym:

- wykaz zgłoszeń patentowych i uzyskanych patentów

Lp.	Numer zgłoszenia patentowego	Data zgłoszenia patentowego	Numer prawa wyłącznego	Tytuł	Twórca / Twórcy (nazwisko i imię)	Nazwa uprawnionego z patentu	Kraj lub organizacja gdzie dokonano zgłoszenia
1.	P.436821	2021-02-01		Nowe szczepy <i>Lactococcus lactis</i> , kompozycje je obejmujące oraz ich zastosowanie w zapobieganiu i leczeniu nowotworu raka jelita.	Przemysław Sałański Jacek Bardowski Agnieszka Szczepankowska Joanna Bogusławska	Instytut Biochemii i Biofizyki, PAN	UP RP
2.	P.434248	2014-08-31	Pat.236569	Szczepy <i>Staphylococcus aureus</i> do produkcji monoklonalnych preparatów fagowych pozbawionych zanieczyszczeń plazmidowym DNA.	Łobocka Małgorzata Hejnowicz Monika Dąbrowski Kamil Izak Dariusz Gozdek Agnieszka Gawor Jan Kosakowski Jarosław Gromadka Robert Weber-Dąbrowska Beata Górski Andrzej	Instytut Biochemii i Biofizyki PAN Instytut Immunologii i Terapii Doświadczalnej PAN	UP RP
3.	P.415033	2015-12-02	Pat.236671	Sposób analizy białek w próbce moczu.	Grzesiuk Elżbieta Piwowski Jan Pilżys Tomasz Wiśniowska Iga Marcinkowski Michał Garbicz Damian Lisuk Wojciech	Instytut Biochemii i Biofizyki PAN Warszawski Uniwersytet Medyczny	UP RP

					Kosieradzki Maciej Pączek Leszek Krasowski Paweł		
4.	P.423299	2017-10-30	Pat.237601	Nowe szczepy bakteryjne, nowe białka, konstrukt kwasu nukleinowego, wektor, komórka gospodarz, sposób wytwarzania szczepów bakteryjnych i nowych białek, kompozycja, ich zastosowanie oraz sposób bioremediacji środowiska.	Ewa Furmańczyk Michał Kamiński Adam Sobczak Leszek Lipiński	Instytut Biochemii i Biofizyki PAN	UP RP
5.	P.434470	2017-09-15	Pat.238153	Bakteryjna kultura starterowa, zakwas ją zawierający, sposób wytwarzania pieczywa i zastosowanie bakteryjnej kultury starterowej lub zakwasu do wytwarzania pieczywa.	Magdalena Kowalczyk Jacek Bardowski Jakub Boreczek Joanna Żylińska Roman Górecki Dorota Litwinek Halina Gambuś Krzysztof Buksa	Instytut Biochemii i Biofizyki PAN Uniwersytet Rolniczy im. Hugona Kołłątaja w Krakowie	UP RP
6.	P.434475	2017-09-15	Pat.238154	Bakteryjna kultura starterowa, zakwas ją zawierający, sposób wytwarzania pieczywa i zastosowanie bakteryjnej kultury starterowej lub zakwasu do wytwarzania pieczywa.	Magdalena Kowalczyk Jacek Bardowski Jakub Boreczek Joanna Żylińska Roman Górecki Dorota Litwinek Halina Gambuś Krzysztof Buksa	Instytut Biochemii i Biofizyki PAN Uniwersytet Rolniczy im. Hugona Kołłątaja w Krakowie	UP RP
7.	P.426477	2018-07-30	Pat.238232	Bakteryjna kultura starterowa do pieczywa orkiszowego, zakwas ją zawierający, sposób wytwarzania pieczywa i zastosowanie bakteryjnej	Magdalena Kowalczyk Jacek Bardowski Jakub Boreczek Joanna Żylińska Roman Górecki	Instytut Biochemii i Biofizyki PAN Uniwersytet Rolniczy im.	UP RP

				kultury starterowej lub zakwasu do wytwarzania pieczywa.	Dorota Litwinek Halina Gambuś Krzysztof Buksa	Hugona Kołłątaja w Krakowie	
8.	P.415013	2015-11-30	Pat.239427	Kompozycja szczepów grzybów i sposób utylizacji odpadów ściekowych.	Kruszewska Joanna Perlińska-Lenart Urszula Piłsyk Sebastian Grynberg Marcin Dach Jacek	Instytut Biochemii i Biofizyki PAN	UP RP
9.	EP18195142	2015-08-31	EP3460048	Staphylococcus aureus strains for production of monoclonal phage preparations deprived of contamination with plasmid DNA	Łobocka Małgorzata Hejnowicz Monika Dąbrowski Kamil Izak Dariusz Gozdek Agnieszka Gawor Jan Kosakowski Jarosław Gromadka Robert Weber-Dąbrowska Beata Górski Andrzej	Instytut Biochemii Biofizyki PAN Instytut Immunologii i Terapii Doświadczalnej PAN	EPO
10.	EP18195200	2015-08-31	EP3456813	Enterococcus faecalis strains for the productions of bacteriophage preparations	Łobocka Małgorzata Gozdek Agnieszka Izak Dariusz Zalewska Agnieszka Gawor Jan Dąbrowski Kamil Gromadka Robert Weber-Dąbrowska Beata Górski Andrzej	Instytut Biochemii Biofizyki PAN Instytut Immunologii i Terapii Doświadczalnej PAN	EPO
11.	US2019339284	2019-11-07	US11029314	Methods for diagnosis, differentiation and monitoring using urine proteins as markers in IgA nephropathy.	Krzysztof Mucha Leszek Pączek Radosław Zagożdżon Bartosz Foroniewicz Michał Dadlez	Warszawski Uniwersytet Medyczny Instytut Biochemii i Biofizyki PAN	US

					Magdalena Bakun Jan Piwowarski Tomasz Pilżys Michał Marcinkowski Damian Garbicz Elżbieta Grzesiuk Michał Florczak		
--	--	--	--	--	---	--	--

– wykaz zgłoszeń i uzyskanych praw ochronnych na wzory użytkowe

L.p.	Numer zgłoszenia	Data zgłoszenia	Numer prawa wyłącznego	Tytuł	Twórca / Twórcy (nazwisko i imię)	Nazwa uprawnionego	Kraj lub organizacja gdzie dokonano zgłoszenia
-	-	-	-	-	-	-	-

II.5. Działalność jednostki na rzecz terytorialnych struktur samorządowych

- 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

1) Alicja Węgrzyn (20 grudnia 2021 r., oficjalne pismo z Kancelarii prezydenta RP, MP jeszcze nie opublikowany)

- 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
Justyna McIntyre	Regulacja ludzkiej polimerazy jota.	dziedzina nauk ścisłych i przyrodniczych, dyscyplina: nauki biologiczne
Ulrike Topf	Regulacja homeostazy białkowej po stresie mitochondrialnym.	dziedzina nauk ścisłych i przyrodniczych, dyscyplina: nauki biologiczne
Anna Wawrzyńska	Wybrane mechanizmy regulacyjne odpowiedzi na niedobór siarki u roślin.	dziedzina nauk ścisłych i przyrodniczych, dyscyplina: nauki biologiczne
Sebastian Piłsyk	Aspekty pobierania siarczynu i regulacji u nitkowatych grzybów workowych saprofitycznych, symbiotycznych i patogennych.	dziedzina nauk 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
Karolina Agnieszka Bossak-Ahmad	Ternary complex formation of His2 peptides in the presence of Cu(II) ions. A quantitative Analysis of selected human and yeast peptides.	dziedzina nauk ścisłych i przyrodniczych, dyscyplina: nauki biologiczne

Aneta Jolanta Jurkiewicz	Regulacja polimerazy RNA III w makrofagach.	dziedzina nauk ścisłych i przyrodniczych, dyscyplina: nauki biologiczne
Barbara Małgorzata Kalenik	Analiza transkryptomu śledzion kur immunizowanych szczepionkami opartymi na hemaglutynie wirusa grypy ptaków H5N1.	dziedzina nauk ścisłych i przyrodniczych, dyscyplina: nauki biologiczne
Joanna Jadwiga Klim	Eksperymentalna ewolucja drożdży <i>Saccharomyces cerevisiae</i> . Badanie ewolucji i stabilności modułów funkcjonalnych.	dziedzina nauk ścisłych i przyrodniczych, dyscyplina: nauki biologiczne
Ewa Małgorzata Lewicka	Expression of the stability module and the role of its components in the stable maintenance of RA3 plasmid (IncU) in a wide range of bacterial hosts.	dziedzina nauk ścisłych i przyrodniczych, dyscyplina: nauki biologiczne
Deepshikha Malik	Mechanism of action of exonuclease REXO2 and noncanonical nucleotidyl transferase CutA in mRNA Decay.	dziedzina nauk ścisłych i przyrodniczych, dyscyplina: nauki biologiczne
Agata Monika Malinowska	Problemy analizy i walidacji wyników uzyskanych z jakościowych i ilościowych wielkoskalowych eksperymentów proteomicznych, przeprowadzanych metodą spektrometrii mas.	dziedzina nauk ścisłych i przyrodniczych, dyscyplina: nauki biologiczne
Piotr Soczewka	Using yeast vps13Δ chorea-acanthocytosis model for genetic and chemical suppressor screens.	dziedzina nauk ścisłych i przyrodniczych, dyscyplina: nauki biologiczne
Tomaś Pilżys	Aktywność białek z rodziny AlkB w warunkach homeostazy i w stanach patologicznych.	dziedzina nauk ścisłych i przyrodniczych, dyscyplina: nauki biologiczne
Marta Agnieszka Płonka	Agregacja białka Rbs1 i jego wpływ na kontrolę cyklu komórkowego u drożdży <i>Saccharomyces cerevisiae</i> .	dziedzina nauk ścisłych i przyrodniczych, dyscyplina: nauki biologiczne
Anton Slyvka	Specific recognition and processing of modified cytosine bases in DNA.	dziedzina nauk ścisłych i przyrodniczych, dyscyplina: nauki biologiczne
Aleksandra Monika Sobolewska	Regulacja polimeraz DNA z rodziny Y, zdolnych do syntezy poprzez uszkodzenia matrycy, w cyklu komórkowym <i>Saccharomyces cerevisiae</i> .	dziedzina nauk ścisłych i przyrodniczych, dyscyplina: nauki biologiczne
Ewelina Stefaniak	Distribution of copper ions between amyloid- β peptides and biomolecules present in the synaptic cleft in the context of neurotoxicity of Alzheimer's disease.	dziedzina nauk ścisłych i przyrodniczych, dyscyplina: nauki biologiczne
Michał Szalonek	Rola aneksyny 1 z ziemniaka (<i>Solanum tuberosum</i> L.) w adaptacji roślin do suszy.	dziedzina nauk ścisłych i przyrodniczych, dyscyplina: nauki biologiczne

Grzegorz Brzyżek	Identification and characterization of novel spliceosome related histone methyltransferase SDG45.	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: 0**
- **doktora: 0**

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		
59	42	0	0	0	0	0	0		
Liczba uczestników studiów doktoranckich ogółem: 101						w tym: przyjęci w roku sprawozdawczym: 0			
K		M		K		M		64	64
51		38		0		0			

Bliższe informacje o doktorantach niebędących obywatelami polskimi, zwanymi dalej „cudzoziemcami”

Liczba cudzoziemców ogółem		w tym: przyjęci w roku sprawozdawczym	
24		0	
Kraj pochodzenia	Liczba cudzoziemców	Kraj pochodzenia	Liczba cudzoziemców
1) Chiny	2	nie dotyczy	nie dotyczy
2) Hiszpania	1		
3) Indie	13		
4) Iran	1		
5) Portugalia	2		
6) Turcja	1		
7) Włochy	1		
8) Niemcy	1		

II.6.4. Szkoły doktorskie - stan na dzień 31 grudnia - *prośba o podanie danych odrębnie dla każdej szkoły doktorskiej*

W przypadku szkoły doktorskiej prowadzonej wspólnie z innymi podmiotami:

- *instytut naukowy PAN podaje dane dotyczące wyłącznie doktorantów przypisanych instytutowi PAN składającemu sprawozdanie*
lub

- *instytut naukowy PAN będący podmiotem odpowiedzialnym za wprowadzanie danych do systemu POL-on podaje dane dotyczące wszystkich doktorantów szkoły doktorskiej, w podziale na poszczególne podmioty prowadzące szkołę.*

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 4) Instytut Biochemii i Biofizyki PAN 5) Instytut Biocybernetyki i Inżynierii Biomedycznej im. Macieja Nałęcza PAN 6) Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego Centrum Medycyny Translacyjnej Instytut Medycyny Weterynaryjnej

Dyscypliny, w których prowadzone jest kształcenie w szkole doktorskiej		1) Nauki medyczne 2) Nauki biologiczne 3) Inżynieria biomedyczna 4) Weterynaria			
Liczba doktorantów szkoły doktorskiej w instytucie naukowym PAN				Liczba doktorantów pobierających stypendia*	
Liczba doktorantów szkoły doktorskiej - ogółem: (w podziale na płeć doktorantów)		w tym: przyjęci w roku sprawozdawczym: (w podziale na płeć doktorantów)		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*		
6	1	0	0	7	7

* w podziale na podmioty tworzące szkołę

Bliższe informacje o doktorantach szkół doktorskich niebędących obywatelami polskimi, zwanymi dalej „cudzoziemcami”

Liczba cudzoziemców - ogółem: 2		w tym: przyjęci w roku sprawozdawczym: 0	
Kraj pochodzenia	Liczba cudzoziemców*	Kraj pochodzenia	Liczba cudzoziemców*
1) Mongolia	1	nie dotyczy	nie dotyczy
2) Białoruś	1		
3) Indie	1		

* w podziale na podmioty tworzące szkołę

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				Liczba doktorantów pobierających stypendia*	
Liczba doktorantów szkoły doktorskiej - ogółem: (w podziale na płeć doktorantów)		w tym: przyjęci w roku sprawozdawczym: (w podziale na płeć doktorantów)		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*		
14	11	9	7	25	25

Bliższe informacje o doktorantach szkół doktorskich niebędących obywatelami polskimi, zwanymi dalej „cudzoziemcami”

Liczba cudzoziemców - ogółem: 8		w tym: przyjęci w roku sprawozdawczym: 7	
Kraj pochodzenia	Liczba cudzoziemców*	Kraj pochodzenia	Liczba cudzoziemców*
1) Turcja	2	1) Turcja	1
2) Iran	2	2) Iran	2
3) Ukraina	1	3) Ukraina	1
4) Chiny	1	4) Chiny	1
5) Tajlandia	1	5) Tajlandia	1
6) Etiopia	1	6) Etiopia	1

* w podziale na podmioty tworzące szkołę

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
------------------------	--------------------------------	---------------------------------------

Karolina Agnieszka Bossak-Ahmad	Ternary complex formation of His2 peptides in the presence of Cu(II) ions. A quantitative Analysis of selected human and yeast peptides.	dziedzina nauk ścisłych i przyrodniczych, dyscyplina: nauki biologiczne
Aneta Jolanta Jurkiewicz	Regulacja polimerazy RNA III w makrofagach.	dziedzina nauk ścisłych i przyrodniczych, dyscyplina: nauki biologiczne
Barbara Małgorzata Kalenik	Analiza transkryptomu śledzion kur immunizowanych szczepionkami opartymi na hemaglutynie wirusa grypy ptaków H5N1.	dziedzina nauk ścisłych i przyrodniczych, dyscyplina: nauki biologiczne
Joanna Jadwiga Klim	Eksperymentalna ewolucja drożdży <i>Saccharomyces cerevisiae</i> . Badanie ewolucji i stabilności modułów funkcjonalnych.	dziedzina nauk ścisłych i przyrodniczych, dyscyplina: nauki biologiczne
Ewa Małgorzata Lewicka	Expression of the stability module and the role of its components in the stable maintenance of RA3 plasmid (IncU) in a wide range of bacterial hosts.	dziedzina nauk ścisłych i przyrodniczych, dyscyplina: nauki biologiczne
Agata Monika Malinowska	Problemy analizy i walidacji wyników uzyskanych z jakościowych i ilościowych wielkoskalowych eksperymentów proteomicznych, przeprowadzanych metodą spektrometrii mas.	dziedzina nauk ścisłych i przyrodniczych, dyscyplina: nauki biologiczne
Piotr Soczewka	Using yeast vps13Δ chorea-acanthocytosis model for genetic and chemical suppressor screens	dziedzina nauk ścisłych i przyrodniczych, dyscyplina: nauki biologiczne
Tomasz Pilżys	Aktywność białek z rodziny AlkB w warunkach homeostazy i w stanach patologicznych.	dziedzina nauk ścisłych i przyrodniczych, dyscyplina: nauki biologiczne
Marta Agnieszka Płonka	Agregacja białka Rbs1 i jego wpływ na kontrolę cyklu komórkowego u drożdży <i>Saccharomyces cerevisiae</i>	dziedzina nauk ścisłych i przyrodniczych, dyscyplina: nauki biologiczne
Aleksandra Monika Sobolewska	Regulacja polimeraz DNA z rodziny Y, zdolnych do syntezy poprzez uszkodzenia matrycy, w cyklu komórkowym <i>Saccharomyces cerevisiae</i>	dziedzina nauk ścisłych i przyrodniczych, dyscyplina: nauki biologiczne
Ewelina Stefaniak	Distribution of copper ions between amyloid- β peptides and biomolecules present in the synaptic cleft in the context of neurotoxicity of Alzheimer's disease.	dziedzina nauk ścisłych i przyrodniczych, dyscyplina: nauki biologiczne
Michał Szalonek	Rola aneksyny 1 z ziemniaka (<i>Solanum tuberosum</i> L.) w adaptacji roślin do suszy.	dziedzina nauk ścisłych i przyrodniczych, dyscyplina: nauki biologiczne
Grzegorz Brzyżek	Identification and characterization of novel spliceosome related histone methyltransferase SDG45.	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
nie dotyczy	nie dotyczy	nie dotyczy

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 – nie dotyczy.

Młodzi naukowcy będący pracownikami jednostki	Młodzi naukowcy będący doktorantami odbywającymi studia doktoranckie lub kształcącymi się w szkole doktorskiej
nie dotyczy	nie dotyczy

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).

Imię i nazwisko pracownika	Zagraniczny ośrodek naukowy	Forma kształcenia	Okres kształcenia, rok od-do	Wybrane uzyskane najważniejsze rezultaty badawcze (ew. publikacje)
Matthias Bochtler	National Cancer Institute we Frederick (USA)	Staż	01-31.10.2021	Dzięki współpracy z Dr Georgem Lountosem oraz Dr Ziqiu Wang, udało nam się zarejestrować zestaw danych z użyciem mikroskopu Titan Krios 300 kV w ATRF Riverside (NCI Frederick). Następnie, dzięki współpracy z Dr Renbinem Yangiem, ekspertem z zakresu cryo-EM w NCI udało się określić strukturę białka z rozdzielczością ok 4.7 Å oraz strukturę jego kompleksu z ligandem o rozdzielczości ok 3.2 Å.

Michał Pastor	Cardiff University (UK)	Staż	09.11-22.12.2021	W ramach współpracy z Dr Tomaszem Jurkowskim przygotowano crRNA niezbędne do wykrywania mutacji w genomie SARS-CoV-2. Udało się osiągnąć amplifikację fragmentów materiału genetycznego izotermalną metodą LAMP (loop mediated isothermal amplification) z użyciem sklonowanych i oczyszczonych enzymów. W odpowiedzi na aktualną sytuację epidemiologiczną, zaprojektowano nowe zestawy primerów oraz oligonukleotydów do produkcji crRNA które powinny umożliwić rozróżnienie wariantów Delta i Omicron.
---------------	-------------------------	------	------------------	--

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
98	40	25	15

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	17	2
a) w uczelniach	17	1
b) w innych instytucjach	0	1
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 Biologii
2. Uniwersytet Warszawski, Wydział Fizyki
3. Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego
4. Politechnika Warszawska
5. Uniwersytet Gdański
6. Uniwersytet Marii Curie-Skłodowskiej w Lublinie

II.8. Współpraca z zagranicą

II.8.1. Zagraniczne instytucje naukowe, z którymi współpracuje jednostka

lp.	kraj	partner	nazwa dokumentu ¹	okres obowiązywania	zakres współpracy
1.	Chile	Instituto Antártico Chileno INACH	Memorandum of Understanding	od 28.04.2017 r.	badania podstawowe w ramach projektów naukowych
2.	Francja	Institut de Génétique Moléculaire de Montpellier, Francja, prof. Etienne Schwob	Grant NCN Harmonia UMO-2017/26/M/NZ3/01044	18.05.2018-17.05.2022	badania podstawowe w ramach projektu NCN
3.	Francja	CNRS/Université de Strasbourg/IBMC, prof. H. Becker	Grant NAWA Polonium PPN/BFR/2019/1/00043/U/00001	01.01.2020 - 31.12.2021	badania podstawowe w ramach projektu bilateralnego
4.	Francja	Institut Jean-Pierre Bourgin (IJPB) INRAE	Grant NAWA Polonium PPN/BIL/2018/1/00182/U/00003	01.01.2019-31.12.2021	badania podstawowe w ramach projektu bilateralnego
5.	Francja	Sanofi-Aventis Recherche & Developpeme NT, Institut Pasteur, Inserm Transfert SA, University Paris Descartes, INSERM, CNRS	Umowa o współpracy	do 31.12.2021	badania podstawowe w ramach projektów naukowych
6.	Hiszpania	IPLA-CSIC, Instituto de Productos Lacteos	porozumienie PAN/CSIC	od 2007 r.	badania podstawowe w ramach projektów naukowych
7.	Japonia	Hiroiyuki Araki National Institute of Genetics, Mishima, Japonia	Grant NCN Harmonia UMO-2017/26/M/NZ3/01044	18.05.2018-17.05.2022	badania podstawowe w ramach projektu NCN

¹ W przypadku braku podpisanego porozumienia/umowy proszę wpisać „nie dotyczy”

8.	Kanada	Lady Davis Institute for Medical Research - Jewish General Hospital, McGill University, Kanada, Dr n. med. Mark Basik	FNP First Team First TEAM/2017-4/33 POIR.04.04.00-00-4647/17-00	01.09.2018-28.02.2022	badania podstawowe w ramach projektu FNP
9.	Niemcy	Max-Planck Institute for Molecular Plant Physiology prof. Alisdair Fernie	Fernie_2018 collaboration	do 31.07.2022	badania podstawowe w ramach projektów naukowych
10.	Niemcy	Deutsches Herzzentrum München, Prof. Stefan Holdenrieder	nie dotyczy	nie dotyczy	badania podstawowe w ramach projektów naukowych
11.	Niemcy	Max Planck Institute of Molecular Plant Physiology, Potsdam-Golm	Projekt NCN "Beethoven Life", UMO-2018/31/F/NZ1/02234	29.01.2020-28.01.2023	badania podstawowe w ramach projektu NCN
12.	Niemcy	Institute for Plant Sciences, University of Cologne	Projekt NCN "Beethoven Life", UMO-2018/31/F/NZ1/02234	29.01.2020-28.01.2023	badania podstawowe w ramach projektu NCN
13.	Niemcy	Ruhr-Universität Bochum	list intencyjny	od 2013	badania podstawowe w ramach projektów naukowych
14.	Niemcy	Max Planck Institute for Terrestrial Microbiology, Dr Daniel Schindler	nie dotyczy	nie dotyczy	badania podstawowe w ramach projektów naukowych
15.	Niemcy	University of Regensburg: Regensburg, Bayern, DE, Dr Christoph Engel	nie dotyczy	nie dotyczy	badania podstawowe w ramach projektów naukowych
16.	Taiwan	Instytut Medycyny Molekularnej, Narodowy Uniwersytet Tsing Hua	Wspólny polsko- tajwański projekt w ramach porozumienia o współpracy naukowej między Polską Akademią Nauk i Ministerstwem	2020-2022	badania podstawowe w ramach projektu bilateralnego

			Nauki i Technologii w Taipei		
17.	Tajlandia	Mahidol University, Prof. Apinunt Udomkit	nie dotyczy	nie dotyczy	badania podstawowe w ramach projektów naukowych
18.	USA	Laboratory of Genomic Integrity, NIH, prof. Roger Woodgate	Grant NCN HARMONIA UMO-2015/18/M/NZ3/00402	2016.04.12-11.04.2021	badania podstawowe w ramach projektu NCN
19.	USA	UT Southwestern Medical Center, Dr Vincent Tagliabracci	Grant NCN OPUS UMO-2017/25/B/NZ1/01883	10.01.2018-09.10.2021	badania podstawowe w ramach projektu NCN
20.	USA	National Cancer Institute, Prof. Louis Staudt	nie dotyczy	nie dotyczy	badania podstawowe w ramach projektów naukowych
21.	Wielka Brytania	University of York prof. Seth Davis	nie dotyczy	nie dotyczy	badania podstawowe w ramach projektów naukowych
22.	Wielka Brytania	University of Leeds, Prof. Richard Bayliss	Ramy współpracy międzynarodowej Richard Bayliss	do 31.07.2022	badania podstawowe w ramach projektów naukowych
23.	Wielka Brytania	The Wellcome Trust Centre for Cell Biology, Dr David Tollervey	nie dotyczy	nie dotyczy	badania podstawowe w ramach projektów naukowych

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)

lp.	kraj	podmiot	rodzaj osiągnięcia: wspólna publikacja, patent, nowa metoda badawcza, nowa technologia, grant, inne	opis osiągnięcia
1.	Australia Portugalia Czechy	Univ. Adelaide, Sch. Agr. Food & Wine, Waite Res. Inst.; Univ. Porto, Fac. Ciencias, Dept. Biol.; Czech Acad. Sci., Inst. Expt. Bot.	Wspólna publikacja: ROJEK J; TUCKER MR; PINTO SC; RYCHLOWSKI M; LICHOCKA M ; SOUKUPOVA H; NOWAKOWSKA J; BOHDANOWICZ J; SURMACZ G GUTKOWSKA M(*) Rab-dependent vesicular traffic affects female gametophyte development in Arabidopsis <i>Journal of Experimental Botany</i> (2021) 72:320-340 doi: 10.1093/jxb/eraa430.	Wykazano, że rozwój gametofitów żeńskich (haploidalnych struktur rozrodczych zlokalizowanych w załączku) jest w roślinie z obniżoną wydajnością transportu pęcherzykowego zatrzymany na wczesnym etapie i zależy od genotypu rośliny-matki. Nadmiar auksyn w tkankach załączni hamuje rozwój gametofitu. Wyniki sugerują, że komunikacja między sporofitem a rozwijającym się żeńskim gametofitem zależy od wydajności recyklingu błona komórkowa-endosom białek PIN1 i PIN3 (transportery auksyn) w tkankach załączni.
2.	United Kingdom United States	University of Cambridge Department of Genetics; California Institute of Technology, Div. Biol. & Biol. Eng.; Med. Univ. Vienna, Dept Med. Biochem; Univ. Vienna, Dept. Struct. & Computat. Biol.; Astra Zeneca	Wspólna publikacja: FATALSKA A (*) , STEPINAC E, RICHTER MM, KOVACS L, PIETRAS Z , PUCHINGER M, DONG G, DADLEZ M , GLOVER DM(*) The dimeric Golgi protein Gorab binds to Sas6 as a monomer to mediate centriole duplication. <i>ELIFE</i> (2021) 10: e57241; doi: 10.7554/eLife.57241	Organizacja funkcjonalnych struktur wielobiałkowych stanowi duże wyzwanie. W pracy analizowano centriole; centra zarządzające podziałem cytoplazmy podczas podziałów komórkowych. Zastosowano alternatywne metody badań strukturalnych do zmapowania sieci oddziaływań białka GORAB, jednego z nowoodkrytych białek organizujących centriole, dotychczas związanego z aparatem Golgiego. Wykazani na jego podwójną funkcję: realizowana przez formę homodimeryczną w aparacie Golgiego i monomeryczną w centriolach.

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: 2

z tego:

Nazwa konferencji miejsce, data	Organizator, współorganizatorzy	Rodzaj konferencji	
		krajowa	międzynarod.
Minisymposium: Dzień Chorób Rzadkich: terapie dostępne i poszukiwanie nowych, 26.02.2021, Warszawa	Instytut Biochemii i Biofizyki PAN	X	
EMBO Young Scientists' Forum, 21-22.10.2021, Warszawa	Organizator: Uniwersytet Warszawski, Współorganizator: Instytut Biochemii i Biofizyki PAN		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).

Festiwal Nauki w Warszawie: 22-23 września 2021 r.

1. Skakać czy nie skakać, czyli jak SARS-CoV-2 replikuje się w komórce – dr Tomasz Turowski

Na wykładzie usłyszymy o maszynierii replikacji wirusa SARS-CoV-2, dowiemy się, jak działają niektóre leki używane w terapii COVID-19 i jak lepsze poznanie cyklu wirusa może pomóc w walce z epidemiami.

2. Człowiek na biegunie – wyzwania dnia codziennego Czy możliwe jest życie w warunkach polarnych? Czy Antarktyka może być sposobem na życie? Kim jest polarnik? – mgr Małgorzata Rogala, mgr Aleksandra Woltyńska, Kornelia Wójcik-Długoborska.

Artykuły upowszechniające:

1. https://www.wiz.pl/zdrowie/2123805,1,niekorzystny-nadmiar-srebra.read?fbclid=IwAR0lKqZc5_goJxDlFuWjTmB_V0U9aA1dsGM77oGYpezd4rJaT2BZPSO-8Sg

II.11. Działalność zaplecza naukowego jednostki, o charakterze ogólnoodrodowiskowym

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.

Pracownia Oznaczania Leków i Metabolitów

– zadania, usługi, świadczenia (rodzaj zadań, usług i świadczeń – krótki opis);
Analizy ilościowe poziomu leków i ich metabolitów oraz substancji endogennych w płynach ustrojowych. Wykonywanie rutynowych oznaczeń - monitorowanie terapii.

Wykonywane oznaczenia:

- Tacrolimus wraz z metabolitami w mleku matki.
- Tamoxifen wraz z metabolitami w osoczu.
- Everolimus w krwi pełnej przy pomocy kitu „Waters MassTrak™

Immunosuppressants XE RUO

• Panel hormonów sterydowych w osoczu przy pomocy kitu „AbsoluteIDQ Stero17 Kit” firmy Biocrates Life Sciences.

• Panel metabolitów przy pomocy kitu „AbsoluteIDQ p180 Kit” firmy Biocrates Life Sciences.

- Teriflunomide (A77 1726 - aktywny metabolit Leflunomidu) w osoczu.
- Azatiopryna wraz z metabolitami w moczu.
- 25 hydroksy witamina D w osoczu i surowicy. (Certyfikat DEQAS)
- Rybawiryna w osoczu.
- Nikotyna, kotynina i 3-hydroksy-kotynina w osoczu.
- Azatiopryna wraz z metabolitami w osoczu.
- Cyclosporyna A wraz z metabolitami w osoczu.
- Kwas Mykofenolowy wraz z metabolitami w osoczu.
- Takrolimus wraz z metabolitami w osoczu.
- Cyclosporyna A wraz z metabolitami w moczu.
- Everolimus wraz z metabolitami w moczu.
- Kwas Mykofenolowy wraz z metabolitami w moczu.
- Sirolimus wraz z metabolitami w moczu.
- Takrolimus wraz z metabolitami w moczu.
- Everolimus, Sirolimus, Takrolimus i Cyclosporyna A w pełnej krwi.
- Kwas Mykofenolowy w osoczu.

– uzyskane certyfikaty za wdrożenia systemów jakości, międzynarodowych, przyjętych w UE (opis);

nie dotyczy

– uzyskane akredytacje Polskiego Centrum Akredytacji lub równorzędnego, systemy jakości (opis).

Certyfikacja - Krajowa Rada Diagnostów Laboratoryjnych

Nr decyzji: 3089

Data przyznania uprawnienia: 2011-03-04

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).

Nazwa/rodzaj nagrody	Za co przyznana	Przez kogo przyznana	Komu przyznana
Nagroda Ministra Nauki i Edukacji	Nagroda za całokształt dorobku naukowego	Minister Edukacji i Nauki	prof. dr hab. Michał Dadlez
Nagroda Prezesa Rady Ministrów za wyróżniającą się rozprawę doktorską	Rozprawa doktorska pt. Analiza funkcjonalna białka C6orf203, nowego czynnika zaangażowanego w metabolizm RNA w mitochondriach człowieka.	Prezes Rady Ministrów RP	dr Anna Kotrys
Nagroda Wydziału II – Nauk Biologicznych i Rolniczych PAN	Za cykl prac nad mechanizmami regulującymi antysensowne transkrypty w mitochondriach człowieka oraz rolę dwuniciowego RNA mitochondrialnego	Wydział II Nauk Biologicznych i Rolniczych PAN	dr Anna Kotrys, dr Łukasz Borowski, dr Zbigniew Pietras, dr Maciej Szewczyk, dr hab. Roman Szczęsny
Start 2021	Za dotychczasowe osiągnięcia badawcze	Fundacja na rzecz Nauki Polskiej	Anna Detman
Nagroda im. Bolesława Skarżyńskiego za najlepszy artykuł opublikowany w kwartalniku „Postępy Biochemii”	Za artykuł przeglądowy „Mechanizmy kontrolujące strukturę chromatyny”	Zarząd Główny Polskiego Towarzystwa Biochemicznego	dr Sebastian Sacharowski, dr hab. Tomasz Sarnowski, prof. instytutu
Nagroda Naukowa Zespołowa II stopnia	Za osiągnięcie naukowe pt. „Molekularne podstawy chorób cywilizacyjnych i strategii ich terapii”	Nagroda Rektora UG	Magdalena Gabig-Cimińska, Marta Moskot
najlepsza oryginalna praca badawcza opublikowana w roku 2020	Za pracę „Key Intermediate Species Reveal the Copper(II)-Exchange Pathway in Biorelevant ATCUN/NTS Complexes”	Komisja ds. nagród IBB PAN	Radosław Kotuniak, Karolina Bossak-Ahmad, Wojciech Bal

(nauki chemiczne)	Angewante Chemie Int Ed Engl. (2020) 59(28):11234-11239		
najlepsza oryginalna praca badawcza opublikowana w roku 2020 (nauki biologiczne)	Za pracę "Extreme resistance to Potato virus Y in potato carrying the Rysto gene is mediated by a TIR- NLR immune receptor" Plant Biotechnology Journal (2020) 18(3):655-667	Komisja ds. nagród IBB PAN	Grech-Baran M, Witek K, Szajko K, Witek AI, Morgiewicz K, Hennig J
wyróżniona praca badawcza opublikowana w roku 2020	Za pracę "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	Komisja ds. nagród IBB PAN	Borowski LS, Czarnomska SD, Kotrys AV, Kłosowska-Kosicka K, Szczesny RJ
najlepsza praca przeglądowa opublikowana w roku 2020	Za pracę „Polymerase iota - an odd sibling among Y family polymerases” DNA Repair (Amst) (2020) 86:102753.	Komisja ds. nagród IBB PAN	dr hab. Justyna McIntyre
najlepsza praca doktorska obroniona w IBB PAN w roku 2020	Za pracę „Analiza funkcjonalna białka C6orf203, nowego czynnika zaangażowanego w metabolizm RNA w mitochondriach człowieka”	Komisja ds. nagród IBB PAN	dr Anna Kotrys

II.12.2. Nagrody i wyróżnienia przyznane za praktyczne zastosowanie wyników B+R

Nazwa-rodzaj nagrody/za co przyznana/przez kogo/komu (m.in. Prezydenta RP, Prezesa Rady Ministrów, nagrody PAN, nagrody resortowe, uczelni, fundacji, towarzystw, instytucji oraz osób działających na rzecz nauki, krajowych izb gospodarczych, medali i wyróżnień przyznanych na targach krajowych i zagranicznych, nagrody przyznawane przez jednostkę).

Nazwa/rodzaj nagrody	Za co przyznana	Przez kogo przyznana	Komu przyznana
Nagroda Ministra Edukacji i Nauki	Za znaczące osiągnięcia w zakresie działalności wdrożeniowej	Minister Edukacji i Nauki	prof. dr hab. Joanna Kruszewska
Nagroda Made in Poland 2021	Za istotny wpływ na kształt i rozwój gospodarki narodowej, wiedzę, doświadczenie oraz innowacyjność i najwyższą jakość oferowanych projektów naukowych	Rada Kongresowa PAP	IBB PAN

III. Zatrudnienie

Zatrudnienie średnioroczne w przeliczeniu na pełne etaty*:

Liczba ogółem/w tym naukowych.

242,303/105,351

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 Dioscuri** – inicjatywa Towarzystwa Maxa Plancka (MPG), niezależnej niemieckiej instytucji naukowo-badawczej, mająca na celu utworzenie Centrów Doskonałości Naukowej w Europie Środkowej i Wschodniej.

IV.2. Przynależność jednostki do centrów PAN

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	1. Wydział Biologii Uniwersytetu Warszawskiego (koordynator Sieci), 2. Instytut Biologii i Nauk o Ziemi Akademii Pomorskiej w Słupsku, 3. Instytut Badawczy Leśnictwa, 4. Instytut Biochemii i Biofizyki Polskiej Akademii Nauk, 5. Instytut Biologii Ssaków Polskiej Akademii Nauk, 6. Instytut Botaniki im. W. Szafera Polskiej Akademii Nauk, 7. Instytut Dendrologii Polskiej Akademii Nauk,

				8. Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin – Państwowy Instytut Badawczy, 9. Instytut Oceanologii Polskiej Akademii Nauk, 10. Instytut Ochrony Przyrody Polskiej Akademii Nauk, 11. Instytut Systematyki i Ewolucji Zwierząt Polskiej Akademii Nauk, 12. Morski Instytut Rybacki – Państwowy Instytut Badawczy, 13. Muzeum Górnośląskie w Bytomiu, 14. Muzeum i Instytut Zoologii Polskiej Akademii Nauk, 15. Zbiory Przyrodnicze, Wydział Biologii, Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu 16. Wydział Biologii, Geografii i Oceanologii, Uniwersytet Gdański, 17. Wydział Biologii, Uniwersytet Jagielloński, 18. Uniwersytet Łódzki, 19. Uniwersytet Marii Curie–Skłodowskiej, 20. Wydział Nauk Biologicznych i Weterynaryjnych, Uniwersytet Mikołaja Kopernika, 21. Instytut Biologii, Uniwersytet Opolski, 22. Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie, 23. Uniwersytet Rolniczy im. Hugona Kołłątaja w Krakowie, 24. Instytut Biologii i Biotechnologii, Kolegium Nauk Przyrodniczych, Uniwersytet 25. Instytut Biologii, Uniwersytet Szczeciński, 26. Wydział Nauk Przyrodniczych, Uniwersytet Śląski w Katowicach, 27. Wydział Biologii, Uniwersytet w Białymstoku, 28. Wydział Nauk Biologicznych, Uniwersytet Wrocławski.
--	--	--	--	--

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-OPENSREEN, Polska Platforma Infrastruktury Skriningowej dla Chemii Bioorganicznej jako część konsorcjum europejskiego EU- OPENSREEN ERIC	26.04.2018	chemia bioorganiczna	- Instytut Biologii Medycznej PAN - Instytut Biochemii i Biofizyki PAN - Instytut Chemii Bioorganicznej PAN
2.	Polskie Konsorcjum Polarne (PKPol)	25.09.2014	badania polarne	- Instytut Biochemii i Biofizyki PAN, - Uniwersytet Śląski, - Uniwersytet Jagielloński, - Uniwersytet im. Adama Mickiewicza, - Uniwersytet Marii Curie Skłodowskiej, - Uniwersytet Gdański, - Uniwersytet Jana Kochanowskiego, - Uniwersytet Mikołaja Kopernika, - Uniwersytet Wrocławski, - Instytut Geofizyki PAN, - Instytut Oceanologii PAN, - Instytut Nauk Geologicznych PAN, - Akademia Morska w Gdyni, - Państwowy Instytut Geologiczny – Państwowy Instytut Badawczy, - Politechnika Gdańska, - Uniwersytet Warszawski, - Uniwersytet Łódzki, - Politechnika Warszawska.
3.	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

* zgodnie z obowiązującymi przepisami.

miejsce, dnia 31 stycznia, 2022 r.

Imię i nazwisko, telefon do kontaktów osoby sporządzającej informację
Katarzyna Jagiełło-Wilgat, 22-592-21-41