

2022

SPRAWOZDANIE Z DZIAŁALNOŚCI IBB PAN ZA ROK 2022



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-03 - Zakład Biologii Antarktyki.....	4
PN-04 - Pracownia Inżynierii Genomu	5
PN-05 - Pracownia Genetycznych Podstaw Chorób Człowieka.....	6
PN-06 - Pracownia Spektrometrii Mas	8
PN-07 - Pracownia Fosforylacji Białek Roślinnych	9
PN-08 - Pracownia Replikacji DNA i Stabilności Genomu	10
PN-09 - Pracownia Biologii Molekularnej Chorób Skórnych Człowieka	12
PN-10 - Pracownia Metabolizmu RNA w Procesach Odpowiedzi Immunologicznej.....	14
PN-11 - Pracownia Modyfikacji i Uszkodzeń DNA i RNA	16
PN-12 - Pracownia Patogenezy Roślin	17
PN-13 - Pracownia Segregacji DNA i Cyklu Życiowego Proteobakterii	18
PN-14 - Pracownia Lekooporności Bakterii	19
PN-15 - Pracownia Biologii Grzybów	20
PN-16 - Pracownia Biologii Roślin i Mikroorganizmów.....	21
PN-17 - Pracownia Bioenergetyki i Mechanizmów Chorób Mitochondrialnych.....	22
PN-18 - Pracownia Biochemii Lipidów	23
PN-19 - Pracownia Biologii Bakteriofagów	25
PN-20 - Pracownia Niekodujących RNA i Rearanżacji Genomu.....	26
PN-21 - Pracownia Molekularnych Podstaw Aktywności Biologicznej	28
PN-22 - Pracownia Transkrypcji tRNA	29
PN-23 - Pracownia Regulacji Ekspresji Genów	30
PN-24 - Pracownia Białej Biotechnologii.....	32
PN-25 - Pracownia Homeostazy Białek Roślinnych	33
PN-26 - Pracownia Mechanizmów Stabilności Genetycznej.....	34
PN-27 - Pracownia Biologii RNA.....	36
PN-28 - Pracownia Mutagenezy i Tolerancji Uszkodzeń DNA	36
PN-29 - Pracownia Biologii Molekularnej Nasion	38
PN-30 - Laboratory of Molecular Basis of Aging and Rejuvenation	39
PN-31 - Pracownia Fizjologii Molekularnej Zwierząt.....	40
PN-32 - Pracownia Terapii Fagowej	41

PN-33 - Zakład Bioinformatyki	42
PN-34 - Pracownia Środowiskowej i Ewolucyjnej Biologii Systemów	44
PN-35 - Pracownia Genetyki i Biologii Molekularnej Drożdży	45
PN-36 - Pracownia Translatomiki.....	47
PN-37 - Pracownia Mechanizmów Transkrypcji	48
PN-38 - Laboratory of Intracellular Immunity.....	49
PN-39 – Pracownia Mikrobiologii Stosowanej.....	50
PN-40 – Pracownia Bioinformatyki Grzybów	52
PN-41 – Pracownia Dojrzewania i Degradacji RNA	53
PN-42 – Pracownia Biotechnologii Bakterii Mlekowych.....	55
FA-01 - Środowiskowa Pracownia Mikroskopii Fluorescencyjnej	56
FA-02 - Środowiskowa Pracownia Spektrometrii Mas.....	57
FA-03 - Środowiskowa Pracownia Sekwencjonowania i Syntezy DNA.....	59
FA-04 - Środowiskowa Pracownia Hodowli Komórkowych i Produkcji Białek	60
FA-05 - Środowiskowa Pracownia Biologicznego NMR.....	61
FA-06 - Pracownia Analiz Mikromacierzy	62
ARTYKUŁY 2022	65
ABSTRAKTY 2022	90
ROZPRAWY HABILITACYJNE 2022	109
ROZPRAWY DOKTORSKIE 2022	110
PRACE MAGISTERSKIE 2022.....	118
MISCELLANEA 2021	120
Informacje o działalności jednostki naukowej PAN w 2022 r.....	122
I.3. Misja, uprawiane dyscypliny naukowe oraz realizowane główne kierunki badawcze.	123
II.1. Publikacje naukowe jednostki (liczbowo).....	126
II.2. Aktywność wydawnicza jednostki	126
II.3. Projekty, prace badawcze realizowane w roku sprawozdawczym	127
II.4. Działalność jednostki o charakterze innowacyjnym, aplikacyjnym.....	148
II. 5. Działalność jednostki na rzecz terytorialnych struktur samorządowych.....	151
II.6. Kształcenie i rozwój kadry naukowej.....	151
II.7. Działalność dydaktyczna pracowników jednostki.....	161
II.8. Współpraca z zagranicą	162
II.9. Międzynarodowe centra naukowe (działające w strukturze jednostki).....	167

II.10. Upowszechnianie i promocja osiągnięć naukowych	168
II.11. Działalność zaplecza naukowego jednostki, o charakterze ogólnoodrodowiskowym, w tym:	171
II.12. Nagrody i wyróżnienia naukowe uzyskane przez pracowników jednostki w roku sprawozdawczym	171
III. Zatrudnienie	175
IV. Inne Formy Zrzeszenia Jednostek Naukowych PAN	175

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 2022	
Działalność statutowa	41 780 000,00 zł
w tym:	
Subwencja	29 640 700,00 zł
Pomoc materialna dla doktorantów	36 300,00 zł
Dotacja podmiotowa - SPUB Zintegrowane laboratorium wielkoskalowych analiz genów i białek (2022-2024)	3 048 000,00 zł
Dotacja podmiotowa - SPUB Polska Stacja Antarktyczna im. H. Arctowskiego (2022-2024)	9 055 000,00 zł
Dotacje celowe	19 129 500,00 zł
ARCTOWSKI - PolarPOL - Polskie Multidyscyplinarne Laboratorium Badań Polarnych w Antarktyce (ogółem przyznano 87 949 000,00 zł; 2018-2023)	19 000 000,00 zł
Modernizacja komór chłodniczych w budynkach Instytutu Biochemii i Biofizyki Polskiej Akademii Nauk (ogółem przyznano 512 664,00 zł; 2020-2022)	129 500,00 zł
Projekty badawcze: NCN, NCBiR, MNiSW, FNP, i inne	29 673 937,30 zł
w tym:	
Projekty badawcze NCN	20 295 831,98 zł
Fundusze strukturalne (FNP)	2 122 959,63 zł
Projekty badawcze MNiSW	2 707 960,00 zł
Projekty badawcze NCBiR	1 997 630,72 zł
Projekty NAWA	891 307,24 zł

<i>Projekty UE, EMBO</i>	<i>594 267,41 zł</i>
<i>Nagrody MNiSW</i>	<i>140 000,00 zł</i>
<i>inne</i>	<i>923 980,32 zł</i>
Inne	17 333 673,52 zł
w tym:	
<i>Prawa do wynalazku</i>	<i>434 274,65 zł</i>
<i>Działalność gospodarcza</i>	<i>1 465 367,19 zł</i>
<i>Sprzedaż usług naukowych</i>	<i>4 234 749,19 zł</i>
<i>HORIZON</i>	<i>173 500,00 zł</i>
<i>Przychody finansowe</i>	<i>2 693 484,71 zł</i>
<i>Refundacje z PAN</i>	<i>412 190,87 zł</i>
<i>Sprzedaż z refaktur</i>	<i>12 848,32 zł</i>
<i>Wpływy ze stacji</i>	<i>190 490,00 zł</i>
<i>Pozostałe</i>	<i>7 716 768,59 zł</i>
ŁĄCZNIE:	107 917 110,82 zł

Publikacje naukowe jednostki (liczbowo) - za rok 2022

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
170	5	0	157	2	6

PN-01 - Pracownia Chemii Biologicznej Jonów Metali

Kierownik: prof. dr hab. Wojciech Bal

Zespół: dr hab. Adam Mieczkowski, dr Krzysztof Drabikowski, dr Tomasz Frączyk, dr hab. Marcin Grynberg, dr Radosław Kotuniak, dr Irena Paczkowska, dr Adrianna Łoniewska-Lwowska, dr inż. Iwona Ufnalska, mgr Dawid Płonka, mgr Maciej Plichta, mgr inż. Dobromiła Sudzik, mgr inż. Paulina Szczerba, mgr Marta Wiśniewska, mgr Joanna Ziemska-Legięcka, Maciej Dzikowski

Cel badań:

Poznanie mechanizmów molekularnych leżących u podłoża procesów fizjologicznych z udziałem jonów metali, szczególnie miedzi oraz procesów toksycznych z udziałem jonów metali ciężkich i kancerogennych, w tym: niklu, kobaltu, kadmu, srebra i palladu, z uwzględnieniem praktycznego wykorzystania uzyskanych wyników.

Opis realizowanych prac:

Kontynuowano badania kinetyki oddziaływań jonów Cu(II) z peptydami modelującymi białka przenoszącymi miedź w płynach ustrojowych (6317, 6462, 1061/N, 315/M). Prowadzono również poszukiwania cząsteczek regulujących pobieranie miedzi przez komórki. We współpracy z badaczami z Wydziału Chemicznego Politechniki Warszawskiej kontynuowano badania możliwości wykorzystania peptydów A β 5-x i innych peptydów Xaa-His jako sensorów chemicznych (6464). Wspólnie z badaczami z Uniwersytetu Wrocławskiego kontynuowano badania toksyczności molekularnej jonów srebra (6348) i oddziaływań neuropeptydów z modelami błony komórkowej (6435). Kontynuowano poszukiwania białek podatnych na hydrolizę niklową (wraz z dr. T. Frączykiem i dr. hab. M. Grynbergiem, 6370, 6419). Wykazano, że hepcydyna w zredukowanej formie wewnątrzkomórkowej silnie wiąże jony Cd(II) i Zn(II), co może być elementem nefrotoksyczności kadmu (6463). We współpracy z uczonymi z Uniwersytetu w Bazylei przedstawiono mechanizm działania nowej klasy inhibitorów kinaz o potencjale przeciwnowotworowym (6391), a we współpracy z naukowcami z Uniwersytetu w Dallas opisano długożyjący anionorodnik disiarczkowy sprzężony z jonem miedzi w metalotioneinie (6329). We współpracy z dr. K. Drabikowskim wykonano badania wstępne nowego materiału biobójczego. Dr hab. M. Grynberg ze współpracownikami udowodnił, że fragmenty białek o niskiej złożoności (LCR) wymagają specjalnego traktowania, którego nie zapewniają standardowe programy do analiz znajdowania i porównywania sekwencji o wysokiej złożoności. Jedynie program BLAST, z bardzo nietypowymi parametrami, jest dostateczny do poszukiwań sekwencji LCR (6432). Dr T. Frączyk sformułował hipotezę o fizjologicznych/patologicznych właściwościach potencjalnych mieszanych kompleksów (Cu-Zn) peptydu A β (6402). Dr K. Drabikowski we współpracy z grupą prof. A. Dziembowskiego z MIMBiK dokonał odkrycia cytoplazmatycznej poli(A) polymerazy TENT-5, która reguluje geny odporności wrodzonej u *Caenorhabditis elegans*. Utrata TENT-5 obniża odporność nicieni na infekcje bakteryjne. TENT-5 jest zachowana ewolucyjnie i aktywna w makrofagach myszy (6461).

Opis najważniejszych osiągnięć:

Najważniejszym osiągnięciem badawczym było wyznaczenie struktur kompleksów srebra z palcami cynkowymi za pomocą badań spektroskopii rentgenowskiej XAS (6348).

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Badania wstępne nowego materiału biobójczego stanowią podstawę dla nawiązania współpracy z partnerem przemysłowym.

Publikacje:

6317, 6329, 6348, 6370, 6391, 6402, 6419, 6432, 6435, 6461, 6462, 6463, 6464, 315/M, 1061/N

PN-03 - Zakład Biologii Antarktyki

Kierownik: dr hab. Robert Bialik, prof. instytutu

Zespół: dr Katarzyna Korczak-Abshire, dr Jakub Grzesiuk, dr Joanna Plenzler, dr Katarzyna Tołkacz, dr Stephen Jennings, mgr Michał Dziembowski, mgr Katarzyna Fudala, mgr Małgorzata Rogala, mgr Aleksandra Woltyńska, mgr Kornelia Wójcik, mgr Stanisław Cukier

Cel badań:

Głównym celem prac był rozwój prowadzonych na Polskiej Stacji Antarktycznej im. H. Arctowskiego monitoringów środowiska, w tym ekologicznego, hydrologicznego i oceanograficznego, które są wsparte ciągłymi obserwacjami z wykorzystaniem bezzałogowych statków powietrznych. W szczególności, w roku 2022, jednym z głównych zadań było przeprowadzenie oceny wielkości populacji petrelców olbrzymich *Macronectes giganteus* na Antarktycznym Obszarze Szczególnego Zarządzania (ASMA nr 1) w Zatoce Admiralicji na Wyspie Króla Jerzego.

Opis realizowanych prac:

Realizowano szereg prac z zakresu mikrobiologii regionów polarnych. Prowadzone były badania z wykorzystaniem szczepów bakterii zimnolubnych zdolnych do produkcji granul materiałów zapasowych oraz ich mutantów – analiza przeżywalności w obecności czynników stresowych oraz potencjał biotechnologiczny. Opracowywane były wyniki uzyskane podczas analizy bioróżnorodności bakterii w porostach antarktycznych, ze szczególnym uwzględnieniem bakterii o właściwościach antydrobnoustrojowych. Wyniki powyższych badań wskazują, iż: obecność granul w komórkach bakterii regionów polarnych w ilości >10% suchej biomasy przyczynia się do istotnego zwiększenia przeżywalności komórek podczas stresów środowiskowych, zwłaszcza tych związanych z cyklicznym zamarzaniem i rozmarzaniem; zakres tolerancji środowiskowej porostów antarktycznych koreluje z bioróżnorodnością zasiedlających je społeczności bakteryjnych, wskazując na dodatnie relacje symbiotyczne porost-bakteria; szczepy wyizolowane z porostów antarktycznych wytwarzają związki antybakteryjne o nieopisanym dotąd charakterze.

Kontynuowano badania trendów i plastyczności fenologii wszystkich trzech gatunków *Pygoscelis* z wykorzystaniem metod teledetekcji. Otrzymane wyniki wspierają decyzje w sprawie prowadzenia zrównoważonych połowów i określania obszarów priorytetowych dla ochrony Oceanu Południowego. Badania diety trzech gatunków pingwinów *Pygoscelis* dostarczyły informacji o międzygatunkowych różnicach w rodzaju pobieranego pokarmu, strukturze wielkości kryła antarktycznego, oraz zanieczyszczeniach plastikiem wód Oceanu Południowego.

Testowano system telemetrii radiowej, oparty na bazowych stacjach naziemnych przechwytyjących pozycję GPS z nadajników zamontowanych na grzbietach kormoranów antarktycznych *Leucocarbo bransfieldensis*. Trzy próbne loggery GPS solar ENV-BHV (Debut Nano), które zamontowane zostały na ptakach z kolonii Shag Rock dostarczyły wstępnych danych pokazujących obszar żerowania dorosłych osobników w okresie odchowu piskląt. Pozycje GPS zestawione z zasięgiem lodowców w 1956 roku wykazały, że zwierzęta wykorzystują do żerowania obszary przybrzeżne w zatokach lodowca, które zostały odsłonięte w ostatnich dekadach. Ponadto, oszacowano liczbę aktywnych gniazd i piskląt petrelców olbrzymich na całym obszarze ASMA nr 1, stwierdzając 508 aktywnych gniazd i 380 piskląt.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Zastosowanie telemetrii w badaniach biologii gatunków wskaźnikowych zależnych od kryła (*Euphausia superba*) doprowadziło do identyfikacji morskich siedlisk wykorzystywanych przez osobniki pingwinów *Pygoscelis adeliae* niebiorących udziału w lęgach. Wyniki pracy podkreślają potrzebę uwzględnienia różnych etapów i historii życia osobników w charakterystyce zachowania żerowania populacji drapieżników morskich.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Prowadzone obserwacje pozwalają na ocenę wpływu na środowisko zadania polegającego na budowie nowego budynku mieszkalnego i kompleksowej przebudowie Polskiej Stacji Antarktycznej im. Henryka Arctowskiego oraz raportowania zmian zachodzących w ekosystemie antarktycznym na forum międzynarodowym m.in. przy ATCM. W czasie posiedzenia Grupy Roboczej ds. Antarktyki Zespołu ds. Polityki Polarnej Państwa zgłoszono konieczność przystąpienia Polski do Umowy w sprawie ochrony albatrosów i petreli (ACAP), sporządzonej w Canberze dnia 19 czerwca 2001 r.

Publikacje:

6321, 6326, 6377, 6384, 6386, 6387, 6388, 6404, 6433, 6442, 6449, 6451, 6452, 6455, 6459, 1074/N, 5004/A, 5019/A, 5020/A, 5070/A, 5071/A, 5072/A, 5073/A

PN-04 - Pracownia Inżynierii Genomu

Kierownik: prof. dr hab. Matthias Bochtler

Zespół: dr Michał Pastor, dr Dominik Rafalski, mgr Igor Helbrecht

Cel badań:

Strukturalne, funkcjonalne i mechanistyczne badania enzymów, w szczególności enzymów modyfikujących DNA i RNA.

Opis realizowanych prac:

W ramach okresu sprawozdawczego prowadziliśmy badania enzymów modyfikujących DNA, RNA oraz histony, jak również badania triad katalitycznych (1-4).

Opis najważniejszych osiągnięć:

- We współpracy z grupami dr. Tomasza Jurkowskiego (Cardiff University) oraz dr. Tima Hore (University of Otago), wykazaliśmy niemal 100-krotnie wyższą swoistość białek TET w stosunku do preferowanych sekwencji otaczających docelowy dinukleotyd CpG. Wyjaśniliśmy strukturalne podstawy tej swoistości oraz jej znaczenie w hodowlach komórkowych, komórkach linii zarodkowej oraz przedjadrze męskim (1).

- We współpracy z grupą prof. Alberta Jeltscha (University of Stuttgart), prowadziliśmy badania białek białaczki o mieszanym fenotypie (MLL/KMT2), wprowadzających metylację histonu H3K4. Wyniki grupy prof. Jeltscha wskazują, że wiążące się do promotorów białka KMT2A and KMT2B w kompleksach COMPASS wprowadzają potrójną metylację histonu H3K4. Natomiast wiążące się do wzmacniaczy transkrypcji białka KMT2C and KMT2D dodają jedynie pojedynczą grupę metylową do tego histonu. Wykazaliśmy, że zestawy domen PHD w białkach KMT2 odpowiadają za ich swoistość w stosunku do promotorów i wzmacniaczy transkrypcji. Dowiedliśmy ponadto, że silna swoistość dwóch z nich (KMT2A i KMT2B) w stosunku do regionów promotorowych wynika z obecności domen CXXC jedynie w tych paralogach (2).

- We współpracy z grupą dr Cecylii Winaty (MIBMiK, Warszawa) prowadziliśmy badania edycji A->I katalizowanej przez deaminazy ADAR z użyciem danio pręgowanego jako systemu modelowego. Wykazaliśmy, że edycja A->I pełni podobną rolę u ryb, jak u ssaków – wycisza nieswoistą odpowiedź immunologiczną w stosunku do własnego RNA. Dowiedliśmy ponadto, że białka ADAR pełnią w danio pręgowanym dodatkową funkcję w kształtowaniu się zarodka, która nie ma odpowiednika u ssaków (3).

- We współpracy z Dr Honoratą Czapinską (MIBMiK, Warszawa) opisaliśmy zasadę, która definiuje konfigurację triad katalitycznych zawierających serynę jako resztę odpowiadającą za atak nukleofilowy. Zasada ta, którą nazwaliśmy „regułą Nε”, jest właściwa dla triad enzymów, katalizujących szereg różnych reakcji, a jej mechanizm można wyjaśnić z użyciem teorii frustracji centrów katalitycznych (4).

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Zaburzenia funkcji białek TET2 są silnie związane z ostrą białaczką szpikową, natomiast białek MLL – z białaczką o mieszanym fenotypie. Stąd też, jak najlepsza charakterystyka tych enzymów jest niezwykle istotna dla wyjaśnienia procesów stojących za rozwojem białaczek.

Publikacje:

6436, 6439

PN-05 - Pracownia Genetycznych Podstaw Chorób Człowieka

Kierownik: dr hab. Beata Burzyńska, prof. instytutu

Zespół: dr Monika Góra, mgr Karolina Maciak, Aleksandra Żochowska (magistrantka)

Cel badań:

Celem badań jest uzyskanie wiedzy dotyczącej genetycznych uwarunkowań chorób ludzkich. Zespół realizował następujące cele badawcze:

1. Badania przypadków wrodzonych niedokrwistości hemolitycznych (WNH). Analiza funkcjonalna wykrytych mutacji.

2. Kontynuacja badań mających na celu określenie roli małych niekodujących RNA (ncRNA) w patofizjologii chorób układu krążenia (we współpracy z Wojskowym Instytutem Medycznym).

3. Badania zmian transkryptomicznych i podwzgórzowych zmian neurochemicznych u szczurów z wagotomią po długotrwałej rekonwalescencji podprzeponowej (we współpracy z Uniwersytetem Łódzkim).

Opis realizowanych prac:

Ad 1. Zostało przeprowadzone sekwencjonowanie próbek DNA od pacjentów wykazujących objawy ciężkiej niedokrwistości hemolitycznej. Analiza molekularna wykazała u pierwszego pacjenta dwa heterozygotyczne warianty w genie *PKLR*, kodującym kinazę pirogronianową. Pierwszy wariant (c.178 C>T) powoduje powstanie kodonu stop w pozycji 60 łańcucha białkowego (p.Q60Ter). Jest to wariant nowy, dotąd nieopisany w literaturze oraz nienotowany w bazach danych tj. dbSNP, ClinVar oraz GnomAD. Drugim znalezionym wariantem jest delecja trzech nukleotydów (c.1060delAAG), która powoduje usunięcie lizyny w pozycji 354 w łańcuchu aminokwasowym (p.K354del). Wariant ten jest adnotowany w bazie dbSNP oraz w populacyjnej bazie GnomAD, jednakże z bardzo niską częstością występowania. U dwóch kolejnych pacjentów wykryto wariant splicingowy (c.101-1 G>A) w postaci homozygotycznej. Ponieważ wariant ten nie został dotąd scharakteryzowany,

przeprowadziliśmy ocenę wpływu badanego wariantu na splicing z wykorzystaniem konstruktów minigenów.

Ad 2. Wykonaliśmy analizę poziomów miRNA w surowicy krwi, które mogą różnicować napadowe i przetrwałe formy migotania przedsionków (AF, ang. atrial fibrillation). Dla wybranych miRNA została również wykonana analiza związków z czynnikami ryzyka AF (takimi jak nadciśnienie, czy cukrzyca typu 2).

Ad 3. Przy pomocy mikromacierzy i chromatografii cieczowej (HPLC) zmierzaliśmy ekspresję genów i zawartość głównych neuroprzekaźników aminokwasowych w podwzgórze szczurów z obustronną wagotomią, 1 miesiąc po operacji.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Ad 1. Zidentyfikowaliśmy bardzo rzadkie i nienotowane mutacje w genie kodującym krwinkową kinazę pirogronianową. Niedobór kinazy pirogronianowej jest jednym z powodów ciężkich anemii hemolitycznych. Bardzo istotna jest precyzyjna diagnoza wrodzonych niedokrwistości hemolitycznych na poziomie molekularnym ponieważ cechy kliniczne charakteryzujące przypadki o różnej etiologii są podobne i nie jest możliwe rozróżnienie ich przy pomocy konwencjonalnych technik diagnostycznych. Wdrożyliśmy funkcjonalny test oparty na konstrukcie minigenu umożliwiający ocenę wpływu na splicing niesklasyfikowanych wariantów genetycznych. Metoda ta może być z powodzeniem zastosowana do badań funkcjonalnych wariantów splicingowych oraz wariantów intronowych, nie tylko w genach kodujących białka krwinki czerwonej.

Ad 2. Przeprowadziliśmy analizę ekspresji miRNA w surowicy krwi pobranej od pacjentów poddawanych po raz pierwszy zabiegowi ablacji z powodu migotania przedsionków. Do badania włączono ogółem 109 pacjentów, z czego 19 pacjentów stanowiło tzw. grupę analityczną wytypowaną do sekwencjonowania nowej generacji (NGS). W tym celu porównano, otrzymane wcześniej wyniki sekwencjonowania miRNA z surowicy w grupie analitycznej pod kątem typu arytmii (8 pacjentów z przetrwałą formą migotania w stosunku do 11 pacjentów z formą napadową) i otrzymano 14 miRNA z istotnie statystycznie zmienionym poziomem ekspresji. Wstępna analiza GO procesów biologicznych potencjalnie regulowanych przez zmienione miRNA wykazała, że mogą być one związane z patofizjologią przebudowy miokardium.

Ad 3. Nasze wyniki wykazały, że wagotomia w dłuższej perspektywie wpływa na stężenie aminokwasów podwzgórza, ale nie ma wpływu na transkryptom badany 1 miesiąc od zabiegu.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Część wyników stanowi podstawę pracy doktorskiej oraz pracy magisterskiej. Ponadto, nasze badania mogą w przyszłości przyczynić się do opracowania metod diagnostycznych chorób układu krążenia. Uzyskane wyniki wejdą w skład przygotowywanych publikacji.

Publikacje:

6405, 6408

PN-06 - Pracownia Spektrometrii Mas

Kierownik: prof. dr hab. Michał Dadlez

Zespół: dr Dominik Domański, dr Michał Burdukiewicz, dr Aleksandra Wysłouch-Cieszyńska, Lilia Zhukova, doktorantki: mgr Aleksandra Robak (obrona 17.11.2022 r.), mgr Magdalena Polakowska (obrona 29.09.2022 r.), mgr Katarzyna Dąbrowska, mgr Marta Żurawska, mgr Weronika Puchała

Cel badań:

Celem badań strukturalnych MS jest uzyskiwanie informacji o cechach strukturalnych trudnych systemów białkowych z zastosowaniem MS. Na przykład: białek kompleksu elongacji translacji eEF1B i eEF1A, białek z rodziny S100A8/A9, filamentu pośredniego, białek powodujących separację faz, czy białek natywnie nieustrukturuowanych. Badamy też rolę poprzednio zidentyfikowanych modyfikacji potranslacyjnych białek w regulacji ich 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:

Kontynuowano współpracę z prof. Borisem Negrutskim z Instytutu Biologii Molekularnej, Ukraińskiej Akademii Nauk z Kijowa dotyczącą badań strukturalnych białek kompleksu elongacji translacji eEF1A i eEF1B, z zastosowaniem metod spektrometrii mas. Zakończono pracę nad modelem strukturalnym heterotrimerycznego kompleksu eEF1B α,β,γ , oraz prace eksperymentalne pokazujące silną i specyficzną dla regionu białka różnicę w jego dynamice odróżniającą dwa warianty A1 i A2 tego podstawowego czynnika elongacji translacji. W badaniach białek filamentu pośredniego stwierdzono, że keratyna 8 jest rusztowaniem i regulatorem dla kompleksów ERAD odpowiedzialnych za degradację źle uformowanych białek. W badaniach indukowanego stresem białka roślinnego grp8 odpowiedzialnego za tworzenie zubożonych w wodę granul stresowych wykazano korelację tego procesu z poziomem dynamiki łańcucha białkowego.

W laboratorium rozwijane jest oprogramowanie do analizy i wizualizacji danych HDX-MS (HaDeX). W celu ulepszenia jego działania i rozbudowania funkcjonalności prowadzona jest współpraca z Instytutem Farmakologii i Biologii Strukturalnej w Tuluzie (realizowana między innymi przez trzymiesięczny wyjazd stażowy doktorantki z ramienia NAWA). Dodane zostały m.in. metody kontroli jakości eksperymentu, nowe metody wizualizacji, eksport danych do wizualizacji na strukturze 3D (za pomocą narzędzia HDX-Viewer). W wyniku współpracy opracowane są materiały metodologiczne oraz dwie publikacje (w przygotowaniu).

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 IS-PRM (SureQuant), immunoprecypitacją, i analizy fosfopeptydów metodą PPQ. Skorzystano z bazy 11 linii komórkowych raka piersi ze zdefiniowaną opornością na inhibitory CDK4/6. Analizowano linie metodą frakcjonowania mikro-flow peptydów w wysokim pH z konkatenacją próbek, co umożliwiło ultraczuły (np. w biopsjach) pomiar MRM/PRM panelu 25 białek CDK-RB-E2F o niskim stężeniu i wskazało potencjalne markery odporności. Publikacja w przygotowaniu. Przetestowano parametry analityczne metody frakcjonowania

w celu zwiększenia czułości dotychczasowego testu diagnostycznego płynów wysiękowych z klasyfikatorem markerów raka, gruźlicy i infekcji. Zakończono budowę klasyfikatora panelu 34 markerów raka, gruźlicy i infekcji w płynach wysiękowych.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Najważniejszym osiągnięciem jest charakterystyka dynamiki białek kompleksu elongacji translacji eEF1A i eEF1B α,β,γ , stworzenie modeli strukturalnych uwzględniających wkład regionów dynamicznych oraz odkrycie, że keratyna 8 jest rusztowaniem i regulatorem dla kompleksów ERAD odpowiedzialnych za degradację źle uformowanych białek. Ważnym osiągnięciem jest aplikacja metody proteomiki celowanej panelu białek ścieżki retinoblastomy jako potencjalnych markerów aktywności inhibitora CDK4/6 w liniach komórkowych, PDX i próbkach pacjentów ze zdefiniowaną opornością. Wyniki dostarczyły nowych informacji związanych z odpowiedzią pacjenta na terapię nowoczesnymi lekami i o podłożu molekularnym lekooporności. Opracowanie panelu peptydowego wspomagającego diagnozę etiologii wysięków opłucnowych, co obecnie stanowi poważne wyzwanie kliniczne.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Publikacje, ale też potencjalne zastosowania metod proteomiki celowanej.

Publikacje:

6293, 6296, 6346, 6373, 6426, 6427, 6457, 1077/N, 1085/N

PN-07 - Pracownia Fosforylacji Białek Roślinnych

Kierownik: prof. dr hab. Grażyna Dobrowolska

Zespół: dr hab. Jadwiga Szczegielniak, dr Maria Bucholc, dr Anna Kulik, dr Lidia Polkowska-Kowalczyk, dr Olga Sztatelman, doktoranci: mgr Dominika Cieślak, mgr Adrian Kasztelan, mgr Julia Rachowka, magistranci: Oliwia Hawryluk, Klaudia Ordyniak

Cel badania:

Celem prowadzonych badań było:

1. Zbadanie udziału białka wiążącego RNA bogatego w glicyny 8 (z ang. glycine-rich RNA-binding protein 8, GRP8) w odpowiedzi rośliny na stres zasolenia oraz wpływu fosforylacji S27 na translokację GRP8 do granul stresowych w odpowiedzi na zasolenie.
2. Ustalenie czy kinazy SnRK2 regulują homeostazę jonów miedzi w roślinie.
3. Zbadanie roli kinaz SnRK2.4 i SnRK2.10 w procesie starzenia się liści zaindukowanym postępującym wiekiem rośliny oraz zasoleniem.
4. Badanie roli poszczególnych fragmentów białka PMI1 w regulacji ruchów chloroplastów oraz odpowiedzi roślin na stres zasolenia z wykorzystaniem uzyskanych linii delecyjnych.
5. Badanie wiązania lipidów przez domenę NT-C2 PMI1 oraz roli jej otoczenia dla tego procesu.
6. Badanie potencjalnej roli kinaz SnRK2 w odpowiedzi na stres cieplny.

Opis realizowanych prac:

1. Wykazano, że kinazy SnRK2 grupy 1 wspólnie z białkiem GRP8 regulują kiełkowanie nasion i wzrost korzeni w warunkach zasolenia; kinazy są pozytywnymi regulatorami, natomiast GRP8 jest negatywnym regulatorem tych procesów.

2. Wyjaśniono rolę fosforylacji S27 w promowaniu gromadzenia się GRP8 w granulach stresowych w odpowiedzi rośliny na zasolenie:

- za pomocą modelowania N-końcowego fragmentu GRP8 odpowiadającego za wiązanie RNA oraz metody HDX-MS pokazaliśmy, że fosforylacja S27 powoduje zwiększenie dynamiki strukturalnej GRP8 co może zwiększać jego zdolność do tworzenia dimerów/oligomerów, a w efekcie do separacji faz (z ang. liquid-liquid phase separation, LLPS);
- wykazano, że GRP8 ma zdolność do LLPS *in vitro* oraz wykazano, że fosforylacja S27 znacząco promuje separację faz GRP8, co jest kluczowe do sekwestracji GRP8 do SG;

3. Przeprowadzone badania wskazały, że kinazy SnRK2 regulują homeostazę miedzi poprzez regulację poziomu miR398 oraz jego genów docelowych, a w efekcie poziomu białek CSD1 i CSD2.

4. Poznane zostały geny regulowane przez kinazy SnRK2.4 i SnRK2.10 zaangażowane w proces starzenia się liści poprzez wykonanie sekwencjonowania RNA oraz analiz RT-qPCR; oraz zbadany został poziom wybranych białek w liściach roślin wt i snrk2.4/2.10 podczas starzenia;

5. Zdefiniowano fragment białka PMI1 odpowiedzialny za jego podbłonową lokalizację - jest to domena NT-C2 rozszerzona o pobliskie fragmenty białka. Ustalono, że taka rozszerzona domena wiąże fosfatydyloinozytydy, najwyższe powinowactwo wykazując do monofosforanów fosfatydyloinozytolu.

6. Ustalono, że kinazy SnRK2 z grupy 1 ulegają aktywacji w odpowiedzi na stres cieplny oraz mogą fosforylować wybrane czynniki transkrypcyjne HSF w warunkach *in vitro*, a w konsekwencji regulować ekspresję genów indukowanych w stresie cieplnym.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Uzyskane wyniki sugerują, że kinazy SnRK2 grupy 1 regulują kiełkowanie nasion i wzrost korzeni w warunkach zasolenia m.in. poprzez sekwestrację GRP8 (negatywnego regulatora tych procesów) oraz najprawdopodobniej związanych z nim specyficznych mRNA do SG. Fosforylacja S27 promuje sekwestrację GRP8 do granul.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Uzyskane wyniki mają charakter poznawczy, poszerzają naszą wiedzę na temat odpowiedzi roślin na stresy abiotyczne oraz molekularne mechanizmy odpowiedzialne za starzenia się roślin.

Publikacje:

6374, 6403, 6444, 4962/A, 5050/A, 1072/N

PN-08 - Pracownia Replikacji DNA i Stabilności Genomu

Kierownik: prof. dr hab. Iwona Fijałkowska

Zespół: dr hab. Anna Bębenek, prof. instytutu, dr Milena Denkiewicz-Kruk, dr Michał Dmowski, dr Karolina Makiela Dzbeńska, doktorant: mgr Krystian Łazowski, magistrantka: Alina Krasilia

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 *Escherichia coli*, prowadzono dalszą analizę wydajności naprawy rybonukleotydów na obu niciach DNA. Sprawdzono znaczenie RNazy HI w naprawie rybonukleotydów wstawionych do nici opóźnionej DNA przez wariant replikazy *E. coli*, Pol III DNA, zmieniony w centrum aktywnym. Analizowano jakiego rodzaju substraty – pojedyncze rybonukleotydy czy krótkie ciągi rozpoznaje RNaza HI w genomowym DNA replikowanym przez wariant Pol III S759N z defektem w centrum katalitycznym enzymu. Badano wpływ braku aktywności RNazy HI w komórce na mechanizm replikacji nici wiodącej DNA.

W ramach badań zaangażowania niekatalitycznych podjednostek replisomu w utrzymanie stabilności genetycznej i kontroli przebiegu cyklu komórkowego *Saccharomyces cerevisiae* charakteryzowano nowy allel genu *DPB2*. Zbadano, czy fenotyp komórek niosących ten allel (*dpb2-108*) jest zależny od temperatury hodowli. Badania nowego allelu *dpb2* w komórkach *S. cerevisiae* pozwoliły ustalić, że w temperaturze 23°C komórki niosące ten allel charakteryzują się przebiegiem cyklu komórkowego, żywotnością i poziomem mutagenyzy podobnymi do obserwowanych w komórkach typu dzikiego. Natomiast te same analizy w temperaturze 30°C wykazały podobieństwo badanego szczepu do hodowanych w temperaturze 23°C komórek niosących opisane wcześniej allele *dpb2-100* albo *dpb2-103*. Ponadto, zbadano ilość transkryptów wybranych genów w komórkach drożdży z allelem *dpb2-108*. Ponownie, w temperaturze 30°C zaobserwowano wzrost podobny do obserwowanego dla wcześniej opisanych mutantów, a w temperaturze 23°C zmiany ilości transkryptów w porównaniu do szczepu typu dzikiego były nieistotne.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Wykazano, że w szczepach niosących wariant Pol III S759N, RER (ang. ribonucleotide excision repair) zależny od RNazy HI działa głównie na nici opóźnionej, usuwając pojedyncze rybonukleotydy. Nie wykazano obecności poliribonukleotydowych ciągów w szczepach Pol III S759N pozbawionych aktywności RNazy HII i HI, mimo że *in vitro* RNaza HI rozpoznaje jedynie takie substraty. Może to oznaczać, że aktywność RNazy HI na nici opóźnionej regulowana jest przez jej udział w usuwaniu starterów RNA podczas dojrzewania fragmentów Okazaki. Wykazano, że brak aktywności RNazy HI podnosi poziom mutagenyzy promowanej przez polimerazy akcesoryczne (Pol II, Pol IV, Pol V) na nici wiodącej DNA, co świadczy o zwiększonym dostępie tych polimeraz do nici wiodącej DNA w szczepach bez RNazy HI. Mutant warunkowy *dpb2-108* stanowi bardzo dobre narzędzie do dalszych badań nad konsekwencjami zaburzeń struktury i funkcjonowania Pol ε oraz kompleksu CMGE w transkrypcji genów.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Część wyników została zaprezentowana na międzynarodowych konferencjach Gordon Research Conference Mutagenesis (Sunday River, Maine, USA), 6th DNA Polymerases Meeting (Stockholm, Sweden), 1st Polish Yeast Conference (Rzeszów) oraz konferencji „At the Intersection of DNA Replication and Genome Maintenance: from Mechanisms to Therapy” (Triest, Włochy), a także w publikacji w piśmie DNA Repair i manuskrypcie przyjętym do druku w czasopiśmie Nucleic Acids Research.

Publikacje:

6322, 6393, 4940/A, 4941/A, 4964/A, 4965/A, 5076/A, 1066/N, 1084/N, 1091/N, 1095/N

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 (NHEK) i keratynocytach pierwotnych pochodzących z naskórka (pKC), łuszczycowym modelu 3D (SOR-300-FT) oraz materiale skórnym pochodzącym od osób chorych (biopaty skórne pacjentów): związek z łuszczycą.
2. (w toku) Analiza związku deregulacji układu endosomalno-lizosomalnego z procesem prezentacji antygenów przy udziale cząsteczek MHC klasy II w odniesieniu do łuszczycy.
3. (w toku) Charakterystyka przedziału lizosomalnego w limfocytach CD4⁺ Th pacjentów dotkniętych łuszczycą.
4. (zakończone) Ocena związku zmienności genetycznej genu białka C-reaktywnego (CRP) z retinopatią i nadciśnieniem u nastolatków z cukrzycą typu 1 (T1D).
5. (zakończone) Poznanie odpowiedzi komórkowej i genowej na ekspozycję na mieszaninę genisteiny i kempferolu w leczeniu mukopolisacharydozy typu I (MPS I).

Opis realizowanych prac:

Ad 1. Przeprowadzano analizy statystyczne wyników badań *in vitro* oraz *in situ*, dot. ilościowych zmian i jakościowych zaburzeń organelli aparatu endosomalno-lizosomalnego w keratynocytach hodowli 2D/3D oraz biopatów skórnych, z prozapalnym fenotypem łuszczycowym (Ps). W odniesieniu do odpowiednich kontroli, a także w obecności dodatkowo modulatorów metabolizmu lizosomalnego i autofagii: bafilomycyny, chlorokiny, toryny, rapamycyny i wortmaniny, a na podstawie rezultatów analiz: liczby kwaśnych organelli komórkowych, ich rozmieszczenia w komórce, wielkości, ultrastruktury i zróżnicowania w odniesieniu do endosomów wczesnych i późnych, lizosomów, autofagosomów oraz autolizosomów, ich przepuszczalności i utrzymania wewnątrzkomórkowego (lizosomalno-cytozolowego) gradientu pH; aktywności enzymów lizosomalnych; ekspresji genów biogenezy i działania lizosomu, innych czynników 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 łuszczycowych (dla kontroli zastosowanego modelu); sygnalizacji szlaków komórkowych związanych z aktywacją lizosomów poprzez ocenę lokalizacji wewnątrzkomórkowej czynnika TFEB oraz jego dojadrowej translokacji zależnej od mTORC1; sygnalizacji mTOR/TFEB-zależnej poprzez ocenę ekspresji ww. genów w keratynocytach po wyciszeniu (knock-down) *mTOR*, *PPP3CA* i *TFEB*; wpływu inhibitora PPP3CAB (takrolimus) na szlaki sygnalizacyjne PPP3CAB/TFEB; sygnalizacji Akt/mTOR-zależnej poprzez ocenę poziomu fosforylacji białek GSK3b, IGF1R, IRS1, Akt, mTOR, p70S6K, IR, PTEN, GSK3a, TSC2 i RPS6; 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 keratynocytach oraz ich konstruktach zawierających pcDNA3.1-TFEB-WT-MYC; poziomu enzymatycznych białek lizosomalnych ASM, GBA, ASAH1 i SPHK1; oraz występowania tratw lipidowych – udowodniono tezę o zwiększonej liczbie i działaniu lizosomów, regulowanych na poziomie transkrypcyjnym i post-transkrypcyjnym, spośród wszystkich innych struktur aparatu endosomalno-lizosomalnego w keratynocytach aktywowanych prozapalnie do fenotypu łuszczycowego, przy zmniejszonej całkowitej puli organelli kwasowych. Mechanizm

dysfunkcji lizosomalnej obejmuje adaptację autofagosomalną zaangażowaną w metabolizm komórkowy, profilujący łuszczycową kaskadę zapalną o podłożu immunologicznym.

Ad 2. Wykonywano analizy *in vitro* monitorowania wewnątrzkomórkowego przetwarzania antygeny w linii normalnych ludzkich keratynocytów naskórka (NHEK), stymulowanych INF- γ (w obecności $\text{Ca}^{2+} \leq 0.1 \text{ mM}$ lub 2 mM) lub mieszaniną cytokin (5MIX, tj. IL-1 α , IL-17A, IL-22, OSM i TNF- α ; w obecności $\text{Ca}^{2+} \leq 0.1 \text{ mM}$ lub 2 mM). Badania przeprowadzono z wykorzystaniem metody IF, tj. z użyciem znakowanej fluorescencyjnie albuminy (OVA), wprowadzonej bezpośrednio do komórek (pobieranej przez receptor mannozowy w procesie endocytozy), poprzez kolokalizację antygeny kwaśnych organelli tj. wczesnych endosomów (marker EEA1) i LAMP1-pozyt. struktur (marker LAMP1). Obliczenia różnic kolokalizacji OVA, EEA1 i LAMP1 przeprowadzono z użyciem programu ImageJ® i wtyczki *Manders split coefficients*. Uzyskane wyniki poddane analizie statystycznej wykazały zmiany stopnia internalizacji antygeny OVA oraz kolokalizacji OVA, wczesnych endosomów i LAMP1-pozyt. struktur w NHEK aktywowanych do fenotypu łuszczycowego.

Ad 3. Analizowano przedział lizosomalny pod wpływem aktywacji do stanu zapalnego w komórkach CD4⁺ pochodzących od osób zdrowych oraz w linii komórkowej Jurkat. Prace prowadzone były równolegle z zastosowaniem dwóch modeli aktywacji (i) z wykorzystaniem PMA i jonomycyny, (ii) z wykorzystaniem PMA, PHA i jonomycyny. W obu przypadkach zaobserwowano znaczący spadek liczby kwaśnych organelli wyznakowanych LysoTracker Red, w stosunku do kontroli. Kolejnym krokiem była ocena poziomu do jądrowej translokacji czynnika biogenezy lizosomów TFEB. Odnotowano znaczący wzrost translokacji czynnika TFEB, większy w przypadku aktywacji PMA + jonomycyna, typowej dla różnicowania komórek CD4⁺ Th. Kolejnym krokiem była weryfikacja poziomów ekspresji genów kodujących białka regulujące metabolizm lizosomu i proces autofagii. Dla wszystkich spośród 42 badanych genów odnotowano zmianę poziomu ekspresji. W 18 przypadkach poziomy ekspresji różniły się profilem (obniżony/podwyższony poziom ekspresji) pomiędzy oboma badanymi warunkami aktywacji prozapalnej. Równolegle przeprowadzono ocenę translokacji czynnika aktywacji limfocytów, NFAT. W obu modelach aktywacji prozapalnej zaobserwowano znaczący wzrost translokacji NFAT względem kontroli. Translokacja czynników TFEB oraz NFAT regulowana jest przez to samo białko – kalcyneurynę na zależnej od Ca^{2+} drodze.

Ad 4. Oceniano związek podwyższonego stężenia CRP z ryzykiem cukrzycy, a także incydentów sercowo-naczyniowych i powikłań mikronaczyniowych u pacjentów z T1D. Zbadano 400 młodych pacjentów z T1D i 250 zdrowych osób z grupy kontrolnej dobranej pod względem wieku. Polimorfizm genu +1846 C > T CRP genotypowano metodą ARMS-PCR. Analizie poddawano powikłania mikronaczyniowe, stężenia surowiczych markerów pro- i przeciwzapalnych, cząsteczek adhezyjnych, czynnika proangiogenego oraz ciśnienie krwi. Zweryfikowanie postawionej hipotezy badawczej, że polimorfizm +1846 C > T genu CRP może mieć wpływ na ryzyko T1D i/albo jej powikłań, pozwoliło potwierdzić tę hipotezę i wnioskować, że polimorfizm ten można uznać za marker genetyczny do przewidywania podatności na retinopatię i nadciśnienie u młodzieży z T1D.

Ad 5. Określano wpływ genisteiny i kempferolu, stosowanych pojedynczo lub w połączeniu, na odpowiedź komórkową i ekspresję genów w modelu MPS I. Oceniano cykl komórkowy, żywotność, proliferację, subkomórkową lokalizację czynnika translokacji EB (TFEB), liczbę i rozmieszczenie lizosomów oraz syntezę glikozaminoglikanów (GAG) po ekspozycji na flawonoidy. Globalną ekspresję genów analizowano za pomocą mikromacierzy DNA i ilościowego PCR. Rodzaj i stopień interakcji flawonoidów określono na podstawie wskaźników kombinacji i redukcji dawek. Stwierdzono, że połączenie obu flawonoidów synergistycznie hamuje syntezę GAG, moduluje lokalizację TFEB, liczbę lizosomów i ich dystrybucję. Genisteina i kempferol w stosunku 1:1 regulują ekspresję 52%

genów metabolizmu GAG. Flawonoidy wykazują synergę, addytywność lub lekki antagonizm we wszystkich analizowanych połączeniach, a rodzaj interakcji zależy od stężenia i proporcji składników. Przy jednoczesnym stosowaniu genisteiny i kempferolu w stosunku 4:1 możliwe jest nawet 10-krotne obniżenie stężenia kempferolu. Mieszaniny flawonoidów, stosowane w leczeniu MPS, skutecznie ograniczają wytwarzanie i magazynowanie GAG oraz wykazują niewielki efekt cytotoksyczny w porównaniu ze stosowaniem.

Opis najważniejszych osiągnięć:

1. Udział przedziału lizosomalnego w patomechanizmie mediowanej immunologicznie reakcji zapalnej łuszczycy stwierdzony na bazie wyników analiz aktywowanych prozapalnie keratynocytów i komórek immunologicznych.
2. Zmiany stopnia internalizacji antygeny OVA oraz kolokalizacji OVA, wczesnych endosomów i lizosomów w keratynocytach aktywowanych do fenotypu łuszczykowego.
3. Polimorfizm +1846 C > T genu CRP jako marker genetyczny do przewidywania podatności na retinopatię i nadciśnienie u młodzieży z T1D.
4. Mieszaniny genisteiny i kempferolu jako skuteczne modulatory metabolizmu GAG i biogenezy lizosomalnej (jednoczesne stosowanie obu flawonoidów skutkuje synergą ich działania i zmniejszeniem stężenia składników, przy jednoczesnym utrzymaniu odpowiedzi komórkowej na poziomie zbliżonym do obserwowanego dla tych związków przy stosowaniu pojedynczo).

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

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

Publikacje:

6335, 6440

PN-10 - Pracownia Metabolizmu RNA w Procesach Odpowiedzi Immunologicznej

Kierownik: dr Damian Graczyk

Zespół: doktoranci: mgr Hitha Gopalan, mgr Neuton Gorjao

Cel badań:

Celem badań w naszej pracowni jest poznanie mechanizmów odpowiedzialnych za regulację ekspresji niekodujących RNA, które transkrybowane są przez polimerazę III RNA. Chcemy poznać jak zmiana poziomu tych RNA wpływa na fizjologię komórek, w tym odpowiedź immunologiczną, 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:

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 badania pokazały, że obniżenie aktywności RNA polimerazy III uwrażliwia komórki raka jelita grubego na TNF α . W tym okresie sprawozdawczym badaliśmy mechanizm tego zjawiska. Wykazaliśmy, że zahamowanie RNA polimerazy III obniża/blokuje TNF α -zależną aktywację NF- κ B, kluczowego czynnika transkrypcyjnego regulującego odpowiedź prozapalną. Niższa aktywność tego czynnika, wyjaśnia obserwowane przez nas fenotypy: obniżenie proliferacji, migracji i zwiększoną śmierć komórek raka jelita grubego. Wyniki z tej części zostały zawarte w manuskrypcie publikacji, która została wysłana do recenzji.

W minionym okresie sprawozdawczym kontynuowaliśmy badania mające na celu określenie, 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 dalej badaliśmy także mechanizm obserwowanego zjawiska oraz przygotowaliśmy manuskrypt publikacji.

Kolejnym zagadnieniem, którym się zajmowaliśmy to określenie roli kinaz MAP w regulacji polimerazy III RNA w makrofagach stymulowanych silnie prozapalnym czynnikiem – lipopolisacharydami (LPS), składnikiem ścian komórkowych Gramm ujemnych bakterii. Wyniki tych prac zostały opublikowane w czasopiśmie *Gene*.

Ponadto, kontynuowaliśmy prace nad wpływem manipulacji poziomem jednej z podjednostek polimerazy RNA I i III, na aktywność kinazy mTOR. We współpracy z firmą ADAMED oraz Uniwersytetem Gdańskim prowadziliśmy badania nad opracowaniem szczepionki RNA.

Opis najważniejszych osiągnięć:

- Wykazaliśmy, że modulacja aktywności polimerazy III RNA wpływa na odpowiedź interferonową makrofagów.
- Wykazaliśmy, że zahamowanie polimerazy III RNA uwrażliwia komórki raka jelita grubego na TNF α .
- Wykazaliśmy, że kinazy MAP zaangażowane są w regulację polimerazy III RNA w makrofagach stymulowanych LPS.
- Wykazaliśmy, że modulacja poziomem jednej z podjednostek polimerazy RNA I i III, wpływa na aktywność kinazy mTOR.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Nasze badanie 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 opracowania nowych terapii chorób zapalnych czy nowotworów. Uzyskane wyniki wejdą w skład przygotowywanych publikacji.

Publikacje:

6396

PN-11 - Pracownia Modyfikacji i Uszkodzeń DNA i RNA

Kierownik: prof. dr hab. Elżbieta Grzesiuk

Zespół: dr Michał Marcinkowski

Cel badań:

Celem badań było (i) określenie ekspresji niektórych białek z rodziny ALKBH w guzach ślinianki (SGT); (ii) wskazanie zmian w historii życia, transkryptomie i proteomie *Daphnia magna* pod wpływem czynników alkilujących cyklofosfamidu (CDDP) i cisplatyny (CP); (iii) określenie wpływu operacji bariatrycznej (Scopinaro) na otyłość i cukrzycę typu 2 u świń na diecie wysokoenergetycznej; (iv) poszukiwanie interaktorów białek ALKBH5 i FTO przy zastosowaniu drożdżowego systemu dwuhybrydowego.

Opis realizowanych prac:

Ad 1. Spośród przebadanych dioksygenaz ALKBH: 1, 3, 4, 5 i FTO stwierdzono nadekspresję białek 1, 4 i FTO w łagodnym guzie ślinianki. Uzyskane wyniki oraz porównanie do złośliwych nowotworów głowy i szyi pozwalają stwierdzić, że podwyższony poziom białka FTO świadczy o stopniu złośliwości (publ 6468, Acta Biochimica Polonica, https://doi.org/10.18388/abp.2020_6486, 2022).

Ad 2. Stwierdzono, że chroniczna obecność w środowisku wodnym zanieczyszczeń lekami przeciwnowotworowymi CDDC i CP prowadzi do stresu u zwierząt, co przekłada się na wydłużenie czasu dojrzewania, obniżenie ilości jaj i wydłużenie czasu przy pierwszej reprodukcji *Daphnia magna* oraz zmian na poziomie transkryptomu i proteomu (opublikowane w Ecotoxicology and Environmental Safety 249(2023) 114372).

Ad 3. Do badań nad cukrzycą typu 2 i otyłością zastosowano model świni z wywołaną insulinoopornością i hodowanych na diecie wysokoenergetycznej (HE). Odkryto redukcję wielkości kosmków w jelicie cienkim świń na diecie HE. Spektrometria mas wykazała znaczące zmiany w 330 białkach u tych świń. Wszystkie obserwowane zmiany były odwracalne po sześciu miesiącach od operacji bariatrycznej (Scopinaro).

Ad 4. Poprzednio udowodniono, że dioksygenaza FTO tworzy aktywne homodimery *in vivo* ale również heterodimery z kalmoduliną. Stosując drożdżowy system dwuhybrydowy zidentyfikowaliśmy pięć potencjalnych interaktorów dioksygenazy ALKBH5 i cztery FTO.

Opis najważniejszych osiągnięć:

1. Badania nad ekspresją niektórych białek ALKBH w nowotworach głowy i szyi oraz śliniankach pozwoliły ustalić, że stopień złośliwości nowotworu jest związany z nadekspresją dioksygenazy FTO.

2. Zanieczyszczenie środowiska wodnego związkami alkilacyjnymi stosowanymi w terapii antynowotworowej prowadzi do zmian w *Daphnia magna* na poziomie historii życia, transkryptomu i proteomu.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

1. Poziom ekspresji białka FTO w niektórych nowotworach pozwoli określić stopień złośliwości nowotworu.

2. *Daphnia magna* może być wykorzystana jako organizm indykatorowy zanieczyszczenia środowiska wodnego farmaceutykami.

Publikacje:

6468, 1057/N, 1058/N

PN-12 - Pracownia Patogenezy Roślin

Kierownik: prof. dr hab. Jacek Hennig

Zespół: dr Marta Grech-Baran, dr Anhelina Kyrychenko, dr Małgorzata Lichocka, doktorantka: mgr Izabela Barymow-Filoniuk, magistrantka: Norbert Lewkowicz

Cel badań:

Realizowane były dwa cele:

1. Charakterystyka receptora Ry_{sto} , należącego do rodziny TIR-NB-LRR, warunkującego odporność podczas infekcji roślin różnymi wirusami z rodziny *Potyviridae*.
2. Weryfikacja hipotezy o udziale białka aneksyny 5, 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:

Kontynuowaliśmy analizę funkcjonalną receptora Ry_{sto} , należącego do rodziny TIR-NB-LRR. Wykazaliśmy że ekspresja genu Ry_{sto} , kodującego białko receptora, poza determinacją odporność roślin ziemniaka uprawnego (*Solanum tuberosum* L.) na infekcję wirusa PVY, może inicjować skuteczną obronę przed infekcjami ważnych ekonomicznie wirusów należących do rodziny *Potyviridae*. Wśród nich są: wirus ospowatości śliw (PPV) czy wirus mozaikowatości rzepy (TuMV). Nasze badania prowadziliśmy zarówno z wykorzystaniem roślin modelowych (tytoń, *Arabidopsis*) jak i roślin użytkowych (lucerna, sałata).

Badaliśmy także fizjologiczną funkcję białka aneksyny 5 (ANN5) w ziarnach pyłku, u *Arabidopsis thaliana*. Wykazaliśmy, że białko to ma zdolność do wiązania się z błoną tworzącej się łagiewki pyłkowej, podczas jego kiełkowania. Ponadto, białko ANN5 uczestniczy w procesach naprawy integralności błony komórkowej pyłku w przypadku zaburzenia równowagi osmotycznej lub jonowej, co mam między innymi miejsce podczas opadów deszczu.

Opis najważniejszych osiągnięć:

1. Receptor Ry_{sto} , inicjuje reakcję obronną roślin podczas infekcji różnych wirusów należących do rodziny *Potyviridae*.
2. Aneksyny 5 u *Arabidopsis thaliana* uczestniczy w utrzymaniu integralności błony komórkowej, w ziarnach pyłku.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Wyniki badań zostały wykorzystane w publikacjach naukowych oraz prezentowane były podczas międzynarodowych konferencji naukowych.

Publikacje:

6334, 6401, 4960/A, 4961/A

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, dr Adam Kawałek, dr Paweł Wawrzyniak, doktoranci: mgr Magdalena Modrzejewska (obrona 31.05.2022 r.), mgr Monika Mitura (obrona 18.10.2022), mgr Karolina Kotecka (obrona 18.01.2022 r.), mgr Joanna Drabińska (obrona 3.03.2022 r.)

Studenci: Zuzanna Bartczak (do 31.01.2022), Zuzanna Lewandowska (do 2.02.2022), Karolina Saran (do 5.02.2022), Natalia Bednarek, Wiktoria Miklińska

Cel badań:

Priorytetowym celem w roku sprawozdawczym była kontynuacja badań zależności procesu segregacji chromosomów w *Pseudomonas aeruginosa* (*Pa*) i innych procesów komórkowych. Poprzednio wykazano istotną rolę białek ParA / ParB w segregacji chromosomów poprzez wiązanie ParB do (i) palindromowych sekwencji *parS1-4* w pobliżu *oriC* a także (ii) ponad tysiąca motywów half-*parS*. W minionym roku kontynuowano badania zmian ilości i lokalizacji ParB na chromosomie w czasie cyklu komórkowego i analizę oddziaływań białek ParAB z ich partnerami komórkowymi, rolę regulatorów transkrypcji, których poziom ekspresji zmienia się w mutantach *par*.

Opis realizowanych prac:

Przy użyciu ChIP-seq sprawdzono rozmieszczenie ParB na DNA w komórkach w różnych warunkach wzrostu. Przy użyciu 3C-seq przeanalizowano interakcje w obrębie chromosomu w szczepie dzikim i 10 szczepach z różnymi defektami systemu ParAB-*parS*. Przeprowadzono bioinformatyczną analizę wyników i rozpoczęto przygotowanie manuskryptów.

Podsumowano interakcję białka ParB i ParA oraz z innymi białkami w komórce. Skonstruowano i przeanalizowano szereg mutantów (podwójnych i potrójnych) *Pa* w genach kodujących białka partnerskie dla ParB. Badano fenotypy otrzymanych mutantów m.in. metodami mikroskopii fluorescencyjnej i ChIP-seq, a otrzymane dane opublikowano. Rozpoczęto wielowątkową analizę znaczenia interakcji ParB z białkami NdpA.

Analizowano zmiany stężenia ParB w cyklu komórkowym w szczepie *Pa* i skonstruowano szereg mutantów delecyjnych w regionie operonu *gidABparAB*, aby wyjaśnić regulację transkrypcyjną tego regionu. Skonstruowano kilkanaście mutantów *Pa* (pojedyncze, podwójne i potrójne) w genach kodujących potencjalne proteazy serynowe, podejrzewane o proteolizę białka ParB w cyklu komórkowym. Analiza tych mutantów doprowadziła do identyfikacji proteazy odpowiedzialnej za zmiany poziomu ParB w komórkach.

Zaadaptowano metodę mutagenazy przy użyciu transpozonu i sekwencjonowania (Tn-seq); skonstruowano i analizowano biblioteki transpozonowe w szczepie dzikim *Pa* oraz w mutantach $\Delta parAB$ oraz $\Delta mksBEF$ w celu poznania interakcji genetycznych tych operonów a przez to identyfikację białek potencjalnie współpracujących z powyższymi systemami. Trwa weryfikacja zidentyfikowanych interakcji poprzez konstrukcję mutantów delecyjnych. Rozpoczęto adaptację metody CRISPRi do wykorzystania w analizie funkcjonalnej genów *Pa*.

Zakończono cykl analiz wybranych regulatorów transkrypcji *Pa*: scharakteryzowano regulator typu TetR PA3973, zidentyfikowano miejsca wiązania (ChIP-seq), a także geny regulowane przez to białko. Opublikowano manuskrypt podsumowujący tę analizę.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Analiza ChIP-seq lokalizacji ParB na chromosomie wykazała re-dystrybucję ParB na chromosomie w różnych warunkach wzrostu. W warunkach szybkiego wzrostu na bogatym podłożu ParB lokalizuje się głównie w domenie *ori* (region *oriC*, miejsce inicjacji replikacji)

wiązać się do palindromowych sekwencji *parS*. Zwolnienie tempa wzrostu powoduje przemieszczanie ParB z domeny ori na dodatkowe (ok. 1000) miejsca wiązania, zawierające heptanukleotydy odpowiadające ramieniu palindromu *parS*.

Analiza danych 3C-seq wykazała wielopłaszczyznowy wpływ systemu ParAB-*parS* na interakcję w obrębie chromosomu bakteryjnego.

Wykazano, że regulator transkrypcyjny PA3973 posiada wiele miejsc wiązania w genomie *Pa* i wpływa na ekspresję sąsiadujących genów PA3972-PA3971, kodujących białka o proponowanej roli w odpowiedzi na stres.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Uzyskane wyniki były podstawą 2 publikacji (6425, 6460), 4 prac doktorskich (1054/N, 1060/N, 1065/N, 1081/N). Wyniki prezentowano na seminariach grupy mikrobiologicznej, konferencji International Biennial Pseudomonas 2022, Atlanta GA, 18-23.04.2022 oraz Konferencji „The last word belongs to microbes – Celebrating the 200th anniversary of the birth of Louis Pasteur” Warszawa, 29-30.11.2022 (5017/A, 5016/A, 4938/A, 4937/A, 4936/A).

Publikacje:

6425, 6460, 4936/A, 4937/A, 4938/A, 5016/A, 5017/A, 1054/N, 1060/N, 1065/N, 1081/N

PN-14 - Pracownia Lekooporności Bakterii

Kierownik: dr hab. Izabela Kern-Zdanowicz

Zespół: doktorantka: mgr Aleksandra Kuryłek

Cel badań:

1. Wpływ plazmidów na komórkę gospodarza, na przykładzie plazmidu koniugacyjnego pCTX-M3 z grupy IncM, odpowiedzialnego za rozprzestrzenianie różnych genów kodujących oporność na antybiotyki wśród bakterii, przedstawicieli rzędu *Enterobacterales*.

2. Poszukiwanie czynników wirulencji *Streptococcus anginosus*, bakterii, która jest oportunistycznym patogenem, powodującym u ludzi infekcje, także te zagrażające życiu.

Opis realizowanych prac:

Ad 1. Uprzednio w wyniku analizy różnicowej ekspresji genów (RNAseq i DEseq) zidentyfikowano geny chromosomalne *Escherichia coli*, których ekspresja była zmieniona w szczepach niosących plazmid pCTX-M3 typu dzikiego w porównaniu do szczepów z plazmidami pozbawionymi regionów kodujących regulatory transkrypcji, odpowiednio geny *orf35* oraz *hns*_{pCTX-M3} i *hha*_{pCTX-M3}, kodujące białka NAP (Nucleoid Associated Proteins). Przy tym, kilkanaście genów o zmienionej transkrypcji, w tym związanych z opornością na zakwaszenie środowiska, powtarza się w wynikach RNAseq dla szczepów pozbawionych wspomnianych regulatorów transkrypcji. Zbadano, że rzeczywiście w podłożu o pH 4,5 i 5,0 szczepy z plazmidami pozbawionymi regulatorów rosną lepiej (o 15 – 23%) niż szczep z plazmidem dzikiego typu. Mechanizm prowadzący do tych zmian będzie badany. Równocześnie kontynuowane jest przygotowanie do izolacji rdzenia transportera systemu koniugacyjnego pCTX-M3.

Ad 2. Przygotowaną uprzednio bibliotekę mutantów insercyjnych inwazyjnego szczepu *S. anginosus* 980/01, wyizolowanego z krwi, analizowano poprzez sekwencjonowanie miejsc integracji transpozonu (metoda TraDIS – Transposon Directed Insertion Sequencing) w warunkach optymalnych dla wzrostu. W ten sposób wytypowano pulę genów niezbędnych do życia tej bakterii. Następnie, mutanty z tej biblioteki hodowano w obecności nadtlenu

wodoru oraz pełnej krwi ludzkiej, czyli w warunkach odzwierciedlających różne etapy infekcji. Odzyskano pule mutantów i poddano je analizie TraDIS, w wyniku której wytypowano geny istotne do przeżycia w tych warunkach. Bibliotekę mutantów przetestowano pod względem zdolności przylegania do komórek ludzkiego śródbłónka. Z biblioteki wyselekcjonowano również mutanty nieprodukujące DNaz, znanych jako czynniki wirulencji. Trwa analiza uzyskanych wyników. Ostatecznie, rola wytypowanych genów w danym etapie infekcji będzie weryfikowana poprzez przygotowanie i analizę indywidualnych mutantów.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Ad 1. Represory systemu koniugacyjnego w plazmidzie pCTX-M3 wpływają na poziom ekspresji wielu genów chromosomalnych gospodarza plazmidu, w tym tych odpowiedzialnych za oporność na zakwaszenie środowiska.

Ad 2. Określono pulę genów niezbędnych do życia *S. anginosus* 980/01.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Wyniki posłużą do przygotowania publikacji naukowej.

Publikacje:

6450, 4996/A, 5048/A

PN-15 - Pracownia Biologii Grzybów

Kierownik: prof. dr hab. Joanna Kruszewska

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

Cel badań:

1. Poszukiwanie czynników warunkujących przechodzenie *Candida albicans* w formę patogenną.
2. Poszukiwanie enzymu katalizującego nasycanie wiązań po stronie ω w cząsteczce oryginalnych dolicholi z grzybów strzępkowych.
3. Opracowanie metody dezodoryzacji odpadów z wykorzystaniem grzybów strzępkowych.

Opis realizowanych prac:

1. Zbadano szczepy *C. albicans* z upośledzoną saturacją poliprenoli do dolicholi i z obniżoną syntezą długich kwasów tłuszczowych. Stwierdzono, że wydłużanie kwasów tłuszczowych jest priorytetowe dla komórki i jego upośledzenie obniża ekspresję genów regulatorowych szlaku mewalonowego, reduktazy hydroksymetylo glutarylo CoA i syntazy farnezylopirofosforanu. Jednoczesne zahamowanie wydłużania kw. tłuszczowych i saturacji poliprenoli hamuje ekspresję enzymów szlaku mewalonowego jak i syntezę mewalonylo CoA substratu do wydłużania kw. tłuszczowych. Ponieważ zarówno bardzo długie kw. tłuszczowe jak i dolichole są niezbędne do życia komórki równoczesne hamowanie obu szlaków metabolicznych pozwala utrzymać równowagę w syntezie obu produktów (publikacja 6320).
2. Wytypowano kilka białek z *Trichoderma*, posiadających charakterystyczną domenę, które mogłyby mieć aktywność ω -saturaz poliprenolowych. Dokonano delecji genów kodujących te białka w *Trichoderma*. Oczyszczono mutanty.

3. Scharakteryzowano około 30 szczepów grzybów strzępkowych, które mogłyby zostać zastosowane do dezodoryzacji odpadów. Zbadano wzrost na odpadach i usuwanie odorów na skalę laboratoryjną. Projekt nie uzyskał finansowania.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Współzależność syntezy dolicholi i ich nasycania z syntezą długich kw. tłuszczowych została stwierdzona przez nas dla mutantów *Candida*. Wiadomo, że dolichole i kw. tłuszczowe są podobne strukturalnie, a do ich syntezy konieczny jest acetylo CoA. To sugeruje, że oba szlaki metaboliczne muszą być wspólnie regulowane, jako że konkurują o ten sam substrat. Zarówno dolichole jak i kw. tłuszczowe są składnikami błon komórkowych a stopień ich nasycenia ma kluczowe znaczenie dla właściwości błony.

Te wyniki stały się podstawą do sformułowanie projektu grantowego „Relationship between the synthesis of dolichols and fatty acids in filamentous fungi” przesłanego do NCN.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Wyniki zostały opublikowane (6320). Wyniki zostały wykorzystane jako badania wstępne do sformułowania projektu grantowego do NCN. Scharakteryzowane grzyby mogą zostać przebadane na skuteczność w dezodoryzacji odpadów w przypadku finansowania projektu.

Publikacje:

6320

PN-16 - Pracownia Biologii Roślin i Mikroorganizmów

Kierownik: dr hab. Magdalena Krzymowska, prof. instytutu

Zespół: dr Magdalena Górecka, dr Tomasz Krępski, dr Juan Camilo Ochoa Cabezas, dr Patrycja Zembek, doktoranci: mgr Martyna Jonak, mgr Jakub Kwiatkowski (obrona 15.09.2022), mgr Dominika Nowak (obrona 13.10.2022), magistratka: Adeola Odeniyi

Cel badań:

Celem badań było wstępne scharakteryzowanie właściwości efektoru HopAG1 pochodzącego z *Pseudomonas syringae*.

Opis realizowanych prac:

HopAG1 to jeden z efektorów białkowych dostarczanych przez chorobotwórcze wobec roślin bakterie *Pseudomonas syringae* do wnętrza komórek gospodarza. W strukturze tego białka można wydzielić trzy hipotetyczne domeny: ADP rybozylotransferazy (ART.), kinazy oraz hydrolazy NUDIX. Ekspresja HopAG1 w liściach *Nicotiana benthamiana* prowadzi do lokalnej nekrotyzacji tkanek. Analizy bioinformatyczne pozwoliły wskazać reszty aminokwasowe potencjalnie zaangażowane w wiązanie NAD⁺. Wśród kilku testowanych wariantów efektoru, jedynie te z podstawieniami N62A oraz N127A w obrębie motywu wiążącego NAD⁺ całkowicie zniosły powstawanie zmian makroskopowych, podczas gdy zamiana argininy w pozycji 50. na alaninę jedynie opóźniła wytwarzanie symptomów. Wyniki te sugerują, że wiązanie NAD⁺ i przewidywana aktywność enzymatyczna ADP rybozylotransferazy jest niezbędna dla wirulencji białka. Jednak ekspresja w roślinach jedynie samej domeny ART jest niewystarczająca dla zainicjowania zmian chorobowych. Dalsze prace prowadzone są nad badaniem aktywności enzymatycznej ART, jej regulacji poprzez modyfikacje potranslacyjne (znaczenie zidentyfikowanych miejsc fosforylacji) oraz współdziałanie tej domeny z pozostałymi domenami efektoru.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Przeprowadzone analizy z zastosowaniem efektoru HopAG1 z *Pseudomonas syringae* pozwoliły wskazać aminokwasy, prawdopodobnie uczestniczące w wiązaniu NAD⁺, jako niezbędne dla wywoływania zmian chorobowych podczas ekspresji HopAG1 w roślinach *Nicotiana benthamiana*.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Uzyskane wyniki stanowią punkt wyjściowy do analizy funkcjonalnej efektoru HopAG1, w tym do oznaczenia jego aktywności enzymatycznej oraz zidentyfikowania celów komórkowych.

Publikacje:

6334, 1075/N, 1080/N

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 Marta Kasabula, magistrantki: Iwona Rapala, Abhipsita De

Cel badań:

Celem prowadzonych badań jest zrozumienie funkcji biologicznej dwóch białek mitochondrialnych ampylasy Fmp40 i Ynl320w w regulacji homeostazy redoks w mitochondriach oraz aktywności systemu fosforylacji oksydacyjnej, w szczególności syntazy ATP. Ynl320w jest najprawdopodobniej depalmitylazą, co chcielibyśmy wykazać.

Opis realizowanych prac:

1. Zidentyfikowanie substratów Fmp40 *in vivo*, miejsc ampylacji oraz wpływu tej modyfikacji na funkcje zidentyfikowanych białek.

Badania skupiliśmy na redoksynach mitochondrialnych, ampylowanych *in vitro* przez Fmp40: Prx1, Trx3 i Grx2. Skonstruowaliśmy serię szczepów: *prx1Δ*, *grx2Δ*, *trx3Δ*, *prx1Δ fmp40Δ*, *grx2Δ fmp40Δ*, *trx3Δ fmp40Δ*. Uzyskaliśmy na plazmidach geny kodujące warianty Prx1, Trx3 i Grx2 posiadające podstawienia reszt aminokwasowych, na których zidentyfikowano AMP w spektrometrii masowej po reakcji ampylacji *in vitro*: Prx1-S116A, Trx3-T95A, Grx2-Y63A, Grx2-T109A, Grx2-S124A. Plazmidy wprowadziliśmy do szczepów z delecjami odpowiednich genów, także w tle *fmp40Δ*. Reszty S116 w Prx1 oraz T32 i T109 w Trx3 są istotne dla stabilności tych białek – nie wykryliśmy tych form w ekstraktach komórkowych. Uzyskaliśmy ekspresję w bakterii białek Grl1, Trr2, Atp4 i Atp16 w celu zbadania ich ampylacji przez Fmp40 *in vitro*. Peptydy z tych białek były na liście ampylowanych peptydów w proteomie mitochondrialnym (punkt 2). Zbadaliśmy stan redoks Trx3 w serii szczepów *fmp40Δ*, *prx1Δ*, *grx2Δ*, *trx3Δ*, *prx1Δ fmp40Δ*, *grx2Δ fmp40Δ*, *trx3Δ fmp40Δ*. Odkryliśmy, że Grx2 jest potrzebne do efektywnej redukcji Trx3, co zależy również od Fmp40.

2. Identyfikacja ampylomu mitochondrialnego, w tym substratów Fmp40, w warunkach wzrostu oddechowego i stresu oksydacyjnego.

Wyizolowaliśmy i oczyściliśmy na gradiencie perkolu mitochondria ze szczepów typu dzikiego i z delecją genu *FMP40* aby następnie potraktować je diamidem i poddać proteom mitochondrialny analizie w spektrometrze masowym w celu identyfikacji ampylowanych peptydów. Uzyskaliśmy dane surowe do analizy i opracowania do publikacji.

3. Analiza funkcjonalna genu *YNL320w* w celu poznania funkcji białka Ynl320w oraz jego interakcji z Fmp40.

Wykonaliśmy delecje genu *YNL320w* w dwóch tłach genetycznych. Wykazaliśmy lokalizację białka Ynl320w-GFP w błonach mitochondriów. *YNL320w* podobnie jak *FMP40* oddziałuje genetycznie z *GSH1* – genem kodującym syntetazę glutationu. Badamy zużycie tlenu i aktywności kompleksu IV i syntazy ATP w serii szczepów typu dzikiego, *gsh1*, *fmp40*, *ynl320w*, *gsh1 fmp40* i *gsh1 ynl320w* w celu określenia roli tych białek w regulacji łańcucha oddechowego i syntazy ATP przez reaktywne formy tlenu i procesy zależne od glutationu.

4. Charakterystyka funkcji Mco10.

Wykazaliśmy, że białko Mco10 jest podjednostką syntazy ATP, która występuje na monomerze. Mco10 moduluje funkcje syntazy ATP jako megakanalu mitochondrialnego, jest istotne w zachowaniu homeostazy jonów wapnia, nie jest potrzebne do prawidłowych aktywności syntazy ATP i łańcucha oddechowego w procesie fosforylacji oksydacyjnej.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Wykazaliśmy funkcję biologiczną Mco10 - kolejnej dodatkowej podjednostki syntazy ATP.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Wyniki badań prezentowane były w formie posterów i dwóch prezentacji ustnych na konferencjach: 1st PYC Rzeszów i EBEC Aix-En-Provence (Abstrakty 4944/A, 4945/A, 4946/A, 4950/A, 4951/A, 4957/A, 4963/A, 4984/A, 4997/A, 4998/A, 5002/A). Praca opisująca funkcje Mco10 jest w rewizji w *Scientific Reports*. Badania w celu poznania funkcji biologicznej Fmp40 są zawarte w rozprawie mgr Sylwii Pilch, pt. Funkcja AMPylazy Fmp40 w regulacji odpowiedzi komórki drożdży *Saccharomyces cerevisiae* na stres oksydacyjny” złożonej w październiku 2022 r.

Publikacje:

6351, 6406, 6406, 6407

PN-18 - Pracownia Biochemii Lipidów

Kierownik: prof. dr hab. Ewa Kula-Świeżewska

Zespół: dr hab. Liliana Surmacz, dr Marta Hoffman-Sommer, dr Aleksandra Weremczuk, dr Karolina Skorupińska-Tudek, dr Konrad Zdanowski, doktoranci: mgr Przemysław Surowiecki (obrona 31.09.2022 r.), mgr Agnieszka Onyśk, mgr Natalia Piłka, mgr Marta Zajbt-Łucznińska, mgr Karolina Sztompka, mgr Zuzanna Bechler (magistrantka, a od 01.10.2022 doktorantka), studenci: Mariusz Dobryjanowicz, Julia Gries, Mariia Topolnyska, Dominika Zalewska

Cel badań:

Głównym celem badań było poszerzenie wiedzy na temat biosyntezy i biologicznej roli lipidów poliizoprenoidowych w komórkach eukariotycznych. Badania prowadzono w następujących kierunkach:

- cis-prenylotransferazy (CPT) – charakterystyka molekularna wybranych enzymów i poszukiwanie ich partnerów białkowych;
- transkrypcyjna regulacja biosyntezy poliizoprenoidów;
- rola składników kompleksu TRAPP w metabolizmie komórki roślinnej;
- reduktazy poliprenolu u roślin – charakterystyka molekularna.

Opis realizowanych prac:

1. Zidentyfikowano *cis*-prenylotransferazę rzodkiewnika (CPT3) syntetyzującą dolichole niezbędne do życia komórki roślinnej, a także wykazano wpływ α/β -hydrolazy na poziom dolicholi [#6333, wsp. dr A. Ichnatowicz, UG].
2. Pokazano tworzenie kompleksu AtCPT4 z białkami AtLew1 oraz AtREF2 i wykazano wzajemne oddziaływania białek AtREF2 i -3. [#5009/A].
3. Badano regulatorową funkcję fosforylacji CPT7 *in planta*. Wskazano, iż kinazy SnRK2 mogą pełnić rolę negatywnych regulatorów aktywności wybranych CPT (wsp. prof. G. Dobrowolska, IBB PAN).
4. Charakteryzowano funkcje CPTA i -B w komórkach *Paramecium tetraurelia*, zidentyfikowano potencjalnego partnera PtCPT (wsp. dr J. Nowak, IBB PAN) [#5021/A].
5. Wykazano, że zmiana lokalizacji wewnątrzkomórkowej z retikulum endoplazmatycznego do chloroplastów dwóch *cis*-prenylotransferaz *Arabidopsis* (hybrydowe CPT) wpływa na zmianę długości syntetyzowanych przez nie łańcuchów poliizoprenoidowych – skrócenie lub wydłużenie dominującego łańcucha o 1 lub nawet 3 reszty izoprenowe. [#5007/A].
6. Rozpoczęto molekularną charakterystykę CPT-az oraz białka wiążącego CPT w *Rosa chinensis* odpowiedzialnych za syntezę długich łańcuchów zbudowanych z więcej niż 30 reszt izoprenowych.
7. Przeprowadzono szereg prób krystalizacji AtCPT3, -6 i -7 (wsp. prof. M. Nowotny, MIBMiK).
8. Udowodniono, iż obecność poliprenoli, syntetyzowanych w liściach rzodkiewnika przez CPT7, warunkuje przeżywalność rośliny w warunkach stresu cieplnego, synteza poliprenoli indukowana jest przez czynniki transkrypcyjne HSFA1 [wsp. dr Y.-Y. Charng, ABRC AS Taiwan; dr hab. Ł. Kowalewska, UW; prof. W. Gruszecki, UMCS].
9. Badano rolę ATPazy BRM, podjednostki kompleksu SWI/SNF, w regulacji procesu syntezy poliprenoli u rzodkiewnika.
10. Przeprowadzono molekularną charakterystykę wybranych podjednostek kompleksu TRAPPIII (Transport Protein Particle III) rzodkiewnika, wykazano rolę podjednostki C8 w procesie autofagii [#5008/A, wsp. dr Y. Dagdas, GMIMPB, Wiedeń].
11. Charakteryzowano linie *Arabidopsis* pozbawione aktywności PPRD1, wstępne wyniki wskazują na brak specyficzności substratowej reduktaz PPRD1 vs -2 [#4942/A]. Przeprowadzono próby badań strukturalnych PPRD (wsp. prof. M. Nowotny i dr S. Palchevskyi, MIBMiK).
12. Wykazano rolę poliprenoli w modulowaniu odpowiedzi roślin drzewiastych na stres zasolenia [#6344, #6397, wsp. prof. W. Dmuchowski, IOŚ].
13. Przedstawiono strukturę WaaL – ligazy O-antygeny bakteryjnego – w kompleksie z difosforanem undekaprenyłu pełniącym funkcję lipidowego przenośnika O-antygeny u *Cupriavidus metallidurans*; badania wykonano we współpracy z badaczami z kilkunastu ośrodków naukowych [#6368].
14. Wykazano stymulujący efekt difosforanów oligoprenoli na proliferację limfocytów $\gamma\delta$ T [#6342, wsp. dr I. Parmryd, GU, Geteborg].
15. Udostępniono preparaty poliizoprenoidowe kilkunastu grupom badawczym w ramach działalności Kolekcji Poliprenoli.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Zaproponowanie strukturalnych podstaw wiązania substratu i mechanizmu procesu tworzenia lipopolisacharydu bakteryjnego.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

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

Publikacje:

6333, 6342, 6344, 6368, 6397, 1076/N, 1094/N, 4942/A, 5007/A, 5008/A, 5009/A, 5021/A

PN-19 - Pracownia Biologii Bakteriofagów

Kierownik: prof. dr hab. Małgorzata Łobocka

Zespół: dr Emil Stefańczyk, doktoranci: mgr Stephen Amankwah, mgr Agnieszka Bednarek, mgr Łukasz Kałuski, mgr Monika Karasiewicz-Urbańska, studentka: Michalina Nowak

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 prac nad analizą funkcji bakteriofaga P1 umożliwiającą przystosowanie do produktywniej infekcji lub lizogenii różnych gospodarzy opracowano nową, szybką, efektywną i bezśladową metodę ukierunkowanej mutagenyzy genomu faga P1. Wykorzystano ją do pozyskania nowych mutantów w planowanych do badań genach litycznych i potencjalnych genach adaptacyjnych o nieznanej funkcji, w tym w genach potencjalnie kodujących niepoznany przedtem system typu toksyna-antytoksyna.

2. Przeanalizowano potencjał wyizolowanego poprzednio nowego bakteriofaga gronkowcowego z rodzaju Phietaivirus w przenoszeniu plazmidów i fragmentów chromosomu *S. aureus*, drogą transdukcji. Wykazano, że wstawienie określonego fragmentu genomu badanego faga do ekspresyjnego wektora wahadłowego *Escherichia coli* - *Staphylococcus aureus* zwiększa wydajność transdukcji wektora do ponad czterech rzędów wielkości. Wykazano, że można tak wprowadzić zmodyfikowany plazmid do praktycznie wszystkich klinicznych szczepów *S. aureus*, co umożliwia wykorzystanie go w konstrukcji systemu typu "pipeline" do inżynierii genomów gronkowcowych, w tym też genomów szczepów klinicznych *S. aureus*. Zademonstrowano ponadto, że uzyskany bakteriofag przenosi dowolne fragmenty chromosomu *S. aureus* wykorzystując wszystkie trzy znane mechanizmy transdukcji: lateralną, specyficzną i ogólną. Fragmenty przenoszone drogą transdukcji lateralnej przenoszone są z największą wydajnością.

3. Sklonowano w wektorze wahadłowym *E. coli*-*S. aureus* większość genów modelowego faga terapeutycznego z rodzaju Kayvirus, kodujących potencjalne białka błonowe o nieznanej funkcji. Określono wpływ ekspresji tych genów na wzrost komórek *E. coli* i *S. aureus*. Wykazano, że dwa z nich kodują białka o funkcji poryn. Określono lokalizację fuzji badanych białek z białkiem Egfp, w komórkach *E. coli* i wykazano, że niektóre z nich lokalizują się w okolicach osłon komórkowych w tym heterologicznym gospodarzu faga.

4. Przeanalizowano potencjał infekcyjny gronkowcowych bakteriofagów terapeutycznych z rodzaju Kayvirus w stosunku do będących poważnym problemem w zakażeniach szpitalnych szczepów *S. aureus* o zmniejszonej wrażliwości na wankomycynę (tzw. VISA i hVISA). Wykazano wrażliwość szczepów VISA na niektóre fagi. Natomiast szczepy hVISA okazały się odporne na wszystkie badane fagi. Zidentyfikowano czynniki warunkujące odporność. Podjęto pracę nad uzyskaniem faga zdolnego do infekcji tych szczepów.

5. W wyniku analizy kompletnych sekwencji DNA 48 szczepów *S. aureus* z kolekcji do badania specyficzności bakteriofagów terapeutycznych zidentyfikowano mobilne elementy genetyczne tych szczepów oraz potencjalne markery odporności na bakteriofagi kodowane przez chromosom i poszczególne elementy mobilomu. Zamknięto sekwencje plazmidowe badanych szczepów. Wśród badanych plazmidów zidentyfikowano kryptyczny, mały, wyskokopijny plazmid nadający się do konstrukcji nowego wektora. Rozpoczęto prace nad inaktywacją wybranych markerów odporności antyfagowej w chromosomach szczepów wykazujących się dużą odpornością na określone fagi.

6. Wyizolowano nowe bakteriofagi infekujące szczepy *S. pseudintermedius* będące głównymi sprawcami zakażeń skórnych u psów i kotów (we współpracy z SGGW).

Opis najważniejszych osiągnięć:

Opracowanie efektywnej, bezśladowej metody ukierunkowanej mutagenazy genomu faga P1. Konstrukcja efektywnego i prostego systemu modyfikacji genomów gronkowcowych. Identyfikacja szerokiego zestawu determinantów wirulencji i odporności na bakteriofagi w genomach szczepów *S. aureus* z kolekcji do badania specyficzności fagów. Identyfikacja czynników determinujących odporność szczepów hVISA na poliwalentne bakteriofagi gronkowcowe. Izolacja (we współpracy z SGGW) nowych bakteriofagów *Staphylococcus pseudintermedius*.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Otrzymane wyniki posłużyły do przygotowania manuskryptów prac już opublikowanych lub będących w druku oraz będących na etapie opracowywania.

Publikacje:

6328, 6365, 6366, 6447, 1078/N, 4974/A, 4976/A, 4977/A, 4991/A, 4993/A, 5028/A

PN-20 - Pracownia Niekodujących RNA i Rearanżacji Genomu

Kierownik: dr Jacek K. Nowak

Zespół: dr Julita Gruchota, dr Michał Jaśkiewicz, doktorantka: mgr inż. Katarzyna Nowak

Cel badań:

Głównym celem badań jest poznanie mechanizmów związanych z syntezą i metabolizmem niekodujących transkryptów z wykorzystaniem orzęska *Paramecium tetraurelia* jako organizmu modelowego. W ramach realizowanych projektów analizowana jest funkcja czynników potencjalnie odpowiedzialnych za powstawanie i modyfikację niekodujących RNA. Badamy także transport krótkich ncRNA oraz ich oddziaływanie z chromatyną i innymi transkryptami.

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 (Dcl2/3) i PIWI (Ptiwi09/01).

Opis realizowanych prac:

Kontynuowano badania dwóch genów wyselekcjonowanych uprzednio pod kątem wpływu na rozwój nowego makronukleusa i rolę w metabolizmie niekodujących RNA: *GTSF1* - kodującego białko z podwójnym palcem cynkowym oraz *SEN1.2c* - kodującego helikazę RNA. Wykazano, że pod wpływem wyciszania genu *GTSF1* scnRNA nie podlegają selekcji w starym makronukleusie, choć pozostają związane z białkiem Ptiwi09. Przy użyciu specyficznego przeciwciała anty-Ptiwi09 wykazano, że przy wyciszaniu *GTSF1* ilość białka Ptiwi09 rośnie w komórce *Paramecium*. Wysłano hipotezę, że białko Gtsf1 jest niezbędne do degradacji białka Ptiwi09. Przy użyciu przeciwciała anty-Ub wstępnie wykazano, że podczas wyciszania *GTSF1* poziom ubikwitynacji Ptiwi09 jest znacznie mniejszy w porównaniu do kontroli. We współpracy z Pracownią Dojrzwienia i Degradacji RNA IBB PAN wykonano także udaną próbę oczyszczania białka Gtsf1 przy wykorzystaniu komórek ssaczych.

Przeprowadzono sekwencjonowanie i analizę bioinformatyczną sekwencji scnRNA powstałych podczas wyciszania genu *SEN1.2c* wykazując wpływ na poziom scnRNA obecnych w komórce. Ponadto zaobserwowano związek pomiędzy działaniem genu *SEN1.2c* a białkiem Spo11 odpowiedzialnym za wprowadzanie dwuniciowych pęknięć DNA (DSB) podczas mejozy. W celu zbadania roli Sen1.2c we wprowadzaniu i naprawie DSB przeprowadzono analizę polegającą na ocenie obecności DSB *in situ* przy wykorzystaniu przeciwciała H2AX. Wykazano przedłużoną akumulację DSB w mikronukleusach podczas mejozy. Przygotowano także materiał pozwalający ocenić wpływ Sen1.2c oraz Spo11 na proces rearanżacji nowego makronukleusa przy użyciu wielkoskalowego sekwencjonowania DNA wyizolowanego z nowych makronukleusów, które zostały oczyszczone przy użyciu cytometrii przepływowej (we współpracy z M. Betermier, I2BC, Gif-sur-Yvette, Francja).

Opis najważniejszych osiągnięć:

Ustalono, że białko Gtsf1 bierze udział w selekcji scnRNA i zaproponowano model, w którym kompleks scnRNA-Ptiwi09 związany z chromatyną jest naznaczony do degradacji przez ubikwitynację zależną od Gtsf1. Wykazano ponadto, iż helikaza Sen1.2c bierze udział w naprawie mejotycznych DSB.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Wyniki badań zostaną wykorzystane w publikacjach naukowych oraz w przygotowywanej rozprawie doktorskiej. Rezultaty prezentowano podczas Ogólnopolskiej Konferencji Genetycznej "Genomica" (Kraków), 2022 Virtual Ciliate Molecular Biology Conference oraz 23rd National Congress on Transposable Elements, (Gif-sur-Yvette, Francja).

Publikacje:

6362, 4999/A, 5001/A, 5074/A

PN-21 - Pracownia Molekularnych Podstaw Aktywności Biologicznej

Kierownik: prof. dr hab. Jarosław Poznański

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

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. Istotnym nurtem badań jest analiza wkładu termodynamicznego wiązania halogenowego w układach białko-ligand oparta o równoległe prowadzone badania termodynamiczne i strukturalne.

Opis realizowanych prac:

1. Analiza wpływu atomu 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. Kontynuowano badania nad seriami halogenowanych związków heterocyklicznych zawierających różne kombinacje atomów halogenu (F, Cl, Br, I) jako ligandów kinazy białkowej CK2. Obecnie z powodzeniem przeprowadzono eksperymenty oparte o teorię małych zaburzeń. Jako zaburzenia testowano pH buforu, skład izotopowy rozpuszczalnika (obecnie D₂O vs. H₂O), permutację atomów halogenu w heterogennie halogenowanych perhalogenowanych związkach heterocyklicznych. Za małe zaburzenie mogą także służyć niektóre zmiany aminokwasowe wprowadzone do badanego białka. Dane termodynamiczne pozwalają na coraz dokładniejszą separację wkładów oddziaływań hydrofobowych i elektrostatycznych od specyficznych oddziaływań halogen-białko (6457).

2. Prowadzone badania zainspirowały do analizy efektu izotopowego w rozcieńczonych mieszaninach H₂O/D₂O. Mimo pozornej prostoty, mieszaniny takie wykazują nieoczywiste właściwości fizykochemiczne (6456, 4983/A).

3. Poszukiwanie nowych molekularnych mechanizmów dla białek odpowiedzi adaptacyjnej *Escherichia coli*. Szczepy pozbawione aktywności białek operonu Ada wykazały istotne różnice we wrażliwości (na poszczególne mutageny) oraz w kinetyce wzrostu (i długości fazy latentnej). Szczep AidB- wykazuje wyższy poziom naprawy uszkodzeń niezależnie od funkcjonalności AlkB. Dane te sugerują udział dehydrogenazy AidB regulacji procesu adaptacji u *E. coli* (4973/A). AlkB wydajnie naprawia *in vitro* uszkodzenia zasad RNA. Optymalne warunki naprawy zależą od pK_a adduktu (4985/A).

4. 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 (6370, 6395, 6398, 6401, 6437, 4998/A).

5. Optymalizacja algorytmów analizy danych biofizycznych/biochemicznych oraz wyznaczanie i analiza danych termodynamicznych dla układów o znaczeniu biologicznym (6333, 6411).

Opis najważniejszych osiągnięć:

Badania nad wpływem efektu izotopowego na oddziaływanie białko-ligand doprowadziły do zidentyfikowania nowych zjawisk zachodzących w rozcieńczonych mieszaninach H₂O/2H₂O. Praca 6456 opisująca wstępne wyniki miała w ciągu tygodnia blisko 500 odsłon.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Uzyskane wyniki znalazły się (bądź znajdą się) w publikacjach naukowych. Wytypowane w publikacji 6437 związki „trzeciej generacji”, mogłyby stać się liderem dla leków wziewnych przeciw SARS-CoV-2 (zgłoszenia patentowe P.436491 oraz PCT/PL2021/050094 w toku).

Publikacje:

6333, 6370, 6395, 6398, 6401, 6411, 6437, 6456, 6457, 4973/A, 4983/A, 4985/A, 4998/A

PN-22 - Pracownia Transkrypcji tRNA

Kierownik: prof. dr hab. Magdalena Rakowska-Boguta

Zespół: dr Małgorzata Cieśla, doktoranci: mgr Izabela Rudzińska, mgr Alicja Armatowska, mgr Malak Farhat, studenci: mgr Michał Tyś, mgr Aleksandra Łopusińska, Amanda Jastrzębska

Cel badań:

Wyjaśnienie zależności między represją transkrypcji tRNA przez białko Maf1 i regulacją translacji u drożdży *Saccharomyces cerevisiae*.

Opis realizowanych prac:

Związek między represją transkrypcji tRNA przez białko Maf1 a procesem translacji u drożdży *Saccharomyces cerevisiae* oparty jest o wynik supresji fenotypowej mutantu *maf1Δ* przez wielokopijny plazmid kodujący czynnik elongacji translacji eEF1-α. Stosując znakowanie *in vivo* nowo syntetyzowanych białek w komórkach drożdży hodowanych w pożywce minimalnej stwierdzono obniżony o blisko 50% poziom translacji w mutancie *maf1Δ* w porównaniu do szczepu kontrolnego. Defekt translacji w komórkach *maf1Δ* był częściowo kompensowany przez podwyższenie poziomu ekspresji genu kodującego czynnik elongacji translacji eEF1-α. Obserwowano także korelację zmian w translacji ze zmianami tempa wzrostu drożdży. Aby wyjaśnić defekt translacji w mutancie *maf1Δ*, przeprowadzono analizę profili polisomów w gradiencie sacharozy. Profilowanie polisomów w szczepie *maf1Δ* w obecności cykloheksymidu wykazało wzrost poziomu podjednostki 40S w stosunku do podjednostki 60S, co wskazuje na defekt w biosyntezie rybosomów. Doświadczenie wykonane w nieobecności cykloheksymidu wykazało ponadto wzrost stosunku ilości polisomów do monosomów w szczepie *maf1Δ*. Taki wynik wskazuje na możliwy defekt elongacji/terminacji translacji w komórkach *maf1Δ*. Nadekspresja genu kodującego czynnik elongacji translacji częściowo tłumi obserwowane efekty.

Nasze badania ujawniły także specyficzne zmiany w poziomach *de novo* białek kodowanych w mitochondriach w szczepie *maf1Δ*: obserwowano znaczny wzrost syntezy *de novo* białek Cox2 i Cox3 i a równocześnie spadek syntezy Cob i Atp8/9. Zmiany w translacji mitochondrialnej nie przekładały się jednak na się na finalny poziom białek kodowanych w mitochondriach. Przy zastosowaniu techniki Western blot i specyficznych przeciwciał wykazano, że poziom wszystkich badanych białek (Cox2, Cox3, Atp6, Cob) nie różniły się istotnie w szczepie *maf1Δ* w stosunku do kontroli. W kolejnym kroku zastosowano technikę

qPCR i stwierdzono, że poziomy wybranych mRNA mitochondrialnych nie zmieniają się pod wpływem inaktywacji *MAF1*.

Mechanizm wyjaśniający sposób, w jaki nadmiar syntezy pre-tRNA w *maf1Δ* bezpośrednio wpływa na translację, pozostaje nieznany. Stawiamy hipotezę, że brak równowagi w poziomach poszczególnych tRNA niekorzystnie wpływa na translację w komórkach *maf1Δ*, a nadprodukcja eEF-1α kompensuje ten efekt, ułatwiając adaptację kodonów do różnych puli tRNA. Aby zrozumieć związek między Maf1 a translacją stosujemy obecnie nowoczesne techniki takie jak tRNA-seq i profilowanie rybosomów (Riboseq). Połączenie danych uzyskanych z proponowanych badań przyczyni się do zrozumienia wzajemnego wpływu puli tRNA i poziomów czynnika elongacji na szybkość i specyficzność translacji dla określonych mRNA.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Inaktywacja genu kodującego Maf1, negatywny regulator transkrypcji tRNA u drożdży *Saccharomyces cerevisiae*, wpływa zarówno na translację cytoplazmatyczną jak i translację mitochondrialną.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Efektom przedstawionego planu badawczego będzie wspólna publikacja dotycząca zależności pomiędzy Maf1 a translacją cytoplazmatyczną i translacją mitochondrialną. Biorąc pod uwagę, iż planowane badania zawierają techniki wysokoprzepustowe uważamy, że uzyskane dane będą źródłem wielu istotnych doniesień naukowych na skalę światową. Dotychczas uzyskane wyniki były prezentowane na konferencjach krajowych i międzynarodowych.

Publikacje:

6330, 6356, 5061/A, 5062/A, 5063/A, 1052/N, 1082/N

PN-23 - Pracownia Regulacji Ekspresji Genów

Kierownik: dr hab. Tomasz Sarnowski, prof. instytutu

Zespół: dr Szymon Kubala, dr Jakkapong Kluebsoongneon, doktoranci: mgr Paweł Ćwiek (obrona 22.11.2022 r.), mgr Jarosław Steciuk (obrona 15.12.2022 r.), mgr Paulina Oksińska (obrona 11.10.2022 r.), mgr Magdalena Wilga, mgr Magdalena Zaborowska, mgr Robert Bińkowski, mgr Jakub Szurmak, mgr Apisara Saensuwanna, mgr Maryam Jozghorbani, studenci: Weronika Gajewska, Jakub Chalimoniuk

Cel badań:

Głównym celem badań prowadzonych w Pracowni w 2022 roku było rozszerzenie wiedzy na temat funkcji wielobiałkowych maszynarii kontrolujących strukturę chromatyny i jej wpływu na różnego rodzaju procesy regulacyjne w komórce i na poziomie organizmu, ze szczególnym uwzględnieniem procesów zaburzonych w różnych typach nowotworów. Dodatkowym celem prowadzonych badań było rozwinięcie platformy opartej o bakteriofagi, peptydy i nanoprzeciwciała do opracowania czynników wywołujących syntetyczną letalność oraz inaktywujących koronawirusa SARS-CoV-2.

Opis realizowanych prac:

W badaniach wykorzystane zostały trzy wartościowe układy modelowe: ludzkie linie komórkowe, Arabidopsis i krewetki. Zastosowaliśmy najnowocześniejsze techniki biologii molekularnej m.in. wysokoprzepustowe sekwencjonowanie nowej generacji do analiz transkryptomycznych, rozmieszczenia nukleosomów oraz dystrybucji kompleksów remodelujących chromatynę a także oddziaływań dalekiego zasięgu w obrębie chromatyny. Wykorzystaliśmy skonstruowaną przez nas platformę do identyfikacji szeregu VHH rozpoznających warianty koronawirusa SARS-CoV-2 oraz białek związanych z kontrolą ekspresji genów. Przeprowadziliśmy szczegółową analizę zaburzeń związanych z remodelingiem chromatyny w różnych typach nowotworów oraz w stanie zapalnym.

Opis najważniejszych osiągnięć:

1. Zoptymalizowano platformę opartą o VHH i bakteriofagi i wykorzystano ją do identyfikacji szeregu specyficznych VHH.
2. Zidentyfikowano korelację pomiędzy zaburzeniem lokalizacji podjednostek kompleksu SWI/SNF a progresją jasnokomórkowego raka nerki.
3. Zidentyfikowano mechanizmy związane z epigenetyką kontrolujące ilość kompleksów remodelujących chromatynę w jasnokomórkowym raku nerki.
4. Wyselekcjonowano czynniki mogące mieć wpływ na progresję raka gruczołowo-torbielowatego ślinianki.
5. Zidentyfikowano zależność pomiędzy kompleksem SWI/SNF i wyborem alternatywnego miejsca startu transkrypcji u Arabidopsis.
6. Rozszerzono pulę podjednostek kompleksu SWI/SNF będących kandydatami do wywołania syntetycznej letalności.
7. Określono zależność pomiędzy kompleksem SWI/SNF i wybranymi szlakami hormonalnymi u krewetek.
8. Wykazano istotną rolę kompleksów SWI/SNF w chronicznym stanie zapalnym.
9. Przygotowano linie Arabidopsis, które posłużą do dalszych badań nad funkcją kompleksu SWI/SNF u Arabidopsis

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Wyniki uzyskane podczas realizowanych badań stanowiły podstawę dla doniesień prezentowanych na międzynarodowych konferencjach naukowych w formie wykładów i plakatów. Stanowiły one również podstawę wykładu wygłoszonego w prestiżowej instytucji naukowej Berlin Charité.

Wyniki uzyskane podczas realizacji zaplanowanych doświadczeń posłużyły do konstrukcji szeregu manuskryptów, które są na różnym etapie zaawansowania a także zostały wykorzystane do konstrukcji nowych projektów badawczych oraz podczas szkolenia studentów. Uzyskane wyniki ujęte zostały w trzech rozprawach doktorskich oraz jednej pracy magisterskiej. Uzyskane dane zostały wykorzystane również do popularyzacji nauki w szkołach i przedszkolach a także wśród studentów.

Publikacje:

5026/A, 5029/A, 5030/A, 5931/A, 5932/A, 5933/A, 5934/A, 5935/A, 5936/A, 5937/A, 5938/A, 5940/A, 5941/A, 5942/A, 5943/A, 5944/A, 5945/A, 5946/A, 5947/A, 311/M, 1079/N, 1086/N, 1092/N, 1101/N

PN-24 - Pracownia Białej Biotechnologii

Kierownik: dr hab. Anna Sikora, prof. instytutu

Zespół: dr inż. Anna Detman, studentki: Martyna Paul, Kinga Jakubowska

Cel badań:

1. Określenie wpływu biowęgla różnego pochodzenia na przebieg procesów kwasogenezy beztlenowego rozkładu melasy buraczanej; wydajność i stabilność procesu produkcji biowodoru na drodze ciemnej fermentacji w układzie ciągłym; strukturę i dynamikę wspólnot bakterii produkujących biowodór.
2. Określenie bioróżnorodności, dynamiki i potencjału metabolicznego mikrobioty kału pacjentów z nieswoistymi chorobami zapalnymi jelit oraz zaburzeniami ze spektrum autyzmu w kontekście zdolności produkcji maślanu, zwłaszcza z mleczanu i octanu w badaniach *in vitro*.
3. Charakterystyka izolatu *Candida* sp. MAW1 pochodzącego z bioreaktorów ciemnej fermentacji.

Opis realizowanych prac:

Ad 1. Prowadzono szereg hodowli wspólnot bakterii ciemnych fermentacji w bioreaktorach typu beztlenowe złożę zatopione z dodatkiem różnych biowęgla w układzie ciągłym. Badano parametry opisujące pracę bioreaktorów: pH, tempo produkcji i skład gazu fermentacyjnego, zawartość niegazowych produktów fermentacji. Zbadano zmiany składu pierwiastkowego biowęgla pod wpływem procesów kwaśnej fermentacji, dokonano obrazowania mikroskopowego próbek biowęgla. Wykonano analizę bioróżnorodności wspólnot bakterii w bioreaktorach na podstawie analizy fragmentu genu kodującego 16S rRNA w różnych warunkach prowadzenia procesu.

Ad 2. Próby kału pochodziły od osób zdrowych, od pacjentów z chorobą Crohna (remisja i zaostrzenie), wrzodziejącym zapaleniem jelita oraz od pacjentów z autyzmem i zespołem Aspergera. Grupa badanych obejmowała osoby w różnym wieku i różnej płci. Badania aktywności metabolicznej mikrobioty kału ludzkiego prowadzone były w hodowlach stacjonarnych *in vitro* na podłożach z glukozą oraz mleczanem i octanem. Określono bioróżnorodność wszystkich prób na podstawie analizy fragmentu genu kodującego 16S rRNA oraz produkty metabolizmu mikrobioty. Dane są w trakcie opracowania. Obserwowane są następujące tendencje. Bioróżnorodność mikrobioty kału zależna jest od stanu zdrowia badanych pacjentów, najniższa bioróżnorodność korelowana jest z pacjentami z chorobą Crohna. Różnice dotyczą również dominujących rodzajów bakterii w hodowlach *in vitro* i ich aktywności metabolicznej. Prace te traktowane są jako badania wstępne do większego projektu naukowego.

Ad 3. Scharakteryzowano izolat *Candida* sp. MAW1 metodą mikromacierzy fenotypowych BIOLOG. Wykorzystując model badawczy *Escherichia coli* K12 AB1157 potwierdzono wcześniej wykazane właściwości antybakteryjne filtratu po hodowli *Candida* sp. MAW1 w warunkach kwaśnych oraz stymulacji wzrostu bakterii w warunkach neutralnych. Właściwości antybakteryjne drożdży wynikają z zahamowania podziału komórki co przejawia się tworzeniem filamentów. Przeszukano sekwencję genomu *Candida* sp. MAW1 pod kątem obecności genów produkujących „killer” toksyny i potwierdzono obecność genu kodującego toksynę K5 (β -1,3-glukozydazę).

Opis najważniejszych osiągnięć:

- Dodatek biowęgla w bioreaktorach ciemnej fermentacji nie wpłynął istotnie na zmianę bioróżnorodności wspólnoty bakterii produkujących biowodór; obserwowano natomiast stymulację produkcji biowodoru (zależna od typu biowęgla) co może

wynikać z zapewniania dodatkowej powierzchni czynnej do rozwoju mikroorganizmów; uwalniania makro i mikroelementów wzbogacających podłoże hodowlane; absorpcji pierwiastków niekorzystnie wpływających na rozwój mikroorganizmów ciemnej fermentacji.

- Izolat *Candida* sp. MAW1 sklasyfikowano do szczepów gatunku *Kazachstania humilis*, drożdży identyfikowanych w naturalnych zakwasach (typu I) i naturalnie fermentowanej żywności. W literaturze naukowej nie ma doniesień na temat szczepów/izolatów *Kazachstania humilis* w kontekście produkcji „killer” toksyn i właściwości antybakteryjnych.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

1. Prezentacje na konferencjach naukowych w 2022 r.
2. Materiał do nowych manuskryptów.
3. Materiał do przygotowania zgłoszenia patentowego.
4. Badania wstępne do nowych projektów badawczo-rozwojowych.
5. Badania wstępne w złożonym wniosku grantowym NCN SONATA 18 (oceniiany)

Publikacje:

4988/A, 4989/A, 5006/A, 5012/A, 5014/A, 5015/A, 317/M

PN-25 - Pracownia Homeostazy Białek Roślinnych

Kierownik: prof. dr hab. Agnieszka Sirko

Zespół: dr hab. Anna Wawrzyńska, dr Jerzy Brzywczy, dr Abdel Aziz Gad, dr Anna Góra-Sochacka, dr Marcin Olszak, dr Marzena Sieńko, doktoranci: mgr Konrad Jurczewski, mgr inż. Anna Niemiro, mgr Justyna Piotrowska

Cel badań:

Poznanie molekularnych podstaw zmian metabolizmu roślin w odpowiedzi na stresy środowiskowe ze szczególnym uwzględnieniem autofagii oraz proteasomalnej degradacji białek, identyfikacja nowych białek zaangażowanych w tę odpowiedź oraz określenie funkcji białek, zidentyfikowanych przez nas wcześniej jako czynniki wpływające na optymalne dostosowanie roślin do warunków środowiska.

Opis realizowanych prac:

Kontynuowano rozpoczęte wcześniej badania dotyczące białek LSU, białka NBR1 oraz czynnika transkrypcyjnego SLIM1 w *Arabidopsis thaliana*.

LSU: Są to niewielkie białka o niezbyt dobrze określonej funkcji biologicznej, które występują w komórce jako homo-, heterodimery (lub multimery), głównie dzięki ich zdolności do tworzenia struktur typu ‘coiled-coil’. *A. thaliana* posiada 4 takie białka. Kontynuowano analizę uzyskanych wcześniej w laboratorium mutantów lsu (pojedynczych i wielokrotnych) poprzez analizę transkryptomiczną, metabolomiczną i fenotypową. Ponadto, przygotowano linie roślin ułatwiających monitorowanie aktywności promotorów genów *LSU1-LSU4* poprzez fuzję z odpowiednimi reporterami, oraz wykonano analizy aktywności promotorów *LSU1-LSU4* w różnych warunkach. Kontynuowano badania nad lokalizacją LSU w obrębie struktur komórkowych a także oddziaływania LSU z wybranymi partnerami.

NBR1: Białko to zaliczane jest do grupy selektywnych receptorów autofagii. W okresie sprawozdawczym koncentrowano się na badaniu oddziaływań NBR1 z białkami LSU oraz z wybranymi czynnikami transkrypcyjnymi. Stwierdzono, że brak NBR1 i/lub jego

nadprodukcja skutkują zmianą poziomu ekspresji szeregu genów regulowanych przez stresy środowiskowe. Wyniki naszych badań sugerują, że NBR1 wspomaga adekwatną odpowiedź roślin na stresy poprzez regulację stabilności różnych czynników transkrypcyjnych, w tym czynników koordynujących działanie szlaków hormonalnych.

SLIM1: Białko SLIM1 uznane jest za kluczowy czynnik regulujący odpowiedź roślin na niedobór siarki. Należy do rodziny EIL, do której zaliczany jest także EIN3, główny regulator szlaku sygnalizacji etylenu. We współpracy z dr Akiko Maruyama-Nakashita wykazano, że 57 C-końcowych aminokwasów białka SLIM1 jest niezbędnych do jego działania jako aktywator transkrypcji (praca opublikowana w *Plants*). Ponadto, zaproponowano nowy model wyjaśniający znaczenie SLIM1 w ko-regulacji metabolizmu siarkowego i węglowego (praca opublikowana w *Journal of Experimental Biology*).

Opis najważniejszych osiągnięć:

Wykazanie, że SLIM1, czynnik transkrypcyjny wiązany dotąd głównie z odpowiedzią roślin na niedobór siarki, dostraja także metabolizm cukrów w warunkach głodzenia siarkowego otrzymując sygnał z heksokinazy 1 (HXK1) oraz poprzez indukcję genu *PAP1*, kodującego pozytywny regulator syntezy antocjanów, co ma na celu zwolnienie procesów fotosyntezy i produkcji cukrów.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Zespół uzyskał 3 publikacje, które są efektem naszej wcześniejszej aktywności badawczej oraz jeden artykuł typu 'Editorial', który jest efektem naszego zaangażowania w edycję specjalnego tematu (*Research Topic: Protein posttranslational modifications in plant responses to abiotic stress- Women in plant sciences series*) w czasopiśmie *Frontiers in Plant Science*. Uzyskane wyniki stały się także podstawą sześciu prezentacji konferencyjnych, w tym 5 ustnych.

Publikacje:

6325, 6465, 6448, 4955/A, 4975/A, 4978/A, 4979/A, 4980/A, 4995/A, 313/M

PN-26 - Pracownia Mechanizmów Stabilności Genetycznej

Kierownik: dr hab. Adrianna Skoneczna, prof. instytutu

Zespół: doktoranci: mgr Anna Długajczyk, mgr Tuguldur Enkhbhaator, magistrantka: Julia Rokicka

Cel badań:

Celem badań jest poznanie mechanizmów regulacji procesów istotnych dla stabilności genetycznej komórek, takich jak rekombinacja homologiczna i replikacja DNA oraz wpływ zaburzenia tych procesów na zdolność komórek do przeżywania stresów czy tempo starzenia się.

Opis realizowanych prac:

Przebieg rekombinacji homologicznej zależy m. in. od poziomu rekombinazy Rad51 i białka Srs2, helikazy DNA/translokazy Rad51. Rekombinaza Rad51 odpowiada za istotny dla rekombinacji homologicznej etap tworzenia filamentu presynaptycznego oraz za rekrutację i stymulację aktywności szeregu białek uczestniczących w dalszych etapach tego procesu. Czas półtrwania Rad51 regulowany jest modyfikacjami potranslacyjnymi, wśród nich ubiquityną i SUMO. Wykazaliśmy uprzednio, że modyfikacje te zależą od szeregu ligaz E3. Przeprowadzone w tym roku badania pozwoliły na powiązanie wyników otrzymanych

w testach biochemicznych z fenotypami komórkowymi związanymi z aktywnością rekombinazy Rad51 w procesie reperacji pęknięć DNA na drodze rekombinacji homologicznej. Wykazaliśmy, że: (i) zależna od ligazy SUMO Mms21 SUMOilacja Rad51 stymuluje rekrutację Rad51 do DNA, prowadząc do powstawania ognisk reperacyjnych w jądrze komórkowym; (ii) zaś poli-ubikwitynacja Rad51 zależna od ligazy STUbL (ang. *SUMO-targeted Ubiquitin ligase*), białka Slx8, promuje zdejmowanie filamentów Rad51 z DNA, prowadząc do zanikania ognisk reperacyjnych po ukończeniu naprawy rekombinacyjnej.

Używając systemu do wizualizacji mRNA *in vivo* (znakowanie wybranego mRNA MS2-RFP) wykazaliśmy, że mRNA genu *SRS2* (kodującego helikazę DNA/translokazę Rad51, białko istotne dla limitacji inicjacji rekombinacji homologicznej i kierowaniu w dalszych etapach tej naprawy na ścieżki prowadzące do odtwarzania sekwencji DNA identycznej do sekwencji wyjściowej) w warunkach stresu replikacyjnego lub genotoksycznego trafia do struktur złożonych z ciałek P i granul stresowych. Wycofanie mRNA *SRS2* z obiegu w warunkach stresowych pozwala na obniżenie poziomu białka Srs2, a tym samym promuje naprawę uszkodzeń DNA poprzez rekombinację homologiczną, dopuszczając do naprawy również na drodze nie preferowanych ścieżek, takich jak BIR (ang. *break-induced replication*) czy rekombinacja nieuprawniona.

Analizując wpływ dawki genów niezbędnych do życia, a uwikłanych w inicjację replikacji DNA stwierdziliśmy, że niższa zawartość białek kompleksu ORC (ang. *origin recognition complex*) nie tylko powoduje wydłużenie fazy G1 cyklu komórkowego i całkowitego czasu generacji, lecz również wydłuża życie komórek w czasie stresu głodzenia (ang. *chronological lifespan*).

Opis najważniejszych osiągnięć:

Wykazanie, że potranslacyjne modyfikacje rekombinazy Rad51 regulują jej funkcjonowanie w procesie naprawy rekombinacyjnej, SUMOilacja stymuluje tworzenie filamentów tego białka na DNA, a Slx8-zależna poli-ubikwitynacja promuje ich demontaż.

Wykazanie, że poziom Srs2 w warunkach stresu genotoksycznego regulowany jest posttranskrypcyjnie, przez sekwestrację mRNA *SRS2* do struktur gromadzących mRNA.

Wykazanie, że niski poziom białek uczestniczących w inicjacji replikacji, prowadzący do wydłużenia fazy G1 cyklu komórkowego, wydłuża także życie tych komórek w warunkach stresu.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Uzyskane wyniki pomagają w zrozumieniu mechanizmów komórkowych warunkujących stabilność genomu komórkowego oraz mechanizmów prowadzących do opóźniających starzenie się komórek eukariotycznych.

Uzyskane wyniki są również podstawą publikacji naukowych i rozpraw doktorskich zaangażowanych w ich przeprowadzenie studentów.

Publikacje:

6360, 4953/A, 4969/A, 4970/A

PN-27 - Pracownia Biologii RNA

Kierownik: dr hab. Roman Szczęsny

Zespół: dr hab. Elżbieta Speina, dr Marta Jedynak-Slyvka, dr Aneta Jurkiewicz, mgr Joanna Grochowska, mgr Kamila Affek, mgr Karolina Kasztelan (Wróbel), mgr Agata Jabczyńska, Marcelina Kurowska (magistrantka), Karolina Ryba (magistrantka), Agnieszka Kozicka (licencjantka)

Cel badań:

Celem przeprowadzonych badań była kontynuacja prac nad poznaniem mechanizmów regulujących ekspresję oraz utrzymanie ludzkiego genomu mitochondrialnego.

Opis realizowanych prac:

Prowadzone są prace mające na celu identyfikację i charakterystykę funkcjonalną białek zaangażowanych w ekspresję i utrzymanie genomu mitochondrialnego u człowieka. W minionym okresie kontynuowano prace mające na celu opracowania narzędzi do wizualizacji dwuniciowego RNA w komórkach człowieka hodowanych *in vitro*. Badania przeprowadzone we współpracy z prof. Marcinem Nowotnym (MIBMiK w Warszawie) oraz dr. Damianem Graczykiem doprowadziły do opracowania genomowej metody analizy hybryd RNA/DNA (manuskrypt w opracowaniu, Jedynak-Slyvka i wsp.). Przeprowadzono szczegółową analizę roli RNazy P w obróbce pierwotnych transkryptów mitochondrialnych oraz analizę biogenezy dwuniciowego RNA w jądrze w warunkach zaburzonego importu białek do jądra komórkowego. We współpracy z dr. hab. Michałem Szymańskim (Uniwersytet Gdański) przeprowadzono badania, na podstawie których zaproponowano udział egzonukleazy EXOG w usuwaniu rybonukleotydów z genomu mitochondrialnego.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Zaproponowano, że egzonukleaza EXOG pełni istotną rolę w obróbce starterów replikacji genomu mitochondrialnego u człowieka (Karlłowicz i wsp. Nucleic Acids Research, 2022).

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Wyniki badań zostaną wykorzystane w publikacjach naukowych.

Publikacje:

6415, 6392

PN-28 - Pracownia Mutagenезy 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 Ebru Yazici, mgr Mikołaj Fedorowicz, mgr Martyna Wiśniewska.

Magistranci: Katarzyna Bagińska, Julia Maroszek, Sandra Chojnacka.

Cel badań:

Celem naszych badań jest identyfikacja procesów kontrolujących stabilność genetyczną. W szczególności chcemy poznać jądrowe mechanizmy regulujące działanie polimeraz zdolnych do syntezy poprzez uszkodzenia DNA, 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 procesie tolerancji uszkodzeń DNA, działa promutagenicznie. Odkryty przez nas mutatorowy efekt Mms2 okazał się być niezależny od Ubc13, znanego interaktora Mms2. Nasze wyniki wskazały natomiast na zależność promutagennego efektu Mms2 od aktywności mutatorowej polimerazy zeta (Pol ζ). Ustalone przez nas wymagania genetyczne mutatorowego efektu Mms2 sugerowały, że ten zależny od Pol ζ efekt może być związany z obniżeniem komórkowego poziomu Pol3, katalitycznej podjednostki replikacyjnej polimerazy Pol δ . Aby sprawdzić tę sugestię stworzyliśmy w bieżącym roku sprawozdawczym system pozwalający na 10 i 17-krotne zwiększenie poziomu Mms2 w komórkach kodujących wyznakowane epitopem FLAG białko Pol3. Rezultaty badań typu western blot potwierdziły, że nadprodukcja Mms2 sukcesywnie obniża poziom Pol3 i to obniżenie koreluje z efektem mutatorowym. Wynik ten razem z uprzednim ustaleniem, że delekcja Mms2 powoduje efekt podwyższenia poziomu Pol3 w fazie S cyklu komórkowego drożdży, wskazuje na rolę Mms2 w regulacji komórkowego poziomu katalitycznej podjednostki Pol δ .

W bieżącym roku kontynuowaliśmy też badania nad regulacją ludzkiej polimerazy iota przez acetylację. Wykorzystując specyficzne inhibitory, zidentyfikowaliśmy deacetylotransferazę HDAC1 jako enzym deacetylujący polimerazę iota. Wynik ten potwierdziliśmy zarówno poprzez nadprodukcję jak i brak białka HDAC1, choć nie jest wykluczone, że HDAC1 nie jest jedyną deacetylazą polimerazy iota.

Ponadto, rozpoczęliśmy badania nad regulacją acetylotransferazy p300, która pośrednio i bezpośrednio zdaje się wpływać na funkcjonowanie polimerazy iota. Nasze wstępne wyniki wskazały, że inhibicja aktywności acetylotransferazy wpływa na obniżenie poziomu białka p300 w komórce.

Dodatkowo, potwierdziliśmy, że w komórkach pozbawionych genu RNF2, kodującego ligazę ubikwitynową oddziałującą z polimerazą iota, częściej dochodzi do konfliktów transkrypcja-replikacja. Uzyskaliśmy też wstępny wynik, że brak polimerazy iota w komórce również indukuje pojawienie się zwiększonej ilości miejsc konfliktu transkrypcja-replikacja.

Badając czynniki wpływające na stabilność mtDNA w komórkach drożdży, wykryliśmy nową zależność aktywności polimeraz TLS w mitochondriach od ubikwitynacji PCNA po działaniu UV. Kiedy modyfikacja PCNA na K164 może zachodzić normalnie, polimerazy TLS działają antymutatorowo na uszkodzenia indukowane UV, przeciwnie niż w genomie jądrowym (zwłaszcza Rev3 i Rev1). Kiedy jednak ubikwitynacja PCNA nie zachodzi, poziom mitochondrialnych mutacji punktowych rośnie znacząco po działaniu UV pomimo obecności Pol ζ i Pol η , ale nie Rev1. Stwierdziliśmy też, że w komórkach niosących zmienione PCNA, które nie jest ubikwitynowane po UV dochodzi do silniejszej i dłuższej hiperfosforylacji białka Rad53 niż w komórkach z PCNA typu dzikiego, co wskazuje na wzmożoną odpowiedź jądrowego szlaku punktów kontrolnych cyklu komórkowego, która może być zasadniczą przyczyną obserwowanych zmian aktywności polimeraz TLS w mitochondriach.

Kontynuując badanie nowych funkcji wykrytej przez nas uprzednio w mitochondrium kinazy Snf1, analizowaliśmy genetyczne interakcje kinaz Snf1, Atg1, Mec1, tworzących kompleks w pobliżu mitochondrium, pokazaliśmy, że brak kinazy Snf1 znacząco podwyższa wrażliwość komórek pozbawionych kinazy Atg1 na głodzenie azotowe.

Opis najważniejszych osiągnięć:

- K164 w PCNA moduluje stabilność mtDNA po UV i funkcje polimeraz TLS w mutageniezie mitochondrialnej.
- HDAC1 jest enzymem deacetylującym polimerazę iota.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Uzyskane w ubiegłym roku wyniki były wykorzystane w pracy magisterskiej i pracy doktorskiej. Wyniki te są też przedmiotem przygotowywanych publikacji i stanowią podstawę dalszych badań funkcjonowania procesów tolerancji uszkodzeń DNA i mechanizmów odpowiedzialnych za stabilność mitochondrialnego DNA

Publikacje:

4948/A, 4954/A, 5010/A, 1056/N, 1090/N, 1097/N

PN-29 - Pracownia Biologii Molekularnej Nasion

Kierownik: dr hab. Szymon Świeżewski, prof. instytutu

Zespół: dr Lien Brzeźniak, dr Michał Krzysztoń, dr Ewa Krzywińska, dr Sebastian Sacharowski, dr Ruslan Yatusевич, dr Julia Zinsmeister, doktoranci: mgr Miguel Coelho Montez, mgr Veena H M, mgr Elżbieta Lewandowska-Gnatowska (obrona 12.07.2022), mgr Ferran Sanchez, mgr Ce Wang, mgr Magdalena Wrona, studentki: Maria Majchrowska, Katarzyna Muter, Katarzyna Pasieczna

Cel badań:

Celem badań było zrozumienie molekularnych podstaw regulacji spoczynku nasion u *Arabidopsis thaliana*.

Opis realizowanych prac:

W ostatnim roku realizowaliśmy badania dotyczące różnych aspektów regulacji spoczynku nasiona u *Arabidopsis thaliana*. Nasze badania koncentrowały się na zmienności spoczynku pomiędzy pojedynczymi nasionami, jak i zdolności nasion do opóźniania kiełkowania w odpowiedzi na zasolenie.

Opis najważniejszych osiągnięć:

- Opisanie zmienności transkryptomicznej pomiędzy pojedynczymi nasionami *Arabidopsis thaliana* w trakcie ustanawiania wtórnego spoczynku.
- Opis roli niekodującego białka transkryptu *PUPPIES* w odpowiedzi nasiona na obecności NaCl w podłożu.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Uzyskane wyniki zostały wykorzystane do napisania dwóch publikacji z których jedna została opublikowana w 2022 roku a druga jest przyjęta do druku i będzie opublikowana na początku 2023 roku.

Publikacje:

6423

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

Head of Laboratory: dr hab. Ulrike Topf

Team: dr Kamila Liput, dr Somayeh Shahmoradi Ghahe, dr Katarzyna Jonak, mgr Monika Stasiak, doktoranci: mgr Karolina Gościńska (obrona 08.03.2022 r.), mgr Ismail Tahmaz, mgr Ramin Zadalimomen, mgr; Ayomide Samson Fasemire

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 prefoldin complex during cellular stress. We performed a quantitative proteomics analysis that identified changes predominantly in mitochondrial protein levels upon dysfunctional prefoldin complex. Thus, we confirmed our previous findings linking the function of prefoldin to mitochondrial biogenesis. Moreover, we identified a novel physical interaction between prefoldin complex subunit and receptor of mitochondrial precursor proteins on the mitochondrial outer membrane.

2. Composition of cytosolic ribosomes and adaptation of translational output. Quantitative proteomics analysis was performed to identify changes in ribosomes compositions upon cellular stress. Significant changes were identified that require further validation. We established methodology that allows *in vitro* assay of translation efficiency upon various experimental conditions.

A bioinformatics analysis has been performed to identify evolutionary conserved proteins that show changes in thiol oxidation as a putative mechanism of regulation of translation and translational output during organismal aging.

3. Linking protein turnover with health span during aging. We identified putative compounds that improve health span of aged *Caenorhabditis elegans* providing a proof of concept for the approach. Furthermore, experiments were performed that indicate that the compounds act on altering the balance between protein production and degradation.

Description of the most important achievements:

1. Identification of target proteins related to the function of the ribosome upon cellular stress that cause putative changes in translational output to adapt protein homeostasis.

2. Identification of the co-chaperone prefoldin as a modulator of mitochondrial biogenesis upon physiological and cellular stress conditions.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Part of the results were used to prepare a doctoral thesis. The thesis was successfully defended by Karolina Gościńska. Part of the results related to point (iii) in the description of the work that was carried out was used to prepare a Master's thesis. The thesis was successfully defended by Ayomide Samson Fasemire.

Moreover, results were presented in national and international conferences as poster and oral presentations (1st Polish Yeast Conference, EMBO, COST action annual meeting).

Publications:

6316, 5051/A, 5053/A, 5054/A, 5055/A, 5056/A, 5057/A

PN-31 - Pracownia Fizjologii Molekularnej Zwierząt

Kierownik: dr Michał Turek

Zespół: dr Agata Szczepańska, doktoranci: mgr Klaudia Kołodziejska, mgr Julia Wiśniewska, mgr Abdulrahman Tudu Ibrahim, studentki: Zofia Olszewska, Monika Woźniak

Cel badań:

Określenie mechanizmów molekularnych odpowiedzialnych za formowanie się mięśniowych egzofer w nicieniu *Caenorhabditis elegans*.

Opis realizowanych prac:

1. Odkrycie nowego mechanizmu regulacji powstawania mięśniowych egzofer opartego na aktywności układu nerwowego. Na podstawie szeregu eksperymentów byliśmy w stanie wykazać, że układ nerwowy jest w stanie w sposób bezpośredni kontrolować wytwarzanie egzofer w tkance mięśniowej. Następnie określiliśmy, które komórki nerwowe wpływają pozytywnie, a które negatywnie na proces biogenezy egzofer.

2. Odkrycie nowego mechanizmu regulacji powstawania mięśniowych egzofer zależnego od feromonów.

Wykazaliśmy, że feromony produkowane przez samce nicieni *C. elegans* powodują zwiększenie produkcji egzofer, natomiast feromony produkowane przez hermafrodyty nicieni *C. elegans* powodują ich inhibicję.

3. Wstępne zidentyfikowanie procesów biologicznych odpowiedzialnych za powstawanie egzofer w nicieniach z zaburzoną proliferacją komórkową.

Wykonaliśmy analizę transkryptomyczną nicieni z zaburzoną proliferacją komórkową co pozwoliło na zidentyfikowanie grupy genów mogących pozytywnie wpływać na powstawanie egzofer.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Za najważniejsze osiągnięcie z omawianego okresu sprawozdawczego uważam odkrycie nowego mechanizmu regulacji mięśniowych egzofer w nicieniu *Caenorhabditis elegans* opartego na aktywności układu nerwowego. Wykazaliśmy, że produkcja mięśniowych egzofer jest regulowana przez kilka określonych komórek nerwowych których aktywność jest zależna od szeregu feromonów wydzielanych przez inne zwierzęta obecne w populacji.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Niektóre z opisanych powyżej wyników zostały wykorzystane do przygotowania wstępnej wersji publikacji naukowej (preprint) zamieszczonej na portalu bioRxiv (Banasiak et al. 2022) oraz pracy magisterskiej (mgr Abdulrahman Tudu Ibrahim). Część wyników została zaprezentowana w postaci wykładu na międzynarodowej konferencji naukowej „European Worm Meeting 2022”. Pozostałe wyniki są przygotowywane do publikacji.

Publikacje:

Brak

PN-32 - Pracownia Terapii Fagowej

Kierownik: dr hab. Alicja Węgrzyn, prof. instytutu

Zespół: dr Alicja Węgrzyn

Cel badań:

Określenie właściwości biochemicznych oraz struktury polimeraz fagowych.

Opis realizowanych prac:

Zainteresowaliśmy się trzema polimerazami pochodzenia fagowego. Pierwsza z nich pochodzi z faga vB_EfaS-271 infekującego *Enterococcus faecalis*, druga z faga vB_SenM-2 infekującego *Salmonella enterica* i trzecia z faga vB_SenM-3 infekującego również *S. enterica*. W 2022 roku zajęliśmy się głównie badaniami nad polimerazą Pol271.

1. Określiliśmy aktywność Pol271 z użyciem dwóch substratów DNA-DNA o różnej długości. Wykazaliśmy, że zarówno uzyskanie dwuniciowego fragmentu DNA o długości 40 pz, jak i o długości 26 pz przez Pol271 zajmuje mniej niż 5 minut. Polimeraza posiada wysoką aktywność nie tylko w 37°C, ale też w niższych temperaturach, nawet w temperaturze 0°C i temperaturach ujemnych. Inicjalne badania z wykorzystaniem różnego rodzaju dupleksów kwasów nukleinowych (DNA-DNA, DNA-RNA, RNA-DNA, RNA-RNA) wykazały, że Pol271 ma zdolność syntezy zarówno komplementarnej nici DNA, jak i RNA na matrycy DNA. Wykazaliśmy również, że Pol271 wykazuje aktywność polimerazową nie tylko w obecności jonów magnezu, ale też manganu i kobaltu, natomiast aktywność jest znacznie upośledzona w obecności jonów wapnia.

2. Na podstawie przyrównania sekwencji Pol271 do polimerazy DNA z faga RB69, zidentyfikowaliśmy dwa aminokwasy odpowiadające za aktywność egzonukleazową Pol271 - Asp188 i Asp281. Warianty Pol271 z pojedynczymi substytucjami tych aminokwasów na alaninę, a także z podwójną substytucją, nie wykazują aktywności egzonukleazowej, a także charakteryzują się zmniejszoną aktywnością polimerazową.

3. Podjęliśmy próby rozwiązywania struktury krystalicznej Pol271 w formie apoenzymu oraz w kompleksie z dupleksem DNA. Mimo uzyskania danych o rozdzielczości około 2,2Å, w obydwu przypadkach nie udało się określić struktury metodą *molecular replacement*. Strategią obieraną w takich przypadkach jest zazwyczaj określenie struktury metodą anomalnej dyfrakcji (ang. single-wavelength anomalous diffraction, SAD) w białku, w którym reszty metioniny są zastąpione przez selenometioninę. Zoptymalizowaliśmy zatem nadprodukcję Pol271 w pożywce minimalnej z selenometioniną, po czym uzyskaliśmy oczyszczony preparat oraz kryształy białka, które będą poddane krytalografii.

Opis najważniejszych osiągnięć:

1. W ramach badań nad znaczeniem szlaku mitochondrialnego w indukcji apoptozy przez enrofloksacynę przeanalizowano morfologię mitochondriów, w komórkach kurzych fibroblastów UMNSAH/DF-1, po działaniu tego antybiotyku, z wykorzystaniem mikroskopii fluorescencyjnej i elektronowej. Zbadano również poziom kaspazy 3 w linii komórek UMNSAH/DF-1 pod wpływem działania enrofloksacyny przez 24 i 48 h.

2. Podjęto próbę wizualizacji cząstek bakteriofagów w mikroskopii konfokalnej z zastosowaniem różnokolorowych, fluoryzujących barwników interkalujących do DNA. Pilotażowe doświadczenia miały na celu uwidocznienie fagów w tkankach różnych narządów zwierząt po terapii. Metoda nie pozwoliła na zobrazowanie fagów (były niewidoczne w mikroskopie konfokalnym w przedziale stężeń od 10^4 do 10^6 czyli takim jakim obserwowaliśmy w tkankach).

3. Sprawdzono wpływ bakteriofagów (jako kontroli użyto antybiotyków) na zachowanie zwierząt (model myszy) z zastosowaniem testów takich jak: otwartego pola, aktometru, uniesionego labiryntu krzyżowego, labiryntu wodnego Morris oraz testu rozpoznawania nowego obiektu. Terapia fagami nie wpłynęła na zachowanie zwierząt natomiast duże zmiany w zależności od płci zaobserwowano po leczeniu tetracykliną i enrofloksacyną. Wyniki badań zawarto w manuskrypcie pt: "Sex-dependent differences in behavioral and immunological responses to antibiotic and bacteriophage administration in mice" zostały wysłane do publikacji w Frontiers in Immunology.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Publikacje:

6359, 6363, 6394, 6416, 6421, 6434, 6467

PN-33 - Zakład Bioinformatyki

Kierownik: prof. dr hab. Piotr Zielenkiewicz

Zespół: dr hab. Szymon Kaczanowski, prof. Krzysztof Mucha, dr Dorota Niedziałek, dr hab. Piotr Pawłowski, prof. Leszek Pączek, dr Kamil Steczkiewicz, dr hab. Paweł Siedlecki, dr n. med. Radosław Zagożdżon, dr Dariusz Ekonomiuk, dr Aizhan Rakhmetullina, dr Joanna Klim, mgr Agnieszka Gromadka, mgr Jakub Poziemski, mgr Marcin Nurzyński, dr Norbert Odolczyk, mgr Piotr Zarębski, dr Tomasz Molcan, dr Łukasz Kniżewski, dr Kinga Mieczkowska, doktoranci: mgr Rafał Jastrząb, mgr Mehmet Fatih Ozhelvaci, Radosław Bielecki, Jan Solak, mgr Hubert Twardowski, mgr inż. Monika Wereszczyńska, Dilara Agacik, Okonye Joy Uche, Agdniani Syifa Najla

Cel badań:

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

Opis realizowanych prac:

Zaprojektowano pierwszy zestaw peptydów modulujących aktywność represorów bakteryjnych (TetR, ethR). Projekt, mający na celu eliminację drobnoustrojów opornych na teracykliny realizowany jest we współpracy z Pracownią Środowiskowej i Ewolucyjnej Biologii Systemów IBB PAN.

We współpracy z Pracownią Molekularnych Podstaw Aktywności Biologicznej IBB PAN wykonano symulacje dynamiki molekularnej w celu wyjaśnienia zwiększonej cząstkowej objętości cząsteczek HDO w H₂O.

Kontynuowano prace dotyczące ewolucji molekularnej białek związanych z procesem apoptozy. W ramach prowadzonych działań dokonano także analizy presji selekcyjnej działającej na wywołującego malarię pasożyta *Plasmodium falciparum*.

Na podstawie analizy podobieństw sekwencyjnych oraz strukturalnych zidentyfikowano i sklasyfikowano peptydazy cysteinowe oraz peptydazy z nadrodziny a/b hydrolaz. Wykryto m.in. nieznane wcześniej enzymy ludzkie mogące pełnić funkcję deubikwitynaz. Opisano sposób działania wielu białek związanych z występowaniem chorób genetycznych u człowieka. Po raz pierwszy wykonano szczegółowy podział a/b hydrolaz na rodziny i podrodziny. Wykonano model struktury enzymu helikazy z faga F13. Zidentyfikowano peptydazy w genomie chrząszcza z rodzaju Rhyzopertha będącego szkodnikiem zbóż i orzeszków ziemnych. Przeanalizowano zależność między wynikami eksperymentów HDX a symulacjami dynamiki molekularnej dla białek S100A8 oraz S100A9.

Przeanalizowano trend mutacji białka S wirusa SARS-COV-2. Pokazano, że białko S wariantu Omikoron jest kolejnym wariantem, w którym obserwuje się wzrost dodatniego ładunku białka.

Zbadano wpływ niesteroidowych leków przeciwzapalnych na zdolność wzrostu mezynchymalnych komórek macierzystych. Wykazano zmiany sekrecji czynników aktywnych biologicznie, przy w pełni zachowanej zdolności do proliferacji i wzrostu.

Przeprowadzono kolejne badania zmierzające do określenia biomarkerów chorób nerek pacjentów z Nefropatią IgA i Tocznem Układowym Trzewnym. Wykazano przydatność oznaczeń stężenia Osteopontyny A i Peroksydaz pozwalających na screening w/w chorób.

Prowadzono dalsze badania dotyczące biotransformacji leków. Zbadano możliwość degradacji leków zawierających w swojej cząsteczce atom fluoru na drodze przeniesienia tego atomu fluoru na białka wątroby i mózgu badanego zwierzęcia. Z zastosowaniem spektrometrii mas wykazano w przypadku obu narządów, że kilka białek uległo „fluoryzacji”.

Rozpoczęto przygotowania do prowadzenia badań dotyczących zastosowania CAR-MSK w terapii, obecnie prowadzone są prace teoretyczne i eksperymentalne nad produkcją CAR-T. Kontynuowano badania dotyczące możliwości wykorzystania ncRNA do diagnozowania i leczenia pacjentów z ADPKD (torbielowatość nerek u ludzi).

W ramach badań unikalnych właściwości szczepu *Lactococcus lactis* uzyskano wyniki pokazujące, że wyciek białka ArcA może hamować proliferację nabłonkowych komórek nowotworowych (doktorat wdrożeniowy mgr R. Jastrzęba).

We współpracy z prof. Grażyną Faure-Kuzminska z Instytutu Pasteur’a (Unité Récepteurs-Canaux, Institut Pasteur, CNRS, UMR 3571, Paryż, Francja), oraz firmą SANOFI-AVENTIS RECHERCHE & DEVELOPPEMENT (Paryż, Francja) zaprojektowano nowe serie peptydów, które wiążą się do powierzchni zmutowanego białka $\Delta F508$ -CFTR. Nowo zaprojektowane peptydy wykazują zdolność do korygowania defektu białka $\Delta F508$ -CFTR, działając jako jego aktywatory. Rozpoczęto prace nad dalszą optymalizacją peptydów w celu ich usztywnienia i/lub lepszego dopasowania do powierzchni białka $\Delta F508$ -CFTR.

Wykonano benchmark funkcjonalów obliczeń chemii kwantowej w kontekście opisu oddziaływań biomolekularnych. Zmapowane na powierzchnie vdW kilkudziesięciu znanych inhibitorów potencjały elektrostatyczne zostały porównane z wynikami otrzymanymi z modelu XED („extended electron distribution charge model”). Badania te pozwoliły stworzyć protokół symulacyjny opisujący oddziaływania elektrostatyczne w kompleksach biomolekuł z ligandami i jonami oraz służyć do optymalizacji funkcji skorujących w symulacjach dokowania molekularnego.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Zaprojektowane *in silico* peptydy pełnią *in vitro* oraz *in vivo* planowaną funkcję specyficznych inhibitorów oddziaływań białko-białko.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Publikacje, patenty, możliwe zastosowania farmaceutyczne.

Publikacje:

6323, 6336, 6341, 6343, 6352, 6353, 6354, 6357, 6358, 6367, 6376, 6379, 6382, 6400, 6414, 6430, 6431, 6437, 6451, 6466

PN-34 - Pracownia Środowiskowej i Ewolucyjnej Biologii Systemów

Kierownik: dr hab. Urszula Zielenkiewicz

Zespół: dr hab. Anna Kurlandzka, mgr Vandana Kaushal, Paulina Siedlecka

Cel badań:

Celem prowadzonych badań jest poznanie mechanizmów powstawania i ewolucji naturalnych systemów biologicznych oraz charakterystyka wybranych środowisk.

Opis realizowanych prac:

1. Ewolucja maszynerii apoptotycznej. We współpracy z Zakładem Bioinformatyki IBB PAN kontynuowano eksperymentalne testowanie hipotezy endosymbiotycznego pochodzenia apoptozy. W testach wzrostowych porównano wrażliwość drożdżowych szczepów mutantów *nuc1*, *ndi1*, *mca1* i *nma111* na czynniki apoptotyczne (H_2O_2 , kwas octowy) z wrażliwością szczepów niosących ortologi tych genów z odległych filogenetycznie organizmów. Przeprowadzono, za pomocą cytometru przepływowego (FACS), analizę ilościową komórek we wczesnej i późnej fazie apoptozy w populacjach wyżej wymienionych szczepów drożdży poddanych działaniu kwasu octowego (barwienie: aneksyna V/PI) oraz zmierzono dla nich poziomy potencjałów błonowych i wolnych rodników (barwienia: MitoTracker Red, MitoSOX). Analizy te wykazały, że większość badanych ortologów z filogenetycznie odległych organizmów w zróżnicowanym stopniu komplementuje delecje odpowiadających im genów maszynerii apoptotycznej u drożdży (np.: *MCA1 Arabidopsis thaliana*, *NMA111 Rickettsia australis*, *NDI1 Dictyostelium discoideum*).

2. W zakresie badań naturalnych systemów biologicznych rozpoczęto prace nad oceną mikrobiomu osadnika ścieków laboratoryjnych IBB PAN w momencie awarii eksploatacyjnej, spowodowanej najprawdopodobniej zaburzeniem rozwoju/funkcjonowania biofilmu tworzonego na złożu filtrującym. Pobrano próbki z czterech punktów osadnika: warstwy dolnej i górnej złoża filtrującego, ścieków doprowadzanych oraz ścieków wyprowadzanych po oczyszczeniu. W każdej próbie oznaczono bioróżnorodność mikrobiologiczną poprzez sekwencjonowanie amplikonów genów 16S rRNA w metagenomowym DNA oraz wyizolowano na podłożach stałych liczne szczepy mikroorganizmów (~200, w tym 13 grzybów; zidentyfikowano 34 szczepy przedstawicieli 11 rodzajów bakterii). W ramach realizacji projektu wewnętrznego (Nr DEC- MG-3/22-01) pt. „Metabiom osadnika ścieków laboratoryjnych Instytutu Biochemii i Biofizyki PAN” przeprowadzono następujące analizy:

- sekwencjonowanie metagenomowego DNA w technologii NGS (Illumina) i Oxford nanopore (MinION),
- testy oporności wyizolowanych szczepów na 8 antybiotyków oraz
- ocenę potencjału metabolicznego wspólnot mikroorganizmów wskazanych punktów osadnika w testach płytkowych EcoPlate.

Przeprowadzono również dalsze pogłębione analizy danych sekwencyjnych metagenomów oczyszczalni ścieków Cukrowni Dobrzelin przed i po jej modernizacji celem szczegółowego określenia procesów biologicznego wytwarzania metanu przez mikrobiotę komory beztlenowej tej oczyszczalni.

3. Przeprowadzono wstępne badania stabilności roślinnego miRNA172a w tkankach myszy domowych (krew, wątroba, jelito) po podaniu dożołądkowym syntetycznego preparatu dupleksu miR172/miR172a. Wykazano, że syntetyczne miR172a jest wykrywane jedynie we krwi badanych myszy w pierwszym dniu po podaniu.

Opis najważniejszych osiągnięć:

1. Wykazanie komplementacji genów maszynerii apoptotycznej u drożdży przez ortologi z filogenetycznie odległych organizmów.
2. Zrekonstruowanie pełnych genomów bakterii (> 250 MAG) i archeonów (30 MAG) z sekwencji metagenomowych oczyszczalni ścieków.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Część wyników została wykorzystana w publikacjach naukowych opublikowanych oraz obecnie przygotowywanych manuskryptach, jak również była prezentowana na międzynarodowych konferencjach naukowych oraz będzie podstawą dla jednego doktoratu i jednej pracy magisterskiej.

Publikacje:

6437, 6357, 4967/A, 4968/A, 4971/A, 4972/A, 5018/A, 5049/A

PN-35 - Pracownia Genetyki i Biologii Molekularnej Drożdży

Kierownik: prof. dr hab. Teresa Żołądek

Zespół: dr hab. Joanna Kamińska, dr hab. Marek Skoneczny, mgr Zuzanna Frydzińska (doktorantka), Roksana Łokietek (magistrantka), Stella Ginikachukwu Ngwube (magistrantka), Kinga Plizga (magistrantka), Maciej Andrzejewski (magistrant).

Cel badań:

1. Modelowanie, z użyciem drożdży, chorób neurodegeneracyjnych zależnych od genów *VPS13A* oraz *RHEB1* w celu poznania mechanizmów rozwoju tych chorób, znalezienia celów terapeutycznych i leków.
2. Scharakteryzowanie wybranych białek zidentyfikowanych w cało-genomowym teście przesiewowym pod kątem ich udziału w niekonwencjonalnej sekrecji.
3. Wytypowanie innych grup systematycznych eukariontów niż drożdże *Saccharomyces cerevisiae*, w których może być obecny PTS3-zależny import białek do peroksysomów.

Opis realizowanych prac:

1. Mutant *vps13-I2749R*, model drożdżowy płasawicy-akantocytozy zależnej od *VPS13A*, nie wykazywał zmiany wrażliwości na rapamycynę, inhibitor kinazy TORC1. Mutacja w genie *KOG1* znosząca wrażliwość mutantu *vps13-I2749R* na dodecylosiarczan sodu powodowała oporność na rapamycynę. Ponieważ *KOG1* koduje podjednostkę kompleksu kinazy TORC1, wynik ten sugeruje, że za efekt supresji może odpowiadać aktywacja TORC1. Przygotowano szczepy typu dzikiego, *vps13* oraz *vps13 kog1-m* z wprowadzonymi do genomu fuzjami pozwalającymi na badanie lokalizacji i oddziaływań podjednostek TORC1 oraz białka Fpr1 wiążącego rapamycynę i Tor1, z białkiem Vps13. Przygotowano też szczepy do badania akumulacji ciałek P i granul stresowych, przechowujących czynniki translacyjne i mRNA w warunkach spowolnienia translacji, jako markerów do monitorowania aktywności TORC1 w mutantach. Badania wykazały większą liczbę komórek z ciałkami P i granulami stresowymi w hodowlach mutantu *vps13* niż w szczepie typu dzikiego, co sugeruje zmiany w translacji i aktywności TORC1.

Wyciszono gen *VPS13A* w komórkach HeLa i analizowano je pod kątem różnych fenotypów w celu ich użycia do testowania potencjalnych leków.

Podjęto próbę zbadania wpływu mutacji w genie *RHEB* (S34P) znalezionej u pacjenta na funkcjonowanie komórek w modelu drożdżowym. cDNA *RHEB1* zsyntetyzowano na

matrycy ludzkiego mRNA ale nie udało się go sklonować do wektora drożdżowego. Przetestowano więc wpływ analogicznej substytucji (S44P) w białku drożdżowym Rhb1, które jest homologiem RHEB i aktywatorem TORC1. Nie miała ona znaczenia dla endocytozy permeazy argininy Can1, zależnej od Rhb1. Mutant *rhb1Δ* nie wykazywał wrażliwości na rapamycynę. Analiza fosforylacji białka Sch9, substratu kinazy TORC1, wykazywała dużą zmienność, więc nie udało się sprawdzić, czy substytucja w Rhb1 wpływa na aktywność TORC1.

2. Geny wyselekcjonowane w cało-genomowym teście przesiewowym poddaliśmy analizie z wykorzystaniem wiedzy dostępnej w literaturze i internetowych bazach danych. Ustaliliśmy, że wśród nich znajdują się geny kodujące białka o funkcji mogącej mieć związek z sekrecją. Są to białka odpowiedzialne za integralność ściany komórki, uczestniczące w sekrecji, w endocytozie, w transporcie pęcherzykowym, w biogenezie cytoszkieletu, czy w odpowiedzi na stresy. Są kinazy białkowe ze ścieżek sygnałowych HOG i CWI. Są białka zlokalizowane w ER, w błonie plazmatycznej, lub ścianie komórkowej. To świadczy o trafności metody selekcji zastosowanej w teście przesiewowym. Wiele z wyselekcjonowanych białek ma nieznaną funkcję w komórce. Rozpoczęliśmy testy fenotypowe sprawdzające czy brak tych białek zaburza sekrecję białka Hsp31.

3. Poza dwoma znanymi i powszechnie występującymi w komórkach eukariotycznych szlakami importu białek do wnętrza peroksysomów, zależnymi od sygnałów PTS1 i PTS2, w drożdżach *S. cerevisiae* istnieje szlak oparty na sygnale PTS3, niedawno przez nas scharakteryzowany. W minionym roku podjęliśmy próbę odpowiedzi na pytanie, czy drożdże *S. cerevisiae* są wyjątkowe pod tym względem, czy też szlak zależny od PTS3 jest obecny też u innych eukariontów. W tym celu zastosowaliśmy podejście *in silico* analizując dostępne sekwencje genomów eukariotycznych (obecnie ponad 20 tysięcy) przy pomocy narzędzia on-line, blastp. Zwracaliśmy uwagę na podobieństwa i różnice sekwencji aminokwasowych wśród ortologów receptora szlaku PTS3 i PTS3-zależnych białek z *S. cerevisiae*. Ustaliliśmy, że istnienie PTS3-zależnego szlaku importu białek do peroksysomów jest prawdopodobne w komórkach gatunków drożdży należących do podtypu *Saccharomycotina*, do którego należy *S. cerevisiae*, ale również w komórkach grzybów należących do podtypów *Muccormycota*, *Ustilaginomycotina* i *Pucciniomycotina*.

Opis najważniejszych osiągnięć:

1. Dysfunkcja białka Vps13 wpływa na aktywność kinazy TORC1.
2. Szlak importu białek do wnętrza peroksysomów zależny od PTS3 może być też obecny w komórkach innych gatunków grzybów.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Wyniki były podstawą kilku publikacji i jednej pracy magisterskiej.

Publikacje:

6383, 6418, 6424, 6469, 4947/A, 4949/A, 4952/A, 4953/A, 4969/A, 4970/A, 5027/A, 310/M, 314/M, 316/M

PN-36 - Pracownia Translatomiki

Kierownik: dr hab. Agata Starosta, prof. instytutu

Zespół: dr Olga Iwańska, mgr Przemysław Latoch, mgr Maria Kovalenko

Cel badań:

Badanie regulacji ekspresji genów na poziomie translacji u bakterii.

Opis realizowanych prac:

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

W naszym laboratorium wykorzystujemy proces sporulacji bakterii *Bacillus subtilis* jako model do badania regulacji ekspresji genów w bakteriach. W tym projekcie skupiamy się na opisanu translatomu sporulującej bakterii.

W naszych badaniach wykorzystujemy kombinację analiz transkryptomu i translatomu w oparciu o sekwencjonowanie nowej generacji, w połączeniu z genetyką, biologią molekularną, biochemią, analizami bioinformatycznymi oraz mikroskopią konfokalną.

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

Wykorzystując metody sekwencjonowania wysokoprzepustowego, analizowaliśmy prastare sedymentarne DNA w celu analiz i rekonstrukcji zachodzących zmian środowiskowych.

3. Rola alternatywnych EF-G w regulacji translacji podczas biosyntezy antybiotyków u *Myxococcus xanthus*.

Funkcję rybosomu wspiera szereg czynników. Prócz zestawu konserwatywnych i niezbędnych dla funkcjonowania translacji czynników: inicjacyjnych, elongacyjnych i uwalniających i recyklingujących, ewolucja wyselekcjonowała szereg białek, które mogą pomóc w zachowaniu i utrzymaniu translacji w warunkach stresu, w tym: w czasie niedoboru czynników odżywczych lub w obecności antybiotyków. Wyspecjalizowane czynniki translacji pomagają maszynerii biosyntezy białek reagować na zmienność warunków wzrostu bakterii. Szczególną rolę pełnią czynniki translacji reagujące na stres antybiotykowy – są to białka chroniące rybosom znane z tego, że pomagają utrzymać nieprzerwaną translację w warunkach, gdy obecne są antybiotyki blokujące funkcję rybosomu. Najbardziej znanymi przykładami są: białko TetM znalezione u bakterii *Enterococcus faecalis* posiadające funkcję usuwania antybiotyku tetracykliny z rybosomu oraz białko FusB, które chroni rybosom przed działaniem antybiotyku kwasu fusydowego, umożliwiając translację w jego obecności. Czynniki takie należą do grupy genów oporności na antybiotyki i często są zlokalizowane na mobilnych elementach genetycznych i na plazmidach. Oporność na antybiotyki jest naturalnie występującym zjawiskiem związanym z produkcją antybiotyków przez bakterie, dzięki czemu mikroorganizmy te są odporne na wyprodukowane przez siebie inhibitory. Jednak geny oporności na antybiotyki są również źródłem oporności wielolekowej u bakterii powodującej nieuleczalne infekcje bakteryjne.

Zainteresowaniem mojej grupy badawczej są czynniki odpowiadające na stres antybiotykowy w bakteriach. W tym projekcie zbadamy *Myxococcus xanthus* DK 1622 – bakterię powszechnie występującą w glebie, znaną z dużego genomu i produkcji metabolitów wtórnych, w tym antybiotyków. Co ciekawe, bakterie należące do tej grupy mikroorganizmów są drapieżnikami żerującymi na innych mikroorganizmach, w tym na patogennych bakteriach z grupy Gram-ujemnych i Gram-dodatnich oraz na drożdżach. Nasze wstępne analizy ujawniły multiplikację czynnika elongacyjnego EF-G – białka niezbędnego w procesie translacji. Co ciekawe, część z genów przez nas zidentyfikowanych znajduje się w sąsiedztwie prawdopodobnego klastra genów biosyntezy antybiotyku z grupy tiopeptydów. Grupa antybiotyków tiopeptydowych znana jest z hamowania mechanizmów translacji. Klasa I

tiopeptydów (na przykład tiostrepton) blokuje funkcję podstawowych czynników rybosomalnych: EF-G, EF-Tu. W tym projekcie badamy czy zidentyfikowane tu paralogi EF-G działają jako klasyczne czynniki elongacyjne biorące udział w translacji, czy raczej działają jako białka chroniące rybosom poprzez usuwanie antybiotyku tiopeptydu z rybosomu, przez co stają się czynnikami oporności na tiopeptydy. W tym projekcie wykorzystujemy wysokoprzepustowe technologie najnowszej generacji, tj. sekwencjonowanie RNA, wsparte badaniami z dziedziny biochemii i biologii strukturalnej. Prace badawcze będą dotyczyły regulacji ekspresji genów podczas biosyntezy antybiotyku, a w szczególności roli paralogów czynników elongacyjnych EF-G w regulacji biosyntezy antybiotyków z grupy tiopeptydów.

Opis najważniejszych osiągnięć:

1. Okrycie pradawnych włókien konopnych w Jeziorze Słonym. Analizy mikrobiomu / enzymów odpowiedzialnych za procesy przygotowania włókien do dalszej obróbki.
2. Przygotowanie protokołu do przygotowania i analiz próbek z ‘ribosome profiling’
3. Analiza danych do metody wykorzystującej białko IFIT1 do oczyszczania mRNA z drożdży (współpraca z dr Marią Górą, UW)

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Wyniki były podstawą kilku publikacji i jednej pracy doktorskiej.

Publikacje:

6474, 6390

PN-37 - Pracownia Mechanizmów Transkrypcji

Kierownik: dr Tomasz Turowski

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

Cel badań:

- Badanie wczesnych etapów replikacji koronawirusów w celu identyfikacji kluczowych procesów i nowych ścieżek regulacyjnych.
- Badanie mechanizmów molekularnych mutacji polimerazy III RNA, które prowadzą do leukodystrofii.

Opis realizowanych prac:

Dwa główne obszary badań w Pracowni obejmowały transkrypcje koronawirusowego RNA oraz badanie molekularnego mechanizmu łączącego mutacje w polimerazie III RNA z leukodystrofią.

1. Transkrypcji koronawirusów. W ramach współpracy z prof. David'em Tollervey'em przeanalizowano dane z wczesnych stadiów infekcji. Przygotowano także, korespondujący z danymi, model matematyczny infekcji SARS-CoV-2 w pojedynczej komórce. Zoptymalizowano system *in vitro* do transkrypcji RNA-zależnej polimerazy wirusa SARS-CoV-2 oraz wykonano część prac w celu pozostania systemu do znakowania białek w koronawirusie MHV.

2. Mutacje polimerazy III RNA prowadzące do leukodystrofii. Wytworzono jeden z planowanych modeli komórkowych mutacji opisanej u pacjentów. Przeprowadzono pilotażową analizę poziomów tRNA w czasie różnicowania sznurzych oligodendrocytów. Zmapowano aktywną transkrypcyjnie polimerazę III RNA w komórkach ludzkich

i we współpracy z dr. Danielem Schindlerem z Max Planck Institute in Terrestrial Biology rozpoczęto tworzenie syntetycznego systemu który pozwoli zweryfikować wpływ transkrypcji tRNA na sąsiadujące mRNA.

Opis najważniejszych osiągnięć:

1. Opracowano model matematyczny wczesnych etapów replikacji koronawirusów, który identyfikuje inicjacje translacji jako jeden z kluczowych elementów regulacyjnych.
2. Zoptymalizowano system *in vitro* do badań nad transkrypcją koronawirusów.
3. Zmapowano aktywną transkrypcyjnie polimerazę III RNA w komórkach ludzkich.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Część wyników zostanie wykorzystana do przygotowania publikacji, podczas gdy inne są podstawą do dalszych badań.

Publikacje:

6330

PN-38 - Laboratory of Intracellular Immunity

Head of laboratory: dr Michał Wandel

Team: dr Sinemyiz Atalay Ekiner, dr Ammarah Shabbir, dr Marta Modzelan, doktorantki: mgr Aleksandra Bajger, mgr Vartika Gurdaswani Khubchandani, studentka: Natalia Bardysh

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 some of the major means by which the innate immune system fights pathogens and promotes host survival. 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 leading to a proinflammatory 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 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. 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 investigate interferon-inducible, anti-bacterial signalling platforms operating in the host cell cytosol, by a combination of cell and molecular biology methods and advanced biochemical assays. We plan to identify novel key factors of cytosolic, antibacterial defence mechanisms of the innate immunity, and determine the specific mechanism of action of newly identified immunity factors.

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.

Description of the works carried out:

The laboratory has been active for 16 months, with most of the initial time spent on grant writing, recruiting staff and organizing the work in the laboratories. Most of the lab members were recruited during the year and worked in the lab for 8 (Ammarah) or 3 (Sinemyiz, Vartika, Nataliaia) months. Therefore, Sinemyiz's and Vartika's projects are in initial stages. Ammarah, in order to characterise an interferon-inducible protein that acts as a putative anti-bacterial restriction factor, creates knock-out cell lines using CRISPR/Cas9 technology to analyse its phenotype during bacterial infection.

Aleksandra's PhD project concerns identification of novel human interferon-inducible genes involved in induction and execution of pyroptotic cell death in response to bacterial infection using microscopy-based siRNA screen, and subsequent molecular analysis of identified factors. Due to the prolonged set up of a BSL2 cell culture laboratory suitable for bacterial infection of cells (the ministerial GMM II approval has been granted in September 2022) Aleksandra focused on identification of human interferon-inducible genes involved in pyroptosis in response to transfection of bacterial LPS. This approach may also lead to the identification of genes involved in immune responses, can be performed in BSL1 cell culture laboratory, and uses almost the same set of materials and methods as the screen in cells infected with bacteria. Therefore, Aleksandra became already acquainted with most of the methodology necessary to perform the target screen using bacterial infection.

Description of the most important achievements:

Receiving the Sonata17 grant (Michal). Developing a method of analysing data obtained by fluorescence microscopy using CellProfiler and CellProfiler Analyst software (Aleksandra).

Use of the obtained results:

In progres.

Publications:

In progres.

PN-39 – Pracownia Mikrobiologii Stosowanej

Kierownik: dr hab. Tamara Aleksandrak-Piekarczyk

Zespół: dr Agnieszka Szczepankowska, doktoranci: mgr Magdalena Chmielewska-Jeznach (obrona 13.09.2022), mgr Katarzyna Kosiorek, mgr Aleksandra Tymoszevska (obrona 14.06.2022), mgr Przemysław Sałański, mgr Anna Santo, mgr Anastasiya Vasileuskaya, studenci: Sumaya Maseer Alshatari, Ajadi Emmanuel Ayodeji, Peter Fassan, Weronika Janicka, Magdalena Kucharczyk, Olga Matulewicz, Jana Pawłowska, Tomasz Trąbka

Cel badań:

1. Identyfikacja oraz charakterystyka białek i niekodujących determinantów zaangażowanych w replikację litycznych fagów infekujących bakterie *Lactococcus lactis*.
2. Poszukiwanie czynników fagowych i bakteryjnych zaangażowanych w warunkowanie oporności na bakteriofagi.
3. Identyfikacja szczepów bakterii *L. lactis* i ich metabolitów zewnątrzkomórkowych, wykazujących aktywność antybakteryjną, przeciwutleniającą oraz mającą cytotoksyczny wpływ na ludzki komórki gruczołakoraka jelita grubego (Caco-2).

4. Poszukiwanie nowych szczepów o właściwościach antybakteryjnych, przeciwutleniających i probiotycznych.

5. Charakterystyka modeli działania oraz mechanizmów oporności na przeciwdrobnoustrojowe peptydy.

Opis realizowanych prac:

Ad 1. Kontynuacja badań nad dwoma białkami o aktywności helikazy DNA pochodzącymi z litycznych fagów *L. lactis*, badania wpływu substytucji wybranych aminokwasów na aktywność białka, tworzenie konstruktów do bakteryjnego systemu dwuhybrydowego, w celu analizy interakcji dzikich i zmutowanych wariantów fagowych helikaz z potencjalnymi partnerami białkowymi

Ad 2. Przeprowadzono badania w kierunku poznania czynników zaangażowanych w interakcję fag-gospodarz, w tym badania:

- infekcyjności fagów wobec kolekcji mutantów *L. lactis* w białkach błonowych;
- określenia reszt cukrowych rozpoznawanych na powierzchni komórek szczepów wrażliwych jako receptorów fagowych;
- określenia receptora białkowego rozpoznawanego przez fagi *L. lactis*.

Ad 3. Opracowanie i optymalizacja techniki przygotowania supernatantów pochodzących dla wybranych szczepów *Lactococcus lactis*, badanie wpływu bakterii i supernatantów wybranych szczepów *L. lactis* na proliferację komórek Caco-2, badanie aktywności metabolicznej komórek Caco-2 po inkubacji z żywymi bakteriami i supernatantami szczepów *L. lactis*.

Ad 4. Badania przesiewowe kolekcji szczepów bakterii mlekowych, w kierunku identyfikacji szczepów wykazujących właściwości antybakteryjne względem wybranych gatunków/rodzajów, przeciwutleniających czy probiotycznych.

Dodatkowo we współpracy z dr hab. Joanną Bogusławską z CMKP (w ramach grantu Miniatura) - udział w pracach nad wpływem szczepów *L. lactis* na keranocyty i komórki pierwotne wyprowadzone z biopsji skóry pacjentów z łuszczycą oraz na żywotność nicieni

Ad 5. Badania molekularnych mechanizmów działania przeciwdrobnoustrojowych peptydów syntetyzowanych rybosomalnie (bakteriocyny), jak i nierybosomalnie (antybiotyki) – poszukiwania receptorów i mechanizmów prowadzących do oporności wśród bakterii patogennych i powodujących zakażenia i psucie się żywności

Opis najważniejszych osiągnięć:

1. Wykrycie po raz pierwszy u litycznych fagów *L. lactis* białek o aktywności helikazy DNA, i ich charakterystyka, w tym wykazanie:

- rozplatania heterodupleksów DNA w kierunku 5'-3',
- preferencji w rozplataniu substratów DNA z wolnym końcem 5',
- ATP-zależnej aktywności w rozplataniu heterodupleksów,
- zdolności wiązania do jednoniciowych substratów DNA. Otrzymanie serii mutantów w aminokwasach kluczowych dla dwóch białek fagowych o aktywności helikazy DNA.

2. Identyfikacja szczepów o aktywnościach antimikrobiologicznych względem innych szczepów *L. lactis* oraz wybranych szczepów z rodzaju *Enterococcus*, potwierdzające powiązanie aktywności przeciwbakteryjnej z produkcją bakteriocyny.

3. Wykrycie szczepów *L. lactis* o wysokim potencjale hamowania proliferacji ludzkich komórek gruczolakoraka jelita grubego (Caco-2) oraz wpływie na poziom ekspresji genu interleukiny 18, normalnie wyciszonego w komórkach rakowych.

4. Wykazanie wpływu supernatantów wybranych szczepów *L. lactis* na aktywność metaboliczną oraz proliferację komórek gruczolakoraka jelita grubego (Caco-2). Wykazanie,

że obserwowany efekt cytotoksyczny wobec komórek Caco-2 supernatantów badanych szczepów *L. lactis* jest szczepo-zależny.

5. Wykazanie i charakterystyka molekularna udziału systemów trójkomponentowych w nadawaniu oporności na bakteriocyny z grup A53- i EntL50-podobnych, oraz peptydowych antybiotyków u *L. lactis* i *Enterococcus faecium*.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Skomercjalizowanie wyselekcjonowanych szczepów bakterii mlekowych pod kątem właściwości probiotycznych ukierunkowanych na zmniejszenie dolegliwości oraz skutków ubocznych, a także obniżenie ryzyka występowania i opóźnienia rozwoju chorób neurodegeneracyjnych lub na wykorzystanie jako probiotyczny dodatek do pasz zapewniający wysoką jakość i bezpieczeństwo chowu zwierząt, a także pośrednio produkowanej żywności. (efekt końcowy projektu nr POIR.01.01.01-00-0985/17 wykonany we współpracy z OLIMP LABORATORIES Sp. z o. o.).

Publikacje:

6352, 6389

PN-40 – Pracownia Bioinformatyki Grzybów

Kierownik: dr hab. Anna Muszewska

Zespół: doktoranci: mgr Drishtee Barua, mgr Aleksander Kossakowski, dr Małgorzata Orłowska (obrona doktoratu 14.06.2022), studenci: Anna Grymuła, Stanisław Janik (obrona licencjatu 14.07.2022), Karolina Juzba, mgr Kamil Kisło, mgr Marianna Krysińska, mgr Blanka Sokołowska (obrona magisterium 05.07.2022), Dawid Uchał

Cel badań:

Osiągnięto cele planowane na bieżący rok, wysłano do czasopism dwa obszerne manuskrypty pokazujące unikalne cechy poszczególnych linii *Mucoromycota*. Uzyskano wyniki wstępne dla kolejnych cech *Mucoromycota* (m.in. ceramidy, hydrolazy NUDIX, komponenty lizosomu).

Opis realizowanych prac:

1. Utworzenie mapy metabolicznej fukozy w oparciu o homologi zwierzęcych genów metabolizmu fukozy. Zaobserwowaliśmy, że fukoza prawdopodobnie funkcjonuje jako materiał budulcowy u starych ewolucyjnie grzybów a u Dikarya jest głównie rozpoznawana jako źródło pożywienia (m.in. przez liczne lektyny).

Rozpoczęliśmy we współpracy z dr. hab. Sebastianem Piłsykiem próby eksperymentalnej weryfikacji przewidywań związanych z fukozą u *Mucoromycota* oraz rekonstrukcji syntezy ergosterolu u *Mortierellomycotina*.

2. Analiza genów metabolizmu lipidów wykazała wielokrotne utraty genów związanych z syntezą ergosterolu, zachowanie u *Mucoromycota* hydrolaz NUDIX charakterystycznych dla zwierząt (związanych z betaoksydacją), specyficznych dla *Glomeromycota* NUDIX o nie znanej specyficzności oraz wielokrotne duplikacje desaturaz kwasów tłuszczowych.

3. Ukończono prace nad manuskryptem o HGT u non-Dikarya. Wykazaliśmy, że HGT częściej obserwowany jest u grzybów ancestralnie związanych z wodnym środowiskiem życia oraz że transferowane geny mogą przyczyniać się do zwiększonych zdolności adaptacyjnych biorców.

4. Przeprowadzono pilotażowe badanie obszarów o niskiej złożoności w białkach pochodzących z różnorodnych linii ewolucyjnych grzybów. Wykazaliśmy, że każda analizowana grupa taksonomiczna grzybów posiadała swoje rodziny obszarów o niskiej złożoności.

5. Prace nad prostym predyktorem ekologii działającym w oparciu o skład i liczebność domen PFAM w danym zbiorze białek nie zostały ukończone.

6. Przeprowadzono wstępną analizę historii ewolucyjnych genów:

- a. związanych z metabolizmem ceramidów pokazując różnice między potencjałem w ich syntezie między Dikarya i non-Dikarya
- b. grzybowych homologów ludzkich białek związanych z lizosomami pokazując zachowanie u Mucoromycota licznych elementów charakterystycznych dla zwierzęcych lizosomów
- c. kompleksu Fanconi Anemia związanego z naprawą DNA, okazuje się, że u Mucoromycota występuje kompleks FANCD2-FANCI utracony u Dikarya a homologi tych białek ulegają nadekspresji w warunkach stresowych.

7. Rozpoczęto charakterystykę nowego transpozonu mającego integrazę obecnie opisaną jako białko o nieznannej funkcji. Ludzkie homologi tego białka nie mają zachowanego centrum aktywnego natomiast u Glomeromycota aminokwasy katalityczne przestrzennie zorientowane jak w nucleazie Cre, co pozwala zakładać, że integraza jest funkcjonalna.

8. Rozpoczęto systematyczną analizę stu domen białkowych o nieznannej funkcji które zanikły w toku ewolucji grzybów i zachowane są tylko u non-Dikarya.

9. Zainicjowano systematyczny przegląd bakteryjnych domen białkowych obecnych w genomach starych ewolucyjnie grzybów.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Zaobserwowanie szeregu nowych cech ancestralnych, w tym pośredniej między zwierzętami a drożdżami kompleksu FA z zachowaniem kompleksu FANCD2-FANCI.

Wykazanie, że skład aminokwasowy obszarów o niskiej złożoności obejmuje u grzybów aminokwasy z grupami funkcyjnymi oraz ujemnie naładowane przy braku nadreprezentacji aminokwasów o resztach dodatnio naładowanych (obserwowanych u organizmów prokaryotycznych).

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Wyniki badań zostały oraz zostaną wykorzystane w publikacjach naukowych. W dalszym horyzoncie czasowym możliwe jest biotechnologiczne wykorzystanie enzymów i grzybów o pożądanym cechach.

Publikacje:

6319, 6358, 6422

PN-41 – Pracownia Dojrzwiania i Degradacji RNA

Kierownik: dr Agnieszka Tudek

Zespół: dr hab. Rafał Tomecki, doktoranci: mgr Małgorzata Drabko, mgr Kamil Kobylecki, mgr Marlena Sykutowska, mgr Miłosz Ludwinek

Cel badań:

W pracowni realizowane są trzy główne obszary badawcze:

Obszar pierwszy: opis mechanizmów degradacji kodujących RNA (mRNA) w cytoplazmie, ze szczególnym uwzględnieniem roli jaką odgrywa skracanie (deadenylacja) ogona poliadenozynowego.

Obszar drugi: Biochemiczna i funkcjonalna charakterystyka nowych białek oddziałujących z WDR61: TTC33 oraz CCDC97.

Obszar trzeci: Charakterystyka potencjału chorobotwórczego pojedynczych polimorfizmów nukleotydu u pacjentów cierpiących na rzadkie choroby genetyczne.

Opis realizowanych prac:

Obszar pierwszy:

Przyjęte modele degradacji kodujących RNA (mRNA) w cytoplazmie zakładają, że skracanie ogona poliadenozynowego (poliA) na końcu 3' jest niezbędne do inicjacji degradacji mRNA od końca 5'. Celem pracy jest modelowanie tempa deadenylacji i degradacji mRNA w warunkach podstawowych oraz stresowych. Dotychczasowe badania prowadzone były na modelu drożdżowym *Saccharomyces cerevisiae*; w planach jest weryfikacja uzyskanych wyników w ludzkich liniach komórkowych. Przygotowano kolekcję próbek biologicznych, które następnie zsekwencjonowano, oznaczając równocześnie ilość transkryptu oraz długość ogona poliA za pomocą sekwencjonowania typu DRS (direct RNA sequencing; Oxford Nanopore Technologies). W celu oznaczenia tempa deadenylacji przygotowano protokoły analizy danych, gdyż podobne analizy nie były do tej pory wykonywane. W wyniku badań oznaczono czasy półtrwania blisko 3 000 kodujących RNA oraz szybkość ich deadenylacji. Wykazano, że w podstawowych warunkach wzrostowych oba czynniki silnie korelują oraz, że szybkość deadenylacji spada wraz z długością ogona poliA, co jest zapewne zależne od białka wiążącego ogon poliadenozynowy Pab1. Co ciekawe pokazano, że w odpowiedzi na stres deadenylacja nie zawsze jest wymagana do degradacji transkryptu. To modyfikuje powszechnie przyjęty model degradacji mRNA. Wyniki badań opisano już w manuskrypcie, który wysyłany będzie do czasopism w roku 2023 oraz przedstawiono na konferencji TERM XIX w Sewilli (Hiszpania) dnia 16 grudnia 2022.

Obszar drugi:

W wyniku analiz poprzedzających rok 2022 zespół dowiódł, że ludzkie białko WDR61, które jest znaną podjednostką kompleksów PAF oraz SKI, wchodzi także w interakcje z białkami TTC33, CCDC97 oraz UNG, PP2A i PHF5A/SF3A/B. Białka TTC33 oraz CCDC97 nie są w literaturze opisane, a ich homologi spotykane są jedynie u kręgowców. W roku 2022 zespół wyprowadził stabilne linie komórkowe HEK293 pozwalające na warunkowe wyciszenie TTC33 oraz CCDC97 oraz zsekwencjonował transkryptom komórek pozbawionych tych białek. W wyniku analizy danych postawiono hipotezę, że białko TTC33 jest wymagane do wyciszenia ekspresji mRNA związanych z regulacją wzrostu oraz produkcją hormonów i neurotransmiterów. Zespół wykonał także szereg testów biochemicznych w wyniku których dowiódł, że TTC33, WDR61 oraz PHF5A silnie oddziałują, tworząc odporny na działanie 0.5 M soli trimer, który współ-migruje w gradiencie glicerolu oraz sączeniu molekularnym. Biochemiczny opis nowego kompleksu jest zatem zaawansowany. Zgromadzone dane biochemiczne i funkcjonalne pozwalają już na przygotowanie pierwszej wersji manuskryptu oraz postawienie obiecujących hipotez badawczych na przyszłość.

Obszar trzeci:

Zespół prof. Rafała Płoskiego zidentyfikował mutację punktową w genie CSTF3, która może mieć potencjał chorobotwórczy. Nasz zespół we współpracy z Środowiskową Pracownią Spektrometrii Mas IBB PAN wstępnie pokazał, że zmutowane białko CSTF3 oddziałuje z innym zestawem białek niż CSTF3 dziki. Wstępne wyniki są na tyle obiecujące, że można kontynuować charakterystykę tej mutacji.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Finalizacja oznaczeń tempa deadenylacji i degradacji mRNA u drożdży oraz przygotowanie publikacji w tym temacie.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Badania podstawowe.

Publikacje:

6428, 6441, 6474

PN-42 – Pracownia Biotechnologii Bakterii Mlekowych

Kierownik: dr hab. Magdalena Kowalczyk

Zespół: doktorantki: mgr Julia Kopczyńska, mgr Olha Kostiuchenko, studenci: Tawakalt Ayodele, Martyna Godowska, Kinga Malczewska, Monika Słomka

Cel badań:

Analiza bioróżnorodności złożonych ekosystemów oraz charakterystyka bakterii mlekowych (LAB) pozyskanych z tych środowisk pod kątem możliwości ich wykorzystania jako kultury starterowe w przemyśle oraz szczepy potencjalnie probiotyczne.

Opis realizowanych prac:

Badania obejmowały:

- analizę uzyskanych wyników dotyczących analizy różnorodności mikrobiologicznej zakwasów piekarskich w kierunku selekcji szczepów bakterii do kultur starterowych przeznaczonych do produkcji pieczywa pełnoziarnistego;
- genotypowanie wyizolowanych z oscypków bakterii z rodzajów *Lactococcus* i *Leuconostoc*;
- charakterystykę bakteryjnych szczepów z rodzaju *Weissella* oraz *Lactococcus* i *Leuconostoc* pod kątem właściwości probiotycznych: najlepszej przeżywalności w warunkach imitujących przewód pokarmowy czy zdolności do produkcji metabolitów, które mogą korzystnie wpływać na mikrobiotę i zdrowie gospodarza;
- sekwencjonowanie genomu oraz analizę probiogenomiczną szczepu LAB o najkorzystniejszych właściwościach potencjalnie probiotycznych.

Opis najważniejszych osiągnięć:

1. Identyfikacja szczepów LAB o korzystnych cechach probiotycznych (dobra adhezja do mucyn, oporność na niskie pH i sole żółciowe, produkcja witamin i egzopolisacharydów, aktywność przeciwdrobnoustrojowa), które mogą być wykorzystane w opracowywaniu preparatów probiotycznych.

2. Wykazanie bezpieczeństwa i potencjału probiotycznego wyselekcjonowanego szczepu LAB.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Wyniki badań zakwasów piekarskich zostały przedstawione w publikacji naukowej oraz rozprawie doktorskiej dr. inż. J. Boreczka. Wyniki dotyczące szczepów probiotycznych zostały/zostaną wykorzystane w publikacjach naukowych, zgłoszeniach patentowych oraz stanowią podstawę prowadzonych w zespole prac doktorskich, magisterskich i inżynierskich. Badania szczepów z rodzaju *Lactococcus* i *Leuconostoc* pogłębią wiedzę na temat mechanizmu

powinowactwa do mucyn i produkcji specyficznych metabolitów przez te bakterie i mamy nadzieję, doprowadzą do wyselekcjonowania nowego potencjalnie probiotycznego szczepu, który będzie miał pozytywny wpływ na modulację funkcji i struktury bariery jelitowej oraz mikrobioty gospodarza.

Publikacje:

6332, 6389, 6458, 5011/A, 5013/A, 1073/N, 1093/N

FA-01 - Środowiskowa Pracownia Mikroskopii Fluorescencyjnej

Kierownik: dr Anna Anielska-Mazur

Zespół: dr Anna Anielska-Mazur

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 samodzielną 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. Kontynuowano współpracę z zespołami prof. G. Dobrowolskiej, prof. E. Świeżewskiej, prof. J. Henniga. Dla zainteresowanych stron realizowano zlecenia analiz mikroskopowych. W 2022 roku z infrastruktury ŚPMF korzystali pracownicy, doktoranci oraz magistranci IBB PAN z następujących Pracowni: Fosforylacji Białek Roślinnych; Metabolizmu RNA w Procesach Odpowiedzi Immunologicznej; Patogenezy Roślin; Biologii Roślini Mikroorganizmów; Biologii Bakteriofagów; Niekodujących RNA i Rearanżacji Genomu; Regulacji Ekspresji Genów; Homeostazy Białek Roślinnych; Translatomiki; Biochemii Lipidów i Fizjologii Molekularnej. W roku 2022 jednostki zewnętrzne, poza Zakładem Biologii Systemów i Instytutem Genetyki i Biotechnologii (Uniwersytet Warszawski) nie korzystały usług. Prowadzono nadzór nad stanem technicznym mikroskopów i sprzętu w ŚPMF oraz bieżące konserwacje w celu nieprzerwanej funkcjonalności pracowni. W roku 2022 mikroskop konfokalny Nikon C1 wykorzystano w wymiarze 1218 godzin, natomiast mikroskop fluorescencyjny Nikon E-800 wykorzystano w wymiarze 156 godzin.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Określenie lokalizacji i oddziaływań wielu białek, czynników transkrypcyjnych współpracujących z kinazami z grupy SnRK2. Kontynuacja współpracy.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Analizy mikroskopowe wykonane w Pracowni Mikroskopii Fluorescencyjnej umożliwiły realizację prac magisterskich, doktorskich, a przede wszystkim realizację

projektów badawczych uwzględniających techniki mikroskopii, których wyniki zostały zawarte w publikacjach.

Publikacje:

6150, 6333, 6334, 6362, 6401, 5050/A

FA-02 - Środowiskowa Pracownia Spektrometrii Mas

Kierownik: prof. Michał Dadlez

Zespół: dr Ewa Sitkiewicz, dr Agata Malinowska, dr Jakub Karczmarski, mgr Magdalena Bakun, mgr Jacek Olędzki, mgr Agnieszka Stewart, mgr Bianka Świdorska, mgr Emila Samborowska, mgr Mariusz Radkiewicz, mgr Radosław Jaźwiec, mgr Piotr Zarębski, mgr Michał Kistowski

Cel badań:

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

Opis realizowanych prac:

Pracownia kontynuowała współpracę naukowe w grantach, oraz świadczenie analiz zleconych dla grup badawczych i przemysłu. Łącznie w roku 2022 wykonano blisko 7000 proteomicznych analiz LC-MS. We współpracy z klinicystami wykonano rozbudowany zestaw analiz proteomicznych próbek osocza i płynu otrzewnowego od pacjentek z endometriozą (kierownik badań prof. dr hab. nauk medycznych Piotr Laudański). Przeprowadzono również analizę ilościową osocza od pacjentów z chorobą niedokrwienną i nie niedokrwienną serca, poddanych próbom wysiłkowym (kierownik projektu dr hab. Joanna Waś). Ponadto laboratorium współpracowało z szeregiem ośrodków badawczych wykonując eksperymenty z dziedziny badań podstawowych jak również analizy dotyczące badania chorób człowieka jak i chorób istotnych dla przetwórstwa rybnego i hodowli trzody chlewnej. Wprowadzono i rozwinęto nowe techniki analityczne, które umożliwiły nam czułą detekcję modyfikacji selenowych, homocysteinylacji i fosforylacji białek jak również analizy białek i peptydów występujących w bardzo niskich stężeniach w badanym materiale. W ramach współpracy z przemysłem wykonano analizy dla firm Captor Therapeutics, ChromoTek, Jarwis, Adamed, Curiosity Diagnostics, Innovabion, Living Food, Cellis, Biotarget, Blirt, nCage i Science4Beauty.

Pomyślnie opublikowano wyniki badań zrealizowanych we współpracy z Katedrą Anatomii i Fizjologii Zwierząt Uniwersytetu Warmińsko-Mazurskiego w Olsztynie (6371) nad wpływem chemeryny na endometrium świni, a także z Instytutem Rozrodu Zwierząt i Badań Żywności PAN, dotyczących zmian rozwojowych w proteomie nasienia karpia (6412). Współpraca ze Szpitalem Wojskowym i Uniwersytetem Medycznym we Wrocławiu zaowocowała pracą na temat potencjalnych biomarkerów i celów terapii ostrego udaru niedokrwiennego (6347). Proteomika została również wykorzystana do badania składu białkowego kropli lipidowych mięśni szkieletowych zaskrońca zwyczajnego (6324).

Część laboratorium zajmująca się analizą substancji niskocząsteczkowych, prowadząca działalność jako medyczne laboratorium diagnostyczne, kontynuowała oznaczanie ewerolimusu we krwi pełnej (Synevo, IPCZD). Podjęto również współpracę z nowymi jednostkami klinicznymi w zakresie oznaczania ewerolimusu (UCK WUM, UCK Gdańsk, Szpital Uniwersytecki nr 1 w Bydgoszczy, Szpital Uniwersytecki we Wrocławiu). Kontynuowano 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: Molecure (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), Captor Therapeutics (oznaczanie związków-potencjalnych leków wywołujących celowaną degradację białek), Biosenseis (oznaczanie ksantohumolu i izoksantohumolu w próbkach biologicznych). Wykonywano oznaczenia metabolitów bakterii jelitowych: trimetyloaminy (TMA) i jej tlenku (TMAO) w osoczu oraz krótkołańcuchowych kwasów tłuszczowych (KŁKT) w próbkach biologicznych we współpracy z zespołami prof. dr hab. Marcina Ufnala (WUM), dr. hab. Roberta Oleka (AWF Poznań) – preprint <https://doi.org/10.21203/rs.3.rs-1967863/v2>), prof. Jakuba Radziszewskiego i dr hab. Agnieszki Paziewskiej (Uniwersytet Przyrodniczo-Humanistyczny w Siedlcach). Wykonano walidację deksametazonu i trametinibu (IHiT). Przy zastosowaniu zestawu AbsoluteIDQ® p180 kit (Biocrates Life Sciences) wykonano oznaczenia metabolitów: w osoczu u dzieci w cukrzycy typu 1 (IPCZD, prof. Bożena Cukrowska, dr Agnieszka Ochocińska), w osoczu u osób z rakiem trzustki (prof. Starzyńska, Pomorska Akademia Medyczna, Szczecin), w osoczu i płynie otrzewnowym u pacjentek z endometriozą i cholestazą (prof. Laudański, WUM), ale także w moczu (dr Barański, SUM Katowice). Przeprowadzono analizę kwasów tłuszczowych średnio i długołańcuchowe w wątrobach i kale myszy z delecją genu *marc2* (dr hab. Michał Mikula, Instytut Onkologii) oraz etanolu, SCFA i kwasu mlekowego w próbkach pożywek bakteryjnych (dr hab. Anna Sikora, dr Anna Detman IBB PAN). Opracowano metody oznaczania witamin z grupy B, witaminy D, witaminy C, nikotyny i kwasów tłuszczowych oraz wykonano oznaczenia tych związków w próbkach mleka pochodzenia ludzkiego we współpracy z dr hab. Aleksandrą Wesołowską (WUM). Opracowano metodę analizy globalnej lipidów (współpraca z prof. A. Chacińską, Międzynarodowy Instytut Mechanizmów i Maszyn Molekularnych PAN) oraz metody metabolomiki globalnej (dr hab. Katarzyna Stadnicka, Collegium Medicum, Bydgoszcz). Kontynuowano oznaczenia prenoli, dolicholi oraz ich ufosforylowanych pochodnych (prof. Świeżewska, IBB – preprint <https://doi.org/10.21203/rs.3.rs-2054399/v1>). Opracowano metodę analizy nukleotydo-cukrów (Mariusz Olczak, Uniwersytet Wrocławski) oraz metody: analizy glikolu propylenowego (dr hab. Tamara Aleksandrak-Piekarczyk, IBB PAN), S-adenozylometioniny i S-adenozylhomocysteiny (Krzysztof Brzeziński, IBCH PAN).

Opis najważniejszych osiągnięć:

Należy podkreślić uruchomienie szeregu nowych procedur analitycznych w sprawozdawanym roku związane z pierwszym rokiem funkcjonowania parku maszynowego pracowni w nowym zestawie. Dzięki temu jakość uzyskiwanych wyników wzrosła, co znajduje odzwierciedlenie w jakości publikacji z listy poniżej, powiększyła się paleta dostępnych typu analiz i stopień złożoności prowadzonych projektów.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Publikacje, patenty

Publikacje:

6457, 6445, 6443, 6427, 6426, 6412, 6410, 6373, 6371, 6347, 6346, 6349, 6324, 6331, 1071/N

FA-03 - Środowiskowa Pracownia Sekwencjonowania i Syntezy DNA

Kierownik: dr Robert Gromadka

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

Cel badań:

1. Analiza sekwencji genomów bakterii *Streptococcus pneumoniae* w celu scharakteryzowania inwazyjnego serotypu 19A w Polsce w ramach współpracy z Narodowym Instytutem Leków.
2. Sekwencjonowanie i analiza sekwencji genomów bakterii *Streptococcus pyogenes* należących do wybranych grup szczepów (serotypów) tego gatunku, w których zaobserwowano nielosowy związek z opornością na stosowane antybiotyki z klasy makrolidów i linkozamidów a udziałem podobnych szczepów wśród krążącej populacji w ramach konsorcyjnego projektu „Charakterystyka klonów *Streptococcus pyogenes* opornych na makrolidy”.
3. Sekwencjonowanie genomów bakteriofagów oraz genomów ich gospodarzy w ramach projektu „Analiza funkcjonalna genomów bakteriofagów *Staphylococcus aureus* z rodzaju *Kayvirus* w poszukiwaniu molekularnych podstaw szerokiej specyficzności i strategii przetrwania w populacji z gospodarzem” w celu opracowania metod zwalczania zakażeń gronkowcowych.
4. Analiza sekwencji genomów alg z rodzaju *Prototheca sp.* w celu zidentyfikowania potencjalnych genów wirulencji.
5. Sekwencjonowanie i analiza genomów mitochondrialnych psów (*Canis lupus familiaris*) w celu identyfikacji mutacji odpowiedzialnych za procesy nowotworowe w ramach współpracy z Uniwersytetem Przyrodniczym w Lublinie.
6. Sekwencjonowanie ludzkich genomów mitochondrialnych za pomocą technologii Oxford Nanopore w celu identyfikacji mutacji punktowych.
7. Sekwencjonowanie i analiza bibliotek pul mutantów *Streptococcus anginosus* w ramach realizacji projektu „Identyfikacja czynników wirulencji *Streptococcus anginosus*”.

Opis realizowanych prac:

Kontynuowano prace nad sekwencjonowaniem i analizą genomów bakterii *Streptococcus pyogenes*. W ramach prowadzonych prac konstruowano drzewa pokrewieństwa filogenetycznego oparte o analizę SNPs a także identyfikowano i charakteryzowano sekwencje mobilnych elementów genetycznych.

Zoptymalizowano procedurę izolacji mitochondrialnego DNA z hodowli komórkowych w i przeprowadzono pilotażowe sekwencjonowania III generacji za pomocą technologii Oxford Nanopore w ramach współpracy z Instytutem Genetyki i Biotechnologii UW.

Z wykorzystaniem aparatu MiSeq firmy Illumina, wykonano sekwencjonowania: DNA totalnego z 2 szczepów bakterii z rodzaju *Streptococcus pneumoniae*; DNA totalnego 2 szczepów bakterii z rodzaju *Streptococcus pyogenes* oraz 12 genomów z kolekcji IBB PAN; 90 genomów mitochondrialnych z DNA leukocytów psów, 4 genomów bakteriofagów ze *Staphylococcus aureus*; 3 próbki środowiskowe pochodzące z bioreaktorów. Dla każdej próbki bakteryjnego DNA uzyskano około 0,5 miliona sparowanych odczytów o długościach 300 nukleotydowych (metoda Paired End-Illumina), czyli średnio 300 milionów par zasad na próbkę. Genomy mitochondrialne psów sekwencjonowano otrzymując min. 100-krotne pokrycie genomu czyli min. 20 milionów par zasad na badaną próbkę. Łącznie uzyskano ponad 60 miliardów par zasad. Pozwoliło to na złożenie pełnych genomów jak również obecnych w komórkach plazmidów.

Opis najważniejszych osiągnięć:

1. Uzyskanie kompletnych sekwencji genomów mitochondrialnych psów a także identyfikacja mutacji odpowiedzialnych za transformację nowotworową.
2. Otrzymanie wysokiej jakości sekwencji i złożenia genomów alg z rodzaju *Prototheca sp.* Uzyskane wyniki pozwolą na ustalenie kompletnych map fizycznych genomów organelli a także wytypowanie markerów w jądrowym DNA do identyfikacji genetycznej.
3. Zsekwencjonowano i uzyskano kompletne sekwencje 90 genomów mitochondrialnych z DNA leukocytów psów z wykorzystaniem technologii Illumina.
4. Zaprojektowano i wdrożono procedurę sekwencjonowania oraz analizy ludzkich genomów mitochondrialnych za pomocą technologii Oxford Nanopore.
5. Zaprojektowano i wdrożono procedurę wielkoskalowego sekwencjonowania oraz analizy danych dla bakteryjnych mutanów transpozonowych (TnSeq) z wykorzystaniem technologii Illumina.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Identyfikacja mutacji w mitochondrialnym DNA psów odpowiedzialnych za transformację nowotworową pozwoli na opracowanie nowych strategii leczenia nowotworów u tych zwierząt.

Analiza uzyskanych kompletnych sekwencji genomów bakterii *Staphylococcus aureus* oraz infekujących je bakteriofagów z rodzaju *Kayvirus* pozwoli na dostarczenie przełomowych danych dotyczących kaywirusów - bakteriofagów najskuteczniejszych spośród dotąd poznanych w zwalczaniu zakażeń gronkowcowych.

Zoptymalizowana procedura TnSeq pozwoli na identyfikację nowych czynników wirulencji w *Streptococcus anginosus*.

Publikacje:

6345, 6375, 6386, 6451, 6460, 4938/A, 4974/A, 4977/A, 4991/A, 4993/A, 4996/A, 5004/A, 5016/A, 5017/A, 5048/A

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 IBB PAN).

Cel działania:

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

Opis realizowanych prac:

Z infrastruktury Środowiskowej Pracowni Hodowli Komórkowych w 2022 korzystali pracownicy Instytutu, doktoranci oraz magistranci z następujących Pracowni: Biologii RNA, Chemii Biologicznej Jonów Metali, Mechanizmów Transkrypcji, Regulacji Ekspresji Genów. W Pracowni realizowali również dwa projekty pracownicy Instytutu Genetyki i Biotechnologii, Wydziału Biologii Uniwersytetu Warszawskiego.

Analizy z użyciem cytometru przepływowego wykonywali badacze IBB PAN z Pracowni: Bioenergetyki i Mechanizmów Chorób Mitochondrialnych, Mechanizmów Stabilności Genetycznej, Molekularnych Podstaw Starzenia i Odmładzania, Mutagenyzy i Tolerancji Uszkodzeń DNA, Replikacji DNA i Stabilności Genomu, Środowiskowej i Ewolucyjnej Biologii Systemów.

W ramach wsparcia jednostek badawczych IBB PAN udostępnialiśmy nieodpłatnie pracownikom i doktorantom cztery przygotowane w Pracowni odczynniki przeznaczone do otrzymywania bibliotek DNA, oczyszczania mRNA i rekombinowanych białek oraz proteazę służącą do usuwania znaczników fuzyjnych z białek rekombinowanych.

W 2022 roku zaangażowaliśmy się w prace zmierzające do opracowania inhibitora początkowego etapu infekcji wirusem SARS-Cov2, prowadzone przez grupy prof. Piotra Zielenkiewicza i prof. Jarosława Poznańskiego. Przeprowadziliśmy badania w celu określenia bezpieczeństwa zastosowania terapeutycznego krótkiego peptydu, skutecznie hamującego przyłączenie wirusowego białka S kolca (ang. Spike) do ludzkiego receptora Ace2. Testy *in vitro*, przeprowadzone z wykorzystaniem linii komórek ludzkich pochodzących z dróg oddechowych wykazały brak działania toksycznego peptydu, zastosowanego w stężeniach odpowiadających dawkom przewidywanym podczas podania terapeutycznego (Odolczyk i wsp. *Frontiers in Molecular Biosciences*, 6437).

Uczestniczyliśmy również w badaniach mechanizmu działania szlaku hormonalnego u krewetki, prowadzonych przez grupę dr. hab. Tomasza Sarnowskiego prof. IBB PAN (Pracownia Regulacji Ekspresji Genów).

Kontynuowaliśmy współpracę z dr. hab. Rafałem Tomeckim (Pracownia Biologii RNA), w ramach której otrzymywaliśmy w komórkach owadzych białka typu dzikiego, oraz zmutowane warianty białek wchodzących w skład ludzkiego kompleksu SKI, czynnika pomocniczego egzozomu. Równolegle rozpoczęliśmy produkcję w komórkach owadzych białek z rodzin Argonaute, otrzymywanych we współpracy z Zespołem z Wielkopolskiego Centrum Zaawansowanych Technologii.

W ramach działalności usługowej mgr Kamil Kobylecki zrealizował zlecenie komercyjne Spółki z o.o. Science4Beauty, które obejmowało produkcję oraz oczyszczanie rekombinowanego białka.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Wykazanie w modelu *in vitro* braku działania cytotoksycznego peptydu blokującego wiązanie białka S kolca wirusa SARS-CoV-2 do receptora ACE2 (6437).

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Wyniki badań zostały opublikowane w czasopiśmie o zasięgu międzynarodowym.

Publikacje:

6437

FA-05 - Środowiskowa Pracownia Biologicznego NMR

Kierownik: dr Igor Żukow

Zespół: prof. dr hab. Andrzej Ejchart, dr Lesia Kolomiets, Thomas Okoth

Cel badań:

Badania strukturalne oraz analiza procesów dynamiki molekularnej w roztworze na podstawie danych otrzymanych za pomocą wielowymiarowej spektroskopii NMR.

W ramach otrzymanego grantu NCN planujemy badania wpływu nanocząstek o różnym składzie oraz ładunku na rozwój chorób neurodegeneracyjnych.

Opis realizowanych prac:

Wspólnie z Wydziałem Fizyki Uniwersytetu Adama Mickiewicza oraz Wydziałem Biochemii i Biofizyki Uniwersytetu w Sztokholmie zostały wykonane badania nad konstruktem 25 aminokwasowego peptydu NCAM-A β blokującym procesy agregacji ludzkiego białka PrP (6349). Wspólnie z Uniwersytetem Gdańskim, Masaryk Memorial Cancer Institute oraz University of Edinburgh został zaproponowany system do analizy oddziaływań białko-białko w reakcji koniugacji ubiquitiny (6473). Przeprowadzony przegląd możliwości wykorzystania pomiarów relaksacji jądrowej ^{15}N dla analizy procesów dynamiki w oddziaływań białko-białko (6417).

Opis najważniejszych osiągnięć:

1. Otrzymanie rekombinowanych białek zawierających fluorowane aminokwasy, przede wszystkim ^{19}F -Trp.
2. Wprowadzenie pomiarów szybkości relaksacji R_1 i ρ dla jąder atomów ^{15}N w różnych polach lokujących.
3. Możliwość rejestracji rezonansu ^{109}Ag . Poszerzenie możliwości aparaturowych o rejestrację sygnałów ^{109}Ag .

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Jednostka badawczo-usługowa udostępnia spektrometry NMR 400 i 500 MHz, pracownikom IBB PAN do rutynowych pomiarów NMR. Wykorzystując doświadczenia oraz ekspertyzę wykonujemy badania NMR dla laboratoriów i grup badawczych Instytutu oraz w ramach zleceń wewnętrznych na zasadach komercyjnych.

Publikacje:

6349, 6361, 6399, 6417, 6473

FA-06 - Pracownia Analiz Mikromacierzy

Kierownik: dr hab. Marta Koblowska

Zespół: dr hab. Roksana Iwanicka-Nowicka

Cel badań:

Analizy genomyczne i transkryptomiczne.

Opis realizowanych prac:

W Pracowni Analiz Mikromacierzy prowadzono analizy zarówno w ramach usług jak i współprac naukowych. Kontynuowano współpracę naukową z Wydziałem Biologii Uniwersytetu Warszawskiego, które zaowocowały publikacją dotyczącą roli miRNA w różnicowaniu komórek (6420) oraz pracami zawierającymi analizy metagenomiczne zbiorowisk bakterii zasiedlających skały łupkowe położone na monoklinie przedsudeckiej (6381, 6369). W ramach współpracy z Centrum Medycznym Kształcenia Podyplomowego dalej realizowano zadania związane z badaniem linii komórkowych oraz prób od pacjentów z jasnokomórkowym rakiem nerki (ang. Clear cell renal cell carcinoma, ccRCC). Rozszerzono współpracę z Centrum Onkologii – Instytutu im. Marii Skłodowskiej-Curie opartą o analizy

wzoru metylacji DNA w nowotworach jajnika i endometrium. Kontynuowano współpracę z Instytutem Nenckiego dotyczącą badań nad starzeniem komórkowym.

W 2022 roku w Pracowni wykonano:

badania transkryptomyczne w oparciu o całkowity RNA dla:

1. 39 prób RNA, izolowanego z komórek mysich, przy użyciu mikromacierzy typu Clariom D Mouse firmy Thermo Fisher Scientific
2. 12 prób RNA izolowanego ze świeżo pobranych wycinków tkanki pobranych od pacjentów, przy użyciu mikromacierzy typu Clariom S Human firmy Thermo Fisher Scientific
3. 31 prób RNA wyizolowanego z bloków parafinowych przy użyciu zestawu Clariom S Pico assay Human firmy Thermo Fisher Scientific
4. 24 prób RNA wyizolowanego z ludzkich linii komórkowych przy użyciu mikromacierzy typu Human Gene 2.1 ST firmy Thermo Fisher Scientific

przeprowadzono także analizy metylacji DNA człowieka:

1. wykonano 96 mikromacierzy typu Infinium MethylationEPIC formy Illumina

Dla wybranych projektów, wykorzystując ogólnodostępne oprogramowanie: Transcriptome Analysis Console, wykonano analizy prowadzące do uzyskania list genów różnicowo wyrażanych w porównywanych warunkach, a następnie przeprowadzono analizy wzbogaceń grup genów wykorzystując zarówno komercyjne oprogramowanie QIAGEN *Ingenuity Pathway Analysis (QIAGEN IPA)* jak i ogólnodostępne narzędzia: gProfiler i ToppGene.

W celu potwierdzenia wyników analiz wysoko-przepustowych, w Pracowni realizowano analizy poziomów mRNA wybranych genów wykorzystując metodę RTqPCR.

Na urządzeniu Bioanalyzer przeprowadzano analizy jakości całkowitego RNA oraz przygotowanych bibliotek na sekwencjonowania wysoko-przepustowego.

Naukowcy, z którymi Pracownia współpracowała w 2022 r.:

1. Dr hab. Anna Bielak, Instytut Biologii Doświadczalnej im. M. Nenckiego PAN.
2. Prof. dr hab. Agnieszka Piekietko-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 hab. Renata Matlakowska, prof. ucz.
6. Dr n. med. Łukasz Szafron, Centrum Onkologii – Instytut im. Marii Skłodowskiej-Curie.
7. Dr hab. Jan Konrad Siwicki, profesor instytutu.
8. Prof. dr hab. Ewa Kula-Świeżewska, Instytut Biochemii i Biofizyki PAN.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Kontynuacja badań mikromacierzowych z zastosowaniem mikromacierzy i qRT-PCR nad rolą czynnika splicingowego CWC22 z wykorzystaniem linii komórkowej jasno-komórkowego raka nerki (ang. clear cell Renal Cell Carcinoma, ccRCC) wskazała na jego rolę zarówno w splicingu jak i regulacji ekspresji genów kluczowych dla metabolizmu RNA i metabolizmu komórkowego.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Otrzymane wyniki prac będą publikowane w międzynarodowych czasopismach.

Publikacje:

6381, 6369, 6420, 5060/A, 5058/A ,5059/A

ARTYKUŁY 2022

6316

TAHMAZ I., SHAHMORADI-GHAHE S., TOPF U.,
Prefoldin function in cellular protein homeostasis and human diseases.
Frontiers in Cell and Developmental Biology (2022) 9: 816214 (16 p.)
DOI: 10.3389/fcell.2021.816214
IF 6.081 (2021)

6317

KOTUNIAK R., BAL W.,
Kinetics of Cu(II) complexation by ATCUN/NTS and related peptides: a gold mine of novel ideas for copper biology.
Dalton Transactions (2022) 51(1): 14-26
DOI: 10.1039/D1DT02878B
IF 4.569 (2021)

6318

LECHOWSKA K., WOJTYŁA Ł., QUINET M., KUBALA S., LUTTS S., GARNCZARSKA M.,
Endogenous polyamines and ethylene biosynthesis in relation to germination of osmoprimed brassica napus seeds under salt stress.
International Journal of Molecular Sciences (2022) 23(1): 349 (18 p.)
DOI: 10.3390/ijms23010349
IF 6.208 (2021)

6319

ORŁOWSKA M., MUSZEWSKA A.,
In silico predictions of ecological plasticity mediated by protein family expansions in early-diverging fungi.
Journal of Fungi (2022) 8(1): 67 (26 p.)
DOI: 10.3390/jof8010067
IF 5.724 (2021)

6320

JANIK A., PERLIŃSKA-LENART U., GAWARECKA K., AUGUSTYNIAK J., BRATEK-GEREJ E., BERNAT P., PIŁSYK S., SKALMOWSKA P., PALAMARCZYK G., ŚWIEŻEWSKA E., KRUSZEWSKA J.S.,
Synthesis of dolichols in *Candida albicans* is co-regulated with elongation of fatty acids.
International Journal of Molecular Sciences (2022) 23(1): 409 (16 p.)
DOI: 10.3390/ijms23010409
IF 6.208 (2021)

6321

FUDALA K., BIALIK R.J.,
The use of drone-based aerial photogrammetry in population monitoring of Southern Giant Petrels in ASMA 1, King George Island, maritime Antarctica.
Global Ecology and Conservation (2022) 33: e01990 (14 p.)
DOI: 10.1016/j.gecco.2021.e01990
IF 3.969 (2021)

6322

DMOWSKI M., JĘDRYCHOWSKA M., MAKIEŁA-DZBEŃSKA K., DENKIEWICZ-KRUK M., SHARMA S., CHABES A., ARAKI H., FIJAŁKOWSKA I.J.,
Increased contribution of DNA polymerase delta to the leading strand replication in yeast with an impaired CMG helicase complex.

DNA Repair (2022) 110: 103272 (11 p.)

DOI: 10.1016/j.dnarep.2022.103272

IF 4.354 (2021)

6323

KRATA N., FORONCEWICZ B., ZAGOŹDŻON R., MOSZCZUK B., ZIELENKIEWICZ M., PĄCZEK L., MUCHA K.,
Peroxiredoxins as Markers of Oxidative Stress in IgA Nephropathy, Membranous Nephropathy and Lupus Nephritis.

Archivum Immunologiae et Therapiae Experimentalis (2022) 70(1): 3 (14 p.)

DOI: 10.1007/s00005-021-00638-1

IF 3.831 (2021)

6324

DUBIŃSKA-MAGIERA M., LEWANDOWSKI D., CYSEWSKI D., PAWLAK S., NAJBAR B., DACZEWSKA M.,

Lipid droplets in skeletal muscle during grass snake (*Natrix natrix* L.) development.

Biochimica et Biophysica Acta - Molecular and Cell Biology of Lipids (2022) 1867(2): 159086 (18 p.)

DOI: 10.1016/j.bbalip.2021.159086

IF 5.228 (2021)

6325

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

Is it possible to understand a book missing a quarter of the letters? Unveiling the belowground species richness of grasslands.

Agriculture, Ecosystems & Environment (2022) 324: 107683 (12 p.)

DOI: 10.1016/j.agee.2021.107683

IF 6.576 (2021)

6326

POTAPOWICZ J., SZOPIŃSKA M., SZUMIŃSKA D., BIALIK R.J., POLKOWSKA Ż.,
Sources and composition of chemical pollution in Maritime Antarctica (King George Island), part 1: Sediment and water analysis for PAH sources evaluation in the vicinity of Arctowski station.

Chemosphere (2022) 288 (part 3): 132637 (9 p.)

DOI: 10.1016/j.chemosphere.2021.132637

IF 8.943 (2021)

6327

PRZYBOROWSKI K., KURPIŃSKA A., WOJKOWSKA D., KACZARA P., SURAJ-PRAŻMOWSKA J., KAROLCZAK K., MALINOWSKA A., PELESZ A., KIJ A., KALVINS I., WATAŁA C., CHŁOPICKI S.,

Protein disulfide isomerase-A1 regulates intraplatelet reactive oxygen species-thromboxane A₂-dependent pathway in human platelets.

Journal of Thrombosis and Haemostasis (2022) 20(1): 157-169

DOI: 10.1111/jth.15539

IF 16.036 (2021)

6328

NAKONIECZNA A., RUTYNA P., FEDOROWICZ M., KWIATEK M., MIZAK L., ŁOBOCKA M.,
Three Novel Bacteriophages, J5a, F16Ba, and z1a, Specific for *Bacillus anthracis*, Define a New
Clade of Historical Wbeta Phage Relatives.

Viruses (2022) 14(2): 213 (22 p.)

DOI: 10.3390/v14020213

IF 5.818 (2021)

6329

CALVO J.S., VILLONES R.L.E., YORK N.J., STEFANIAK E., HAMILTON G.E., STELLING
A.L., BAL W., PIERCE B.S., MELONI G.,
Evidence for a Long-Lived, Cu-Coupled and Oxygen-Inert Disulfide Radical Anion in the Assembly
of Metallothionein-3 Cu(I)₄-Thiolate Cluster.

Journal of the American Chemical Society (2022) 144(2): 709–722

DOI: 10.1021/jacs.1c03984

IF 16.383 (2021)

6330

RUDZIŃSKA I., PŁONKA M., ARMATOWSKA A., TUROWSKI T., BOGUTA M.,
Rbs1 protein, involved in RNA polymerase III complex assembly in the yeast *Saccharomyces
cerevisiae*, induces a Gcn4 response and forms aggregates when overproduced.

Gene (2022) 809: 146034 (6 p.)

DOI: 10.1016/j.gene.2021.146034

IF 3.913 (2021)

6331

TUREK-JAKUBOWSKA A., DĘBSKI J., JAKUBOWSKI M., SZAHIDEWICZ-KRUPSKA E.,
GAWRYŚ J., GAWRYŚ K., JANUS A., TROCHA M., DOROSZKO A.,
New Candidates for Biomarkers and Drug Targets of Ischemic Stroke-A First Dynamic LC-MS
Human Serum Proteomic Study.

Journal of Clinical Medicine (2022) 11(2): 339 (13 p.)

DOI: 10.3390/jcm11020339

IF 4.964 (2021)

6332

LITWINEK D., BORECZEK J., GAMBUŚ H., BUKSA K., BERSKI W., KOWALCZYK M.,
Developing lactic acid bacteria starter cultures for wholemeal rye flour bread with improved
functionality, nutritional value, taste, appearance and safety.

PLOS ONE (2022) 17(1): e0261677 (21 p.)

DOI: 10.1371/journal.pone.0261677

IF 3.752 (2021)

6333

GAWARECKA K., SIWIŃSKA J., POZNAŃSKI J., ONYŚK A., SUROWIECKI P., SZTOMPKA
K., SURMACZ L., AHN J.H., KORTE A., ŚWIEŻEWSKA E., IHNATOWICZ A.,
cis-prenyltransferase 3 and alpha/beta-hydrolase are new determinants of dolichol accumulation in
Arabidopsis.

Plant, Cell and Environment (2022) 45(2): 479–495

DOI: 10.1111/pce.14223

IF 7.947 (2021)

6334

LICHOCKA M., KRZYMOWSKA M., GÓRECKA M., HENNIG J.,
Arabidopsis annexin 5 is involved in maintenance of pollen membrane integrity and permeability.
Journal of Experimental Botany(2022) 73(1): 94–109
DOI: 10.1093/jxb/erab419
IF 7.298 (2021)

6335

WĘSIERSKA M., KLOSKA A., MEDINA L.D., JAKÓBKIEWICZ-BANECKA J., GABIG-CIMIŃSKA M., RADZIŃSKA M., MOSKOT M., MALINOWSKA M.,
Cellular and Gene Expression Response to the Combination of Genistein and Kaempferol in the Treatment of Mucopolysaccharidosis Type I.
International Journal of Molecular Sciences (2022) 23(3): 1058 (27 p.)
DOI: 10.3390/ijms23031058
IF 6.208 (2021)

6336

BAJOR M., GRACZYK-JARZYŃKA A., MARHELAVA K., BURDZIŃSKA A., MUCHOWICZ A., GORAL A., ZHYLKO A., SOROCZYŃSKA K., RETECKI K., KRAWCZYK M., KŁOPOTOWSKA M., PILCH Z., PĄCZEK L., MALMBERG K-J., WÄLCHLI S., WINIARSKA M., ZAGOŹDŻON R.,
PD-L1 CAR effector cells induce self-amplifying cytotoxic effects against target cells.
Journal for Immunotherapy of Cancer (2022) 10(1): e002500 (14 p.)
DOI: 10.1136/jitc-2021-002500
IF 12.469 (2021)

6337

KOSZNIK-KWAŚNICKA K., GOLEC P., JAROSZEWICZ W., LUBOMSKA D., PIECHOWICZ L.,
Into the Unknown: Microbial Communities in Caves, Their Role, and Potential Use.
Microorganisms (2022) 10(2): 222 (18 p.)
DOI: 10.3390/microorganisms10020222
IF 4.926 (2021)

6338

KRZYSZTOŃ M., KUFEL J.,
Analysis of mRNA-derived siRNAs in mutants of mRNA maturation and surveillance pathways in *Arabidopsis thaliana*.
Scientific Reports (2022) 12(1): 1474 (13 p.)
DOI: 10.1038/s41598-022-05574-4
IF 4.997 (2021)

6339

KLOSKA A., CECH G.M., NOWICKI D., MACIĄG-DORSZYŃSKA M., BOGUCA A.E., MARKERT S., BECHER D., POTRYKUS K., CZAPLEWSKA P., SZALEWSKA-PAŁASZ A.,
Three Microbial Musketeers of the Seas: *Shewanella baltica*, *Aliivibrio fischeri* and *Vibrio harveyi*, and Their Adaptation to Different Salinity Probed by a Proteomic Approach.
International Journal of Molecular Sciences (2022) 23(2): 619 (29 p.)
DOI: 10.3390/ijms23020619
IF 6.208 (2021)

6340

VAN BEL M., SILVESTRI F., WEITZ E.M., KREFT Ł., BOTZKI A., COPPENS F., VANDEPOELE K.,
PLAZA 5.0: extending the scope and power of comparative and functional genomics in plants.
Nucleic Acids Research (2022) 50(D1): D1468-D1474
DOI: 10.1093/nar/gkab1024
IF 19.16 (2021)

6341

SZYMAŃSKA A., MUCHA K., KOSIERADZKI M., NAZAREWSKI S., PĄCZEK L., FORONCEWICZ B.,
Organization of Post-Transplant Care and the 5-Year Outcomes of Kidney Transplantation.
International Journal of Environmental Research and Public Health (2022) 19(4): 2010 (12 p.)
DOI: 10.3390/ijerph19042010
IF 4.614 (2021)

6342

LIU CH., SKORUPIŃSKA-TUDEK K., ERIKSSON S-G., PARMRYD I.,
Potentiating Vγ9Vδ2 T cell proliferation and assessing their cytotoxicity towards adherent cancer cells at the single cell level.
Biology Open (2022) 11(1): bio059049 (10 p.)
DOI: 10.1242/bio.059049
IF 2.643 (2021)

6343

KULESZA A., ZIELNIOK K., HAWRYLUK J., PĄCZEK L., BURDZIŃSKA A.,
Ibuprofen in Therapeutic Concentrations Affects the Secretion of Human Bone Marrow Mesenchymal Stromal Cells, but Not Their Proliferative and Migratory Capacity.
Biomolecules (2022) 12(2): 287 (19 p.)
DOI: 10.3390/biom12020287
IF 6.064 (2021)

6344

BACZEWSKA-DĄBROWSKA A.H., DMUCHOWSKI W., GOZDOWSKI D., GWOREK B., JÓŹWIAK A., ŚWIEŻEWSKA E., DĄBROWSKI P., SUWARA I.,
The importance of prenol lipids in mitigating salt stress in the leaves of *Tilia × euchlora* trees.
Trees-Structure and Function (2022) 36(1): 393–404
DOI: 10.1007/s00468-021-02214-8
IF 2.888 (2021)

6345

KOWAL K., TKACZYK-WLIZŁO A., PIERZCHAŁA M., GAWOR J., ŚLASKA B.,
Molecular differences in mitochondrial DNA genomes of dogs with malignant mammary tumours.
Veterinary and Comparative Oncology (2022) 20(1): 256-264
DOI: 10.1111/vco.12772
IF 2.385 (2021)

6346

ROBAK A., KISTOWSKI M., WOJTAS G., PERZANOWSKA A., TARGOWSKI T., MICHALAK A., KRASOWSKI G., DADLEZ M., DOMAŃSKI D.,
Diagnosing pleural effusions using mass spectrometry-based multiplexed targeted proteomics quantitating mid- to high-abundance markers of cancer, infection/inflammation and tuberculosis.
Scientific Reports (2022) 12(1): 3054 (18 p.)
DOI: 10.1038/s41598-022-06924-y
IF 4.997 (2021)

6347

GAWRYŚ K., TUREK-JAKUBOWSKA A., GAWRYŚ J., JAKUBOWSKI M., DĘBSKI J., SZAHIDEWICZ-KRUPSKA E., TROCHA M., DERKACZ A., DOROSZKO A., Platelet-Derived Drug Targets and Biomarkers of Ischemic Stroke—The First Dynamic Human LC-MS Proteomic Study.

Journal of Clinical Medicine (2022) 11(5): 1198 (15 p.)

DOI: 10.3390/jcm11051198

IF 4.964 (2021)

6348

KLUSKA K., VERONESI G., DENIAUD A., HAJDU B., GYURCSIK B., BAL W., KRĘŻEL A., Structures of Silver Fingers and a Pathway to Their Genotoxicity.

Angewandte Chemie International Edition (2022) 61(12): e202116621 (8 p.)

DOI: 10.1002/anie.202116621

IF 16.823 (2021)

6349

GIELNIK M., ZHUKOVA L., ZHUKOV I., GRÄSLUND A., KOZAK M., WÄRMLÄNDER S.K.T.S.,

The engineered peptide construct NCAM1-A β inhibits fibrillization of the human prion protein (PrP).

Acta Biochimica Polonica (2022) 69(1): 257-261

DOI: 10.18388/abp.2020_5679

IF 2.349 (2021)

6350

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

Phylogenetics and phylogeography of red deer mtDNA lineages during the last 50 000 years in Eurasia.

Zoological Journal of the Linnean Society (2022) 194(2): 431-456

DOI: 10.1093/zoolinlean/zlab025

IF 3.834 (2021)

6351

KABALA A.M., BIŃKO K., GODARD F., CHARLES C., DAUTANT A., BARANOWSKA E., SKOCZEŃ N., GOMBEAU K., BOUHIER M., BECKER H.D., ACKERMAN S.H., STEINMETZ L.M., TRIBOUILLARD-TANVIER D., KUCHARCZYK R., DI RAGO J.-P., Assembly-dependent translation of subunits 6 (Atp6) and 9 (Atp9) of ATP synthase in yeast mitochondria.

Genetics (2022) 220(3): iyac007 (15 p.)

DOI: 10.1093/genetics/iyac007

IF 4.402 (2021)

6352

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

An Adenosine Triphosphate- Dependent 5'-3' DNA Helicase From sk1-Like *Lactococcus lactis* F13 Phage.

Frontiers in Microbiology (2022) 13: 840219 (13 p.)

DOI: 10.3389/fmicb.2022.840219

IF 6.064 (2021)

6353

MADILL-THOMSEN K.S., ABOULJOURD M., BHATI C., CISZEK M., DURLIK M., FENG S., FORONCEWICZ B., FRANCIS I., GRĄT M., JURCZYK K., KLINTMALM G., KRASNODEBSKI M., MCCAUGHAN G., MIQUEL R., MONTANO-LOZA A., MOONKA D., MUCHA K., MYŚLAK M., PAĆZEK L., ET AL.

The molecular phenotypes of injury, steatohepatitis, and fibrosis in liver transplant biopsies in the INTERLIVER study.

American Journal of Transplantation (2022) 22(3): 909-926

DOI: 10.1111/ajt.16890

IF 9.369 (2021)

6354

PAWŁOWSKI P.H.,

SARS-CoV-2 variant Omicron (B.1.1.529) is in a rising trend of mutations increasing the positive electric charge in crucial regions of the spike protein S.

Acta Biochimica Polonica (2022) 69(1): 263–264

DOI: 10.18388/abp.2020_6072

IF 2.349 (2021)

6355

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

Inhibition of Protein Kinase CK2 Affects Thymidylate Synthesis Cycle Enzyme Level and Distribution in Human Cancer Cells.

Frontiers in Molecular Biosciences (2022) 9: 847829 (13 p.)

DOI: 10.3389/fmolb.2022.847829

IF 6.113 (2021)

6356

BOGUTA M.,

Assembly of RNA polymerase III complex involves a putative co-translational mechanism.

Gene (2022) 824: 146394 (5 p.)

DOI: 10.1016/j.gene.2022.146394

IF 3.913 (2021)

6357

KASAREŁŁO K., KÖHLING I., KOSOWSKA A., PUCIA K., ŁUKASIK A., CUDNOCH-JĘDRZEJEWSKA A., PAĆZEK L., ZIELENKIEWICZ U., ZIELENKIEWICZ P.,

The Anti-Inflammatory Effect of Cabbage Leaves Explained by the Influence of bol-miRNA172a on FAN Expression.

Frontiers in Pharmacology (2022) 13: 846830 (8 p.)

DOI: 10.3389/fphar.2022.846830

IF 5.988 (2021)

6358

OPPERT B., MUSZEWSKA A., STECZKIEWICZ K., ET AL.

The Genome of *Rhyzopertha dominica* (Fab.) (Coleoptera: Bostrichidae): Adaptation for Success.

Genes (2022) 13(3): 446 (43 p.)

DOI: 10.3390/genes13030446

IF 4.141 (2021)

6359

MORCINEK-ORŁOWSKA J., ZDROJEWSKA K., WĘGRZYN A.,
Bacteriophage-Encoded DNA Polymerases-Beyond the Traditional View of Polymerase Activities.
International Journal of Molecular Sciences (2022) 23(2): 635 (17 p.)
DOI: 10.3390/ijms23020635
IF 6.208 (2021)

6360

STĘPIEŃ K., SKONECZNA A., KULA-MAXIMENKO M., JURCZYK Ł., MOŁOŃ M.,
Depletion of the Origin Recognition Complex Subunits Delays Aging in Budding Yeast.
Cells (2022) 11(8): 1252 (43 p.)
DOI: 10.3390/cells11081252
IF 7.666 (2021)

6361

SZCZEPANEK-PARULSKA E., BUDNY B., BOROWCZYK M., ZHUKOV I., SZUTKOWSKI K.,
ZAWADZKA K., TAHIR R., MINCZYKOWSKI A., NIEDZIELA M., RUCHAŁA M.,
NKX2-5 Variant in Two Siblings with Thyroid Hemiagenesis.
International Journal of Molecular Sciences (2022) 23(6): 3414 (10 p.)
DOI: 10.3390/ijms23063414
IF 6.208 (2021)

6362

OWSIAN D., GRUCHOTA J., ARNAIZ O., NOWAK J.K.,
The transient Spt4-Spt5 complex as an upstream regulator of non-coding RNAs during development.
Nucleic Acids Research (2022) 50(5): 2603-2620
DOI: 10.1093/nar/gkac106
IF 19.160 (2021)

6363

GRABOWSKI Ł., GAFFKE L., PIERZYNOWSKA K., CYSKE Z., CHOSZCZ M., WĘGRZYN G.,
WĘGRZYN A.,
Enrofloxacin—The Ruthless Killer of Eukaryotic Cells or the Last Hope in the Fight against Bacterial Infections?
International Journal of Molecular Sciences (2022) 23(7): 3648 (22 p.)
DOI: 10.3390/ijms23073648
IF 6.208 (2021)

6364

BARCZAK-BRZYŻEK A., BRZYŻEK G., KOTER M., SIEDLECKA E., GAWROŃSKI P.,
FILIPECKI M.,
Plastid retrograde regulation of miRNA expression in response to light stress.
BMC Plant Biology (2022) 22(1): 150 (15 p.)
DOI: 10.1186/s12870-022-03525-9
IF 5.260 (2021)

6365

ZERBINI F.M., SIDDELL S.G., MUSHEGIAN A.R., WALKER P.J., LEFKOWITZ E.J.,
ADRIAENSSENS E.M., ALFENAS-ZERBINI P., DUTILH B.E., GARCIA M.L., JUNGLEN S.,
KRUPOVIC M., KUHN J.H., LAMBERT A.J., ŁOBOCKA M., OKSANEN H.M., ROBERTSON
D.L., RUBINO L., SABANADZOVIC S., SIMMONDS P., SUZUKI N., VAN DOORSLAER K.,
VANDAMME A-M., VARSANI A.,
Differentiating between viruses and virus species by writing their names correctly.
Archives of Virology (2022) 167(4): 1231-1234
DOI: 10.1007/s00705-021-05323-4
IF 2.685 (2021)

6366

BEDNAREK A., CENA A., IZAK W., BIGOS J., ŁOBOCKA M.,
Functional Dissection of P1 Bacteriophage Holin-like Proteins Reveals the Biological Sense of P1
Lytic System Complexity.

International Journal of Molecular Sciences (2022) 23(8): 4231 (21 p.)

DOI: 10.3390/ijms23084231

IF 6.208 (2021)

6367

DA CUNHA M. F. PRANKE I., SASSI A., SCHREIWEIS CH., MORICEAU S., VIDOVIC D.,
HATTON A., CARLON S.M., CRESTE G., BERHAL F., PRESTAT G., FREUND R., ODOLCZYK
N., JAIS J.P., GRAVIER-PELLETIER CH., ZIELENKIEWICZ P., JULLIEN V., HINZPETER A.,
OURY F., EDELMAN A., SERMET-GAUDELUS I.,

Systemic bis-phosphinic acid derivative restores chloride transport in Cystic Fibrosis mice.

Scientific Reports (2022) 12(1): 6132 (9p.)

DOI: 10.1038/s41598-022-09678-9

IF 4.997 (2021)

6368

ASHRAF K.U., NYGAARD R., VICKERY O.N., ERRAMILLI S.K., HERRERA C.M.,
McCONVILLE, T.H., PETROU V.I., GIACOMETTI S.I., DUFRISNE, M.B. NOSOL K., ZINKLE
A.P., GRAHAM C.L.B., LOUKERIS M., KLOSS B., SKORUPIŃSKA-TUDEK K., ŚWIEŻEWSKA
E., ROPER D.I., CLARKE O.B. UHLEMANN A-C., KOSSIAKOFF A.A., TRENT M.S.,
STANSFELD P.J., MANCIA F.,

Structural basis of lipopolysaccharide maturation by the O-antigen ligase.

Nature (2022) 604(7905): 371–376

DOI: 10.1038/s41586-022-04555-x

IF 69.504 (2021)

6369

DASZCZYŃSKA A., KRUCOŃ T., STASIUK R., KOBLOWSKA M., MATLAKOWSKA R.,
Lanthanide-Dependent Methanol Metabolism of a Proteobacteria-Dominated Community in a Light
Lanthanide-Rich Deep Environment.

International Journal of Molecular Sciences (2022) 23(7): 3947 (15 p.)

DOI: 10.3390/ijms23073947

IF 6.208 (2021)

6370

PODOBAS E.I., GUTOWSKA-OWSIK D., MORETTI S., POZNAŃSKI J., KULIŃCZAK M.,
GRYNBERG M., GRUCA A., BONNA A., PŁONKA D., FRĄCZYK T., OGG G., BAL W.,
Ni²⁺-Assisted Hydrolysis May Affect the Human Proteome; Filaggrin Degradation *Ex Vivo* as an
Example of Possible Consequences.

Frontiers in Molecular Biosciences (2022) 9: 828674 (16 p.)

DOI: 10.3389/fmolb.2022.828674

IF 6.113 (2021)

6371

ORZECZOWSKA K., DOBRZYŃ K., KIEŻUN M., MALINOWSKA A., ŚWIDERSKA B.,
KAMIŃSKI T., SMOLIŃSKA N.,

Chemerin Effect on the Endometrial Proteome of the Domestic Pig during Implantation Obtained by
LC-MS/MS Analysis.

Cells (2022) 11(7): 1161 (16 p.)

DOI: 10.3390/cells11071161

IF 7.666 (2021)

6372

SWATLER J., TUROS-KORGUL L., BREWIŃSKA-OLCHOWIK M., DE BIASI S., DUDKA W., LE B.V., KOMINEK A., CYRANOWSKI S., PILANC P., MOHAMMADI E., CYSEWSKI D., KOZŁOWSKA E., GRABOWSKA-PYRZEWICZ W., WOJDA U., BASAK G., MIECZKOWSKI J., SKORSKI T., COSSARIZZA A., PIWOCKA K.,
4-1BBL-containing leukemic extracellular vesicles promote immunosuppressive effector regulatory T cells.

Blood Advances (2022) 6(6): 1879-1894

DOI: 10.1182/bloodadvances.2021006195

IF 7.647 (2021)

6373

ZARĘBA-KOZIOŁ M., BURDUKIEWICZ M., WYSŁOUCH-CIESZYŃSKA A.,
Intracellular Protein S-Nitrosylation—A Cells Response to Extracellular S100B and RAGE Receptor.

Biomolecules (2022) 12(5): 613 (23 p.)

DOI: 10.3390/biom12050613

IF 6.064 (2021)

6374

WĘGRZYN A., KRYSIAK M., KULIK A., GIECZEWSKA K.B., MAZUR R.,
STN7 Kinase Is Essential for *Arabidopsis thaliana* Fitness under Prolonged Darkness but Not under Dark-Chilling Conditions.

International Journal of Molecular Sciences (2022) 23(9): 4531 (18 p.)

DOI: 10.3390/ijms23094531

IF 6.208 (2021)

6375

CZMIL A., WROŃSKI M., CZMIL S., SOCHACKA-PIETAŁ M., CMIL M., GAWOR J.,
WOŁKOWICZ T., PLEWCZYŃSKI D., STRZAŁKA D., PIĘTAŁ M.,
NanoForms: an integrated server for processing, analysis and assembly of raw sequencing data of microbial genomes, from Oxford Nanopore technology.

PeerJ (2022) 10: e13056 (13 p.)

DOI: 10.7717/peerj.13056

IF 3.061 (2021)

6376

MUCHA K., STAROS R., FORONCEWICZ B., ZIARKIEWICZ-WRÓBLEWSKA B.,
KOSIERADZKI M., NAZAREWSKI S., NAUMNIK B., RASZEJA-WYSZOMIRSKA J.,
ZIENIEWICZ K., PĄCZEK L.,

Comparison of Post-Transplantation Lymphoproliferative Disorder Risk and Prognostic Factors between Kidney and Liver Transplant Recipients.

Cancers (2022) 14(8): 1953 (13 p.)

DOI: 10.3390/cancers14081953

IF 6.575 (2021)

6377

ŠVEC P., KRÁLOVÁ S., STAŇKOVÁ E., HOLOCHOVÁ P., SEDLÁŘ K., KOUDELKOVÁ S.,
KRSEK D., GRZESIAK J., ŠEDO O., VÁCZI P., URVASHI GUPTA V., SOOD U., LAL R.,
KORPOLE S., SEDLÁČEK I.,

Pedobacter fastidiosus sp. nov., isolated from glacial habitats of maritime Antarctica.

International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology (2022) 72(4): 005309 (9 p.)

DOI: 10.1099/ijsem.0.005309

IF 2.689 (2021)

6378

ŁABĘDZKA-DMOCH K., RAŻEW M., GAPIŃSKA M., PIĄTKOWSKI J., KOLONDRA A., SALMONOWICZ H., WENDA J.M., NOWOTNY M., GOLIK P.,
The Pet127 protein is a mitochondrial 5'-to-3' exoribonuclease from the PD-(D/E)XK superfamily involved in RNA maturation and intron degradation in yeasts.

RNA (2022) 28(5): 711 - 728

DOI: 10.1261/rna.079083.121

IF 5.636 (2021)

6379

MOSZCZUK B., KRATA N., RUDNICKI W., FORONCEWICZ B., CYSEWSKI D., PĄCZEK L., KALETA B., MUCHA K.,

Osteopontin-A Potential Biomarker for IgA Nephropathy: Machine Learning Application.

Biomedicines (2022) 10(4): 734 (15 p.)

DOI: 10.3390/biomedicines10040734

IF 4.757 (2021)

6380

MOSSAKOWSKA B.J., SHAHMORADI-GHAHE S., CYSEWSKI D., FABISIEWICZ A., TUDEK B., SIEDLECKI J.A.,

Mechanisms of Resistance to Photodynamic Therapy (PDT) in Vulvar Cancer.

International Journal of Molecular Sciences (2022) 23(8): 4117 (19 p.)

DOI: 10.3390/ijms23084117

IF 6.208 (2021)

6381

WILAMOWSKA A., KOBLOWSKA M., MATLAKOWSKA R.,

Postdiagenetic Changes in Kerogen Properties and Type by Bacterial Oxidation and Dehydrogenation.

Molecules (2022) 27(8): 2408 (17 p.)

DOI: 10.3390/molecules27082408

IF 4.927 (2021)

6382

GAWOR A., GAJEWSKI Z., PĄCZEK L., CZARKOWSKA-PĄCZEK B., KONOPKA A., WRYK G., BULSKA E.,

Fluorine-Containing Drug Administration in Rats Results in Fluorination of Selected Proteins in Liver and Brain Tissue.

International Journal of Molecular Sciences (2022) 23(8): 4202 (11 p.)

DOI: 10.3390/ijms23084202

IF 6.208 (2021)

6383

KAMIŃSKA J., SOCZEWKA P., RZEPNIKOWSKA W., ŻOŁĄDEK T.,

Yeast as a Model to Find New Drugs and Drug Targets for VPS13-Dependent Neurodegenerative Diseases.

International Journal of Molecular Sciences (2022) 23(9): 5106 (24 p.)

DOI: 10.3390/ijms23095106

IF 6.208 (2021)

6384

BAJER A., BECK A., BECK R., BEHNKE J.M., DWUŹNIK-SZAREK D., EICHENBERGER R.M., FARKAS R., FUEHRER H-P., HEDDERGOTT M., JOKELAINEN P., LESCHNIK M., OBORINA V., PAULAUSKAS A., RADZIJEVSKAJA J., RANKA R., SCHNYDER M., SPRINGER A., STRUBE CH., TOŁKACZ K., WALOCHNIK J.,

Babesiosis in Southeastern, Central and Northeastern Europe: An Emerging and Re-Emerging Tick-Borne Disease of Humans and Animals.

Microorganisms (2022) 10(5): 945 (41 p.)

DOI: 10.3390/microorganisms10050945

IF 4.926 (2021)

6385

CZARNECKI J., CHAPKAUSKAITSE E., BOS J., SENTKOWSKA D., WAWRZYNIAK P., WYSZYŃSKA A., SZUPLEWSKA M., BARTOSIK D.,
Differential Localization and Functional Specialization of *parS* Centromere-Like Sites
in *repABC* Replicons of *Alphaproteobacteria*.

Applied and Environmental Microbiology (2022) 88(8): e0020722 (12 p.)

DOI: 10.1128/aem.00207-22

IF 5.005 (2021)

6386

ZNÓJ A., GRZESIAK J., GAWOR J., GROMADKA R., CHWEDORZEWSKA K.J.,
Highly specialized bacterial communities within three distinct rhizocompartments of Antarctic
hairgrass (*Deschampsia antarctica* Desv.)

Polar Biology (2022) 45(5): 833 - 844

DOI: 10.1007/s00300-022-03027-2

IF 2.198 (2021)

6387

WÓJCIK-DŁUGOBORSKA K.A., OSIŃSKA M., BIALIK R.J.,
The Impact of Glacial Suspension Color on the Relationship Between Its Properties and Marine Water
Spectral Reflectance.

IEEE Journal of Selected Topics in Applied Earth Observations and Remote Sensing (2022) 15:
3258-3268

DOI: 10.1109/JSTARS.2022.3166398

IF 4.715 (2021)

6388

OOSTHUIZEN W.CH. PISTORIUS P.A., KORCZAK-ABSHIRE M., HINKE J.T., SANTOS M.,
LOWTHER A.D.,

The foraging behavior of nonbreeding Adélie penguins in the western Antarctic Peninsula during the
breeding season.

Ecosphere (2022) 13(5): e4090 (16 p.)

DOI: 10.1002/ecs2.4090

IF 3.593 (2021)

6389

SAŁAŃSKI P., KOWALCZYK M., BARDOWSKI J.K., SZCZEPANKOWSKA A.K.,
Health-Promoting Nature of *Lactococcus lactis* IBB109 and *Lactococcus lactis* IBB417 Strains
Exhibiting Proliferation Inhibition and Stimulation of Interleukin-18 Expression in Colorectal Cancer
Cells.

Frontiers in Microbiology (2022) 13: 822912 (17 p.)

DOI: 10.3389/fmicb.2022.822912

IF 6.064 (2021)

6390

IWAŃSKA O., LATOCH P., SUCHORA M., PIDEK I.A., HUBER M., BUBAK I., KOPIK N.,
KOVALENKO M., GĄSIOROWSKI M., ARMACHE J-P., STAROSTA A.L.,
Lake microbiome and trophic fluctuations of the ancient hemp rettery.

Scientific Reports (2022) 12: 8846 (16 p.)

DOI: 10.1038/s41598-022-12761-w

IF 4.997 (2021)

6391

BORSARI C., KELES E., McPHAIL J.A., SCHAEFER A., SRIRAMARATNAM R., GOCH W.,
SCHAEFER T., DE PASCALE M., BAL W., GSTAIGER M., BURKE J.E., WYMAN M.P.,
Covalent Proximity Scanning of a Distal Cysteine to Target PI3K α .

Journal of the American Chemical Society (2022) 144(14): 6326-6342

DOI: 10.1021/jacs.1c13568

IF 16.383 (2021)

6392

GROCHOWSKA J., CZERWIŃSKA J., BOROWSKI Ł.S., SZCZĘSNY R.J.,
Mitochondrial RNA, a new trigger of the innate immune system.

Wiley Interdisciplinary Reviews-RNA (2022) 13(3): e1690 (21 p.)

DOI: 10.1002/wrna.1690

IF 9.349 (2021)

6393

DMOWSKI M., MAKIEŁA-DZBEŃSKA K., JĘDRYCHOWSKA M., DENKIEWICZ-KRUK M.,
FIJAŁKOWSKA I.J.,

Mutation spectrum data for *Saccharomyces cerevisiae* *psf1-1 pol2-M644G* mutants.

Data in Brief (2022) 42: 108223 (6 p.)

DOI: 10.1016/j.dib.2022.108223

IF -

6394

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

Efficacy and safety of phage therapy against *Salmonella enterica* serovars Typhimurium and
Enteritidis estimated by using a battery of *in vitro* tests and the *Galleria mellonella* animal model.

Microbiological Research (2022) 261: 127052 (15 p.)

DOI: 10.1016/j.micres.2022.127052

IF 5.07 (2021)

6395

BISELLO G., KUŚMIERSKA K., VERBEEK M.V., SYKUT-CEGIELSKA J., WILLEMSSEN
M.A.A.P., WEVERS R.A., SZYMAŃSKA K., POZNAŃSKI J., DROŻAK J., WERTHEIM-
TYSAROWSKA K., RYGIEL A.M., BERTOLDI M.,

The novel P330L pathogenic variant of aromatic amino acid decarboxylase maps on the catalytic
flexible loop underlying its crucial role.

Cellular and Molecular Life Sciences (2022) 79(6): 305 (16 p.)

DOI: 10.1007/s00018-022-04343-w

IF 9.207 (2021)

6396

JURKIEWICZ A., GRACZYK D.,

MAP kinases are involved in RNA polymerase III regulation upon LPS treatment in macrophages.

Gene (2022) 831: 146548 (8 p.)

DOI: 10.1016/j.gene.2022.146548

IF 3.913 (2021)

6397

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

Strategies of urban trees for mitigating salt stress: a case study of eight plant species.

Trees-Structure and Function (2022) 36(3): 899-914

DOI: 10.1007/s00468-020-02044-0

IF 2.888 (2021)

6398

RYGIEL A.M., UNGER L.S., SÖRGEL F.L., MASSON E., MATSUMOTO R., EWERS M., CHEN J.-M., BUGERT P., BUSCAIL L., GAMBIN T., ORACZ G., WINIEWSKA-SZAJEWSKA M., MIANOWSKA A., POZNAŃSKI J., KOSIŃSKA J., STAWIŃSKI P., PŁOSKI R., KOZIEL D., GLUSZEK S., LAUMEN H., LINDGREN F., LÖHR J.M., OREKHOVA A., REBOURS V., ROSENDAHL J., PÁRNICZKY A., HEGYI P., SASAKI A., KATAOKA F., TANAKA Y., HAMADA S., SAHIN-TÓTH M., HEGYI E., FÉREC C., MASAMUNE A., WITT H.,
Variants in the pancreatic CUB and zona pellucida-like domains 1 (*CUZD1*) gene in early-onset chronic pancreatitis - A possible new susceptibility gene.

Pancreatology (2022) 22(5): 564-571

DOI: 10.1016/j.pan.2022.04.015

IF 3.977 (2021)

6399

JOPA S., WÓJCIK J., EJCHART A., NOWAKOWSKI M.,
NMR studies of inclusion complexes: naphthalene and natural cyclodextrins.

Physical Chemistry Chemical Physics (2022) 24(22): 13690-13697

DOI: 10.1039/d2cp01152b

IF 3.945 (2021)

6400

MACIEJEWSKA K., CZARNECKA K., KRĘCISZ P., NIEDZIAŁEK D., WIECZOREK G., SKIBIŃSKI R., SZYMAŃSKI P.,
Novel Cyclopentaquinoline and Acridine Analogs as Multifunctional, Potent Drug Candidates in Alzheimer's Disease.

International Journal of Molecular Sciences (2022) 23(11): 5876 (22 p.)

DOI: 10.3390/ijms23115876

IF 6.208 (2021)

6401

GRECH-BARAN M., WITEK K., POZNAŃSKI J., GRUPA-URBAŃSKA A., MALINOWSKI T., LICHOCKA M., JONES J.D.G., HENNIG J.,
The Ry_{sto} immune receptor recognises a broadly conserved feature of potyviral coat proteins.

New Phytologist (2022) 235(3): 1179–1195

DOI: 10.1111/nph.18183

IF 10.323 (2021)

6402

FRĄCZYK T., CIEPLAK P.,
Neglected N-Truncated Amyloid- β Peptide and Its Mixed Cu-Zn Complexes.

Protein Journal (2022) 41(3): 361-368

DOI: 10.1007/s10930-022-10056-7

IF 4.000 (2021)

6403

KRZYWIŃSKA E., SZYMAŃSKA K.P., DOBROWOLSKA G.,
Inhibition of SnRK2 Kinases by Type 2C Protein Phosphatases.

Chapter 2 in: **Abscisic Acid. Methods and Protocols, Methods in Molecular Biology**, vol 2462, Humana, New York NY. Ed. T.Yoshida. ISBN 978-1-0716-2155-4, 2022, p.17-30

DOI: 10.1007/978-1-0716-2156-1_2

6404

DZIEMBOWSKI M., BIALIK R.J.,
The Remotely and Directly Obtained Results of Glaciological Studies on King George Island: A Review.

Remote Sensing (2022) 14(12): 2736 (36 p.)

DOI: 10.3390/rs14122736

IF 5.349 (2021)

6405

TOMA A., DOS SANTOS C., BURZYŃSKA B., GÓRA M., KILISZEK M., STICKLE N., KIRSTEN H., KOSYAKOVSKY L.B., WANG B., VAN DIEPEN S., EPELMAN S., SZEKELY Y., MARSHALL J.C., BILLIA F., LAWLER P.R.,
Diversity in the Expressed Genomic Host Response to Myocardial Infarction.
Circulation Research (2022) 131(1): 106-108
DOI: 10.1161/CIRCRESAHA.121.318391
IF 23.213 (2021)

6406

TRIBOUILLARD-TANVIER D., DAUTANT A., GODARD F., PANJA CH., DI RAGO J.-P., KUCHARCZYK R.,
Creation of Yeast Models for Evaluating the Pathogenicity of Mutations in the Human Mitochondrial Gene *MT-ATP6* and Discovering Therapeutic Molecules.
Chapter 14 in: **Mitochondria. Methods and Protocols, Methods in Molecular Biology**, vol 2497.
Humana New York, NY. Ed. N. Tomar. ISBN 978-1-0716-2308-4, 2022, p. 221-242
DOI: 10.1007/978-1-0716-2309-1_14

6407

HEMMERLE M., SENGER B., KUCHARCZYK R., BECKER H.D.,
Visualizing Mitochondrial Importability of a Protein Using the Yeast Bi-Genomic Mitochondrial-Split-GFP Strain and an Ordinary Fluorescence Microscope.
Chapter 16 in: **Mitochondria. Methods and Protocols, Methods in Molecular Biology**, vol 2497.
Humana New York, NY. Ed. N. Tomar. ISBN 978-1-0716-2308-4, 2022, p. 255-267
DOI: 10.1007/978-1-0716-2309-1_16

6408

KOBRZYCKA A.T., STANKIEWICZ A.M., GOŚCIK J., GÓRA M., BURZYŃSKA B., IWANICKA-NOWICKA R., PIERZCHAŁA-KOZIEC K., WIECZOREK M.,
Hypothalamic Neurochemical Changes in Long-Term Recovered Bilateral Subdiaphragmatic Vagotomized Rats.
Frontiers in Behavioral Neuroscience (2022) 16: 869526 (8 p.)
DOI: 10.3389/fnbeh.2022.869526
IF 3.617 (2021)

6409

BRYK-WIĄZANIA A.H., CYSEWSKI D., OCŁOŃ E., UNDAS A.,
Mass-spectrometric identification of oxidative modifications in plasma-purified plasminogen: Association with hypofibrinolysis in patients with acute pulmonary embolism.
Biochemical and Biophysical Research Communications (2022) 621: 53-58
DOI: 10.1016/j.bbrc.2022.06.063
IF 3.322 (2021)

6410

DAS A., THAPA P., SANTIAGO U., SHANMUGAM N., BANASIAK K., DĄBROWSKA K., NOLTE H., SZULC NATALIA A., GATHUNGU R.M., CYSEWSKI D., KRÜGER M., DADLEZ M., NOWOTNY M., CAMACHO C.J., HOPPE T., POKRZYWA W.,
A heterotypic assembly mechanism regulates CHIP E3 ligase activity.
EMBO Journal (2022) 41(15): e109566 (24 p.)
DOI: 10.15252/embj.2021109566
IF 14.012 (2021)

6411

KACZMARSKA Z., CZARNOCKI-CIECIURA M., GÓRECKA-MINAKOWSKA K.M., WINGO R.J., JACKIEWICZ J., ZAJKO W., POZNAŃSKI J., RAWSKI M., GRANT T., PETERS J.E., NOWOTNY M.,
Structural basis of transposon end recognition explains central features of Tn7 transposition systems.
Molecular Cell (2022) 82(14): 2618-2632.e7
DOI: 10.1016/j.molcel.2022.05.005
IF 19.328 (2021)

6412

DIETRICH M.A., ADAMEK M., TEITGE F., TEICH L., JUNG-SCHROERS V., MALINOWSKA A., ŚWIDERSKA B., RAKUS K., KODZIK N., CHADZIŃSKA M., KAROL H., LISZEWSKA E., CIERESZKO A.,
Proteomic analysis of carp seminal plasma provides insights into the immune response to bacterial infection of the male reproductive system.
Fish and Shellfish Immunology (2022) 127: 822-835
DOI: 10.1016/j.fsi.2022.07.019
IF 4.622 (2021)

6413

KULIK T., MOLCAN T., FIEDOROWICZ G., VAN DIEPENINGEN A.D., STAKHEEV A., TREDER K., OLSZEWSKI J., BILSKA K., BEYER M., PASQUALI M., STENGLEIN S.,
Whole-genome single nucleotide polymorphism analysis for typing the pandemic pathogen *Fusarium graminearum* sensu stricto.
Frontiers in Microbiology (2022) 13: 885978 (9 p.)
DOI: 10.3389/fmicb.2022.885978
IF 6.064 (2021)

6414

KOŹMIŃSKI P., NIEDZIAŁEK D., WIECZOREK G., HALIK P.K., CZARNECKA K., ROGUT A., CHEDA Ł., ROGULSKI Z., SZYMAŃSKI P., GNIAZDOWSKA E.,
New Imaging Modality of COVID-19 Pneumonia Developed on the Basis of Alzheimer's Disease Research.
International Journal of Molecular Sciences (2022) 23(15): 8405 (17 p.)
DOI: 10.3390/ijms23158405
IF 6.208 (2021)

6415

KARŁOWICZ A., DUBIEL A.B., CZERWIŃSKA J., BLEDEA A., PURZYCKI P., GRZELEWSKA M., MCAULEY R.J., SZCZĘSNY R.J., BRZUSKA G., KRÓL E., SZCZĘSNY B., SZYMAŃSKI M.R.,
In vitro reconstitution reveals a key role of human mitochondrial EXOG in RNA primer processing.
Nucleic Acids Research (2022) 50(14): 7991–8007
DOI: 10.1093/nar/gkac581
IF 19.160 (2021)

6416

KOSZNIK-KWAŚNICKA K., PODLACHA M., GRABOWSKI Ł., STASIŁOJĆ M., NOWAK-ZALESKA A., CIEMIŃSKA K., CYSKE Z., DYDECKA A., GAFFKE L., MANTEJ J. MYŚLIŃSKA D., NECEL A., PIERZYNOWSKA K., PIOTROWSKA E., RADZANOWSKA-ALENOWICZ E., RINTZ E., SITKO K., TOPKA-BIELECKA G., WĘGRZYN G., WĘGRZYN A.,
Biological aspects of phage therapy versus antibiotics against *Salmonella enterica* serovar Typhimurium infection of chickens.
Frontiers in Cellular and Infection Microbiology (2022) 12: 941867 (16 p.)
DOI: 10.3389/fcimb.2022.941867
IF 6.073 (2021)

6417

KHARCHENKO V., EJCHART A., JAREMKO Ł.,
Protein Backbone and Side-chain ^{15}N Spin Relaxation Techniques to Study Biomacromolecular Interactions.
Chapter 3 in: **NMR Spectroscopy for Probing Functional Dynamics at Biological Interfaces, New Developments in NMR, no 26**. The Royal Society of Chemistry. Ed. A. Bhunia, H. S. Atreya, N. Sinha. ISBN 978-1-83916-209-1, 2022, p. 56-81
DOI: 10.1039/9781839165702-00056

6418

KABZIŃSKA D., CHABROS K., KAMIŃSKA J., KOCHAŃSKI A.,
The GDAP1 p.Gly222Lys Variant-Weak Pathogenic Effect, Cumulative Effect of Weak Sequence Variants, or Synergy of Both Factors?
Genes (2022) 13(9): 1546 (13 p.)
DOI: 10.3390/genes13091546
IF 4.141 (2021)

6419

WEZYNFELD N.E., BONNA A.M., PŁONKA D., BAL W., FRĄCZYK T.,
Ni(II) Ions May Target the Entire Melatonin Biosynthesis Pathway—A Plausible Mechanism of Nickel Toxicity.
Molecules (2022) 27(17): 5582 (13 p.)
DOI: 10.3390/molecules27175582
IF 4.927 (2021)

6420

MIERZEJEWSKI B., MICHALSKA Z., JACKOWSKI D., STREMIŃSKA W., JAŃCZYK-ILACH K., KOBŁOWSKA M., IWANICKA-NOWICKA R., GROMADKA A., CIEMERYCH M.A., BRZOSKA E.,
The miR151 and miR5100 Transfected Bone Marrow Stromal Cells Increase Myoblast Fusion in IGFBP2 Dependent Manner.
Stem Cell Reviews and Reports (2022) 18(6): 2164-2178
DOI: 10.1007/s12015-022-10350-y
IF 6.692 (2021)

6421

KUBIAK K., GAFFKE L., PIERZYNOWSKA K., CYSKE Z., GRABOWSKI Ł., KOSZNIK-KWAŚNICKA K., JAROSZEWICZ W., WĘGRZYN A., WĘGRZYN G.,
Determination of Effects and Mechanisms of Action of Bacterial Amyloids on Antibiotic Resistance.
Chapter 13 in: **Bacterial Amyloids. Methods in Molecular Biology**, vol 2538. Humana Press, New York. Ed. V. Arluison, F. Wien, A. Marcoleta. ISBN 978-1-0716-2528-6, 2022, p.189-205
DOI: 10.1007/978-1-0716-2529-3_13

6422

OKRASIŃSKA A., DECEWICZ P., MAJCHROWSKA M., DZIEWIT Ł., MUSZEWSKA A., DOLATABADI S., KRUSZEWSKI Ł., BŁOCKA Z., PAWŁOWSKA J.,
Marginal lands and fungi - linking the type of soil contamination with fungal community composition.
Environmental Microbiology (2022) 24(8): 3809–3825
DOI: 10.1111/1462-2920.16007
IF 5.476 (2021)

6423

KRZYSZTOŃ M., YATUSEVICH R., WRONA M., SACHAROWSKI S.P., ADAMSKA D., ŚWIEŻEWSKI S.,
Single seeds exhibit transcriptional heterogeneity during secondary dormancy induction.
Plant Physiology (2022) 190(1): 211–225
DOI: 10.1093/plphys/kiac265
IF 8.005 (2021)

6424

RZEPNIKOWSKA W., KAMIŃSKA J., KOCHAŃSKI A.,
Validation of the Pathogenic Effect of IGHMBP2 Gene Mutations Based on Yeast *S. cerevisiae* Model.

International Journal of Molecular Sciences (2022) 23(17): 9913 (17 p.)

DOI: 10.3390/ijms23179913

IF 6.208 (2021)

6425

MARKOWSKA-BARKIĆ A., LEWICKA E., CZEREDYS M., MITURA M., JAGURA-BURDZY G.,
Deciphering the Regulatory Circuits of RA3 Replication Module - Mechanisms of the Copy Number Control.

International Journal of Molecular Sciences (2022) 23(17): 9964 (31 p.)

DOI: 10.3390/ijms23179964

IF 6.208 (2021)

6426

BONDARCHUK T.V., SHALAK V.F., LOZHKO D.M., FATALSKA A., SZCZEPANOWSKI R.H.,
LIUDKOVSKA V., TSUVARIEV O.Y. DADLEZ M., EL'SKAYA A.V., NEGRUTSKII B.S.,
Quaternary organization of the human eEF1B complex reveals unique multi-GEF domain assembly.

Nucleic Acids Research (2022) 50(16): 9490–9504

DOI: 10.1093/nar/gkac685

IF 19.160 (2021)

6427

PRANKE I.M., CHEVALIER B., PREMCHANDAR A., BAATALLAH N., TOMASZEWSKI K.F.,
BITAM S., TONDELIER D., GOLEC A., STOLK J., LUKACS G.L., HIEMSTRA P.S., DADLEZ
M., LOMAS D.A., IRVING J.A., DELAUNAY-MOISAN A., VAN ANKEN E., HINZPETER A.,
SERMET-GAUDELUS I., EDELMAN A.,

Keratin 8 is a scaffolding and regulatory protein of ERAD complexes.

Cellular and Molecular Life Sciences (2022) 79(9): 503 (19 p.)

DOI: 10.1007/s00018-022-04528-3

IF 9.207 (2021)

6428

DRAŹKOWSKA K., TOMECKI R., WARMIŃSKI M., BARAN N., CYSEWSKI D., DEPAIX A.,
KASPRZYK R., KOWALSKA J., JEMIELITY J., SIKORSKI P.J.,
2'-O-Methylation of the second transcribed nucleotide within the mRNA 5' cap impacts the protein
production level in a cell-specific manner and contributes to RNA immune evasion.

Nucleic Acids Research (2022) 50(16): 9051-9071

DOI: 10.1093/nar/gkac722

IF 19.160 (2021)

6429

RAVICHANDRAN M., RAFALSKI D., DAVIES C.I., ORTEGA-RECALDE O., NAN X.,
GLANFIELD C.R., KOTTER A., MISZTAŁ K., WANG A.H., WOJCIECHOWSKI M., RAŻEW M.,
MAYYAS I.M., KARDAILSKY O., SCHWARTZ U., ZEMBRZYCKI K., MORISON I.M. HELM
M., WEICHENHAN D., JURKOWSKA R.Z., KRUEGER F., PLASS CH., ZACHARIAS M.,
BOCHTLER M., HORE T.A., JURKOWSKI T.P.,

Pronounced sequence specificity of the TET enzyme catalytic domain guides its cellular function.

Science Advances (2022) 8(36): eabm2427 (15 p.)

DOI: 10.1126/sciadv.abm2427

IF 14.957 (2021)

6430

AKIMNIYAZOVA A., YURIKOVA O., PYRKOVA A., RAKHMETULLINA A., NIYAZOVA T.,
RYSKULOVA A-G., IVASHCHENKO A.,

In silico Study of piRNA Interactions with the SARS-CoV-2 Genome.

International Journal of Molecular Sciences (2022) 23(17): 9919 (9 p.)

DOI: 10.3390/ijms23179919

IF 6.208 (2021)

6431

GÖÇ Y.B., POZIEMSKI J., SMOLIŃSKA W., SUWAŁA D., WIECZOREK G., NIEDZIAŁEK D.,
Tracking Topological and Electronic Effects on the Folding and Stability of Guanine-Deficient RNA
G-Quadruplexes, Engineered with a New Computational Tool for De Novo Quadruplex Folding.
International Journal of Molecular Sciences (2022) 23(19): 10990 (24 p.)
DOI: 10.3390/ijms231910990
IF 6.208 (2021)

6432

JARNOT P., ZIEMSKA-LEGIEĆKA J., GRYNBERG M., GRUCA A.,
Insights from analyses of low complexity regions with canonical methods for protein sequence
comparison.
Briefings in Bioinformatics (2022) 23(5): bbac299 (13 p.)
DOI: 10.1093/bib/bbac299
IF 13.994 (2021)

6433

FUDALA K., BIALIK R.J.,
Seals from outer space - Population census of southern elephant seals using VHR satellite imagery.
Remote Sensing Applications-Society and Environment (2022) 28: 100836 (7 p.)
DOI: 10.1016/j.rsase.2022.100836
IF -

6434

GRABOWSKI Ł., WĘGRZYN G., WĘGRZYN A., PODLACHA M.,
Highly different effects of phage therapy and antibiotic therapy on immunological responses of
chickens infected with *Salmonella enterica* serovar Typhimurium.
Frontiers in Immunology (2022) 13: 956833 (16 p.)
DOI: 10.3389/fimmu.2022.956833
IF 8.786 (2021)

6435

STOKOWA-SOŁTYS K., SZCZERBA K., PACEWICZ M., WIECZOREK R., WEZYNFELD N.E.,
BAL W.,
Interactions of neurokinin B with copper(II) ions and their potential biological consequences.
Dalton Transactions (2022) 51: 14267-14276
DOI: 10.1039/d2dt02033e
IF 4.569 (2021)

6436

NIEŚCIEROWICZ K., PRYSZCZ L., NAVARRETE C., TRALLE E., SULEJ A., ABU NAHIA K.,
KASPRZYK M.E., MISZTAŁ K., PATERIA A., PAKUŁA A., BOCHTLER M., WINATA C.,
Adar-mediated A-to-I editing is required for embryonic patterning and innate immune response
regulation in zebrafish.
Nature Communications (2022) 13(1): 5520 (14 p.)
DOI: 10.1038/s41467-022-33260-6
IF 17.694 (2021)

6437

ODOLCZYK N., KLIM J., PODSIADŁA-BIAŁOŚKÓRSKA M., WINIEWSKA-SZAJEWSKA M.,
SZOŁAJSKA E., ZIELENKIEWICZ U., POZNAŃSKI J., ZIELENKIEWICZ P.,
Improvement of native structure-based peptides as efficient inhibitors of protein-protein interactions of
SARS-CoV-2 spike protein and human ACE2.
Frontiers in Molecular Biosciences (2022) 9: 983014 (11 p.)
DOI: 10.3389/fmolb.2022.983014
IF 6.113 (2021)

6438

KOSZNIK-KWAŚNICKA K., KAŻMIERCZAK N., PIECHOWICZ L.,
Activity of Phage-Lactoferrin Mixture against Multi Drug Resistant *Staphylococcus aureus* Biofilms.
Antibiotics (2022) 11(9): 1256 (12 p.)
DOI: 10.3390/antibiotics11091256
IF 5.222 (2021)

6439

CZAPIŃSKA H., BOCHTLER M.,
The N ϵ -Rule for Serine, but Not Cysteine Catalytic Triads.
Angewandte Chemie International Edition (2022) 61(42): e202206945 (5 p.)
DOI: 10.1002/anie.202206945
IF 16.823 (2021)

6440

SŁOMIŃSKI B., JANKOWIAK M., MACIEJEWSKA A., STUDZIŃSKI M., MACZYŃSKA A.,
SKRZYPKOWSKA M., GABIG-CIMIŃSKA M., MYŚLIWIEC M.,
Genetic variation in C-reactive protein (CRP) gene is associated with retinopathy and hypertension in
adolescents with type 1 diabetes.
Cytokine (2022) 160: 156025 (5 p.)
DOI: 10.1016/j.cyto.2022.156025
IF 3.926 (2021)

6441

BALCERAK A., MACECH-KLICKA E., WAKUŁA M., TOMECKI R., GORYCĄ K.,
RYDZANICZ M., CHMIELARCZYK M., SZOSTAKOWSKA-RODZOS M., WIŚNIEWSKA M.,
ŁYCZEK F., HELWAK A., TOLLERVEY D., KUDŁA G., GRZYBOWSKA E.A.,
The RNA-Binding Landscape of HAX1 Protein Indicates Its Involvement in Translation and
Ribosome Assembly.
Cells (2022) 11(19): 2943 (22 p.)
DOI: 10.3390/cells11192943
IF 7.666 (2021)

6442

MYŚLAJEK R.W., STACHYRA P., FIGURA M., NĘDZYŃSKA-STYGAR M., STEFAŃSKI R.,
KORGA M., KWIATKOWSKA I., STĘPNIAK K.M., TOŁKACZ K., NOWAK S.,
Diet of the grey wolf *Canis lupus* in Roztocze and Solska Forest, south-east Poland.
Journal of Vertebrate Biology (2022) 71: 22040 (12 p.)
DOI: 10.25225/jvb.22040
IF 1.460 (2021)

6443

SAWICKA A.K., JAWORSKA J., BRZESKA B., SABISZ A., SAMBOROWSKA E.,
RADKIEWICZ M., SZUROWSKA E., WINKLEWSKI P.J., SZARMACH A., OLEK R.A.,
L-Carnitine Combined with Leucine Supplementation Does Not Improve the Effectiveness of
Progressive Resistance Training in Healthy Aged Women.
Journal of Nutrition Health & Aging (2022) 26(10): 945-953
DOI: 10.1007/s12603-022-1848-y
IF 5.285 (2021)

6444

ŁABUZ J., SZTATELMAN O., HERMANOWICZ P.,
Molecular insights into the phototropin control of chloroplast movements.
Journal of Experimental Botany (2022) 73(18): 6034-6051
DOI: 10.1093/jxb/erac271
IF 7.378 (2021)

6445

MAKSYMIAK K.M., SZUDZIK M., GAWRYŚ-KOPCZYŃSKA M., ONYSZKIEWICZ M.,
SAMBOROWSKA E., MOGILNICKA I., UFNAL M.,
Trimethylamine, a gut bacteria metabolite and air pollutant, increases blood pressure and markers of
kidney damage including proteinuria and KIM-1 in rats.
Journal of Translational Medicine (2022) 20(1): 470 (14 p.)
DOI: 10.1186/s12967-022-03687-y
IF 8.448 (2021)

6446

GAWLIK J., KOPER M., BOGDANOWICZ A., WĘGLEŃSKI P., DZIKOWSKA A.,
Nuclear Functions of KaeA, a Subunit of the KEOPS Complex in *Aspergillus nidulans*.
International Journal of Molecular Sciences (2022) 23(19): 11138 (20 p.)
DOI: 10.3390/ijms231911138
IF 6.208 (2021)

6447

WALKER P.J., SIDDELL S.G., LEFKOWITZ E.J., MUSHEGIAN A.R., ADRIAENSSENS E.M.,
ALFENAS-ZERBINI P., DEMPSEY D.M., DUTILH B.E., GARCIA M.L., HENDRICKSON R.C.
JUNGLÉN S., KRUPOVIC M., KUHN J.H., LAMBERT A.J., ŁOBOCKA M., OKSANEN H.M.,
ORTON R.J., ROBERTSON D.L., RUBINO L., SABANADZOVIC S., SIMMONDS P., SMITH
D.B., SUZUKI N., VAN DOORSLAER K., VANDAMME A-M., VARSANI A., ZERBINI F.M.,
Recent changes to virus taxonomy ratified by the International Committee on Taxonomy of Viruses (2022).
Archives of Virology (2022) 167(11): 2429-2440
DOI: 10.1007/s00705-022-05516-5
IF 2.685 (2021)

6448

PIOTROWSKA J., JODOI Y., HA TRANG, N., WAWRZYŃSKA A., TAKAHASHI H., SIRKO A.,
MARUYAMA-NAKASHITA A.,
The C-Terminal Region of SLIM1 Transcription Factor Is Required for Sulfur Deficiency Response.
Plants-Basel (2022) 11(19): 2595 (11 p.)
DOI: 10.3390/plants11192595
IF 4.658 (2021)

6449

WAWRZYNEK-BOREJKO J., PANASIUK A., HINKE J.T., KORCZAK-ABSHIRE M.,
Are the diets of sympatric Pygoscelid penguins more similar than previously thought?
Polar Biology (2022) 45(10): 1559–1569
DOI: 10.1007/s00300-022-03090-9
IF 2.198 (2021)

6450

KURYŁEK A., STASIAK M., KERN-ZDANOWICZ I.,
Virulence factors of *Streptococcus anginosus* – a molecular perspective.
Frontiers in Microbiology (2022) 13: 1025136 (15 p.)
DOI: 10.3389/fmicb.2022.1025136
IF 6.064 (2021)

6451

ZNÓJ A., GAWOR J., GROMADKA R., CHWEDORZEWSKA K.J., GRZESIAK J.,
Root-Associated Bacteria Community Characteristics of Antarctic Plants: *Deschampsia*
antarctica and *Colobanthus quitensis*-a Comparison.
Microbial Ecology (2022) 84(3): 808-820
DOI: 10.1007/s00248-021-01891-9
IF 4.192 (2021)

6452

KOCHMAN-KĘDZIORA N., NOGA T., OLECH M., VAN DE VIJVER B.,
The influence of penguin activity on soil diatom assemblages on King George Island, Antarctica with
the description of a new *Luticola* species.
PeerJ (2022) 10: e13624(31 p.)
DOI: 10.7717/peerj.13624
IF 3.061 (2021)

6453

LASKA M., LUKS B., KĘPSKI D., GADEK B., GŁOWACKI P., PUCZKO D., MIGAŁA K.,
NAWROT A., PĘTLICKI M.,
Hansbreen Snowpit Dataset - over 30-year of detailed snow research on an Arctic glacier.
Scientific Data (2022) 9(1): 656 (9 p.)
DOI: 10.1038/s41597-022-01767-8
IF 8.501 (2021)

6454

MULKA-GIEREK M., KRATA N., FORONCEWICZ B., PĄCZEK L., MUCHA K.,
The Different Patterns of Over-the-Counter Nonsteroidal Anti-Inflammatory Drugs or Analgesics Use
in Patients with Chronic Kidney Disease and the General Population.

Healthcare (2022) 10(10): 2035 (20 p.)

DOI: 10.3390/healthcare10102035

IF 3.160 (2021)

6455

BACIOR M., HARAŃCZYK H., NOWAK P., KIJAK P., MARZEC M., FITAS J., OLECH M.,
Low-temperature investigation of residual water bound in free-living Antarctic *Prasiola crispa*.

Antarctic Science (2022) 35(5): 389-400

DOI: 10.1017/S0954102022000335

IF 2.104 (2021)

6456

STEFANIUK A., GAWINKOWSKI S., GOLEC B., GORSKI A., SZUTKOWSKI K., WALUK J.,
POZNANSKI J.,

Isotope effects observed in diluted D₂O/H₂O mixtures identify HOD-induced low-density structures in
D₂O but not H₂O.

Scientific Reports (2022) 12(1): 18732 (11 p.)

DOI: 10.1038/s41598-022-23551-9

IF 4.997 (2021)

6457

WINIEWSKA-SZAJEWSKA M., CZAPIŃSKA H., KAUS-DROBEK M., FRICKE A.,
MIECZKOWSKA K., DADLEZ M., BOCHTLER M., POZNANSKI J.,

Competition between electrostatic interactions and halogen bonding in the protein–ligand system:
structural and thermodynamic studies of 5,6-dibromobenzotriazole-hCK2 α complexes.

Scientific Reports (2022) 12(1): 18964 (14 p.)

DOI: 10.1038/s41598-022-23611-0

IF 4.997 (2021)

6458

KOSTIUCHENKO O., LUSHNIKOVA I., KOWALCZYK M., SKIBA G.,
mTOR/ α -ketoglutarate-mediated signaling pathways in the context of brain neurodegeneration and
neuroprotection.

BBA Advances (2022) 2: 100066 (10 p.)

DOI: 10.1016/j.bbadva.2022.100066

IF -

6459

HERMAN K., MONTANARES M., BRAVO L., PLENZLER J.,
Sensor Actuator Network for In Situ Studies of Antarctic Plants Physiology.

Sensors (2022) 22(22): 8944 (15 p.)

DOI: 10.3390/s22228944

IF 3.847 (2021)

6460

KOTECKA K., KAWAŁEK A., MODRZEJEWSKA-BALCEREK M., GAWOR J., ŻUCHNIEWICZ
K., GROMADKA R., BARTOSIK A.A.,

Functional Characterization of TetR-like Transcriptional Regulator PA3973 from *Pseudomonas*
aeruginosa.

International Journal of Molecular Sciences (2022) 23(23): 14584 (25 p.)

DOI: 10.3390/ijms232314584

IF 6.208 (2021)

6461

LIUDKOVSKA V., KRAWCZYK P.S., BROUZE A., GUMIŃSKA N., WĘGIERSKI T., CYSEWSKI D., MACKIEWICZ Z., EWBANK J.J., DRABIKOWSKI K., MROCZEK S., DZIEMBOWSKI A.,
TENT5 cytoplasmic noncanonical poly(A) polymerases regulate the innate immune response in animals.

Science Advances (2022) 8(46): eadd9468 (21 p.)

DOI: 10.1126/sciadv.add9468

IF 14.980 (2021)

6462

KOTUNIAK R., SZCZERBA P., SUDZIK D., STRAMPRAAD M.J.F., HAGEDOORN P.L., BAL W.,
The rates of Cu(II)–ATCUN complex formation. Why so slow?

Dalton Transactions (2022) 51(46): 17553–17557

DOI: 10.1039/d2dt02856e

IF 4.569 (2021)

6463

PŁONKA D., WIŚNIEWSKA M.D., PERIS-DIAZ M.D., KRĘŻEL A., BONNA A.M., BAL W.,
An Overlooked Hepcidin–Cadmium Connection.

International Journal of Molecular Sciences (2022) 23(24): 15483 (14 p.)

DOI: 10.3390/ijms232415483

IF 6.208 (2021)

6464

TOBOLSKA A., GŁOWACZ K., CIOSEK-SKIBIŃSKA P., BAL W., WRÓBLEWSKI W.,
WEZYNFELD N.E.,

Dual mode of voltammetric studies on Cu(II) complexes of His2 peptides: phosphate and peptide sequence recognition.

Dalton Transactions (2022) 51(47): 18143–18151

DOI: 10.1039/d2dt03078k

IF 4.569 (2021)

6465

WAWRZYŃSKA A., PIOTROWSKA J., APODIAKOU A., BRÜCKNER F., HOEFGEN R., SIRKO A.,
The SLIM1 transcription factor affects sugar signaling during sulfur deficiency in Arabidopsis.

Journal of Experimental Botany (2022) 73(22): 7362–7379

DOI: 10.1093/jxb/erac371

IF 7.378 (2021)

6466

BOJARSKA J., BREŻA M., REMKO M., BOROWIECKI P., FRUZIŃSKI A., MADURA I.D.,
KACZMAREK K., LEŚNIKOWSKI Z., KRAJ A., ZIELENKIEWICZ P., WOLF W.M.,
Supramolecular synthon hierarchy in cyclopropyl-containing peptide-derived compounds.

Crystengcomm (2022) 24(48): 8372–8389

DOI: 10.1039/d2ce01231f

IF 3.756 (2021)

6467

GRABOWSKI Ł., WĘGRZYN G., WĘGRZYN A., PODLACHA M.,
Phage Therapy vs. the Use of Antibiotics in the Treatment of Salmonella-Infected Chickens:
Comparison of Effects on Hematological Parameters and Selected Biochemical Markers.

Antibiotics (2022) 11(12): 1787 (13 p.)

DOI: 10.3390/antibiotics11121787

IF 5.222 (2021)

6468

MARCINKOWSKI M., GARBICZ D., PILŻYS T., KUKWA W., GRZESIUK E.,
Selected ALKBH dioxygenases are overexpressed in salivary gland tumours.

Acta Biochimica Polonica (2022) 69(4): 889–894

DOI: 10.18388/abp.2020_6486

IF 2.349 (2021)

6469

DĄBROWSKA M., KĘPCZYŃSKA A., GOŹDZIK K., CAŁKA-KRESA M., SKONECZNY M., ZIELIŃSKI Z., DOLIGAŁSKA M., SIKORA E.,
Novel Role of Mammalian Cell Senescence-Sustenance of Muscle Larvae of *Trichinella* spp.
Oxidative Medicine and Cellular Longevity (2022) 2022: 1799839 (13 p.)
DOI: 10.1155/2022/1799839
IF 7.310 (2021)

6470

GŁUCHOWSKA A., CYSEWSKI D., BAJ-KRZYWORZEKA M., SZATANEK R., WĘGLARCZYK K., PODSZYWAŁOW-BARTNICKA P., SUNDERLAND P., KOZŁOWSKA E., ŚLIWIŃSKA M.A., DĄBROWSKI M., SIKORA E., MOSIENIAK G.,
Unbiased proteomic analysis of extracellular vesicles secreted by senescent human vascular smooth muscle cells reveals their ability to modulate immune cell functions.
GeroScience (2022) 44(6): 2863-2884
DOI: 10.1007/s11357-022-00625-0
IF 7.581 (2021)

6471

KRYSIŃSKA M., BARANOWSKI B., DESZCZ B., PAWŁOWSKI K., GRADOWSKI M.,
Pan-kinome of *Legionella* expanded by a bioinformatics survey.
Scientific Reports (2022) 12(1): 21782 (15 p.)
DOI: 10.1038/s41598-022-26109-x
IF 4.997 (2021)

6472

MOSSAKOWSKA B.J., FABISIEWICZ A., TUDEK B., SIEDLECKI J.A.,
Possible Mechanisms of Resistance Development to Photodynamic Therapy (PDT) In Vulvar Cancer Cells.
International Journal of Molecular Sciences (2022) 23(23): 14689 (21 p.)
DOI: 10.3390/ijms232314689
IF 6.208 (2021)

6473

LISOWSKA M., LICKISS F., GIL-MIR M., HUART A-S., TRYBALA Z., WAY L., HERNYCHOVA L., KREJCI A., MULLER P., KREJCIR R., ZHUKOV I., JURCZAK P., RODZIEWICZ-MOTOWIDŁO S., BALL K., VOJTESEK B., HUPP T., KALATHIYA U.,
Next-generation sequencing of a combinatorial peptide phage library screened against ubiquitin identifies peptide aptamers that can inhibit the *in vitro* ubiquitin transfer cascade.
Frontiers in Microbiology (2022) 13: 875556 (18 p.)
DOI: 10.3389/fmicb.2022.875556
IF 6.064 (2021)

6474

NOWACKA M., LATOCH P., IZERT M., KAROLAK N.K., TOMECKI R., KOPER M., TUDEK A., STAROSTA A.L., GÓRNA M.W.,
A cap 0-dependent mRNA capture method to analyze the yeast transcriptome.
Nucleic Acids Research (2022) 50 (22): e132 (14 p.)
DOI: 10.1093/nar/gkac903
IF 19.160 (2021)

6475

ŚWIGONSKA S., MOLCAN T., NYNCA A., CIERESZKO R.E.,
The involvement of CYP1A2 in biodegradation of dioxins in pigs.
PLOS ONE (2022) 17(5): e0267162 (22 p.)
DOI: 10.1371/journal.pone.0267162
IF 3.752 (2021)

6476

MASSALSKA M., CIECHOMSKA M., KUCA-WARNAWIN E., BURAKOWSKI T., KORNATKA A., RADZIKOWSKA A., PAWLAK D., MUZ B., ŁONIEWSKA-LWOWSKA A., PAŁUCHA A., MAŁDYK P., MAŚLIŃSKI W.,

Effectiveness of Soluble CTLA-4-Fc in the Inhibition of Bone Marrow T-Cell Activation in Context of Indoleamine 2,3-Dioxygenase (IDO) and CD4⁺Foxp3⁺Treg Induction.

Journal of Inflammation Research (2022) 15: 6813-6829

DOI: 10.2147/JIR.S359775

IF 4.631 (2021)

ABSTRAKTY 2022

4933/A

PAWŁOWSKA J., OKRASIŃSKA A., BŁOCKA Z., MUSZEWSKA A.,
Endohyphal bacteria and metabolic capacities of Mucoromycota fungi.
Westerdijk Spring Symposium Rise of the Fungi, Amsterdam, the Netherlands, 21-22 April 2022
Abstracts, poster 40

4934/A

MUSZEWSKA A., ORŁOWSKA M., STECZKIEWICZ K., PAWŁOWSKA J.,
Ancestral traits in the genomes of Mucoromycota fungi.
Westerdijk Spring Symposium Rise of the Fungi, Amsterdam, the Netherlands, 21-22 April 2022
Abstracts, poster 23

4935/A

ZHUKOV I., SZUTKOWSKI K., SVEDRUŽIĆ Ž., KWIA TEK W., KOZAK M.,
Structural analysis and molecular dynamic processes observed in A β 1-40 amyloid under interaction
with nanoparticles by means NMR spectroscopy and molecular dynamic
simulations.
The Biochemistry Global Summit- 25th IUBMB Congress, the 46th FEBS Congress and the 15th
PABMB Congress, Lisbon, Portugal, 9-14 July 2022
FEBS OPEN BIO (2022) 12 suppl.1 special issue, p.133, poster

4936/A

WAWRZYŃIAK P., BARTOSIK A.A., MIERZEJEWSKA J., ANDRES-MACH M., JAGURA-
BURDZY G.,
Mechanisms regulating the cellular level of the chromosome segregation protein ParB
in *Pseudomonas aeruginosa*.
International Biennial Conference Pseudomonas 2022, Atlanta, USA, 18-23 April 2022
Abstracts, poster PA-2022-A004

4937/A

KAWAŁEK A., BARTOSIK A.A., GŁĄBSKI K., WOŹNIAK D., WAWRZYŃIAK P., JAGURA-
BURDZY G.,
Analysis of *Pseudomonas aeruginosa* partitioning protein ParB protein-protein and protein-DNA
interaction network suggests its role beyond DNA segregation.
International Biennial Conference Pseudomonas 2022, Atlanta, USA, 18-23 April 2022
Abstracts, poster PA-2022-A019

4938/A

KOTECKA K., KAWAŁEK A., GAWOR J., ŻUCHNIEWICZ K., GROMADKA R., BARTOSIK A.A.,
Functional characterization of TetR-like transcriptional regulator PA3973 from *Pseudomonas*
aeruginosa.
International Biennial Conference Pseudomonas 2022, Atlanta, USA, 18-23 April 2022
Abstracts, poster PA-2022-C003

4939/A

PUCHAŁA W., BURDUKIEWICZ M., KISTOWSKI M., DĄBROWSKA K., GRZESIAK K.,
CYSEWSKI D., DADLEZ M.,
HaDeX 2.0: Web-server and R package for the hydrogen-deuterium exchange mass spectrometry
experiments data.
3rd International Conference of Hydrogen Deuterium Exchange Mass Spectrometry, London,
England, 24-26 April 2022
Abstracts, Poster

4940/A

DMOWSKI M., FIJAŁKOWSKA I.J.,

Gene expression changes in *Saccharomyces cerevisiae* cells with mutations in DPB2 and PSF1 genes.
6th DNA Polymerases Meeting, Stockholm, Sweden, 22-25 May 2022

Abstracts, poster

4941/A

ŁAZOWSKI K., FARAZ M., VAISMAN A., MCDONALD J.P., FIJAŁKOWSKA I.J., CLAUSEN A., MAKIEŁA-DZBEŃSKA K., WOODGATE R.,

Division of labour between RNase HII and RNase HI during Ribonucleotide Excision Repair on the leading and lagging DNA strands in *E.coli*.

6th DNA Polymerases Meeting, Stockholm, Sweden, 22-25 May 2022

Abstracts, poster

4942/A

PILKA N., HOFFMAN-SOMMER M., ŚWIEŻEWSKA E.,

Development-related changes of the content of dolichols and polyprenols in *Arabidopsis thaliana*.
EMBO|FEBS Lecture Course, Lipids, Proteins and their interaction in Organelle Biology, Spetses, Greece, 29 May - 4 June 2022

Abstracts, poster, oral presentation

4943/A

TYMOSZEWSKA A., ALEKSANDRZAK-PIEKARCZYK T.,

A new Family of Man-PTS-Targeting Bacteriocins.

15th International Scientific Conference on Probiotics, Prebiotics, Gut Microbiota and Health - IPC2022, Bratislava, Slovakia, 27-30 June 2022

Abstracts

4944/A

KASABUŁA M., PANJA CH., KUCHARCZYK R.,

The YNL320w – the uncharacterized protein involved in glutathione homeostasis in *S. cerevisiae*.

1st Polish Yeast Conference, Rzeszów, Polska, 22-24 June 2022

Abstract Book, poster

4945/A

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

Construction and application of the Bi-Genomic Mitochondrial-Split-GFP strain for screening the mitochondrial matrix echoforms of dualy localised proteins.

1st Polish Yeast Conference, Rzeszów, Polska, 22-24 June 2022

Abstract Book, poster

4946/A

MASANTA S., WIĘSYK A., PANJA CH., KUCHARCZYK R.,

Fmp40 - the only known ampylase in *Saccharomyces cerevisiae* - role in redox homeostasis.

1st Polish Yeast Conference, Rzeszów, Polska, 22-24 June 2022

Abstract Book, poster presentation

4947/A

KAMIŃSKA J.,

Helpful yeasts - how to find therapy for patients with VPS13 proteins deficit?

1st Polish Yeast Conference, Rzeszów, Polska, 22-24 June 2022

Abstract Book, oral presentation

4948/A

HAŁAS A., KRAWCZYK M., ŚLEDZIEWSKA-GÓJSKA E.,
Mms2 induced polymerase switch in *Saccharomyces cerevisiae*.
1st Polish Yeast Conference, Rzeszów, Polska, 22-24 June 2022

Abstract Book, poster

4949/A

ENKHBAATAR T., MALICKA D., SKONECZNY M., SKONECZNA A.,
Recruitment of RAD51 recombinase to the repair foci depends on SUMOylation.
1st Polish Yeast Conference, Rzeszów, Polska, 22-24 June 2022

Abstract Book, poster presentation

4950/A

KUCHARCZYK R.,
Mechanisms of ATP synthase defects due to mutations in mitochondrial ATP6 gene – yeast studies.
1st Polish Yeast Conference, Rzeszów, Polska, 22-24 June 2022

Abstract Book, oral presentation

4951/A

KABALA A.M., BIŃKO K., GODARD F., DAUTANT A., BARANOWSKA E., SKOCZEŃ N.,
GOMBEAU K., BOUHIER M., BECKER H.D., ACKERMAN S.H., STEINMETZ L.M.,
TRIBOUILLARD-TANVIER D., KUCHARCZYK R., DI RAGO J.-P.,
A new mechanism of ATP synthase subunits 6 (ATP6) AND 9 (ATP9) translation regulation by their
assembly in yeast mitochondria.

1st Polish Yeast Conference, Rzeszów, Polska, 22-24 June 2022

Abstract Book, poster

4952/A

SKONECZNY M.,
New import pathway to peroxisomes: some answers, more questions.
1st Polish Yeast Conference, Rzeszów, Polska, 22-24 June 2022

Abstract Book, oral presentation

4953/A

ANTONIUK-MAJCHRZAK J., DŁUGAJCZYK A., ENKHBAATAR T., KAMIŃSKA J.,
SKONECZNY M., KLIONSKY D.J., SKONECZNA A.,
Post-translational regulation of RAD51 recombinase in yeast *S. cerevisiae*.

1st Polish Yeast Conference, Rzeszów, Polska, 22-24 June 2022

Abstract Book, oral presentation

4954/A

BAGIŃSKA K., WIŚNIEWSKA M., KUBERSKA R., ŚLEDZIEWSKA-GÓJSKA E., KANIAK-
GOLIK A.,

Translesion synthesis polymerases in mitochondria of *Saccharomyces cerevisiae*.

1st Polish Yeast Conference, Rzeszów, Polska, 22-24 June 2022

Abstract Book, poster

4955/A

OLSZAK M., WAWRZYŃSKA A., SIRKO A.,
Mutual relationships between a selective autophagy receptor NBR1 and LSU1 protein in *Arabidopsis thaliana*.

LIX Zjazd Polskiego Towarzystwa Botanicznego, Warszawa, 26 June - 3 July 2022

Abstracts, poster

4956/A

MONTEZ M., MAJCHROWSKA M., KRZYSZTOŃ M., BOKOTA G., PLEWCZYŃSKI D., ŚWIEŻEWSKI S.,

Seed germination under salt stress is mediated by novel promoter-associated lncRNAs controlling DOG1 gene splicing and transcription dynamics.

32nd International Conference on Arabidopsis Research, Belfast, United Kingdom, 20-24 June 2022

Abstracts, poster

4957/A

PANJA CH., WIĘSYK A., NIEDŹWIECKA K., BARANOWSKA E., KUCHARCZYK R., Yor020W-A (Mco10): characterizing the unknown “subunit L” of mitochondrial ATP synthase of *Saccharomyces cerevisiae*.

1st Polish Yeast Conference, Rzeszów, Polska, 22-24 June 2022

Abstract Book, oral presentation

4958/A

ORŁOWSKA M., BARUA D., PIŁSYK S., MUSZEWSKA A.,

Fucose in fungi.

Meeting of the EMBO Young Investigator Network on Computational Methods in Ecology and Evolutionary Biology of Microbes, Chęciny, Polska, 7-9 July 2022

Book of Abstracts, talk

4959/A

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

Ancestral traits in the genomes of Mucoromycota fungi.

Meeting of the EMBO Young Investigator Network on Computational Methods in Ecology and Evolutionary Biology of Microbes, Chęciny, Polska, 7-9 July 2022

Book of Abstracts, talk

4960/A

GRECH-BARAN M., WITEK K., JONES J.DG., MARCZEWSKI W., HENNIG J.,

Rysto receptor recognises core structure of Potato Virus Y coat prot.

EAPR 2022, 21st Triennial Conference, Kraków, Poland, 4-8 July 2022

Abstracts, oral presentation

4961/A

JONES J.DG., HENNIG J., LINDQUIST-KREUZE H., GHISLAIN M., GRECH-BARAN M., JIA Y., SOHN K.H., HUANG S., WITEK K., WITEK A., HEAL R.,

Genetic approaches to increasing disease resistance in potato.

EAPR 2022, 21st Triennial Conference, Kraków, Poland, 4-8 July 2022

Abstracts

4962/A

KASZTELAN A., SZTATELMAN O., MASZKOWSKA J., SZEWC Ł., SZWEYKOWSKA-KULIŃSKA Z., JARMOŁOWSKI A., STAIGER D., DOBROWOLSKA G.,

ABA-unresponsive SnRK2 kinases are involved in the regulation of multiple aspects of RNA metabolism in plant response to salinity.

RNA 2022, Boulder, USA, 31 May-5 June 2022

Abstracts, poster

4963/A

MASANTA S., WIĘSYK A., PANJA CH., KUCHARCZYK R.,

Fmp 40, the only known ampylase in *Saccharomyces cerevisiae*, and its role in redox homeostasis.

Gordon Research Conference (Thiol-Based Redox Regulation and Signaling), Barcelona, Spain, 10-15 July 2022

Abstracts, poster presentation

4964/A

DMOWSKI M., FIJAŁKOWSKA I.J.,

Transcriptional changes in *Saccharomyces cerevisiae* CMGE mutants.

At the Intersection of DNA Replication and Genome Maintenance: from Mechanisms to Therapy,
Trieste, Italy, 5-7 July 2022

Abstracts, poster

4965/A

DMOWSKI M.,

Contribution of non-catalytic subunits of the helicase-polymerase complex to the maintenance of
genome stability in yeast.

1st Polish Yeast Conference, Rzeszów, Polska, 22-24 June 2022

Abstract Book, oral presentation

4966/A

KOTUNIAK R., UFNALSKA I., STRAMPRAAD M.J.F., HAGEDOORN P.L., BAL W.,

Semistable and redox active kinetic intermediates expose a gold mine of novel ideas for copper
biology.

The 8th International Symposium on Metallomics, Kanazawa, Japan, 11-14 July 2022

Abstracts, poster

4967/A

KAUSHAL V., KLIM J., ZIELENKIEWICZ U., KACZANOWSKI S.,

Apoptosis and mitochondrial domestication: co-evolution?

The Biochemistry Global Summit- 25th IUBMB Congress, the 46th FEBS Congress and the 15th
PABMB Congress, Lisbon, Portugal, 9-14 July 2022

FEBS OPEN BIO (2022) 12 suppl.1 special issue, p.26, oral presentation

4968/A

KLIM J., ZIELENKIEWICZ U., KURLANDZKA A., KACZANOWSKI S.,

Limited impact of genetic interaction network on the evolutionary trajectories in yeast *S. cerevisiae*.

The Biochemistry Global Summit- 25th IUBMB Congress, the 46th FEBS Congress and the 15th
PABMB Congress, Lisbon, Portugal, 9-14 July 2022

FEBS OPEN BIO (2022) 12 suppl.1 special issue, p.37, oral presentation

4969/A

SKONECZNA A., DŁUGAJCZYK A., SKONECZNY M.,

Functional genomics reveals the significance of vesicular trafficking for telomere length control.

36th International Specialised Symposium on Yeasts, Vancouver, Canada, 12-15 July 2022

Abstracts, oral presentation

4970/A

SKONECZNY M., SKONECZNA A.,

Massive transcriptional response of the *Saccharomyces cerevisiae* cells to a high concentration of
ethanol.

36th International Specialised Symposium on Yeasts, Vancouver, Canada, 12-15 July 2022

Abstracts, poster

4971/A

KAUSHAL V., KLIM J., ZIELENKIEWICZ U., KURLANDZKA A., KACZANOWSKI S.,

Apoptosis and mitochondrial domestication: co-evolution?

1st Polish Yeast Conference, Rzeszów, Polska, 22-24 June 2022

Abstracts, poster

4972/A

KLIM J., ZIELENKIEWICZ U., KURLANDZKA A., KACZANOWSKI S.,
Limited impact of genetic interaction network on the evolutionary trajectories in yeast *S. cerevisiae*.
1st Polish Yeast Conference, Rzeszów, Polska, 22-24 June 2022

Abstracts, poster

4973/A

DĄBROWSKA I., MACIEJEWSKA A.M.,
Tolerable hypermutation threshold upon acrolein and chloroacetaldehyde treatment differently influences the fitness of adaptive response defective *E. coli* strains.
13th International Conference on Environmental Mutagens, Ottawa, Canada, 27 August - 1 September 2022

Abstracts, oral presentation

4974/A

STEFAŃCZYK E., KAŁUSKI Ł., GŁOWACKA A., GAWOR J., EMPEL J., ORCZYKOWSKA-KOTYNA M., GROMADKA R., ŁOBOCKA M.,
A search for potential phage defense encoding loci in the mobilome of *Staphylococcus aureus* strains.
Viruses of Microbes, Guimarães, Portugal, 18 July - 22 July 2022

Abstracts, poster

4975/A

OLSZAK M., PIOTROWSKA J., BRZYWCZY J., SIENKO M., GÓRA-SOCHACKA A.,
WAWRZYŃSKA A., APODIAKOU A., HOEFGEN R., SIRKO A.,
Analysis of the promoter regions of LSU (RESPONSE TO LOW SULFUR) genes in *Arabidopsis thaliana*.

12th International Plant Sulfur Workshop, London, Ontario, Canada, 15-18 July 2022

Abstracts, oral presentation

4976/A

BEDNAREK A., CENA A., WOŹNICA W., ŁOBOCKA M.,
Strategies of bacteriophage P1 to optimize cell lysis process of different hosts and at different cell growth conditions.

Viruses of Microbes, Guimarães, Portugal, 18 July - 22 July 2022

Abstracts, poster

4977/A

KAŁUSKI Ł., STEFAŃCZYK E., GŁOWACKA-RUTKOWSKA A., SZCZYPKOWSKA A.,
GAWOR J., EMPEL J., ORCZYKOWSKA-KOTYNA M., GROMADKA R., ŁOBOCKA M.,
Easy to use experimental pipeline for the analysis and engineering of *Staphylococcus aureus* clinical isolates.

Viruses of Microbes, Guimarães, Portugal, 18 July - 22 July 2022

Abstracts, poster

4978/A

PIOTROWSKA J., NIEMIRO A., SIENKO M., OLSZAK M., WAWRZYŃSKA A., SIRKO A.,
Generation of single and multiple *Arabidopsis thaliana* mutants in LSU (response to low sulfur) genes and their preliminary analysis.

12th International Plant Sulfur Workshop, London, Ontario, Canada, 15-18 July 2022

Abstracts oral presentation

4979/A

WAWRZYŃSKA A., SIRKO A.,
Sugar signaling is affected by SLIM1 during sulfur deficiency in *Arabidopsis thaliana*.
12th International Plant Sulfur Workshop, London, Ontario, Canada, 15-18 July 2022

Abstracts, oral presentation

4980/A

SIRKO A.,

Selective autophagy cargo receptor modulates sulphur starvation response in *Arabidopsis thaliana*.

12th International Plant Sulfur Workshop, London, Ontario, Canada, 15-18 July 2022

Abstracts, oral presentation

4981/A

KUCZYŃSKA M., MOSKOT M., GABIG-CIMIŃSKA M.,

The influence of selected modulators of autophagy and lysosomal signaling pathway on the nuclear factor of activated T cells (NFAT) in relation to psoriasis.

The Biochemistry Global Summit- 25th IUBMB Congress, the 46th FEBS Congress and the 15th PABMB Congress, Lisbon, Portugal, 9-14 July 2022

FEBS OPEN BIO (2022) 12 suppl.1 special issue, p.200

4982/A

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

Bi-Genomic Mitochondrial-Split-GFP – the yeast system for screening the mitochondrial matrix echoforms of dually localized proteins.

21st European Bioenergetics Conference, Aix-en-Provence, France, 20-25 August 2022

Abstracts, poster

4983/A

STEFANIUK A., GAWINKOWSKI S., GOLEC B., GORSKI A., WALUK J., POZNAŃSKI J.,

Isotope effect in solute-solvent interactions.

24th International Conference on Horizons in Hydrogen Bond Research, Bilbao, Spain, 12-15 September 2022

Abstracts, poster

4984/A

KASABUŁA M., PANJA CH., KUCHARCZYK R.,

The YNL320w – the uncharacterized protein involved in glutathione homeostasis in *S. cerevisiae*.

The 21 st edition of the European Bioenergetics Conference, Aix-en Provance, France, 20-25 August 2022

Biochimica et Biophysica Acta - Bioenergetics (2022) 1863S: 103-104, poster

4985/A

MACIEJEWSKA A.M., DĄBROWSKA I.R., POZNAŃSKI J.,

Repair of RNA Exocyclic Adducts by *E.coli* AlkB Dioxygenase.

13th International Conference on Environmental Mutagens, Ottawa, Canada, 27 August - 1 September 2022

Abstracts, poster

4986/A

DADLEZ M.,

Multiple aspects of protein conformational dynamics revealed by hydrogen deuterium exchange.

XVIII Congress of the Polish Biophysical Society, Warsaw, Poland, 6-9 September 2022

Current Topics in Biophysics (2022) 43 (suppl A): 15, plenary lecture

4987/A

KOTUNIAK R., SZCZERBA P., STRAMPRAAD M.J.F., SUDZIK D., UFNALSKA I.,

HAGEDOORN P.L., BAL W.,

Kinetic aspects of extracellular copper transport.

XVIII Congress of the Polish Biophysical Society, Warsaw, Poland, 6-9 September 2022

Current Topics in Biophysics (2022) 43 (suppl A): 24-25, plenary lecture

4988/A

DETMAN A., LAUBITZ D., CAMPANARO S., BUCHA M., CHOJNACKA A., SIKORA A.,
Dynamika i złożoność wspólnot mikroorganizmów produkujących bio-wodór i bio-metan w układzie dwustopniowym.

XXIX Ogólnopolski Zjazd Polskiego Towarzystwa Mikrobiologów, Warszawa, Polska, 15-17 września 2022

Abstrakty, poster

4989/A

SIKORA A., DETMAN A., WIKTOROWSKA-SOWA E., NOSEK M., SZEWCZYK M., NOWAK SZ., PIOTROWSKI J.,

Cukrownia jako atrakcyjna lokalizacja innowacyjnych technologii energii odnawialnej.

XXIX Ogólnopolski Zjazd Polskiego Towarzystwa Mikrobiologów, Warszawa, Polska, 15-17 września 2022

Abstrakty, poster

4990/A

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

Funkcjonalna analiza białka wczesnego A_{94p4} bakteriofaga 94p4 *Lactococcus lactis*.

Symposium Bakteriofagowe, Gdańsk, Polska, 8-10 września 2022

Abstrakty, poster

4991/A

STEFAŃCZYK E., KAŁUSKI Ł., GŁOWACKA-RUTKOWSKA A., GAWOR J., EMPEL J.,

ŻUCHNIEWICZ K., ORCZYKOWSKA-KOTYNA M., GROMADKA R., ŁOBOCKA M.,

Poszukiwanie systemów odporności przeciwfagowej w mobilomie izolatów *Staphylococcus aureus*.

Symposium Bakteriofagowe, Gdańsk, Polska, 8-10 września 2022

Abstrakty, prezentacja ustna

4992/A

CHMIELEWSKA-JEZNACH M., STECZKIEWICZ K., KOBYLECKI K., SZCZEPANKOWSKA A.K.,

Analiza wczesnego białka faga F13 *Lactococcus lactis* wskazuje na funkcje jako ATP-zależna 5'-3' helikaza DNA.

Symposium Bakteriofagowe, Gdańsk, Polska, 8-10 września 2022

Abstrakty, poster

4993/A

KAŁUSKI Ł., STEFAŃCZYK E., GŁOWACKA-RUTKOWSKA A., SZCZYPKOWSKA A., GAWOR J., EMPEL J., ŻUCHNIEWICZ K., ORCZYKOWSKA-KOTYNA M., GROMADKA R., ŁOBOCKA M.,

Fag ASZ22RN: narzędzie do bioinżynierii.

Symposium Bakteriofagowe, Gdańsk, Polska, 8-10 września 2022

Abstrakty, prezentacja ustna

4994/A

KOTUNIAK R., PLICHTA M., BAL W.,

Kinetic studies of ATCUN complexes shed new light on eukaryotic copper uptake.

12th International Copper Meeting, Sorrento, Italy, 18-23 September 2022

Abstracts, poster

4995/A

KLEPKA M.T., WOLSKA A., DRZEWIECKA -ANTONIK A., MAXIMENKO A., ŁAWNICZAK-JABŁOŃSKA K., PIOTROWSKA J., OLSZAK M., WAWRZYŃSKA A., SIRKO A.,

Sulphur study in *Arabidopsis thaliana* using X-ray absorption spectroscopy.

Joint Meeting of the Polish Synchrotron Radiation Members and Solaris Centre Users, Krakow, Poland, 20-23 September 2022

Abstracts, poster presentation

4996/A

KURYŁEK A., GAWOR J., ŻUCHNIEWICZ K., GROMADKA R., KERN-ZDANOWICZ I.,
Defining the set of essential genes of invasive *Streptococcus anginosus* strain.
XXIX Ogólnopolski Zjazd Polskiego Towarzystwa Mikrobiologów, Warszawa, Polska, 15-17
września 2022

Abstrakty, poster

4997/A

KABALA A., BIŃKO K., GODARD F., DAUTANT A., BARANOWSKA E., SKOCZEŃ N.,
GOMBEAU K., BOUHIER M., BECKER H.D., ACKERMAN S.H., STEINMETZ L.M.,
TRIBOUILLARD-TANVIER D., KUCHARCZYK R., DI RAGO J.-P.,
A new mechanism of ATP synthase subunit 6 and 9 translation regulation by their assembly in yeast
mitochondria.

European Bioenergetic Conference, Aix-en-Provence, France, 20-25 August 2022

Abstracts, poster

4998/A

KUCHARCZYK R., BARANOWSKA E., NIEDŹWIECKA K., PANJA CH., DAUTANT A.,
POZNAŃSKI J., DI RAGO J.-P., TRIBOUILLARD-TANVIER D.,
Yeast as model to study the pathogenic mechanisms of mutations in mitochondrial *MT-ATP6* gene.
European Bioenergetic Conference, Aix-en-Provence, France, 20-25 August 2022

Abstracts, poster

4999/A

NOWAK K.P., GRUCHOTA J., ARNAIZ O., ZANGARELLI C., BETERMIER M., NOWAK J.K.,
Characterization of the multifunctional helicase Sen1 involved in developmental genome
rearrangements in *Paramecium tetraurelia*.

2022 Virtual Ciliate Molecular Biology Conference, 27 July 2022

Abstracts, poster

5000/A

UFNALSKA I., FRĄCZYK T., BAL W.,
In search of potential mechanism of copper ions reduction - interaction of Cu(II) bound to hCTR1
derivatives with GSH.

12th International Copper Meeting, Sorrento, Italy, 18-23 September 2022

Abstracts, poster

5001/A

CHARMANT O., GRUCHOTA J., ARNAIZ O., ZANGARELLI C., BETERMIER M., CHEVREUX
G., NOWAK J.K., DUHARCOURT S.,
A tandem zinc finger protein is required for small RNA turnover during programmed genome
elimination in *Paramecium tetraurelia*.

23rd National Congress on Transposable Elements, Gif-sur-Yvette, France, 4-6 July 2022

Abstracts, oral presentation

5002/A

PANJA CH., WIĘSYK A., NIEDŹWIECKA K., BARANOWSKA E., KUCHARCZYK R.,
Yor020W-A (MCo10): characterizing the unknown "subunit I" of mitochondrial ATP synthase
of *Saccharomyces cerevisiae*.

21st European Bioenergetics Conference, Aix-en-Provence, France, 20-25 August 2022

Abstracts, poster presentation

5003/A

MUSZEWSKA A., ORŁOWSKA M., SOKOŁOWSKA B., PAWŁOWSKA J.,
Podglądanie różnorodności linii ewolucyjnych królestwa Fungi.
Ogólnopolska Konferencja Naukowa z okazji 10-lecia Polskiego Towarzystwa Mykologicznego,
Poznań, Polska, 24-28 września 2022

Abstracts, talk

5004/A

WOLTYŃSKA A., GAWOR J., ŻUCHNIEWICZ K., OLECH M., GÓRNIAK D., GRZESIAK J.,
Biodiversity of Antarctic lichen bacterial communities (a comparison of cDNA and gDNA 16S rRNA
gene amplicon sequencing).

The 9th International Conference on Polar and Alpine Microbiology, Potsdam, Germany, 9-14
October 2022

Abstracts, poster

5005/A

VASILEUSKAYA A., BOGUSŁAWSKA J., SZCZEPANKOWSKA A.K.,
Cell-free supernatants and extracellular vesicles from *Lactococcus lactis* decrease colon cancer cells
proliferation and viability *in vitro*.

9th World Congress on Targeting Microbiota, Paris, France, 19-21 October 2022

Abstracts, poster

5006/A

SIKORA A., DETMAN A., WIKTOROWSKA-SOWA E., NOSEK M., SZEWCZYK M., NOWAK
SZ., PIOTROWSKI J.,

Anaerobic digestion of wastes and by-products of the sugar beet industry as a source of gaseous
biofuels.

Global Conference on Biofuels and Bioenergy, 21-22 October 2022, virtual event

Abstracts, oral presentation

5007/A

WEREMCZUK A., SUROWIECKI P., SURMACZ L.,

Does the subcellular localization of cis-prenyltransferase affect the length of the synthesized
polyisoprenoid chain?

17th GERLI Lipidomics meeting: Lipids: from membrane dynamics to signaling, Saint-Jean-Cap-
Ferrat, France, 6-9 November 2022

Abstracts, poster presentation

5008/A

HOFFMAN-SOMMER M., PIŁKA N., NOWAKOWSKA J., DAGDAS Y., ŚWIEŻEWSKA E.,
Investigating the role of the Arabidopsis thaliana TRAPP3-complex subunit AtTRAPP3C8.

EMBO Workshop The endoplasmic reticulum: The master regulator of membrane trafficking. Lucca,
Italy, 23-28 October 2022

Abstracts, poster presentation

5009/A

SZTOMPKA K., SUROWIECKI P., ŚWIEŻEWSKA E., SURMACZ L.,

Searching for protein partners of cis-prenyltransferase 4 (CPT4) in biosynthesis of polyisoprenoids
in *Arabidopsis thaliana*.

EMBO|FEBS Lecture Course, Lipids, Proteins and their interaction in Organelle Biology, Spetses,
Greece, 29 May - 4 June 2022

Abstracts, poster

5010/A

McINTYRE J., FEDOROWICZ M., ŚLEDZIEWSKA-GÓJSKA E.,

Regulation of the most mutagenic human DNA polymerase – polymerase η .

ProteoCure Annual Meeting, Ljubljana, Slovenia, 17-19 May, 2022

Abstracts, poster

5011/A

MARĆ M.A., KOWALCZYK M., JASTRZĄB R., RADZIWIŁŁ-BIEŃKOWSKA J.M.,
SZCZEPANKOWSKA A.K., MYTYCH J.,

Screening for 'probiotic' properties of lactobacilli strains isolated from various food products.

Targeting Microbiota, Paris, France, 19-21 October 2022

Abstracts, poster

5012/A

SIKORA A.,

Czy produkcja biowodoru może konkurować z produkcją biogazu (biometanu)?

III Ogólnopolska Konferencja Naukowa „OZE – Energia przyszłości”, wydarzenie online

Abstracts, oral presentation

5013/A

KOSTIUCHENKO O., KOPCZYŃSKA J., GODOWSKA M., SŁOMKA M., MALCZEWSKA K., KOWALCZYK M.,

Characterisation of lactococcal and leuconostoc strains in terms of potential probiotic properties.

Pasteur Jubilee Conference “The last word belongs to microbes”, Warsaw, Poland, 29-30 November 2022

Abstracts, poster

5014/A

DETMAN A., LAUBITZ D., CHOJNACKA A., SIKORA A.,

Efficiency of bio-hydrogen production as a result of dynamics of metabolic activity and composition of dark fermentation microbial communities: open-flow systems vs static batch experiments.

Pasteur Jubilee Conference “The last word belongs to microbes”, Warsaw, Poland, 29-30 November 2022

Abstracts, oral presentation

5015/A

DETMAN A., BUCHA M., TREU L., CHOJNACKA A., PLEŚNIAK Ł., CAMPANARO S., SIKORA A.,

Metabolic pathways of acetate, butyrate, lactate, and propionate in methane-yielding microbial communities – metagenomics and isotopic approaches.

Pasteur Jubilee Conference “The last word belongs to microbes”, Warsaw, Poland, 29-30 November 2022

Abstracts, poster presentation

5016/A

BARTOSIK A.A., KOTECKA K., KAWAŁEK A., MODRZEJEWSKA M., GAWOR J., ŻUCHNIEWICZ K., GROMADKA R.,

Functional characterization of TetR-like transcriptional regulator PA3973 from *Pseudomonas aeruginosa*.

Pasteur Jubilee Conference “The last word belongs to microbes”, Warsaw, Poland, 29-30 November 2022

Abstracts, poster

5017/A

KAWAŁEK A., BARTOSIK A.A., GAWOR J., ŻUCHNIEWICZ K., GROMADKA R., JAGURA-BURDZY G.,

Topology of *Pseudomonas aeruginosa* chromosome: the role of partitioning system ParAB-parS.

Pasteur Jubilee Conference “The last word belongs to microbes”, Warsaw, Poland, 29-30 November 2022

Abstracts, poster

5018/A

KLIM J., KAMIŃSKA J., KAUSHAL V., ZIELENKIEWICZ U.,

Laboratory sewage settling tank metabiome.

Pasteur Jubilee Conference “The last word belongs to microbes”, Warsaw, Poland, 29-30 November 2022

Abstracts, poster

5019/A

KORCZAK-ABSHIRE M.,

Be creative - a few ideas for effective presentations and public speaking.

ERASMUS+project610383-EPP-1-2019-1-DE-EPPKA2-CBHE-JP (2019-2086)

Enhancement of postgraduate studies in the sphere of sustainable agriculture and future farming systems (SAGRIS) 2nd block-seminar on module 3 "Advanced methods of scientific working", Almaty, Kazakhstan, 5-8 December 2022 (online)

Abstracts, oral presentation

5020/A

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

A novel approach to monitoring the impact of climate change on Antarctic ecosystems.

Expo 2020 in Dubai. Polar research in the era of the climate crisis. Polish Science Week, meet the Polish Academy of Sciences at the EXPO in Dubai, Dubai, United Arab Emirates, 22 February 2022

Abstracts oral presentation

5021/A

ONYŚK A., SUROWIECKI P., ŚWIEŻEWSKA E., NOWAK J.K., SURMACZ L.,

Polyisoprenoid biosynthesis in the unicellular eukaryote *Paramecium*.

EMBO FEBS Advanced Lecture Course, Lipids, Proteins and their interaction in Organelle Biology, Spetses, Greece, 29 May - 4 June 2022

Abstracts, poster presentation

5022/A

STECZKIEWICZ K., OZHELVACI F.,

Gauging the diversity of cysteine proteinases.

Proteolytic Enzymes and Their Inhibitors, Lucca, Italy, 5-10 June 2022

Abstracts, poster

5023/A

PUCHAŁA W., BURDUKIEWICZ M., GRZESIAK K., KISTOWSKI M., DADLEZ M.,

HaDeX: Easy-access complex HDX-MS Data Analysis.

HUPO 2022, Cancun, Mexico, 4-8 December 2022

Abstracts, poster

5024/A

CZARNOCKA-CIECIURA A., TURTOLA M.A., TOMECKI R., KRAWCZYK P., MROCZEK S., ORZEŁ W., SAHA U., JENSEN T.H., DZIEMBOWSKI A., TUDEK A.,

Stress conditions reveal deadenylation is a factor accelerating but not causative to decay rates in yeast *Saccharomyces*.

TERM, Seville, Spain, 15-17 December 2022

Abstracts, oral presentation

5025/A

DRABKO M., TOMECKI R., KOBYŁECKI K., JURKIEWICZ A., BOROWSKI Ł.S., PŁOSKI R., TUDEK A.,

Human WDR61 SKI and PAF complex subunit forms a novel vertebrate-specific complex with TTC33, CCDC97 and PHF5A.

TERM, Seville, Spain, 15-17 December 2022

Abstracts, oral presentation

5026/A

STECIUK J., CIEŚLA M., ROLICKA A.T., BINKOWSKI R., ĆWIEK P., KUBALA S., STACHOWIAK M., SARNOWSKA E., SARNOWSKI T.J.,

SWI/SNF subunits as candidates for synthetic lethality induction- the lesson from *Arabidopsis*.

Chromatin Structure and Function Conference, Castelldefels, Spain, 29 May -3 June 2022

Abstracts, poster

5027/A

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.
1st Polish Yeast Conference, Rzeszów, Polska, 22-24 June 2022

Abstract Book, poster

5028/A

ŁOBOCKA M.,

Perspektywy fagoterapii zakażeń gronkowcowych w świetle różnorodności mechanizmów
fagoodporności bakterii.

XXIX Ogólnopolski Zjazd Polskiego Towarzystwa Mikrobiologów, Warszawa, Polska, 15-17
września 2022

Abstracts, oral presentation

5029/A

ĆWIEK P., KUBALA S., SZARKOWSKA J., STACHOWIAK M., LESZCZYŃSKI M.,
BALCERAK A., FERNIE A.R., KONCZ C., SIEDLECKI J.A., SARNOWSKA E., SARNOWSKI
T.J.,

New insights into evolutionarily conserved interdependence between chromatin remodeling, mRNA
splicing and nuclear function of TOR kinase.

15th EMBL Conference: Transcription and Chromatin, Heidelberg, Germany, 27-30 August 2022

Abstracts, poster

5030/A

KUBALA S., ĆWIEK P., SACHAROWSKI S.P., SARNOWSKA E., 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., SIEDLECKI J.A., FERNIE A.R.,
DAVIS S.J., SARNOWSKI T.J.,

A novel nuclear function of ERECTA family proteins in Arabidopsis.

15th EMBL Conference: Transcription and Chromatin, Heidelberg, Germany, 27-30 August 2022

Abstracts, poster

5031/A

SARNOWSKA E., RUSETSKA N., ĆWIEK P., SZARKOWSKA J., JANCEWICZ I.,
STACHOWIAK M., WILGA M., KUBALA S., SIEDLECKI J.A., SARNOWSKI T.J.,
Does the SWI/SNF chromatin remodeling complex play similar roles in various types of cancer and
tumour infiltrating lymphocytes?

15th EMBL Conference: Transcription and Chromatin, Heidelberg, Germany, 27-30 August 2022

Abstracts, poster

5032/A

WILGA M., MAASSEN A., KOSIOR J., SZARKOWSKA J., SIEDLECKI J.A., SARNOWSKA E.,
SARNOWSKI T.J.,

Subunits of SWI/SNF chromatin remodeling complex are differentially affected in various lines of
clear cell renal cell carcinoma.

15th EMBL Conference: Transcription and Chromatin, Heidelberg, Germany, 27-30 August 2022

Abstracts, poster

5033/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 complex in organ-specific alternative transcripts
formation.

15th EMBL Conference: Transcription and Chromatin, Heidelberg, Germany, 27-30 August 2022

Abstracts, poster

5034/A

JOZGHORBANI M., KLUEBSOONGNOEN J., SAENSUWANNA A., KUBALA S., ĆWIEK P., WILGA M., WŁODARCZYK P., PRZYBYLSKA J., OSIECKA A., SARNOWSKA E., SARNOWSKI T.J.,

Overexpression of BRM a core SWI/SNF chromatin remodeling subunit in salivary gland adenoid cystic carcinoma (SACC) cell line upon treatment with brain extract.

The 7th Warsaw Conference on Perspectives of Molecular Oncology, Warsaw, Poland, 6-7 October 2022

Abstracts, poster

5035/A

SARNOWSKA E., RUSETSKA N., ĆWIEK P., SZARKOWSKA J., JANCEWICZ I., STACHOWIAK M., WILGA M., KUBALA S., MAASSEN A., SIEDLECKI J.A., SARNOWSKI T.J.,

Does the SWI/SNF chromatin remodeling complex play similar roles in various types of cancer and tumour infiltrating lymphocytes?

The 7th Warsaw Conference on Perspectives of Molecular Oncology, Warsaw, Poland, 6-7 October 2022

Abstracts, poster

5036/A

KLUEBSOONGNOEN J., KUBALA S., LERTPHADUNGKIT P., ĆWIEK P., STECIUK J., OKSIŃSKA P., ZABOROWSKA M., WILGA M., JOZGHORBANI M., SAENSUWANNA A., SARNOWSKA E., SARNOWSKI T.J., UDOMKIT A.,

Penaeus monodon- a shrimp model for studying steroid hormone role in ovary development and function.

The 7th Warsaw Conference on Perspectives of Molecular Oncology, Warsaw, Poland, 6-7 October 2022

Abstracts, poster

5037/A

SADAF H., STACHOWIAK M., ŚWIĄTEK M., DIN M., GARBICZ D., PASZKIEWICZ-KOZIK E., MARKOWICZ S., KONOPIŃSKI R., SARNOWSKI T.J., WALEWSKI J., SARNOWSKA E.,

Does PD-L1 Signaling contribute to the molecular alteration in classic Hodgkin lymphoma (cHL)?

The 7th Warsaw Conference on Perspectives of Molecular Oncology, Warsaw, Poland, 6-7 October 2022

Abstracts, poster

5038/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., SIEDLECKI J.A., FERNIE A.R., DAVIS S.J., SARNOWSKI T.J.,

A Novel Nuclear Function ERECTA Family Proteins in Arabidopsis.

The 7th Warsaw Conference on Perspectives of Molecular Oncology, Warsaw, Poland, 6-7 October 2022

Abstracts, poster

5039/A

SZURMAK J., ĆWIEK P., KUBALA S., WILGA M., STACHOWIAK M., SARNOWSKA E., SARNOWSKI T.J.,

Identification of the role of abnormal machinery associated with chromatin remodeling in metastasis of clear cell renal cell carcinoma.

The 7th Warsaw Conference on Perspectives of Molecular Oncology, Warsaw, Poland, 6-7 October 2022

Abstracts, poster

5040/A

ŚWIĄTEK M., STACHOWIAK M., KUBALA S., ĆWIEK P., SZURMAK J., ŚWIĆ A., BŁACHNIO K., WALEWSKI J., MARKOWICZ S., SARNOWSKI T.J., SARNOWSKA E.,
SARS-CoV-2 glycoprotein S causes profound alterations in expression patterns in human immune cellskinase.

The 7th Warsaw Conference on Perspectives of Molecular Oncology, Warsaw, Poland, 6-7 October 2022

Abstracts, poster

5041/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 remodelling complex in organ-specific alternative transcripts formation.

The 7th Warsaw Conference on Perspectives of Molecular Oncology, Warsaw, Poland, 6-7 October 2022

Abstracts, poster

5042/A

PETFALSKI E., TUROWSKI T.W., TOLLERVEY D.,
Co-transcriptional adenylation of nascent RNA polymerase I transcripts.
Ribosome synthesis, Engelberg, Switzerland, 17 – 21 August 2022

Abstracts, oral presentation

5043/A

WILGA M., MAASSEN A., KOSIOR J., SZARKOWSKA J., RUSETSKA N., SIEDLECKI J.A.,
SARNOWSKA E., SARNOWSKI T.J.,

Subunits of SWI/SNF chromatin remodeling complex are differentially affected in various lines of clear cell renal cell carcinoma.

The 7th Warsaw Conference on Perspectives of Molecular Oncology, Warsaw, Poland, 6-7 October 2022

Abstracts, poster, short oral presentation

5044/A

BINKOWSKI R., ĆWIEK P., STACHOWIAK M., STECIUK J., SARNOWSKI T.J.,
Validation of the binding specificity of the obtained nanobodies against SS18-SSX and EZH2 proteins.

The 7th Warsaw Conference on Perspectives of Molecular Oncology, Warsaw, Poland, 6-7 October 2022

Abstracts, poster

5045/A

ĆWIEK P., KUBALA S., SZARKOWSKA J., STACHOWIAK M., LESZCZYŃSKI M.,
BALCERAK A., FERNIE A.R., KONCZ C., SIEDLECKI J.A., SARNOWSKA E., SARNOWSKI T.J.,

New insights into evolutionarily conserved interdependence between chromatin remodeling, mRNA splicing and nuclear function of TOR kinase.

The 7th Warsaw Conference on Perspectives of Molecular Oncology, Warsaw, Poland, 6-7 October 2022

Abstracts, oral presentation

5046/A

SAENSUWANNA A., KLUEBSOONGNOEN J., JOZGHORBANI M., KUBALA S., ĆWIEK P.,
WILGA M., JAYA L.O.I., RYKAŁA M., PAPIERNIK B., SARNOWSKA E., SARNOWSKI T.J.,
A potential effect of epidrugs; histone deacetylase and DNA methyltransferase inhibitors in treatment of salivary gland adenoid cystic carcinoma (SACC) cell line.

The 7th Warsaw Conference on Perspectives of Molecular Oncology, Warsaw, Poland, 6-7 October 2022

Abstracts, poster

5047/A

STECIUK J., CIEŚLA M., ROLICKA A.T., BINKOWSKI R., ĆWIEK P., KUBALA S., STACHOWIAK M., SARNOWSKA E., SARNOWSKI T.J.,
SWI/SNF subunits as candidates for synthetic lethality induction- the lesson from Arabidopsis.
The 7th Warsaw Conference on Perspectives of Molecular Oncology, Warsaw, Poland, 6-7 October 2022

Abstracts, poster

5048/A

KURYŁEK A., GAWOR J., ŻUCHNIEWICZ K., GROMADKA R., KERN-ZDANOWICZ I.,
Defining the set of essential genes of invasive *Streptococcus anginosus* strain.
Pasteur Jubilee Conference "The last word belongs to microbes", Warsaw, Poland, 29-30 November 2022

Abstracts, poster

5049/A

KAUSHAL V., KLIM J., ZIELENKIEWICZ U., SKONECZNA A., KURLANDZKA A., KACZANOWSKI S.,
Experimental testing predictions of the endosymbiotic hypothesis of apoptosis origin.
Mechanisms of Aging, Cold Spring Harbor Laboratory Meeting, 27 September - 1 October 2022

Abstracts, poster

5050/A

ANIELSKA-MAZUR A., POLKOWSKA-KOWALCZYK L., RACHOWKA J., KRZYSZTOŃ M., KULIK A.,
The SnRK2.4 and SnRK2.10 kinases act redundantly to initiate developmental- but not salinity-induced leaf senescence.
Salt and Water Stress in Plants; Gordon Research Conference - Mechanisms of Abiotic Stress Resilience and Applications for Agriculture, Les Diablerets, Switzerland, 22-27 May 2022

Abstracts, poster

5051/A

TAHMAZ I., TOPF U.,
The function of the molecular co-chaperone prefoldin during cellular homeostasis.
1st Polish Yeast Conference, Rzeszów, Polska, 22-24 June 2022

Abstract Book, poster

5052/A

KORYSZEWSKA-BAGIŃSKA A., ALEKSANDRZAK-PIEKARCZYK T., JARZYŃKA S., OLĘDZKA G.,
Analiza zdolności szczepów *Pseudomonas aeruginosa* izolowanych z dróg oddechowych dorosłych pacjentów chorych na mukowiscydozę do rozkładu różnych źródeł węgla przy użyciu techniki mikromacierzy fenotypowych.
i szczepów *Pseudomonas aeruginosa* izolowanych z dróg oddechowych dorosłych pacjentów chorych na mukowiscydozę do rozkładu różnych źródeł węgla przy użyciu techniki mikromacierzy fenotypowych.
XXIX Zjazd Polskiego Towarzystwa Mikrobiologów, Warszawa, Polska, 15-17 września 2022

Abstracts, poster

5053/A

ZADALIMOMEM R., TOPF U.,
Identification of consequences of ribosome heterogeneity for cellular protein homeostasis.
1st Polish Yeast Conference, Rzeszów, Polska, 22-24 June 2022

Abstract Book, poster

5054/A

GOŚCIŃSKA K., SHAHMORADI-GHAHE S., TOPF U.,
Crosstalk between mitochondria and cytosolic translation machinery.
1st Polish Yeast Conference, Rzeszów, Polska, 22-24 June 2022

Abstract, oral presentation

5055/A

GOŚCIŃSKA K., SHAHMORADI-GHAHE S., TOPF U.,
Crosstalk between mitochondria and cytosolic translation machinery.
EMBO: thiole oxidation in biology. Biochemical mechanisms to physiological outcomes, Sant Feliu de Guixols, Spain, 8-13 October 2022

Abstract, oral presentation

5056/A

SHAHMORADI-GHAHE S.,
The role of prefoldin complex in maintenance of protein homeostasis.
First Annual Meeting of the ProteoCure COST Action, Ljubljana, Slovenia, 17-19 May 2022

Abstract, poster

5057/A

JONAK K.,
Analysis of evolutionarily conserved oxidation changes of proteins during eukaryotic ageing.
1st Polish Yeast Conference, Rzeszów, Polska, 22-24 June 2022

Abstract, poster

5058/A

GADECKA A., KOBLOWSKA M., KOSSOWSKA H., NOWAK N., BIELAK-ŻMIJEWSKA A.,
Nuclear changes in prematurely and replicatively senescent vascular smooth muscle cells.
2nd EURO GEROSCIENCE Conference, Toulouse, France, 24-25 March 2022

Abstract, poster

J Nutr Health Aging.2022;26(4):438-481 Published online April 2, 2022,
<https://doi.org/10.1007/s12603-022-1772-1>

5059/A

LITWINIUK A., IWANICKA-NOWICKA R., KOSSOWSKA H., RYBICKA B., KRYST P.,
POLATAJEW S., GONCZAR S., ŻYCKA-KRZESIŃSKA J., KOBLOWSKA M., KALISZ M.,
PIEKIELKO-WITKOWSKA A. BIK W., BOGUSŁAWSKA J.,
Morphological, immunological and genetic characteristics of peritumoral adipose tissue in renal cell carcinoma.
The 7th Warsaw Conference On Perspectives of Molecular Oncology, Warsaw, Poland, 6-7 October 2022

Abstract, poster

5060/A

BOGUSŁAWSKA J., KOSSOWSKA H., IWANICKA-NOWICKA R., POPŁAWSKI P., BIAŁAS A.,
ZARYCHTA-WIŚNIEWSKA W., BURDZIŃSKA A., PĄCZEK L., KOBLOWSKA M.,
PIEKIELKO-WITKOWSKA A.
Transfection of human mesenchymal stromal cells with piR-004153 leads to downregulation of FGF2, SLC7A5 and WISP1 expression.
The 7th Warsaw Conference On Perspectives of Molecular Oncology, Warsaw, Poland, 6-7 October 2022

Abstract, poster

5061/A

CIEŚLA M.,
RNA polymerase III transcription, novel layers of regulation.
1st Polish Yeast Conference, Rzeszów, Polska, 22-24 June 2022

Abstract, oral presentation

5062/A

ŁOPUSIŃSKA A., BOGUTA M., CIEŚLA M.,
Transcription efficiency of tRNA genes depends on the Rsp5 ligase.
1st Polish Yeast Conference, Rzeszów, Polska, 22-24 June 2022

Abstract, poster

5063/A

ARMATOWSKA A., SŁUPSKI J., BOGUTA M., CIEŚLA M.,
Inactivation of MAF1, gene encoding negative regulator of RNA polymerase III, has multiple effects on translation.
1st Polish Yeast Conference, Rzeszów, Polska, 22-24 June 2022

Abstract, poster

5064/A

KOLOMIETS L., VOROBYOVA N., VOROBYOVA N., LOZHKO D., ZHUKOV I.,
KORNELYUK A.I.,
Stabilization of AIMP1/p43 cytokine in the complexes with dextran-70 and hydroxypropyl- β -cyclodextrin.
NanoTech Poland 2022, Poznań, 1-3 June 2022

Abstracts, oral presentation

5065/A

ŻYŁA A., MARTEL A., JURCZAK P., ZHUKOV I., SZYMAŃSKA A., KOZAK M.,
Structural characterization of selected A β peptides in the presents of protein human Cystatin C.
NanoTech Poland 2022, Poznań, 1-3 June 2022

Abstracts, poster

5066/A

ZHUKOV I., SZUTKOWSKI K., SVEDRUŽIĆ Ž., MAKSYM J., RUCIŃSKA K., KWIATEK W.,
KOZAK M.,
Structural dynamic processes observed in A β 1-40 in monomeric and profibril forms under interaction with small 25 nm nanoparticles by multidimensional NMR spectroscopy and molecular dynamic simulations.
NanoTech Poland 2022, Poznań, 1-3 June 2022

Abstracts, poster

5067/A

ZHUKOV I., JURCZAK P., SZUTKOWSKI K., SZYMAŃSKA A., KOZAK M.,
Analysis molecular dynamic processes in human cystatin C in different environments based on 15N relaxation data collected by several NMR techniques.
CYSTATINS 2022, Gdańsk, Poland, 16-18 June 2022

Abstracts, oral presentation

5068/A

ŻYGOWSKA J., ZHUKOV I., SKOWRON P., SZYMAŃSKA A.,
Impact of copper ions on stability and aggregation of human cystatin C and its variants.
CYSTATINS 2022, Gdańsk, Poland, 16-18 June 2022

Abstracts, oral presentation

5069/A

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.
CYSTATINS 2022, Gdańsk, Poland, 16-18 June 2022

Abstracts, poster

5070/A

WÓJCIK-DŁUGOBORSKA K.A., BIALIK R.,

Observations of glacial meltwater in West Antarctica with the use of high-resolution Unoccupied Aerial Vehicle sensors.

10th SCAR Open Science Conference, Goa, India, 1-10 August 2022

Abstracts, poster

5071/A

CUKIER S., FUDALA K.,

Human-mediated dispersal of Antarctic invertebrates.

10th SCAR Open Science Conference, Goa, India, 1-10 August 2022

Abstracts, oral presentation

5072/A

PLENZLER J., WĘGŁOWSKA E., PIOTROWICZ K., BUDZIK T., RYMER W.,

Wind Chill Index Variability at King George Island (South Shetland Islands) in 2015-2019.

10th SCAR Open Science Conference, Goa, India, 1-10 August 2022

Abstracts, oral presentation

5073/A

TOŁKACZ K.,

Trichocera maculipennis eradication efforts at Henryk Arctowski Polish Antarctic Station (King George Island, South Shetland Islands, Antarctica) – lessons learnt after 5 years of battle.

10th SCAR Open Science Conference, Goa, India, 1-10 August 2022

Abstracts, oral presentation

5074/A

NOWAK K.P., GRUCHOTA J., ARNAIZ O., NOWAK J.K.,

Charakterystyka wielofunkcyjnej helikazy Sen1 zaangażowanej w rearanżację genomu.

Ogólnopolska Konferencja Genetyczna "Genomica", Kraków, 20-22 maj 2022

Abstracts, oral presentation

5075/A

SŁOMCZEWSKA J., SZYMAŃSKA A., ZHUKOV I.,

Structural analysis of cyclic AMP peptide in solution and DPC micelle by multidimensional NMR spectroscopy.

Pasteur Jubilee Conference "The last word belongs to microbes", Warsaw, Poland, 29-30 November 2022

Abstracts, poster

5076/A

ŁAZOWSKI K., FARAZ M., VAISMAN A., MCDONALD J.P., FIJAŁKOWSKA I.J., CLAUSEN A., MAKIEŁA-DZBENSKA K., WOODGATE R.,

Division of labour between RNase HII and RNase HI during Ribonucleotide Excision Repair on the leading and lagging DNA strands in *E.coli*.

Gordon Research Conference Mutagenesis, Newry, Maine, USA, 12-17 June 2022

Abstracts, poster, short talk

5077/A

KAMIŃSKA P., JAKIEL M., BAKUN M., DRAMIŃSKI M., OBRĘBSKI T., KAMIŃSKA B., DADLEZ M., DĄBROWSKI M.J., MALIK A.,

SorLa limits anti-inflammatory actions of glioma-associated microglia/macrophages and can be targeted to prevent glioma growth.

Brain Tumors 2022: From Biology to Therapy, Warsaw, Poland, 22-24 June 2022

Abstracts, poster

ROZPRAWY HABILITACYJNE 2022

1052/N

CIEŚLA MAŁGORZATA

Biogeneza i regulacja polimerazy III RNA u drożdży *Saccharomyces cerevisiae*.

2022-08-01

Awarding of the degree of Doctor Habilitatus - August 1, 2022

Research done in Institute of Biochemistry and Biophysics, Polish Academy of Sciences.

1053/N

KOZŁOWSKI ŁUKASZ

Przewidywanie punktu izoelektrycznego białek i peptydów oraz stałych dysocjacji aminokwasów.

2022-10-04

Awarding of the degree of Doctor Habilitatus - October 4, 2022

Research done in Institute of Biochemistry and Biophysics, Polish Academy of Sciences.

ROZPRAWY DOKTORSKIE 2022

1054/N

KOTECKA KAROLINA

Analiza funkcjonalna regulatorów transkrypcji PA3027 i PA3458 z *Pseudomonas aeruginosa*.
(Functional analysis of transcriptional regulators PA3027 and PA3458 from *Pseudomonas aeruginosa*.)

Presented January 18, 2022

Research done in Institute of Biochemistry and Biophysics, Polish Academy of Sciences.

Ph.D. Thesis Supervisor: dr hab. Aneta Bartosik

[ang]

1055/N

WOJCIECHOWSKA KAROLINA J.

(ESCRT-I depletion sensitizes cancer cells to TRAIL-induced apoptosis through accumulated TRAILR2.)

Presented January 11, 2022

Research done in International Institute of Molecular and Cell Biology and Institute of Biochemistry and Biophysics, Polish Academy of Sciences.

Ph.D. Thesis Supervisors: prof. dr hab. Marta Międzyńska, dr Kamil Jastrzębski

[ang]

1056/N

KRAWCZYK MICHAŁ

Nowe mechanizmy angażujące białko Mms2 w kształtowaniu stabilności genetycznej komórek drożdży *Saccharomyces cerevisiae*.

(New mechanisms engaging Mms2 protein in shaping genetic stability of *Saccharomyces cerevisiae*.)

Presented January 11, 2022

Research done in Institute of Biochemistry and Biophysics, Polish Academy of Sciences.

Ph.D. Thesis Supervisors: prof. dr hab. Ewa Śledzińska-Gójska, dr Agnieszka Hałas

[pol]

1057/N

GARBICZ DAMIAN

Poszukiwanie związków o działaniu przeciwnowotworowym wśród stilbenów i oksepin oraz inhibitorów białek z rodziny ALKBH i HDAC.

(Searching for compounds with anticancer activity among stilbens and oxepins, and ALKBH and HDAC protein inhibitors.)

Presented February 1, 2022

Research done in Institute of Biochemistry and Biophysics, Polish Academy of Sciences.

Ph.D. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Elżbieta Grzesiuk

[pol-ang]

1058/N

MARCINKOWSKI MICHAŁ

Biochemiczna i biofizyczna charakterystyka dioksygenazy FTO.

(Biochemical and biophysical characterization of FTO dioxygenase.)

Presented February 1, 2022

Research done in Institute of Biochemistry and Biophysics, Polish Academy of Sciences.

Ph.D. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Elżbieta Grzesiuk

[pol-ang]

1059/N**ŚLADOWSKA MARIA**

Mechanizmy homeostazy białkowej w warunkach stresu mitochondrialnego w nicieniu *Caenorhabditis elegans*.

(Mechanisms of protein homeostasis upon mitochondrial stress in *Caenorhabditis elegans*.)

Presented March 1, 2022

Research done in Centre of New Technologies University of Warsaw, International Institute of Molecular and Cell Biology and Institute of Biochemistry and Biophysics, Polish Academy of Sciences.

Ph.D. Thesis Supervisors: prof. dr hab. Agnieszka Chacińska, dr hab. Ulrike Topf

[ang]

1060/N**DRABIŃSKA JOANNA**

Analiza funkcjonalna wybranych białek z rodziny Nudix oraz białka PA2504 - partnera hydrolazy Nudix RppH *Pseudomonas aeruginosa*.

(Functional analysis of chosen Nudix proteins and the PA2504 protein - partner of the RppH Nudix hydrolase of *Pseudomonas aeruginosa*.)

Presented March 3, 2022

Research done in Institute of Biochemistry and Biophysics, Polish Academy of Sciences.

Ph.D. Thesis Supervisor: dr hab. Elżbieta Kraszewska

[pol]

1061/N**KOTUNIAK RADOSŁAW**

Kinetyka reakcji wiązania jonów miedzi z cząsteczkami transportowymi osocza krwi.

(Kinetics of the copper ions binding reaction with blood serum transport molecules.)

Presented March 22, 2022

Research done in Institute of Biochemistry and Biophysics, Polish Academy of Sciences.

Ph.D. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Wojciech Bal

[pol]

1062/N**GOŚCIŃSKA KAROLINA BOGUMIŁA**

Identyfikacja molekularnego mechanizmu regulującego cytoplazmatyczną translację podczas dysfunkcji mitochondriów.

(Identification of molecular mechanism regulating cytoplasmic translation upon defective mitochondria.)

Presented March 8, 2022

Research done in Centre of New Technologies University of Warsaw, International Institute of Molecular and Cell Biology and Institute of Biochemistry and Biophysics, Polish Academy of Sciences.

Ph.D. Thesis Supervisors: dr hab. Ulrike Topf, prof. dr hab. Agnieszka Chacińska

[ang]

1063/N**MITKOWSKI PAWEŁ**

Charakterystyka strukturalna i biochemiczna domen: katalitycznej (M23) i wiążącej substrat (SH3b) występujących w hydrolazach peptydoglikanowych.

(Structural and biochemical characterization of: catalytic (M23) and substrate-binding (SH3b) domains found in peptidoglycan hydrolases.)

Presented May 19, 2022

Research done in International Institute of Molecular and Cell Biology and Institute of Biochemistry and Biophysics, Polish Academy of Sciences.

Ph.D. Thesis Supervisors: dr hab. Izabela Sabała, dr Elżbieta Jagielska

[pol-ang]

1064/N**RYMER ŁUKASZ**

Charakterystyka nowego szlaku importu białek do peroksysomów w drożdżach *Saccharomyces cerevisiae* z zastosowaniem katalazy A jako białka modelowego.

(Characteristics of a new protein import pathway to peroxisomes in yeast *Saccharomyces cerevisiae* with the use of catalase A as a model protein.)

Presented May 24, 2022

Research done in Institute of Biochemistry and Biophysics, Polish Academy of Sciences.

Ph.D. Thesis Supervisor: dr hab. Marek Skoneczny

[pol]

1065/N**MODRZEJEWSKA MAGDALENA EWA**

Rola czynników transkrypcyjnych PA2121 i PA2577 w sieci regulacyjnej *Pseudomonas aeruginosa*.

(The role of PA2121 and PA2577 transcriptional factors in the regulatory network of *Pseudomonas aeruginosa*.)

Presented May 31, 2022

Research done in Institute of Biochemistry and Biophysics, Polish Academy of Sciences.

Ph.D. Thesis Supervisor: dr hab. Aneta Bartosik

[pol-ang]

1066/N**JĘDRYCHOWSKA MAŁGORZATA ANNA**

Wpływ kompleksu GINS na utrzymanie stabilności powtarzających się sekwencji DNA w komórkach *Saccharomyces cerevisiae*.

(Proper functioning of the GINS complex influences the stability of repetitive DNA sequences in *Saccharomyces cerevisiae*.)

Presented May 31, 2022

Research done in Institute of Biochemistry and Biophysics Polish Academy of Sciences.

Ph.D. Thesis Supervisors: prof. dr hab. Iwona Fijałkowska, dr Michał Dmowski

[pol-ang]

1067/N**WYSOCKA ALICJA**

Charakterystyka biochemiczna przedstawicieli hydrolaz peptydoglikanowych z rodziny M23 i ich wykorzystanie w opatrunkach przeciwbakteryjnych.

(Biochemical characterization of selected peptidoglycan hydrolases of the M23 family and their use in antimicrobial wound dressings.)

Presented June 9, 2022

Research done in International Institute of Molecular and Cell Biology and Institute of Biochemistry and Biophysics, Polish Academy of Sciences.

Ph.D. Thesis Supervisors: dr hab. Izabela Sabała, dr Elżbieta Jagielska

[ang]

1068/N**RAFALSKI DOMINIK**

Dioksygenazy Tet u kręgowców i bezkręgowców.

(Vertebrate and invertebrate Tet dioxygenases.)

Presented June 9, 2022

Research done in International Institute of Molecular and Cell Biology and Institute of Biochemistry and Biophysics Polish Academy of Sciences.

Ph.D. Thesis Supervisor: prof.dr hab. Matthias Bochtler

[ang]

1069/N

ORŁOWSKA MAŁGORZATA

Różnorodność składu genomów starych ewolucyjnie grzybów.

(Diversity of genome content in early diverging fungi.)

Presented June 14, 2022

Research done in Institute of Biochemistry and Biophysics, Polish Academy of Sciences.

Ph.D. Thesis Supervisor: dr hab. Anna Muszewska

[pol-ang]

1070/N

TYMOSZEWSKA ALEKSANDRA

Bakteriocyny klasy II bakterii Gram-dodatnich – oddziaływania z receptorem i rozwój oporności.

(Class II bacteriocins of Gram-positive bacteria – interactions with the receptor and the development of resistance.)

Presented June 14, 2022

Research done in Institute of Biochemistry and Biophysics, Polish Academy of Sciences.

Ph.D. Thesis Supervisor: dr hab. Tamara Aleksandrak-Piekarczyk

[ang]

1071/N

CYSEWSKI DOMINIK

Synteza białek w synapsach - analiza proteomiczna.

(Local translation in the synapse - proteomic analysis.)

Presented June 23, 2022

Research done in Institute of Biochemistry and Biophysics Polish Academy of Sciences.

Ph.D. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Andrzej Dziembowski

[pol-ang]

1072/N

LEWANDOWSKA-GNATOWSKA ELŻBIETA

Odpowiedź roślin na zranienia mechaniczne: rola kinaz białkowych zależnych od wapnia (CDPK) i metylacji DNA w szlakach sygnałowych stresu u kukurydzy i jęczmienia.

(Plant response to mechanical wounding: the role of Calcium-Dependent Protein Kinases (CDPKs) and DNA methylation in maize and barley stress signaling pathways.)

Presented July 12, 2022

Research done in Institute of Biochemistry and Biophysics Polish Academy of Sciences.

Ph.D. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Grażyna Muszyńska

[ang]

1073/N

BORECZEK JAKUB

Analiza różnorodności mikrobiologicznej zakwasów piekarskich w kierunku selekcji szczepów bakterii do kultur starterowych przeznaczonych do produkcji pieczywa pełnoziarnistego.

(Analysis of microbial diversity in sourdoughs towards selection of bacterial strains for starter cultures dedicated for the whole meal bread production.)

Presented September 6, 2022

Research done in Institute of Biochemistry and Biophysics Polish Academy of Sciences.

Ph.D. Thesis Supervisor: dr hab. Magdalena Kowalczyk

[pol-ang]

1074/N

ZNÓJ ANNA

Mikrobiota ryzosfery inwazyjnych i rodzimych roślin Magnoliophyta w Antarktyce.
(Rhizosphere microbiota of invasive and native Magnoliophyta plants in Antarctica.)

Presented September 13, 2022

Research done in Institute of Biochemistry and Biophysics, Polish Academy of Sciences.

Ph.D. Thesis Supervisors: dr hab. inż. Katarzyna Chwedorzewska, dr Jakub Grzesiak

[pol-ang]

1075/N

KWIATKOWSKI JAKUB

Znaczenie poziomu wapnia dla struktury i funkcji HopQ1 - czynnika wirulencji fitopatogennych bakterii *Pseudomonas syringae*.

(Effect of calcium levels on structure and function of HopQ1 - a virulence factor of phytopathogenic bacteria *Pseudomonas syringae*.)

Presented September 15, 2022

Research done in Institute of Biochemistry and Biophysics, Polish Academy of Sciences.

Ph.D. Thesis Supervisor: dr hab. Magdalena Krzymowska

[ang]

1076/N

SUROWIECKI PRZEMYSŁAW

Charakterystyka wybranych *cis*-prenylotransferaz zaangażowanych w biosyntezę poliizoprenoidów u *Arabidopsis thaliana*.

(Characterization of selected *cis*-prenyltransferases involved in the biosynthesis of polyisoprenoids in *Arabidopsis thaliana*.)

Presented September 15, 2022

Research done in Institute of Biochemistry and Biophysics, Polish Academy of Sciences.

Ph.D. Thesis Supervisor: dr hab. Liliana Surmacz

[pol]

1077/N

POLAKOWSKA MAGDALENA

Plastyczność konformacyjna i reaktywność cystein w potranslacyjnej regulacji wielofunkcyjnych ludzkich białek S100A8 i S100A9.

(Conformational plasticity and cysteine reactivity in posttranslational regulation of multifunctional human S100A8 and S100A9 proteins.)

Presented September 29, 2022

Research done in Institute of Biochemistry and Biophysics, Polish Academy of Sciences.

Ph.D. Thesis Supervisors: prof. dr hab. Michał Dadlez, dr Aleksandra Wyslouch-Cieszyńska

[pol]

1078/N

GŁOWACKA-RUTKOWSKA ALEKSANDRA

Wybrane właściwości obligatoryjnie litycznych bakteriofagów *Staphylococcus aureus* w kontekście badań nad potencjałem terapeutycznym bakteriofagów.

(Selected properties of obligatorily lytic *Staphylococcus aureus* in the context of studies on a bacteriophage therapeutic potential.)

Presented October 6, 2022

Research done in Institute of Biochemistry and Biophysics, Polish Academy of Sciences.

Ph.D. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Małgorzata Łobocka

[pol-ang]

1079/N

OKSIŃSKA PAULINA

Udział SWI3D - podjednostki kompleksu remodelującego chromatynę typu SWI/SNF w kontroli procesów regulacyjnych u *Arabidopsis thaliana*, ze szczególnym uwzględnieniem szlaków transdukcji sygnału za pomocą hormonów.

(Role of SWI3D - a subunit of the SWI/SNF chromatin remodeling complex in the control of regulatory processes in *Arabidopsis thaliana*, with particular emphasis on hormone signal transduction pathways.)

Presented October 11, 2022

Research done in Institute of Biochemistry and Biophysics, Polish Academy of Sciences

Ph.D. Thesis Supervisors: dr hab. Tomasz Sarnowski, dr Szymon Kubala

[pol]

1080/N

NOWAK DOMINIKA

Rola HopBF1, efektora podobnego do kinaz białkowych, w wirulencji chorobotwórczych bakterii.

(The Role of HopBF1, a Protein Kinase-like Effector, in Virulence of Pathogenic Bacteria.)

Presented October 13, 2022

Research done in Institute of Biochemistry and Biophysics, Polish Academy of Sciences.

Ph.D. Thesis Supervisors: dr hab. Magdalena Krzymowska, dr inż. Patrycja Zembek

[ang]

1081/N

MITURA MONIKA

Charakterystyka alfa-helikalnego białka KfrC – rola w stabilnym dziedziczeniu plazmidu RA3 z grupy niezgodności IncU.

(Alpha-helical KfrC protein characteristic – role in linking of two vital processes in broad-host-range RA3 plasmid biology.)

Presented October 18, 2022

Research done in Institute of Biochemistry and Biophysics, Polish Academy of Sciences.

Ph.D. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Grażyna Jagura-Burdzy

[ang]

1082/N

RUDZIŃSKA IZABELA

Rola białka Rbs1 w kontroli generalnej odpowiedzi na defekty biosyntezy tRNA u drożdży *Saccharomyces cerevisiae*.

(The role of Rbs1 protein in control of general response of tRNA biosynthesis in yeast *Saccharomyces cerevisiae*.)

Presented October 18, 2022

Research done in Institute of Biochemistry and Biophysics, Polish Academy of Sciences.

Ph.D. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Magdalena Rakowska-Boguta

[pol-ang]

1083/N

KISIAŁA MARLENA

Badania strukturalne endonukleaz restrykcyjnych AvaII i TagI.

(Structural studies of AvaII and TagI restriction endonucleases.)

Presented November 3, 2022

Research done in Institute of Biochemistry and Biophysics, Polish Academy of Sciences, International Institute of Molecular and Cell Biology and University of Warsaw.

Ph.D. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Matthias Bochtler

[ang]

1084/N

DENKIEWICZ-KRUK MILENA

Rola kompleksu GINS w utrzymaniu stabilności genomu w komórkach drożdży *Saccharomyces cerevisiae*.

(The role of the GINS complex in the maintenance of genomic stability in the *Saccharomyces cerevisiae* cells.)

Presented November 8, 2022

Research done in Institute of Biochemistry and Biophysics, Polish Academy of Sciences.

Ph.D. Thesis Supervisors: prof. dr hab. Iwona Fijałkowska, dr Michał Dmowski

[pol-ang]

1085/N

ROBAK ALEKSANDRA

Określanie etiologii płynów opłucnowych z zastosowaniem proteomiki celowanej opartej na metodach spektrometrii mas.

(Determining the etiology of pleural effusions using mass spectrometry-based targeted proteomics.)

Presented November 17, 2022

Research done in Institute of Biochemistry and Biophysics, Polish Academy of Sciences.

Ph.D. Thesis Supervisors: prof. dr hab. Michał Dadlez, dr Dominik Domański

[pol]

1086/N

ĆWIEK PAWEŁ

Identyfikacja nowych mechanizmów sygnałowych regulujących aktywność transkrypcyjną chromatyny u eukariontów.

(Identification of new signaling mechanisms regulating chromatin transcriptional activity in eukaryotes.)

Presented November 22, 2022

Research done in Institute of Biochemistry and Biophysics, Polish Academy of Sciences.

Ph.D. Thesis Supervisor: dr hab. Tomasz Sarnowski

[pol]

1087/N

GAPIŃSKA MARTA

Struktura i mechanizm bakteryjnych odwrotnych transkryptaz zaangażowanych w mechanizmy antyfazowe.

(Structure and mechanism of action of bacterial reverse transcriptases involved in antiphage defense.)

Presented November 29, 2022

Research done in International Institute of Molecular and Cell Biology and Institute of Biochemistry and Biophysics, Polish Academy of Sciences.

Ph.D. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Marcin Nowotny

[pol]

1088/N

ELANCHELIYAN PRAVEENRAJ

Rola białek zawierających domenę immunoreaktywnego antygenu raka jajnika (OCIAD) w procesie składania białkowych kompleksów wewnętrznej błony mitochondrialnej.

(The Relationship of Ovarian Cancer Immunoreactive Antigen Domain (OCIAD) Proteins in Assembly of Mitochondrial Inner Membrane Complexes.)

Presented November 29, 2022

Research done in International Institute of Molecular Mechanisms and Machines, Centre of New Technologies, University of Warsaw and Institute of Biochemistry and Biophysics, Polish Academy of Sciences.

Ph.D. Thesis Supervisors: prof. dr hab. Agnieszka Chacińska, dr Michał Wasilewski

[ang]

1089/N

NOWACKA MARZENA

Badania strukturalne i biochemiczne odwrotnych transkryptaz wirusów pienistych.
(Biochemical and structural studies of foamyviral reverse transcriptases.)

Presented December 6, 2022

Research done in and International Institute of Molecular and Cell Biology and Institute of Biochemistry and Biophysics, Polish Academy of Sciences.

Ph.D. Thesis Supervisor: dr hab. Elżbieta Nowak

[pol]

1090/N

KUBERSKA RENATA

Rola nukleazy Rad27 oraz polimerazy ζ w utrzymaniu stabilności genomu mitochondrialnego komórek drożdży *Saccharomyces cerevisiae*.

(The role of the Rad27 nuclease and ζ polymerase in maintaining the stability of the mitochondrial genome of *Saccharomyces cerevisiae*.)

Presented December 13, 2022

Research done in Institute of Biochemistry and Biophysics, Polish Academy of Sciences.

Ph.D. Thesis Supervisor: dr hab. Aneta Kaniak-Golik

[pol]

1091/N

ZAWADA ANNA ELŻBIETA

Wpływ zmienionych oddziaływań białkowych w obrębie replisomu na stabilność mikrosatelitarnych sekwencji DNA w komórkach drożdży *Saccharomyces cerevisiae*.

(Impaired protein interactions within the replisome and their impact on the stability of microsatellite DNA sequences in *Saccharomyces cerevisiae* yeast cells.)

Presented December 13, 2022

Research done in Institute of Biochemistry and Biophysics, Polish Academy of Sciences.

Ph.D. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Iwona Fijałkowska

[pol]

1092/N

STECIUK JAROSŁAW

Ocena funkcji biologicznej podjednostki typu SNF5 kompleksu SWI/SNF u *Arabidopsis thaliana* z wykorzystaniem nowej linii insercyjnej z inaktywacją genu kodującego tę podjednostkę.

(Evaluation of the function of the SNF5-type core subunit of the SWI/SNF complex in *Arabidopsis thaliana* using new T-DNA insertion knock-out line.)

Presented December 15, 2022

Research done in Institute of Biochemistry and Biophysics, Polish Academy of Sciences.

Ph.D. Thesis Supervisor: dr hab. Tomasz Sarnowski

[pol]

PRACE MAGISTERSKIE 2022

1093/N

AYODELE TAWAKALT ADEWUNMI

Charakterystyka szczepów z rodzaju *Weissella* pod kątem potencjalnych właściwości probiotycznych.
(Characterization of *Weissella* sp. strains in terms of potential probiotic properties.)

Presented 28 October, 2022

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 Małgorzata Milner-Krawczyk, dr hab. Magdalena Kowalczyk [ang]

1094/N

BECHLER ZUZANNA HELENA

Badanie wpływu fosforylacji na aktywność cis-prenylotransferaz w biosyntezie poliizoprenoidów w roślinach.

(Study of the effect of phosphorylation on the activity of cis-prenyltransferases in the biosynthesis of polyisoprenoids in plants.)

Presented July 7, 2022

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. Joanna Cieśla, dr hab. Liliana Surmacz

1095/N

PRUS ALEKSANDRA MARIA

Zmiany transkrypcji wybranych genów w komórkach *Saccharomyces cerevisiae* z mutacjami w genie kodującym podjednostkę Dpb2 polimerazy DNA ϵ .

(Changes in transcription of selected genes in *Saccharomyces cerevisiae* cells with mutations in the gene encoding the Dpb2 subunit of DNA polymerase ϵ .)

Presented December 14, 2022

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. Joanna Cieśla, dr Michał Dmowski

1096/N

SOKOŁOWSKA BLANKA

Metabolizm lipidów u przedstawicieli *Mucoromycota*.

(Lipid metabolism of *Mucoromycota* representatives.)

Presented July 5, 2022

Research done in Faculty of Biology University of Warsaw and Institute of Biochemistry and Biophysics Polish Academy of Sciences.

M.Sc.Thesis Supervisors: dr Julia Pawłowska, dr hab. Anna Muszewska

1097/N

BAGIŃSKA KATARZYNA

Rola PCNA w funkcjonowaniu polimeraz TLS w mitochondriach.

(The role of PCNA in the function of TLS polymerases in mitochondria.)

Presented September 30, 2022

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. Aneta Kaniak-Golik, prof. dr hab. Paweł Golik

1098/N

FASSAN KOLAWOLE PETER

Biochemiczna charakterystyka fagowych białek zaangażowanych w replikację DNA.
(Biochemical characterization of phage-encoded proteins engaged in DNA replication.)

Presented September 29, 2022

Research done in Faculty of Agriculture and Biology at the Warsaw University of Life Sciences and Institute of Biochemistry and Biophysics Polish Academy of Sciences.

M.Sc.Thesis Supervisors: dr hab. inż. Marcin Olszewski, dr Agnieszka Szczepankowska

1099/N

ALSHATARI SUMAYA

Probiotyczne i antyproliferacyjne właściwości bakterii kwasu mlekowego.
(Probiotic and antiproliferative properties of lactic acid bacteria.)

Presented July 7, 2022

Research done in Faculty of Agriculture and Biology at the Warsaw University of Life Sciences and Institute of Biochemistry and Biophysics Polish Academy of Sciences.

M.Sc.Thesis Supervisors: dr Agnieszka Szczepankowska, dr hab. Joanna Cieśla

1100/N

AJADI EMMANUEL AYODEJI

Wpływ warunków hodowli na aktywność przeciwdrobnoustrojową bakterii kwasu mlekowego.
(Studies on the effect of culture conditions on the antimicrobial activity of lactic acid bacteria.)

Presented November 30, 2022

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 inż. Monika Wielechowska, opiekun dr hab. Tamara Aleksandrak-Piekarczyk

1101/N

GAJEWSKA WERONIKA

Określenie roli genów *SMARCD* w rozwoju jasnokomórkowego raka nerki.
(Determining the role of *SMARCD* genes in the development of clear cell renal cell carcinoma.)

Presented April 28, 2022

Research done in Faculty of Biology and Biotechnology at the Warsaw University of Life Sciences and Institute of Biochemistry and Biophysics Polish Academy of Sciences.

M.Sc.Thesis Supervisor: dr hab. Tomasz Sarnowski

MISCELLANEA 2021

308/M

PASZEWSKI A.,

Jeśli szczepionki zadziałały, to co nie zadziałało?

Pauza Akademicka (2022) 588: 4

309/M

APOSTOLOPOULOS V., BOJARSKA J., CHAI T-T., FEEHAN J., KACZMAREK K.,
MATSOUKAS J., LOPEZ O.P., SAVIANO M., SKWARCZYŃSKI M., SMITH-CARPENTER J.,
VENANZI M., WOLF W.M., ZIELENKIEWICZ P., ZIORA Z.M.,

Editorial: New Advances in Short Peptides: Looking Forward.

Molecules (2022) 27(11): 3635

DOI: 10.3390/molecules27113635

IF 4.927 (2021)

310/M

KAMIŃSKA J.,

The PH-like Domain of VPS13 Proteins - a Determinant of Localization to the Golgi Apparatus or to the Plasma Membrane.

Contact (2022) 5: 1-3

DOI: 10.1177/25152564221106024

311/M

KOWALIK K., SARNOWSKA E., SARNOWSKI T.J., POPKO-ZAGOR M.,

Immune system elements - a puzzle in CRS. (Letter to the editor)

Acta Otorhinolaryngologica Italica (2022) 42(2): 194-196

DOI: 10.14639/0392-100X-N1813

IF 2.618 (2021)

312/M

WĘGRZYN A., WĘGRZYN G.,

Small Prokaryotic Proteins Interacting with Nucleic Acids. (Editorial)

International Journal of Molecular Sciences (2022) 23(17): 9876

DOI: 10.3390/ijms23179876

IF 6.208 (2021)

313/M

SIRKO A., GOTOR C., WAWRZYŃSKA A.,

Editorial: Protein posttranslational modifications in plant responses to abiotic stress - Women in plant science series.

Frontiers in Plant Science (2022) 13: 1049173 (3 p.)

DOI: 10.3389/fpls.2022.1049173

IF 6.627 (2021)

314/M

KAMIŃSKA J., ŻOŁĄDEK T.,

Editorial: Yeast Models and Molecular Mechanisms of Neurodegenerative Diseases 2.0.

International Journal of Molecular Sciences (2022) 23(24): 15821

DOI: 10.3390/ijms232415821

IF 6.208 (2021)

315/M

BAL W.,

Modele eksperymentalne w badaniach zewnątrzkomórkowego transportu miedzi.

Wiadomości Chemiczne (2022) 76(5-6): 456--466

DOI: 10.53584/wiadchem.2022.5.10

316/M

SKONECZNY M., FRANCISCO T., ERDMANN R., GATSOGIANNIS CH.,

Editorial: Structural aspects of peroxisome biogenesis and functions.

Frontiers in Cell and Developmental Biology (2022) 10: 10:1114759. (Guest editing in Research

Topic: Structural Aspects of Peroxisome Biogenesis and Functions).

DOI: 10.3389/fcell.2022.1114759

IF 6.081 (2021)

317/M

SIKORA A., DETMAN A.,

Mikroorganizmy jako producenci biowodoru: Od badań podstawowych do prac rozwojowych z dziedziny biotechnologii.

Gaz, Woda i Technika Sanitarna (2022) 12: 16-23

DOI: 10.15199/17.2022.12.4

Informacje o działalności jednostki naukowej PAN w 2022 r.

(sporządzane i przekazywane adresatom wyłącznie w wersji elektronicznej)

Adresaci:

- 1) Wydział II Nauk Biologicznych i Rolniczych PAN
- 2) Biuro Upowszechniania i Promocji Nauki PAN

Termin: 31.01.2023 r.

I. informacje organizacyjne

I.1.

Nazwa	Instytut Biochemii i Biofizyki Polskiej Akademii Nauk
Status jednostki ¹	Instytut Naukowy
Kategoria jednostki ²	Kategoria A+ w dyscyplinie nauki chemiczne, Decyzja nr 337/605/2022-1 z dnia 13.02.2023 Kategoria A w dyscyplinie nauki biologiczne Decyzja nr 337/604/2022-1 z dnia 13.02.2023
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.3. Misja, uprawiane dyscypliny naukowe oraz realizowane główne kierunki badawcze.

Misja

Prowadzenie badań naukowych dla pogłębienia istniejącej i uzyskania nowej wiedzy o molekularnych podstawach budowy i funkcjonowania organizmów.

Uprawiane dyscypliny naukowe

Nauki biologiczne, nauki chemiczne (biochemia, biofizyka, bioinformatyka, biologia molekularna, genetyka molekularna, genomika, biotechnologia, chemia biologiczna, chemia fizyczna).

Realizowane główne kierunki badawcze

Stosując szeroki wachlarz nowoczesnych metod biochemicznych, biofizycznych i genetycznych (w tym inżynierii genetycznej) Zespoły Instytutu od wielu lat prowadzą badania nad wirusami, bakteriami, grzybami niższymi oraz roślinami. Organizacja Pracowni Hodowli Komórkowych rozszerzyła zakres prowadzonych prac i spowodowała, że szereg pracowni do badań wykorzystuje jako model badawczy kultury komórek ludzkich, tym samym przybliżając nas do zrozumienia mechanizmów działających w komórkach człowieka. Poznawane są struktury i mechanizmy ekspresji genów oraz ich produktów – białek i kwasów rybonukleinowych.

Postęp techniczny umożliwia systematyczne rozwijane prac wykorzystujących analizy wielkoskalowe, tj. **genomiki**, transkryptomiki oraz **proteomiki** i metabolomiki opartych o spektrometrię mas. Stosowane na szeroką skalę podejście **genomiczne** pozwala na ustalanie sekwencji nukleotydowych wybranych plazmidów, bakteriofagów oraz tworzenie bibliotek mutantów w badanych genach. Analizowane są sekwencje genomów wiroidów i wirusów roślinnych. Prowadzona jest analiza funkcjonalna genomu drożdży oraz *Paramecium tetraurelia*. Badania te są prowadzone wielokierunkowo i obejmują zarówno geny, których funkcje są poznane, jak i te o funkcjach dotychczas nieustalonych.

Planowanym uzupełnieniem tego kierunku badań jest podejście eksperymentalne związane z analizą zmian ewolucyjnych w aspekcie genomiki strukturalnej, funkcjonalnej i porównawczej, wykorzystujące nowoczesne techniki badawcze oparte o analizy „optical mapping” (mapowanie genomów). Od kilku lat w Instytucie rozwijane są także badania **metagenomiczne** oparte o analizę sekwencji całkowitego DNA izolowanego z naturalnych środowisk. Metagenomika populacji mikroorganizmów środowiskowych może pozwolić na identyfikację nowych substancji biologicznie czynnych o znaczeniu biotechnologicznym lub medycznym.

Genetyka wybranych procesów metabolicznych poznawana jest m.in. na przykładach przemian związków siarkowych u wybranych bakterii, grzybów niższych oraz wykorzystywania związków cukrowych przez bakterie mlekowe. Badania te prowadzone są na poziomie molekularnym i koncentrują się na analizie interakcji białek regulatorowych z odpowiednimi sekwencjami DNA. Wykorzystując drożdże jako modelowe organizmy eukariotyczne, analizowane są m.in.: biosynteza hemu i hemoproteidów, regulacyjne aspekty potranslacyjnych modyfikacji białek oraz wewnątrz- i zewnątrzkomórkowy transport białek.

Badania nad **mutagenezą i naprawą DNA** prowadzone są zarówno w systemach prokariotycznych jak i eukariotycznych. Prace wielu grup badawczych skupiają się nad poznaniem funkcji i struktury złożonych kompleksów białkowych zaangażowanych w procesy replikacji i transkrypcji, a także w naprawę i replikację uszkodzonych regionów DNA, ze szczególnym uwzględnieniem oksydacyjnych uszkodzeń DNA. W modelowych układach prokariotycznych badana jest wierność procesu replikacji na obydwu niciach DNA, wyjaśniany jest udział poszczególnych polimeraz DNA w procesie replikacji DNA, a w układach eukariotycznych studiowane są funkcje białek niekatalitycznych wchodzących w skład holoenzymów oraz powiązanie mutagenezy i naprawy DNA z procesami nowotworowymi. Analizowane są funkcje zarówno znanych, jak i nowo odkrytych genów zaangażowanych w procesy mutagenezy i naprawy DNA w chromosomach i mitochondriach drożdży.

Analizowane są procesy **patogenezy roślin**; poznawane są mechanizmy obrony roślin przed infekcjami wirusowymi i grzybicami. Badania te mają charakter kompleksowy i obejmują obserwację różnych procesów przebiegających w zainfekowanych roślinach oraz poznawanie mechanizmów ekspresji genów wybranych wirusów roślinnych. W celu przeprowadzania różnorodnych badań nad

interakcjami roślina-patogen konstruowane są zarówno pełne infekcyjne genomy wirusowe, jak i rośliny transgeniczne.

Za sprawą nowo otwartych pracowni znacznie poszerzony został zakres badań interakcji między patogenem a komórką gospodarza. Obecnie przedmiotem badań jest także odpowiedź komórek ssaków (w tym ludzkich) na zakażenie wirusowe.

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 wieloaspektowe 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 (w tym rola jonów miedzi), 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.

Z kolei w nowo otwartej Pracowni Biologii Metalobiałek będą prowadzone badania nad mechanizmami, które pozwalają mikroorganizmom pozyskiwać, metabolizować, wykorzystywać czy detoksyfikować pulę jonów metali obecnych w środowisku.

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**.

Prowadzone badania znajdują coraz więcej zastosowań praktycznych. Przykładem może być zastosowanie konsorcjów bakteryjnych w produkcji bio-wodoru i bio-metanu, „pre-procesing” osadów z oczyszczalni ścieków przez odpowiednio dobrane kultury grzybów czy

badania probiogenomiczne dwóch szczepów bakterii mlekowych, które wykazały, że posiadają one silne działanie antyproliferacyjne na komórki raka jelita grubego a także cechy immunomodulacyjne (patent no. 241568; uzyskany 2022-10-27).

W związku ze swoimi kompetencjami w zakresie badań szczepów probiotycznych oraz sekwencjonowania genomów bakterii, naukowcy IBB PAN przeprowadzili badania i wydali ekspertyzę na zlecenie XXII Wydziału Własności Intelektualnej Sądu Okręgowego w Warszawie.

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 Sкрiningowej dla Chemii Biologicznej	Krajowa infrastruktura badawcza stanowiąca wkład w międzynarodowy projekt wpisany na „mapę drogową” ESFRI	Instytut Biologii Medycznej PAN w Łodzi
4	SOLARIS – Narodowe Centrum Promieniowania Synchrotronowego	Krajowa infrastruktura badawcza stanowiąca wkład w międzynarodowy projekt „CERIC-ERIC”	Uniwersytet Jagielloński w Krakowie

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.

Wprowadzone zmiany zwiększyły rozpoznawalność Instytutu jako atrakcyjnego miejsca do prowadzenia badań naukowych - w przeciągu ostatnich lat powstały cztery nowe pracownie kierowane przez osoby niezwiązane wcześniej z IBB PAN.

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
170	5	0	157	2	6

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>		wyłącznie w wersji elektronicznej	Inne wydawnictwa ciągłe			
liczba tytułów	nakład w egz.	liczba tytułów	nakład w egz.	liczba tytułów	nakład w egz.	liczba tytułów	liczba tytułów	nakład w egz.	liczba tytułów	nakład w egz.
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
II.3.1 Projekty finansowane lub dofinansowane ze środków Narodowego Centrum Nauki	1	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	
	2	Zmiany w profilu transkryptomycznym i proteomicznym oraz elementach historii życia <i>Daphnia</i> w odpowiedzi na związki alkilujące zanieczyszczające środowisko.	Prof. dr hab. Elżbieta Grzesiuk	2017	2022	1 059 740 zł	Narodowe Centrum Nauki	
	3	Badanie roli i biosyntezy poliprenoli typu bakteryjnego w komórkach eukariotycznych.	Dr Liliana Surmacz	2017	2022	900 000 zł	Narodowe Centrum Nauki	
	4	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	
	5	Rola wzajemnego wpływu potranslacyjnych modyfikacji cystein i wiązania jonów metali na konformacyjną i funkcjonalną plastyczność ludzkich białek S100A8 i S100A9 - biomarkerów	Dr Aleksandra Wysłouch-Cieszyńska	2016	2022	1 033 600 zł	Narodowe Centrum Nauki	

	wrodzonej odporności i nowotworzenia.						
6	Rola białka Cdc45 w utrzymaniu stabilności genomu w komórkach drożdży <i>Saccharomyces cerevisiae</i> .	Dr Milena Denkiewicz-Kruk	2017	2023	150 000 zł	Narodowe Centrum Nauki	
7	Poznanie mechanizmu funkcjonowania mitochondrialnej syntazy ATP poprzez badanie fenotypów mutacji patologicznych w mitochondrialnym DNA na modeli 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
8	Rola kinaz SnRK2 w regulacji alternatywnego splicingu pre-mRNA i biogenezie miRNA w odpowiedzi roślin na zasolenie.	Prof. dr hab. Grażyna Dobrowolska	2017	2022	1 631 250 zł	Narodowe Centrum Nauki	RNA Biology and Molecular Physiology, Faculty of Biology, Bielefeld University, Niemcy
9	Polihydroksykwas zimnolubnych bakterii z regionów polarnych – rola w adaptacji bakterii do warunków stresowych i potencjał biotechnologiczny.	Dr Jakub Grzesiak	2017	2022	647 116 zł	Narodowe Centrum Nauki	Materials Research Centre, Faculty of Chemistry, Brno University of Technology, Czechy
10	Jak aktywacja szlaku kinaz Mec1/Tel1 (ludzkie ATR/AM) w odpowiedzi na uszkodzenia genomu jądrowego wpływa na stabilność mitochondrialnego genomu: badanie na drożdżowym	Dr hab. Aneta Kaniak-Golik	2018	2023	818 000 zł	Narodowe Centrum Nauki	

	modelu mutacji w polimerazie POLG.						
11	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	
12	Badania termodynamiczne wiązania halogenowego w klatce (bio)molekularnej.	Prof. dr hab. Jarosław Poznański	2018	2022	1 398 000 zł	Narodowe Centrum Nauki	
13	Analiza wybranych procesów wpływających na architekturę genomów i skład proteomów u grzybów.	Dr hab. Anna Muszewska	2018	2022	403 840 zł	Narodowe Centrum Nauki	
14	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	
15	Identyfikacja funkcji jądrowej kinazy TOR u Arabidopsis.	Dr Paweł Ćwiek	2018	2022	180 000 zł	Narodowe Centrum Nauki	Max Planck Institute of Molecular Plant Physiology, Niemcy
16	Kompleks helikazy-polimerazy CMGE jako czynnik integrujący regulację przebiegu cyklu komórkowego i replikacji DNA.	Dr Michał Dmowski	2018	2023	1 288 000 zł	Narodowe Centrum Nauki	1) National Institute of Genetics, Japonia 2) Institut de Génétique Moléculaire de Montpellier, Francja
17	Mechanizmy regulacji biosyntezy poliprenoli na poziomie transkrypcji.	Dr Daniel Buszewicz	2018	2022	990 000 zł	Narodowe Centrum Nauki	
18	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

19	Ilościowa ocena transportu osadów z lodowców Szetlandów Południowych na podstawie wybranych metod teledetekcyjnych.	Dr hab. Robert Bialik	2018	2023	898 400 zł	Narodowe Centrum Nauki	Stacja Antarktyczna im. Juana Carlosa I, Chile
20	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	
21	Czy maszyneria apoptotyczna jest starą adaptacją do warunków tlenowych?	Dr hab. Szymon Kaczanowski	2018	2022	786 200 zł	Narodowe Centrum Nauki	
22	Kinazy białkowe SnRK2 jako integratory sygnałów środowiskowych w regulacji procesu starzenia u roślin.	Dr Anna Kulik	2018	2023	1 552 100 zł	Narodowe Centrum Nauki	
23	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
24	Charakterystyka klonów <i>Streptococcus pyogenes</i> opornych na makrolidy.	Dr hab. Izabela Kern-Zdanowicz	2018	2023	1 027 302 zł	Narodowe Centrum Nauki	
25	Integracja przekazu sygnału od światła i stresu osmotycznego - funkcje molekularne białka PMI1 z <i>Arabidopsis thaliana</i> .	Dr Olga Sztatelman	2019	2024	1 242 600 zł	Narodowe Centrum Nauki	
26	Dolichol - super lipid niezbędny dla funkcjonowania komórki eukariotycznej	Prof. dr hab. Ewa Kula-Świeżewska	2019	2023	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
27	Charakterystyka determinantów genetycznych systemu mannozo-specyficznej fosfotransferazy (Man-PTS) warunkujących wrażliwość na nowo zidentyfikowane bakteriocyny podklasy II d.	Dr Aleksandra Tymoszevska	2019	2022	139 800 zł	Narodowe Centrum Nauki	
28	Rola i współdziałanie dehydrogenazy AidB i dioksygenazy AlkB w naprawie uszkodzeń zasad DNA i RNA.	Dr hab. Agnieszka Maciejewska	2019	2024	924 400 zł	Narodowe Centrum Nauki	
29	Analiza zależności funkcjonalnej pomiędzy organo-specyficznym wyborem alternatywnych miejsc startu transkrypcji (altTSS) a remodelingiem chromatyny zależnym od kompleksu SWI/SNF u <i>Arabidopsis</i>	Dr Szymon Kubala	2019	2023	1 618 800 zł	Narodowe Centrum Nauki	Max Planck Institute for Plant Breeding Research, Niemcy
30	Ocena funkcji biologicznej podjednostki typu SNF5 kompleksu SWI/SNF u <i>Arabidopsis thaliana</i> z wykorzystaniem nowej linii insercyjnej z inaktywacją genu kodującego tę podjednostkę	Dr Jarosław Steciuk	2019	2023	210 000 zł	Narodowe Centrum Nauki	Max Planck Institute for Plant Breeding Research, Niemcy
31	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
32	Charakterystyka determinantów genetycznych biosyntezy kwasu priopionowego oraz analiza ich funkcjonalności w wybranych bakteriach fermentacji mlekowej.	Dr hab. Tamara Aleksandrak-Piekarczyk	2019	2024	623 000 zł	Narodowe Centrum Nauki	
33	Topologia chromosomu <i>Pseudomonas aeruginosa</i> . Rola białka partycyjnego ParB.	Prof. dr hab. Grażyna Jagura-Burdzy	2019	2023	2 100 800 zł	Narodowe Centrum Nauki	
34	Białko PA2504 - nowy gracz w systemie regulacji egzotoksyny A <i>Pseudomonas aeruginosa</i> .	Dr Joanna Drabińska	2019	2022	138 720 zł	Narodowe Centrum Nauki	
35	Proteomiczna analiza interakcji białek wirusa Zika z jądrowymi białkami komórek gospodarza.	Prof. dr hab. Michał Dadlez	2019	2023	1 072 126 zł	Narodowe Centrum Nauki	University of Louisville School of Medicine, Department of Neurological Surgery, Department of Microbiology and Immunology, USA
36	Regulacja śmierci komórki i aktywności OXPHOS przez AMPylazę Fmp40 u drożdży <i>S. cerevisiae</i> .	Dr hab. Róża Kucharczyk	2019	2023	1 671 600 zł	Narodowe Centrum Nauki	University of Strasburg, Francja, Francja
37	"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	
38	Rola efektora HopAG1 w wirulencji bakteryjnych patogenów roślinnych.	Dr Magdalena Górecka	2019	2023	1 021 800 zł	Narodowe Centrum Nauki	

39	Projektowanie fotoprzełączalnych rozbrajaczy biomateriałów zbudowanych z włókien amyloidowych.	Dr Dorota Niedziałek	2019	2023	618 600 zł	Narodowe Centrum Nauki	Cavendish Laboratory in Cambridge, Wielka Brytania
40	Identyfikacja nieznanych regulatorów wtórnego czasu spoczynkowego nasion u Arabidopsis.	Dr Ruslan Yatusewich	2019	2023	1 456 400 zł	Narodowe Centrum Nauki	
41	Biologia i systematyka antarktycznych szczepów bakterii kwasu mlekowego z rodzaju Carnobacterium w świetle analiz fenotypowych i genomicznych.	Mgr inż. Katarzyna Kosiorek	2019	2022	139 980 zł	Narodowe Centrum Nauki	
42	Platforma oparta o nanociała (VHH) przeciwko podjednostkom kompleksu remodelującego chromatynę typu SWI/SNF jako innowacyjne narzędzie do precyzyjnie kontrolowanej inaktywacji kompleksu i badań w biologii molekularnej.	Dr hab. Tomasz Sarnowski	2019	2023	1 499 400 zł	Narodowe Centrum Nauki	1) University of Leeds, Wielka Brytania 2) Max-Planck Institute of Molecular Plant Physiology, Niemcy
43	Charakterystyka funkcji i wiązania substratów przez białko opiekuńcze prefoldynę w procesach fizjologicznych i podczas stresu komórkowego.	Dr hab. Ulrike Topf	2019	2023	1 882 500 zł	Narodowe Centrum Nauki	
44	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
45	Szlaki transportu niekodujących RNA w czasie mejozy.	Dr Julita Gruchota	2019	2023	999 465 zł	Narodowe Centrum Nauki	Institut de Biologie Intégrative de la Cellule (I2BC), Francja

46	Identyfikacja czynników wirulencji <i>Streptococcus anginosus</i> .	Dr hab. Izabela Kern-Zdanowicz	2019	2023	1 005 620 zł	Narodowe Centrum Nauki	
47	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
48	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	
49	Analiza funkcjonalna genomów bakteriofagów <i>Staphylococcus aureus</i> z rodzaju Kayvirus w poszukiwaniu molekularnych podstaw szerokiej specyficzności i strategii przetrwania w populacji z gospodarzem.	Prof. dr hab. Małgorzata Łobocka	2020	2023	2 249 194 zł	Narodowe Centrum Nauki	CEB-Centre of Biological Engineering, University of Minho, Braga, Portugal
50	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	
51	Nowe aspekty negatywnej regulacji polimerazy III RNA u drożdży <i>Saccharomyces cerevisiae</i> .	Dr hab. Małgorzata Cieśla	2020	2023	1 252 200 zł	Narodowe Centrum Nauki	Institute of Cellular Biochemistry and Genetics, CNRS UMR5095, Bordeaux University, Francja
52	Analiza sygnałowej roli O-acetyloseryny w roślinach.	Prof. dr hab. Agnieszka Sirko	2020	2024	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
53	W jaki sposób heterogenność rybosomów przyczynia się do obrony przed stresem komórkowym?	Dr hab. Ulrike Topf	2020	2025	3 861 212 zł	Narodowe Centrum Nauki	
54	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	
55	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	Department of Molecular Biology, University of Texas Southwestern Medical Center, Dallas, TX 75390, USA
56	Identyfikacja i całościowa klasyfikacja peptydaz.	Dr Kamil Steczkiewicz	2020	2023	878 400 zł	Narodowe Centrum Nauki	
57	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	2022	139 920 zł	Narodowe Centrum Nauki	
58	Zróźnicowana aktywność systemów naprawy rybonukleotydów na nici wiodącej i opóźnionej DNA i jej konsekwencje dla mechanizmu i wierności replikacji obydwu nici	Mgr Krystian Łazowski	2020	2023	139 920 zł	Narodowe Centrum Nauki	

	DNA w komórkach <i>Escherichia coli</i> .						
59	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
60	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
61	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	
62	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
63	Nowe aspekty mechanizmu wirulencji HopBF1 - bakteryjnego efektora, którego działanie nakierowane jest na białko HSP90 gospodarza.	Dr hab. Magdalena Krzymowska	2021	2025	2 131 200 zł	Narodowe Centrum Nauki	

64	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
65	Mechanizm molekularny łączący mutacje polimerazy III RNA z rozwojem leukodystrofii typu HLD.	Dr Tomasz Turowski	2021	2024	1 535 600 zł	Narodowe Centrum Nauki	
66	Specyfika funkcjonalna wirusowej RNA-zależnej polimerazy RNA, głównego celu w terapii COVID19.	Dr Tomasz Turowski	2021	2022	198 000 zł	Narodowe Centrum Nauki	
67	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 Sarnowski	2021	2025	2 532 720 zł	Narodowe Centrum Nauki	Max-Planck Institute für Molekulare Pflanzenphysiologie, Niemcy
68	Nowy mechanizm kontroli ekspresji genów u Eukaryota poprzez regulację długości ogonów poliadenozynowych kodujących transkryptów.	Dr Agnieszka Tudek	2021	2024	1 642 400 zł	Narodowe Centrum Nauki	
69	Indukowane interferonem czynniki odporności przeciwbakteryjnej w cytozolu komórki gospodarza.	Dr Michał Wandel	2021	2025	2 586 000 zł	Narodowe Centrum Nauki	
70	LCRPlatform: nowe algorytmy i metody identyfikacji, kategoryzacji oraz adnotacji regionów białkowych o niskiej złożoności.	Dr hab. Marcin Grynberg	2021	2025	464 820 zł	Narodowe Centrum Nauki	
71	Identyfikacja i charakteryzacja nowych czynników obrony przeciwbakteryjnej.	Dr Michał Wandel	2021	2022	200 000 zł	Narodowe Centrum Nauki	

72	Rola alternatywnych EF-G w regulacji translacji podczas biosyntezy antybiotyków u <i>Myxococcus xanthus</i> .	Dr hab. Agata Starosta	2021	2025	3 513 000 zł	Narodowe Centrum Nauki	1) Ludwig-Maximilians-Universität München, Niemcy 2) Department of Biochemistry and Molecular Biology, Penn State University, USA
73	Różnorodność gatunkowa pasożytów przewodu pokarmowego kotika antarktycznego (<i>Arctocephalus gazella</i>).	Dr Katarzyna Tołkacz	2021	2022	49 995 zł	Narodowe Centrum Nauki	
74	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	
75	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	
76	Mechanizmy regulujące poziom najbardziej mutagennej polimerazy DNA – rola acetylotransferazy p300 i hipoksji.	Dr hab. Justyna McIntyre	2022	2026	1 763 200 zł	Narodowe Centrum Nauki	
77	Rola białek NBR1 i LSU w stabilności katalaz w <i>Arabidopsis thaliana</i> .	Dr inż. Anna Niemirowa	2022	2023	69 540 zł	Narodowe Centrum Nauki	

78	Molekularne podstawy powstawania chorób neurodegeneracyjnych - wpływ wybranych nanocząsteczek metalicznych.	Dr 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
79	Ancestralne cechy oraz innowacje w genomach starych ewolucyjnie linii grzybów- implikacje dla mukormykozy.	Dr hab. inż. Anna Muszewska	2022	2026	1 348 588 zł	Narodowe Centrum Nauki	
80	Wpływ bakterii z rodzaju Lactoccus i Leuconostoc na wzmacnianie bariery jelitowej - od identyfikacji potencjalnie probiotycznych szczepów i czynników warunkujących powinowactwo do mucyn po ocenę <i>in vivo</i> ich właściwości chroniących śluzówkę.	Dr hab. Magdalena Kowalczyk	2022	2026	1 558 126 zł	Narodowe Centrum Nauki	1) Toulouse Biotechnology Institute, Bio & Chemical Engineering, Université de Toulouse, Francja 2) Toxalim UMR INRA 1331, Francja
81	Potranskrypcyjne zmiany puli mRNA w nasionach.	Dr Michał Krzysztoń	2022	2026	1 817 800 zł	Narodowe Centrum Nauki	
82	Epigenetyczna regulacja procesu powstawania egzofer.	Dr Michał Turek	2022	2027	3 985 200 zł	Narodowe Centrum Nauki	

83	Wpływ inaktywacji ATPaz BRM i SYD na organospecyficzną kontrolę alternatywnej transkrypcji zależną od małych ATPaz, MINU1 i MINU2.	Dr Szymon Kubala	2022	2025	2 138 520 zł	Narodowe Centrum Nauki	
84	Nowe aspekty biologii kwitnienia <i>Arabidopsis thaliana</i> - rola aneksyny 5 (ANN5) w reorganizacji aparatu translacyjnego podczas programu rozwojowego pyłku oraz w odpowiedzi na zmiany środowiskowe.	Dr Małgorzata Lichocka	2022	2026	1 546 200 zł	Narodowe Centrum Nauki	
85	Rola selektywnej autofagii w kontroli aktywności czynników transkrypcyjnych regulowanych przez ABA u <i>Arabidopsis</i> .	Prof. dr hab. Agnieszka Sirko	2022	2026	2 376 190 zł	Narodowe Centrum Nauki	1) Institute of Experimental Botany of the Czech Academy of Sciences, Prague, Czechy 2) Institute of Plant Sciences Paris-Saclay (IPS2), Université Paris-Saclay, CNRS, INRAE, Francja
86	Historia zlodowaceń Wyspy Króla Jerzego.	Dr Stephen Jennings	2022	2025	2 376 190 zł	Narodowe Centrum Nauki	

87	Podstawy toksyczności nanosrebra - mechanizm rozpuszczania nanocząstek, kompleksy z glutationem i zaburzenie białek cynkowych.	Prof. dr hab. Wojciech Bal	2022	2026	664 800 zł	Narodowe Centrum Nauki	1) University Grenoble Alpes, Laboratoire Chimie et Biologie des Métaux, Fracja 2) Karlsruhe Institute of Technology, Institut für Angewandte Biowissenschaften Abteilung für Lebensmittelchemie und Toxikologie, Niemcy
88	Funkcja regulatorowa sekwencji tRNA-podobnej w genie kodującym Maf1 - generalny represor transkrypcji tRNA.	Prof. dr hab. Magdalena Rakowska-Boguta	2022	2026	664 800 zł	Narodowe Centrum Nauki	1) University of Strasbourg, CNRS Institute for Plant Molecular Biology, Francja
89	Wzbogacenie proteomu mitochondrialnego poprzez niekanoniczne mechanizmy translacji.	Dr hab. Roman Szczęsny	2022	2026	1 596 000 zł	Narodowe Centrum Nauki	1) Institut de Genetique Moleculaire de Montpellier, University of Montpellier, CNRS, Montpellier, francja 2) School of Biochemistry and Cell Biology, University College Cork, Cork, Irlandia
90	Identyfikacja i analiza mechanizmów kontrolujących poziom oraz jakość mitochondrialnego mRNA.	Dr hab. Roman Szczęsny	2022	2027	4 165 600 zł	Narodowe Centrum Nauki	

91	Kataliza, rodzaj metalu i ewolucja dysmutaz ponadtlennokowych.	Dr Kevin Waldron	2022	2026	4 299 200 zł	Narodowe Centrum Nauki	1) Université Paris-Saclay, Francja 2) Jülich Centre for Neutron Science, Heinz Maier-Leibnitz Zentrum (MLZ), Niemcy
92	Zastosowanie CRISPRi w poszukiwaniu genów modulujących podatność <i>Pseudomonas aeruginosa</i> na działanie antybiotyków.	Dr Adam Kawałek	2022	2025	1 299 200 zł	Narodowe Centrum Nauki	
93	Odpornościowe platformy sygnałowe na bakteriach wewnątrzkomórkowych.	Dr Michał Wandel	2022	2025	1 897 000 zł	Narodowe Centrum Nauki	
94	Opracowanie systemu komórkowego do badania zmian poziomów dsRNA zależnych od polimerazy III RNA (Pol III).	Dr inż. Marta Hałasa	2022	2023	49 940 zł	Narodowe Centrum Nauki	
95	Analiza ilościowa białek oddziałujących z polisomami podczas starzenia u drożdży <i>Saccharomyces cerevisiae</i> .	Dr Kamila Liput	2022	2023	49 500 zł	Narodowe Centrum Nauki	
96	Pasożyty pingwinów z rodzaju <i>Pygoscelis</i> gniazdujących na Szetlandach Południowych, Antarktyka Morska.	Dr Katarzyna Tołkacz	2022	2025	974 411 zł	Narodowe Centrum Nauki	Spanish National Research Council, Departamento de Ecología Evolutiva - MNCN
97	Inhibicja szlaku MIA (mitochondrial intermembrane space assembly) jako nowa metoda na zapobieganie metabolicznemu przeprogramowaniu opornych na terapię białaczkowych komórek macierzystych.	Dr hab. Paweł Siedlecki	2022	2025	67 100 zł	Narodowe Centrum Nauki	

II.3.2 Projekty finansowane lub dofinansowane ze środków Narodowego Centrum Badań i Rozwoju	1	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	2022	3 928 980 zł	NCBiR	
	2	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	
	3	Modernizacja i utrzymanie infrastruktury bioinformatycznej IBB PAN.	Prof. dr hab. Piotr Zielenkiewicz	2021	2024	kwota ustalana corocznie	NCBiR	
	4	Centrum Badań Przedklinicznych i Technologii CePT	Prof. dr hab. Jarosław Poznański	2021	2024	kwota ustalana corocznie	NCBiR	
II.3.3 Projekty finansowane przez inne organizacje krajowe (w tym MEiN, NAWA)	1	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
	2	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

	3	Welcome to IBB Center	Dr hab. Roman Szczęsny	2021	2023	316 260 zł	NAWA	
	4	Solidarni z Ukrainą	Prof. dr hab. Jarosław Poznański	2022	2022	75 000 zł	NAWA	
	5	POL-OPENSREEN - Polska Platforma Infrastruktury Skринingowej dla Chemii Biologicznej.	Prof. dr hab. Piotr Zielenkiewicz	2018	2023	11 500 000 zł	MNiSW	
	6	Next-generation cancer diagnostics and therapy guidance of lung and breast cancer patients using mass spectrometry-based proteomics.	Dr Dominik Domański	2018	2022	1 333 280 zł	FNP	Lady Davis Institute for Medical Research - Jewish General Hospital, McGill University, Kanada
	7	Mitochondrial double-stranded RNA: its origin, turnover and involvement in human diseases.	Dr hab. Roman Szczęsny	2018	2022	2 166 850 zł	FNP	
	8	The role of POLR1D, a common subunit of RNA polymerases I and III in colorectal cancer.	Dr Damian Graczyk	2018	2022	1 751 616 zł	FNP	
	9	Translation regulation in spore-forming bacterium – Specialized ribosomes in <i>Bacillus subtilis</i> .	Dr hab. Agata Starosta	2020	2023	3 019 579 zł	FNP	
	10	Heterologous production of L-gulonolactone oxidase fused with human elastin like polypeptide. - PASIFIC	Dr Abdel Aziz Gad	2022	2024	855 763,52 zł	PAN	
II.3.4 Projekty finansowane przez podmioty / instytucje zagraniczne	1	Translation regulation in bacteria – Specialized ribosomes in <i>Bacillus subtilis</i> .	Dr hab. Agata Starosta	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	Analysis of protein synthesis regulation by oxidation of ribosomal proteins during aging	Dr Katarzyna Jonak	2022	2024	432 000 zł	Europejska Organizacja Biologii Molekularnej	
	4	Quality Control of the Mitochondrial Gene Expression System in Health and Disease	Dr hab. Roman Szczęsny	2022	2026	1 042 000 zł	European Research Executive Agency, European Commission	
	5	Population-wide analysis of molecular and metabolic features intrinsic to dormancy variability in single seeds — POP1Seed.	Dr Julia Zinsmeister	2021	2022	623 788 zł	Unia Europejska H2020 Marie Skłodowska-Curie Individual Fellowships	
II.3.5. Inne projekty	1	Identyfikacja epigenetycznych mechanizmów regulujących ekspresję kluczowych supresorów nowotworzenia w jasnokomórkowym raku nerki.	Dr hab. Tomasz Sarnowski	2018	2021	599 000 zł	Polpharma	
	2	Development of novel mRNA/VLP-based vaccines against emerging zoonotic viral diseases.	Dr hab. Roman Szczęsny	2021	2023	858 326 zł	Agencja Badań Medycznych	
	3	Video Telehealth Exercise Training in Cystic Fibrosis	Prof. dr hab. Piotr Zielenkiewicz	2022	2023	260 000 zł	Vertex Innovation Award (VIA)	

*środki ogółem przyznane na okres realizacji przez instytucję finansującą projekt

** w przypadku konsorcjów większych niż 5 partnerów prosimy wpisać „projekt wielostronny”

II.3.6. Wyniki prac badawczych:

- Wybrane 2 ważniejsze wyniki uzyskane w ramach projektów/ prac badawczych (wymienić nazwę) realizowanych lub zrealizowanych w roku sprawozdawczym (na każdy opis – maks. 500 znaków ze spacjami).

Single seeds exhibit transcriptional heterogeneity during secondary dormancy induction.

Krzysztoń M., Yatusovich R., Wrona M., Sacharowski S.P., Adamska D., Świeżewski S.
Plant Physiology (2022) 190(1): 211–225 DOI: 10.1093/plphys/kiac265 (2021)

Produkcja zróżnicowanych nasion zwiększa szansę na sukces reprodukcyjny u wielu gatunków. Opracowaliśmy metodę badania transkryptomów pojedynczych nasion *A. thaliana* co pozwoliło na wykazanie znaczących różnic pomiędzy nimi. Ta zróżnicowanie wpływa na poziom spoczynku nasion w odpowiedzi na stres i zmienia się w czasie traktowania. Zidentyfikowaliśmy grupy genów, które w skoordynowany sposób zmieniają swoją ekspresję, w tym geny związane z translacją stanowiące marker potencjału do kiełkowania.

The transient Spt4-Spt5 complex as an upstream regulator of non-coding RNAs during development.

Owsian D., Gruchota J., Arnaiz O., Nowak J.K.
Nucleic Acids Research (2022) 50(5): 2603-2620 DOI: 10.1093/nar/gkac106 (2021)

Praca opisuje rolę białka Spt4 będącego częścią kompleksu elongacji transkrypcji Spt4-Spt5 u eukariontów i archeonów. Bierze ono udział w pauzowaniu polimerazy RNA pośrednicząc zarówno w aktywacji jak i hamowaniu elongacji. Korzystając z narzędzi biologii molekularnej i komórkowej, proteomiki oraz wysokoprzepustowego sekwencjonowania DNA i RNA wykazaliśmy, że Spt4 kontrolując syntezę prekursorów scnRNA jest niezbędne do prawidłowego przebiegu procesu płciowego w *Paramecium tetraurelia*.

- Najważniejsze w roku sprawozdawczym osiągnięcie działalności naukowej jednostki o znaczeniu ogólnospołecznym lub gospodarczym, jeżeli zjawisko wystąpiło (maks. 500 znaków ze spacjami).

Instytut włączył się w badania nad SARS-COV-2. Opracowana platforma do identyfikacji fragmentów superzmiennych przeciwciał z alpak została z powodzeniem wykorzystana do identyfikacji czynnika neutralizującego koronawirusa. Zaprojektowany *in silico* peptydowy inhibitor został już skierowany do fazy międzynarodowej ochrony patentowej. Analizy bioinformatyczne wykazały, że kolejne mutacje SARS-COV-2 zwiększają udział aminokwasów zasadowych w obszarze kolca, co ułatwia infekcję komórek gospodarza.

- Wybrane 2 ważniejsze zastosowania wyników badań naukowych lub prac rozwojowych o znaczeniu społecznym (np. w zakresie ochrony zdrowia, ochrony środowiska i dziedzictwa przyrodniczego, ochrony zabytków i dziedzictwa kulturowego, inne) i gospodarczym (m.in. nowe technologie, wdrożenia, licencje); działania zwiększające innowacyjność, jeżeli zjawisko wystąpiło (na każdy opis – maks. 500 znaków ze spacjami).

The use of drone-based aerial photogrammetry in population monitoring of Southern Giant Petrels in ASMA 1, King George Island, maritime Antarctica.

Fudala K., Bialik R.J.

Global Ecology and Conservation (2022) 33: e01990 (14 p.) DOI: 10.1016/j.gecco.2021.e01990 (2021)

W pracy oceniono wpływ obecności dronów na zachowania petrelców olbrzymich. Ponieważ zwierzęta nie wykazywały żadnych oczywistych behawioralnych oznak niepokoju, stwierdziliśmy, że użycie dronów jest mniej szkodliwe niż bliska obecność człowieka w rejonie kolonii tych zwierząt. W dniu 9.11.2022 r. w czasie posiedzenia Zespołu ds. Polityki Polarnej Państwa, na podstawie opisanych w pracy wyników, zgłoszono konieczność przystąpienia Polski do Umowy w sprawie ochrony albatrosów i petreli (ACAP).

Projekt BIOSTRATEG2/297310/13/NCBiR/2016

Prace badawczo-rozwojowe umożliwiły zagospodarowanie biogazu produkowanego w oczyszczalni ścieków cukrowniczych na cele energetyczne przez Krajową Grupę Spożywczą S.A. W ramach projektu (lider IBB PAN), przeprowadzono modernizację oczyszczalni ścieków w oddziale Cukrownia Dobrzelin. Wdrożone rozwiązanie zapewnia wymierny rezultat finansowy w postaci produkcji energii oraz ograniczenie śladu węglowego (niższe koszty uzyskania uprawnień do emisji CO₂). Jest to przykład energetyki rozproszonej.

II.4. Działalność jednostki o charakterze innowacyjnym, aplikacyjnym

II.4.1. Ochrona własności intelektualnej (dotyczy uprawnień jednostki z tytułu patentu/prawa ochronnego w myśl obowiązujących aktów prawnych z zakresu ochrony własności przemysłowej), w tym:

- wykaz zgłoszeń patentowych i uzyskanych patentów

L.p.	Numer zgłoszenia patentowego	Data zgłoszenia patentowego	Numer prawa wyłącznego	Tytuł	Twórca / Twórcy (nazwisko i imię)	Nazwa uprawnionego z patentu	Kraj lub organizacja gdzie dokonano zgłoszenia
1.	P.440401	2022-02-16		Panel białkowy do sposobu diagnozowania płynów opłucnowych i sposób analizy płynów opłucnowych do diagnozowani etiologii płynu opłucnowego.	Anna Perzanowska-Domańska Dominik Domański Michał Grot-Rowecki Agata Michalak Grzegorz Wojtas Aleksandra Martyna Robak Michał Dadlez	Instytut Biochemii i Biofizyki PAN	UP RP
2.	P.442612	2022-10-24		Panel białkowy do sposobu diagnozowania płynów opłucnowych i sposób analizy płynów opłucnowych do diagnozowani etiologii płynu opłucnowego.	Anna Perzanowska-Domańska Dominik Domański Michał Grot-Rowecki Agata Michalak Grzegorz Wojtas Aleksandra Martyna Robak Michał Dadlez	Instytut Biochemii i Biofizyki PAN	UP RP
3.	EP22153790	2022-01-27		Novel <i>Lactococcus lactis</i> strains, compositions comprising them, and use thereof in prevention and treatment of intestinal cancer.	Przemysław Sałański Jacek Bardowski Agnieszka Szczepankowska Joanna Bogusławska	Instytut Biochemii i Biofizyki PAN	EPO

4.	P.434249	2014-08-31	Pat.241190	Szczep <i>Enterococcus faecalis</i> pozbawiony profagów oraz sposób otrzymywania preparatu bakteriofagowego.	Łobocka Małgorzata Gozdek Agnieszka Izak Dariusz Gawor Jan Gromadka Robert Dąbrowski Kamil Zalewska Agnieszka Weber-Dąbrowska Beata Górski Andrzej	Instytut Biochemii i Biofizyki PAN Instytut Immunologii i Terapii Doświadczalnej PAN	UP RP
5.	P.436821	2021-02-01	Pat.241568	Nowe szczepy <i>Lactococcus lactis</i> , kompozycje je obejmujące oraz ich zastosowanie w zapobieganiu i leczeniu nowotworu raka jelita.	Przemysław Salański Jacek Bardowski Agnieszka Szczepankowska Joanna Bogusławska	Instytut Biochemii i Biofizyki PAN	UP RP
6.	EP16823045	2016-12-01	EP3384289	Method for analysis of proteins in urine.	Grzesiuk Elżbieta Piwowarski Jan Pilżys Tomasz Wiśniowska Iga Marcinkowski Michał Garbicz Damian Lisik Wojciech Kosieradzki Maciej Pączek Leszek Krasowski Paweł	Instytut Biochemii i Biofizyki PAN Warszawski Uniwersytet Medyczny	EP
7.	P.433077	2020-02-27	Pat.240907	Szczep bakteriofaga, jego zastosowanie terapeutyczne do zwalczania bakterii z rodzaju <i>Escherichia</i> oraz zastosowanie szczepu bakteriofaga do fagotypowania, zwłaszcza enterokrwotocznych szczepów <i>Escherichia coli</i> .	Agata Jurczak-Kurek Karolina Ciemińska Katarzyna Kosznik-Kwaśnicka Łukasz Grabowski Alicja Węgrzyn Grzegorz Węgrzyn	Uniwersytet Gdański Instytut Biochemii i Biofizyki PAN	UP RP
8.	P.431125	2019-09-10	Pat.240721	Zastosowanie tiosangiwamycyny jako substancji chwastobójczej, zastosowanie kompozycji chwastobójczej zawierającej tiosangiwamycynę oraz sposób zwalczania szkodliwych roślin.	Rafał Archacki Paweł Siedlecki Katarzyna Sosnowska	Uniwersytet Warszawski Instytut Biochemii i Biofizyki PAN	UP RP

9.	P.434210	2020-06-05	Pat.241758	Szczep bakteriofaga specyficzny wobec bakterii należących do rodzaju <i>Salmonella</i> oraz medyczne zastosowanie szczepu bakteriofaga do zwalczania bakterii z gatunku <i>Salmonella enterica</i> .	Katarzyna Kosznik-Kwaśnicka Łukasz Grabowski Alicja Węgrzyn Grzegorz Węgrzyn	Uniwersytet Gdański Instytut Biochemii i Biofizyki PAN	UP RP
10.	P.434212	2020-06-05	Pat.241810	Szczep bakteriofaga specyficzny wobec bakterii należących do rodzaju <i>Salmonella</i> oraz medyczne zastosowanie szczepu bakteriofaga do zwalczania bakterii z gatunku <i>Salmonella enterica</i> .	Katarzyna Kosznik-Kwaśnicka Łukasz Grabowski Alicja Węgrzyn Grzegorz Węgrzyn	Uniwersytet Gdański Instytut Biochemii i Biofizyki PAN	UP RP
11.	P.434214	2020-06-05	Pat.241811	Szczep bakteriofaga specyficzny wobec bakterii należących do rodzaju <i>Salmonella</i> oraz medyczne zastosowanie szczepu bakteriofaga do zwalczania bakterii z gatunku <i>Salmonella enterica</i> .	Katarzyna Kosznik-Kwaśnicka Łukasz Grabowski Alicja Węgrzyn Grzegorz Węgrzyn	Uniwersytet Gdański Instytut Biochemii i Biofizyki PAN	UP RP

– wykaz zgłoszeń i uzyskanych praw ochronnych na wzory użytkowe

Lp.	Numer zgłoszenia	Data zgłoszenia	Numer prawa wyłącznego	Tytuł	Twórca / Twórcy (nazwisko i imię)	Nazwa uprawnionego	Kraj lub organizacja gdzie dokonano zgłoszenia
N/D	N/D	N/D	N/D	N/D	N/D	N/D	N/D

II. 5. Działalność jednostki na rzecz terytorialnych struktur samorządowych (krótki opis)

- prowadzenie, wspieranie badań naukowych i prac rozwojowych z obszaru tematyki regionalnej;
- inicjowanie i prowadzenie prac oraz studiów koncepcyjnych związanych z regionem;
- inne formy działalności jednostki w zakresie współpracy z samorządem terytorialnym.

nie dotyczy

II.6. Kształcenie i rozwój kadry naukowej

II.6.1. Wykaz uzyskanych tytułów i stopni naukowych pracowników jednostki w roku sprawozdawczym:

- profesora nadany przez Prezydenta RP (imię i nazwisko pracownika)
- doktora habilitowanego (imię i nazwisko pracownika, tytuł rozprawy habilitacyjnej, dziedzina i zakres nadanego stopnia naukowego)

Imię i nazwisko	Tytuł rozprawy habilitacyjnej	Dziedzina i zakres nadanego stopnia naukowego
Małgorzata Cieśla	Biogeneza i regulacja polimerazy III RNA u drożdży <i>Saccharomyces cerevisiae</i> .	nauki ścisłe i przyrodnicze dyscyplina nauki biologiczne

- doktora (imię, nazwisko pracownika, tytuł rozprawy doktorskiej, dziedzina i zakres nadanego stopnia naukowego)

l.p.	Imię i nazwisko	Tytuł rozprawy doktorskiej	Dziedzina i zakres nadanego stopnia naukowego
1	Agnieszka Fatalaska	Structural studies of core centriolar proteins and their complexes using hydrogen-deuterium exchange monitored by mass spectrometry.	nauki ścisłe i przyrodnicze dyscyplina nauki biologiczne
2	Michał Krawczyk	Nowe mechanizmy angażujące białko Mms2 w kształtowaniu stabilności genetycznej komórek drożdży <i>Saccharomyces cerevisiae</i> .	nauki ścisłe i przyrodnicze dyscyplina nauki biologiczne
3	Karolina Kotecka	Analiza funkcjonalna regulatorów transkrypcji PA3027 i PA3458 z <i>Pseudomonas aeruginosa</i> .	nauki ścisłe i przyrodnicze dyscyplina nauki biologiczne
4	Damian Garbicz	Poszukiwanie związków o działaniu przeciwnowotworowym wśród stilbenów i oksepin oraz inhibitorów białek z rodziny ALKBH i HDAC.	nauki ścisłe i przyrodnicze dyscyplina nauki biologiczne
5	Michał Marcinkowski	Biochemiczna i biofizyczna charakterystyka dioksygenazy FTO.	nauki ścisłe i przyrodnicze dyscyplina nauki biologiczne
6	Joanna Drabińska	Analiza funkcjonalna wybranych białek z rodziny Nudix oraz białka PA2504 – partnera hydrolazy Nudix RppH <i>Pseudomonas aeruginosa</i> .	nauki ścisłe i przyrodnicze dyscyplina nauki biologiczne

7	Karolina Gościńska	Identyfikacja molekularnego mechanizmu regulującego cytoplazmatyczną translację podczas dysfunkcji mitochondriów.	nauki ścisłe i przyrodnicze dyscyplina nauki biologiczne
8	Radosław Kotuniak	Kinetyka reakcji wiązania jonów miedzi z cząsteczkami transportowymi osocza krwi.	nauki ścisłe i przyrodnicze dyscyplina nauki biologiczne
9	Łukasz Rymer	Charakterystyka nowego szlaku importu białek do peroksysomów w drożdżach <i>Saccharomyces cerevisiae</i> z zastosowaniem katalazy A jako białka modelowego.	nauki ścisłe i przyrodnicze dyscyplina nauki biologiczne
10	Małgorzata Jędrychowska	Wpływ kompleksu GINS na utrzymanie stabilności powtarzających się sekwencji DNA w komórkach <i>Saccharomyces cerevisiae</i> .	nauki ścisłe i przyrodnicze dyscyplina nauki biologiczne
11	Dominik Cysewski	Synteza białek w synapsach - analiza proteomiczna.	nauki ścisłe i przyrodnicze dyscyplina nauki biologiczne
12	Magdalena Modrzejewska	Rola czynników transkrypcyjnych PA2121 i PA2577 w sieci regulacyjnej <i>Pseudomonas aeruginosa</i> .	nauki ścisłe i przyrodnicze dyscyplina nauki biologiczne
13	Małgorzata Orłowska	Różnorodność składu genomów starych ewolucyjnie grzybów.	nauki ścisłe i przyrodnicze dyscyplina nauki biologiczne
14	Aleksandra Tymoszevska	Bakteriocyny klasy II bakterii Gram-dodatnich – oddziaływania z receptorem i rozwój oporności.	nauki ścisłe i przyrodnicze dyscyplina nauki biologiczne
15	Elżbieta Lewandowska-Gnatowska	Odpowiedź roślin na zranienia mechaniczne: rola kinaz białkowych zależnych od wapnia (CDPK) i metylacji DNA w szlakach sygnałowych stresu u kukurydzy i jęczmienia.	nauki ścisłe i przyrodnicze dyscyplina nauki biologiczne
16	Jakub Boreczek	Analiza różnorodności mikrobiologicznej zakwasów piekarskich w kierunku selekcji szczepów bakterii do kultur starterowych przeznaczonych do produkcji pieczywa pełnoziarnistego.	nauki ścisłe i przyrodnicze dyscyplina nauki biologiczne
17	Magdalena Chmielewska-Jeznach	Charakterystyka genomiczna i fizjologiczna bakteriofagów <i>Lactococcus</i> oraz analiza funkcjonalna elementów związanych z replikacją DNA.	nauki ścisłe i przyrodnicze dyscyplina nauki biologiczne
18	Jakub Kwiatkowski	Znaczenie poziomu wapnia dla struktury i funkcji HopQ1 - czynnika wirulencji fitopatogennych bakterii <i>Pseudomonas syringae</i> .	nauki ścisłe i przyrodnicze dyscyplina nauki biologiczne
19	Przemysław Surowiecki	Charakterystyka wybranych cis-prenylotransferaz zaangażowanych w biosyntezę poliizoprenoidów u <i>Arabidopsis thaliana</i> .	nauki ścisłe i przyrodnicze dyscyplina nauki biologiczne
20	Magdalena Polakowska	Plastyczność konformacyjna i reaktywność cystein w potranslacyjnej regulacji wielofunkcyjnych ludzkich białek S100A8 i S100A9.	nauki ścisłe i przyrodnicze dyscyplina nauki biologiczne

21	Aleksandra Głowacka-Rutkowska	Wybrane właściwości obligatoryjnie litycznych bakteriofagów <i>Staphylococcus aureus</i> w kontekście badań nad potencjałem terapeutycznym bakteriofagów.	nauki ścisłe i przyrodnicze dyscyplina nauki biologiczne
22	Paulina Oksińska	Udział SWI3D – podjednostki kompleksu remodelującego chromatynę typu SWI/SNF w kontroli procesów regulacyjnych u <i>Arabidopsis thaliana</i> , ze szczególnym uwzględnieniem szlaków transdukcji sygnału za pomocą hormonów.	nauki ścisłe i przyrodnicze dyscyplina nauki biologiczne
23	Dominika Nowak	Rola HopBF1, efektora podobnego do kinaz białkowych, w wirulencji chorobotwórczych bakterii.	nauki ścisłe i przyrodnicze dyscyplina nauki biologiczne
24	Monika Mitura	Charakterystyka alfa-helikalnego białka KfrC – rola w stabilnym dziedziczeniu plazmidu RA3 z grupy niezgodności IncU.	nauki ścisłe i przyrodnicze dyscyplina nauki biologiczne
25	Izabela Rudzińska	Rola białka Rbs1 w kontroli generalnej odpowiedzi na defekty biosyntezy tRNA u drożdży <i>Saccharomyces cerevisiae</i> .	nauki ścisłe i przyrodnicze dyscyplina nauki biologiczne
26	Milena Denkiewicz-Kruk	Rola kompleksu GINS w utrzymaniu stabilności genomu w komórkach drożdży <i>Saccharomyces cerevisiae</i> .	nauki ścisłe i przyrodnicze dyscyplina nauki biologiczne
27	Aleksandra Robak	Określanie etiologii płynów opłucnowych z zastosowaniem proteomiki celowanej opartej na metodach spektrometrii mas.	nauki ścisłe i przyrodnicze dyscyplina nauki biologiczne
28	Paweł Ćwiek	Identyfikacja nowych mechanizmów sygnałowych regulujących aktywność transkrypcyjną chromatyny u eukariontów.	nauki ścisłe i przyrodnicze dyscyplina nauki biologiczne
29	Renata Kuberska	The role of the Rad27 nuclease and ζ polymerase in maintaining the stability of the mitochondrial genome of <i>Saccharomyces cerevisiae</i> .	nauki ścisłe i przyrodnicze dyscyplina nauki biologiczne
30	Anna Zawada	Wpływ zmienionych oddziaływań białkowych w obrębie replisomu na stabilność mikrosatelitarnych sekwencji DNA w komórkach drożdży <i>Saccharomyces cerevisiae</i> .	nauki ścisłe i przyrodnicze dyscyplina nauki biologiczne
31	Jarosław Steciuk	Ocena funkcji biologicznej podjednostki typu SNF5 kompleksu SWI/SNF u <i>Arabidopsis thaliana</i> z wykorzystaniem nowej linii insercyjnej z inaktywacją genu kodującego tę podjednostkę.	nauki ścisłe i przyrodnicze dyscyplina nauki biologiczne

II.6.2. Wykaz tytułów i stopni naukowych nadanych przez jednostkę w roku sprawozdawczym innym osobom (niezatrudnionym w jednostce):
- doktora habilitowanego

Imię i nazwisko	Tytuł rozprawy habilitacyjnej	Dziedzina i zakres nadanego stopnia naukowego
Łukasz Kozłowski	Przewidywanie punktu izoelektrycznego białek i peptydów oraz stałych dysocjacji aminokwasów.	nauki ścisłe i przyrodnicze dyscyplina nauki biologiczne

- doktora

l.p.	Imię i nazwisko	Tytuł rozprawy doktorskiej	Dziedzina i zakres nadanego stopnia naukowego
1	Karolina Wojciechowska	ESCRT-I depletion sensitizes cancer cells to TRAIL-induced apoptosis through accumulated TRAILR2	nauki ścisłe i przyrodnicze dyscyplina nauki biologiczne
2	Maria Śladowska	Mechanizmy homeostazy białkowej w warunkach stresu mitochondrialnego w nicieniu <i>Caenorhabditis elegans</i> .	nauki ścisłe i przyrodnicze dyscyplina nauki biologiczne
3	Paweł Mitkowski	Charakterystyka strukturalna i biochemiczna domen: katalitycznej (M23) i wiążącej substrat (SH3b) występujących w hydrolazach peptydoglikanowych.	nauki ścisłe i przyrodnicze dyscyplina nauki biologiczne
4	Alicja Wysocka	Charakterystyka biochemiczna przedstawicieli hydrolaz peptydoglikanowych z rodziny M23 i ich wykorzystanie w opatrunkach przeciwbakteryjnych.	nauki ścisłe i przyrodnicze dyscyplina nauki biologiczne
5	Dominik Rafalski	Dioksygenazy Tet u kręgowców i bezkręgowców.	nauki ścisłe i przyrodnicze dyscyplina nauki biologiczne
6	Anna Znój	Mikrobiota ryzosfery inwazyjnych i rodzimych roślin Magnoliophyta w Antarktyce.	nauki ścisłe i przyrodnicze dyscyplina nauki biologiczne
7	Marlena Kisiała	Structural studies of AvaII and TagI restriction endonucleases.	nauki ścisłe i przyrodnicze dyscyplina nauki biologiczne
8	Marta Gapińska	Struktura i mechanizm bakteryjnych odwrotnych transkryptaz zaangażowanych w mechanizmy antyfagowe.	nauki ścisłe i przyrodnicze dyscyplina nauki biologiczne
9	Praveenraj Elancheliyan	The relationship of ovarian cancer immunoreactive antigen domain (OCIAD) proteins in assembly of mitochondrial inner membrane complexes.	nauki ścisłe i przyrodnicze dyscyplina nauki biologiczne
10	Marzena Nowacka	Badania strukturalne i biochemiczne odwrotnych transkryptaz wirusów pienistych.	nauki ścisłe i przyrodnicze dyscyplina nauki biologiczne

II.6.3. Studia doktoranckie - stan na dzień 31 grudnia (w przypadku środowiskowych studiów wypełnia jeden upoważniony do tego instytut naukowy PAN lub instytut PAN w którym są afiliowani doktoranci środowiskowych studiów, co wynika z uregulowań pomiędzy jednostkami prowadzącymi dane środowiskowe studia doktoranckie)

Liczba uczestników studiów doktoranckich prowadzonych przez instytut naukowy PAN, w podziale na formy studiów i płeć doktorantów:								Liczba uczestników pobierających stypendia	
stacjonarne studia doktoranckie		w tym: przyjęci w roku sprawozdawczym		niestacjonarne studia doktoranckie		w tym: przyjęci w roku sprawozdawczym		ogółem	w tym: stypendium doktoranckie, o którym mowa w art. 200 ust. 1 ustawy z dnia 27 lipca 2005 r. - Prawo o szkolnictwie wyższym, przyznane przez dyrektora instytutu PAN prowadzącego studia (art. 285 ustawy z dnia 3 lipca 2018r. Przepisy wprowadzające ustawę - Prawo o szkolnictwie wyższym i nauce)
K	M	K	M	K	M	K	M		
30	26	0	0	0	0	0	0		
Liczba uczestników studiów doktoranckich ogółem						w tym: przyjęci w roku sprawozdawczym			
56						0			
K		M		K		M		40	40
30		26		0		0			

Bliższe informacje o doktorantach niebędących obywatelami polskimi, zwanymi dalej „cudzoziemcami”

Liczba cudzoziemców ogółem		w tym: przyjęci w roku sprawozdawczym	
18		0	
Kraj pochodzenia	Liczba cudzoziemców	Kraj pochodzenia	Liczba cudzoziemców
1) Chiny	2	nie dotyczy	nie dotyczy
2) Indie	11		
3) Iran	1		
4) Portugalia	2		
5) Turcja	1		
6) Włochy	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		Szkola Doktorska Medycyny Translacyjnej „Bench to Bedside – B 2 B 4 PhD”			
Podmiot odpowiedzialny za wprowadzanie danych do systemu POL-on i uprawniony do otrzymania środków finansowych na wspólne kształcenie w szkole doktorskiej		Centrum Medyczne Kształcenia Podyplomowego			
Podmioty wspólnie prowadzące szkołę doktorską		1) Centrum Medyczne Kształcenia Podyplomowego 2) Instytut Medycyny Doświadczalnej i Klinicznej im. Mirosława Mossakowskiego PAN 3) Instytut Hematologii i Transfuzjologii PAN 4) Instytut Biochemii i Biofizyki PAN 5) Instytut Biocybernetyki i Inżynierii Biomedycznej im. Macieja Nałęcza PAN			
Dyscypliny, w których prowadzone jest kształcenie w szkole doktorskiej		1) Nauki medyczne 2) Nauki biologiczne 3) Inżynieria biomedyczna			
Liczba doktorantów szkoły doktorskiej w instytucie naukowym PAN				Liczba doktorantów pobierających stypendia*	
Liczba doktorantów szkoły doktorskiej - ogółem:		w tym: przyjęci w roku sprawozdawczym:		Ogółem	w tym: otrzymujący stypendium doktoranckie, o którym mowa w art. 209 ust. 1 ustawy z dnia 20 lipca 2018 r. - Prawo o szkolnictwie wyższym i nauce
7		0			
K*	M*	K*	M*	7	7
6	1	0	0		

Bliższe informacje o doktorantach szkół doktorskich niebędących obywatelami polskimi, zwanymi dalej „cudzoziemcami”

Liczba cudzoziemców ogółem		w tym: przyjęci w roku sprawozdawczym	
2		0	
Kraj pochodzenia	Liczba cudzoziemców	Kraj pochodzenia	Liczba cudzoziemców
1) Chiny	1	nie dotyczy	nie dotyczy
2) Indie	1		

Nazwa szkoły doktorskiej prowadzonej przez instytut PAN lub wspólnie prowadzonej z innymi podmiotami		Szkola 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: 41		w tym: przyjęci w roku sprawozdawczym: 16		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*		41
25	16	9	7		

Bliższe informacje o doktorantach szkół doktorskich niebędących obywatelami polskimi, zwanymi dalej „cudzoziemcami”

Liczba cudzoziemców - ogółem: 18		w tym: przyjęci w roku sprawozdawczym: 8	
Kraj pochodzenia	Liczba cudzoziemców*	Kraj pochodzenia	Liczba cudzoziemców*
1) Birma	1		
2) Chiny	1		
3) Etiopia	1		
4) Ghana	1		
5) Indie	4	1) Ghana	1
6) Irak	1	2) Indie	4
7) Iran	2	3) Irak	1
8) Liban	1	4) Liban	1
9) Tajlandia	1	5) Ukraina	2
10) Turcja	2		
11) Ukraina	2		
12) Wietnam	1		

* w podziale na podmioty tworzące szkołę

II.6.5 Wykaz uzyskanych doktoratów w ramach studiów doktoranckich pod kierunkiem promotora z jednostki PAN:

l.p.	Imię i nazwisko	Tytuł pracy doktorskiej	Dziedzina i dyscyplina naukowa
1	Agnieszka Fatałska	Structural studies of core centriolar proteins and their complexes using hydrogen-deuterium exchange monitored by mass spectrometry.	nauki ścisłe i przyrodnicze dyscyplina nauki biologiczne
2	Michał Krawczyk	Nowe mechanizmy angażujące białko Mms2 w kształtowaniu stabilności genetycznej komórek drożdży <i>Saccharomyces cerevisiae</i> .	nauki ścisłe i przyrodnicze dyscyplina nauki biologiczne
3	Karolina Kotecka	Analiza funkcjonalna regulatorów transkrypcji PA3027 i PA3458 z <i>Pseudomonas aeruginosa</i> .	nauki ścisłe i przyrodnicze dyscyplina nauki biologiczne
4	Damian Garbicz	Poszukiwanie związków o działaniu przeciwnowotworowym wśród stilbenów i oksepin oraz inhibitorów białek z rodziny ALKBH i HDAC.	nauki ścisłe i przyrodnicze dyscyplina nauki biologiczne
5	Michał Marcinkowski	Biochemiczna i biofizyczna charakterystyka dioksygenazy FTO.	nauki ścisłe i przyrodnicze dyscyplina nauki biologiczne
6	Maria Śladowska	Mechanizmy homeostazy białkowej w warunkach stresu mitochondrialnego w nicieniu <i>Caenorhabditis elegans</i> .	nauki ścisłe i przyrodnicze dyscyplina nauki biologiczne
7	Joanna Drabińska	Analiza funkcjonalna wybranych białek z rodziny Nudix oraz białka PA2504 – partnera hydrolazy Nudix RppH <i>Pseudomonas aeruginosa</i> .	nauki ścisłe i przyrodnicze dyscyplina nauki biologiczne

8	Karolina Gościńska	Identyfikacja molekularnego mechanizmu regulującego cytoplazmatyczną translację podczas dysfunkcji mitochondriów.	nauki ścisłe i przyrodnicze dyscyplina nauki biologiczne
9	Radosław Kotuniak	Kinetyka reakcji wiązania jonów miedzi z cząsteczkami transportowymi osocza krwi.	nauki ścisłe i przyrodnicze dyscyplina nauki biologiczne
10	Paweł Mitkowski	Charakterystyka strukturalna i biochemiczna domen: katalitycznej (M23) i wiążącej substrat (SH3b) występujących w hydrolazach peptydoglikanowych.	nauki ścisłe i przyrodnicze dyscyplina nauki biologiczne
11	Łukasz Rymer	Charakterystyka nowego szlaku importu białek do peroksysomów w drożdżach <i>Saccharomyces cerevisiae</i> z zastosowaniem katalazy A jako białka modelowego.	nauki ścisłe i przyrodnicze dyscyplina nauki biologiczne
12	Małgorzata Jędrychowska	Wpływ kompleksu GINS na utrzymanie stabilności powtarzających się sekwencji DNA w komórkach <i>Saccharomyces cerevisiae</i> .	nauki ścisłe i przyrodnicze dyscyplina nauki biologiczne
13	Dominik Cysewski	Synteza białek w synapsach - analiza proteomiczna.	nauki ścisłe i przyrodnicze dyscyplina nauki biologiczne
14	Magdalena Modrzejewska	Rola czynników transkrypcyjnych PA2121 i PA2577 w sieci regulacyjnej <i>Pseudomonas aeruginosa</i> .	nauki ścisłe i przyrodnicze dyscyplina nauki biologiczne
15	Alicja Wysocka	Charakterystyka biochemiczna przedstawicieli hydrolaz peptydoglikanowych z rodziny M23 i ich wykorzystanie w opatrunkach przeciwbakteryjnych.	nauki ścisłe i przyrodnicze dyscyplina nauki biologiczne
16	Małgorzata Orłowska	Różnorodność składu genomów starych ewolucyjnie grzybów.	nauki ścisłe i przyrodnicze dyscyplina nauki biologiczne
17	Aleksandra Tymoszevska	Bakteriocyny klasy II bakterii Gram-dodatnich – oddziaływania z receptorem i rozwój oporności.	nauki ścisłe i przyrodnicze dyscyplina nauki biologiczne
18	Elżbieta Lewandowska-Gnatowska	Odpowiedź roślin na zranienia mechaniczne: rola kinaz białkowych zależnych od wapnia (CDPK) i metylacji DNA w szlakach sygnałowych stresu u kukurydzy i jęczmienia.	nauki ścisłe i przyrodnicze dyscyplina nauki biologiczne
19	Jakub Boreczek	Analiza różnorodności mikrobiologicznej zakwasów piekarskich w kierunku selekcji szczepów bakterii do kultur starterowych przeznaczonych do produkcji pieczywa pełnoziarnistego.	nauki ścisłe i przyrodnicze dyscyplina nauki biologiczne
20	Magdalena Chmielewska-Jeznach	Charakterystyka genomiczna i fizjologiczna bakteriofagów <i>Lactococcus</i> oraz analiza funkcjonalna elementów związanych z replikacją DNA.	nauki ścisłe i przyrodnicze dyscyplina nauki biologiczne
21	Jakub Kwiatkowski	Znaczenie poziomu wapnia dla struktury i funkcji HopQ1 - czynnika wirulencji fitopatogennych bakterii <i>Pseudomonas syringae</i> .	nauki ścisłe i przyrodnicze dyscyplina nauki biologiczne
22	Przemysław Surowiecki	Charakterystyka wybranych cis-prenylotransferaz zaangażowanych w biosyntezę poliizoprenoidów u <i>Arabidopsis thaliana</i> .	nauki ścisłe i przyrodnicze dyscyplina nauki biologiczne

23	Magdalena Polakowska	Plastyczność konformacyjna i reaktywność cystein w potranslacyjnej regulacji wielofunkcyjnych ludzkich białek S100A8 i S100A9.	nauki ścisłe i przyrodnicze dyscyplina nauki biologiczne
24	Aleksandra Głowacka-Rutkowska	Wybrane właściwości obligatoryjnie litycznych bakteriofagów <i>Staphylococcus aureus</i> w kontekście badań nad potencjałem terapeutycznym bakteriofagów.	nauki ścisłe i przyrodnicze dyscyplina nauki biologiczne
24	Paulina Oksińska	Udział SWI3D – podjednostki kompleksu remodelującego chromatinę typu SWI/SNF w kontroli procesów regulacyjnych u <i>Arabidopsis thaliana</i> , ze szczególnym uwzględnieniem szlaków transdukcji sygnału za pomocą hormonów.	nauki ścisłe i przyrodnicze dyscyplina nauki biologiczne
26	Dominika Nowak	Rola HopBF1, efektora podobnego do kinaz białkowych, w wirulencji chorobotwórczych bakterii.	nauki ścisłe i przyrodnicze dyscyplina nauki biologiczne
27	Monika Mitura	Charakterystyka alfa-helikalnego białka KfrC–rola w stabilnym dziedziczeniu plazmidu RA3 z grupy niezgodności IncU.	nauki ścisłe i przyrodnicze dyscyplina nauki biologiczne
28	Izabela Rudzińska	Rola białka Rbs1 w kontroli generalnej odpowiedzi na defekty biosyntezy tRNA u drożdży <i>Saccharomyces cerevisiae</i> .	nauki ścisłe i przyrodnicze dyscyplina nauki biologiczne
29	Milena Denkiewicz-Kruk	Rola kompleksu GINS w utrzymaniu stabilności genomu w komórkach drożdży <i>Saccharomyces cerevisiae</i> .	nauki ścisłe i przyrodnicze dyscyplina nauki biologiczne
30	Aleksandra Robak	Określanie etiologii płynów opłucnowych z zastosowaniem proteomiki celowanej opartej na metodach spektrometrii mas.	nauki ścisłe i przyrodnicze dyscyplina nauki biologiczne
31	Paweł Ćwiek	Identyfikacja nowych mechanizmów sygnałowych regulujących aktywność transkrypcyjną chromatyny u eukariontów.	nauki ścisłe i przyrodnicze dyscyplina nauki biologiczne
32	Praveenraj Elancheliyan	The relationship of ovarian cancer immunoreactive antigen domain (OCIAD) proteins in assembly of mitochondrial inner membrane complexes.	nauki ścisłe i przyrodnicze dyscyplina nauki biologiczne
33	Renata Kuberska	The role of the Rad27 nuclease and ζ polymerase in maintaining the stability of the mitochondrial genome of <i>Saccharomyces cerevisiae</i> .	nauki ścisłe i przyrodnicze dyscyplina nauki biologiczne
34	Anna Zawada	Wpływ zmienionych oddziaływań białkowych w obrębie replisomu na stabilność mikrosatelitarnych sekwencji DNA w komórkach drożdży <i>Saccharomyces cerevisiae</i> .	nauki ścisłe i przyrodnicze dyscyplina nauki biologiczne
35	Jarosław Steciuk	Ocena funkcji biologicznej podjednostki typu SNF5 kompleksu SWI/SNF u <i>Arabidopsis thaliana</i> z wykorzystaniem nowej linii insercyjnej z inaktywacją genu kodującego tę podjednostkę.	nauki ścisłe i przyrodnicze dyscyplina nauki biologiczne

Wykaz uzyskanych doktoratów w ramach szkół doktorskich:

Imię i nazwisko	Tytuł pracy doktorskiej	Dziedzina i dyscyplina naukowa
0	0	0

II.6.6. Młodzi naukowcy, o których mowa w art. 360 ust. 2 ustawy z dnia 20 lipca 2018 r. *Prawo o szkolnictwie wyższym i nauce*, którzy otrzymali w roku sprawozdawczym stypendium ministra właściwego do spraw szkolnictwa wyższego i nauki dla wybitnych młodych naukowców - ogółem **0**.

Młodzi naukowcy będący pracownikami jednostki	Młodzi naukowcy będący doktorantami odbywającymi studia doktoranckie lub kształcącymi się w szkole doktorskiej
0	0

II.6.7. Udział pracowników jednostki w różnych formach kształcenia podoktorskiego w instytucjach zagranicznych (studia, staże, stypendia, inne, ukończone w roku sprawozdawczym). Dotyczy osób, które będąc pracownikami jednostki, uczestniczyły w tych formach kształcenia.

Krótki opis: imię i nazwisko pracownika; zagraniczny ośrodek naukowy; forma kształcenia; okres kształcenia, rok od-do; wybrane uzyskane najważniejsze rezultaty badawcze (ew. publikacje).

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
116	30	14	17

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	23	9
a) w uczelniach	18	6
b) w innych instytucjach	5	3
2. za granicą	0	4

Wykaz krajowych i/lub zagranicznych ośrodków naukowych, w których pracownicy jednostki prowadzili działalność dydaktyczną w roku sprawozdawczym.

1. Akademia Górniczo-Hutnicza w Krakowie
2. Instytut Biochemii i Biofizyki PAN
3. Instytut Biologii Doświadczalnej PAN
4. Instytut Fizyki PAN
5. Instytut Matki i Dziecka
6. Kazakh Agrotechnical Research University, Almaty
7. Politechnika Warszawska, Wydział Chemiczny
8. Szkoła Podstawowa im. Polskich Noblistów w Warszawie
9. Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie, Instytut Biologii oraz Instytut Biologii i Biotechnologii
10. Uniwersytet Gdański
11. Uniwersytet Jagielloński Collegium Medicum
12. Uniwersytet Marii Curie-Skłodowskiej w Lublinie
13. Uniwersytet Śląski w Katowicach, Wydział Nauk Przyrodniczych, Instytut Nauk o Ziemi
14. Uniwersytet Warszawski, Wydział Biologii oraz Wydział Geografii i Studiów Regionalnych

II.8. Współpraca z zagranicą

II.8.1. Zagraniczne instytucje naukowe, z którymi współpracuje jednostka

l.p.	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.	Chiny	East China Normal University Shanghai prof. Jiemin Wong	Grant SHENG NCN	01.10.2019-30.09.2023	badania podstawowe w ramach projektu NCN
3.	Dania	Institut for Molekylærbiologi og Genetik Aarhus Universitet prof. Torben Heick Jensen	nie dotyczy	2022-2023	badania podstawowe w ramach projektów naukowych
4.	Finlandia	Department of Molecular Biology and Genetics, Aarhus University dr Matti Turtola	nie dotyczy	2023-2027	badania podstawowe w ramach projektów naukowych

¹ W przypadku braku podpisanego porozumienia/umowy proszę wpisać „nie dotyczy”

5.	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
6.	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
7.	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
8.	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
9.	Francja	Institut de Génétique Moléculaire de Montpellier, Montpellier prof. Etienne Schwob	Grant HARMONIA 2017/26/M/NZ3/01044	05.2018-05.2023	badania podstawowe w ramach projektu NCN
10.	Francja	Laboratoire Chimie et Biochimie de Molécules Bioactives - Université de Strasbourg/CNRS, Strasbourg prof. Michel Rohmer	nie dotyczy	nie dotyczy	badania podstawowe w ramach projektów naukowych
11.	Francja	Institute of Molecular Biology of Plants, University of Strasbourg prof. Philippe Giege	grant NCN PRELUDIUM BIS 3 UMO-2021/43/O/NZ1/02291	1.10. 2022-31.09.2026	badania podstawowe w ramach projektu NCN
12.	Francja	Institut Jacques-Monod French National Centre for Scientific Research, CNRS prof. Domenico Libri dr Odil Porrua	nie dotyczy	2022-2023	badania podstawowe w ramach projektu NCN
13.	Francja	Institut de Génétique Moléculaire de Montpellier, Montpellier dr Odil Porrua	nie dotyczy	2022-2023	badania podstawowe w ramach projektu NCN
14.	Hiszpania	IPLA-CSIC, Instituto de Productos Lacteos	porozumienie PAN/CSIC	od 2007 r.	badania podstawowe w ramach projektów naukowych
15.	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
16.	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

17.	Niemcy	Max-Planck Institute for Molecular Plant Physiology prof. Alisdair Fernie	Fernie_2018 collaboration	do 31.07.2023	badania podstawowe w ramach projektów naukowych
18.	Niemcy	Deutsches Herzzentrum München, prof. Stefan Holdenrieder	nie dotyczy	nie dotyczy	badania podstawowe w ramach projektów naukowych
19.	Niemcy	Max Planck Institute of Molecular Plant Physiology, Potsdam-Golm prof. Rainer Hoefgen	Projekt NCN "Beethoven Life", UMO- 2018/31/F/NZ1/02234	29.01.2020- 28.01.2024	badania podstawowe w ramach projektu NCN
20.	Niemcy	Institute for Plant Sciences, University of Cologne prof. Stan Kopriva	Projekt NCN "Beethoven Life", UMO- 2018/31/F/NZ1/02234	29.01.2020- 28.01.2024	badania podstawowe w ramach projektu NCN
21.	Niemcy	Ruhr-Universitat Bochum	list intencyjny	od 2013	badania podstawowe w ramach projektów naukowych
22.	Niemcy	Max Planck Institute for Terrestrial Microbiology dr Daniel Schindler	nie dotyczy	nie dotyczy	badania podstawowe w ramach projektów naukowych
23.	Niemcy	University of Regensburg: Regensburg, Bayern, DE dr Christoph Engel	nie dotyczy	nie dotyczy	badania podstawowe w ramach projektów naukowych
24.	Niemcy	Max-Planck Institute for Plant Breeding Research, Kolonja prof. Csaba Koncz, prof. George Coupland, dr Franziska Turck	Guest scientist contract	31.12.2023	badania podstawowe w ramach projektów naukowych
25.	Niemcy	Ruhr-Universität Bochum prof. Ralf Erdmann	List intencyjny	od 2013 bezterminowo	badania podstawowe w ramach projektów naukowych
26.	Słowenia	Instytut Jozefa Stefana	Materiał Transfer Agreement	17.11.22 - 31.12.23	badania podstawowe w ramach projektów naukowych
27.	Szwajcaria	Howard Riezman University of Geneva	nie dotyczy	nie dotyczy	badania podstawowe w ramach projektów naukowych
28.	Szwecja	Department of Biomedicine, The Sahlgrenska Academy, University of Gothenburg, Gothenburg dr Ingela Parmryd	nie dotyczy	nie dotyczy	badania podstawowe w ramach projektów naukowych

29.	Taiwan	Instytut Medycyny Molekularnej, Narodowy Uniwersytet Tsing Hua	Wspólny polsko-tajwański projekt w ramach porozumienia o współpracy naukowej między Polską Akademią Nauk i Ministerstwem Nauki i Technologii w Taipei	2020-2022	badania podstawowe w ramach projektu bilateralnego
30.	Taiwan	Agricultural Biotechnology Research Center, Academia Sinica, Taipei, Taiwan, ROC prof. Yee-yung Charng	nie dotyczy	nie dotyczy	badania podstawowe w ramach projektów naukowych
31.	Tajlandia	Mahidol University, prof. Apinunt Udomkit	nie dotyczy	nie dotyczy	badania podstawowe w ramach projektów naukowych
32.	Ukraina	Instytut Biologii Molekularnej i Genetyki Narodowej Akademii Nauk Ukrainy	Umowa o współpracy naukowo-technicznej	05.07.2022-04.07.2027	badania podstawowe w ramach projektów naukowych
33.	USA	Laboratory of Genomic Integrity, NIH, prof. Roger Woodgate	Grant NCN HARMONIA UMO-2015/18/M/NZ3/00402	2016.04.12-11.04.2022	badania podstawowe w ramach projektu NCN
34.	USA	National Cancer Institute prof. Louis Staudt	nie dotyczy	nie dotyczy	badania podstawowe w ramach projektów naukowych
35.	USA	Department of Physiology and Cellular Biophysics, Columbia University, New York prof. Filippo Mancia	nie dotyczy	nie dotyczy	badania podstawowe w ramach projektów naukowych
36.	USA	Departments of Ophthalmology and Biochemistry and Neuroscience Program, Jacobs School of Medicine and Biomedical Sciences, University at Buffalo, The State University of New York, Buffalo prof. Steven Fliesler	nie dotyczy	nie dotyczy	badania podstawowe w ramach projektów naukowych
37.	USA	Department of Pharmacology, Yale School of Medicine, New Haven, Connecticut dr Kariona Grabinska	nie dotyczy	nie dotyczy	badania podstawowe w ramach projektów naukowych
38.	USA	Department of Biochemistry and Cell Biology, Stony Brook University, Stony Brook, New York dr Aaron Neiman	nie dotyczy	nie dotyczy	badania podstawowe w ramach projektów naukowych

39.	USA	Department of Chemistry, New York University dr Tania Lupoli	nie dotyczy	nie dotyczy	badania podstawowe w ramach projektów naukowych
40.	Wielka Brytania	University of York prof. Seth Davis	nie dotyczy	nie dotyczy	badania podstawowe w ramach projektów naukowych
41.	Wielka Brytania	University of Leeds prof. Richard Bayliss	Ramy współpracy międzynarodowej Richard Bayliss	do 31.07.2023	badania podstawowe w ramach projektów naukowych
42.	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)

l.p.	kraj	podmiot	rodzaj osiągnięcia: wspólna publikacja, patent, nowa metoda badawcza, nowa technologia, grant, inne	opis osiągnięcia
1.	Francja, Węgry, Polska	Université Grenoble Alpes, CNRS, CEA, IRIG, Laboratoire de Chimie et Biologie des Métaux Department of Inorganic and Analytical Chemistry, Faculty of Science and Informatics, University of Szeged Institute of Biochemistry and Biophysics Polish Academy of Sciences Department of Chemical Biology, Faculty of Biotechnology University of Wrocław	KLUSKA K., VERONESI G., DENIAUD A., HAJDU B., GYURCSIK B., BAL W. , KRĘŻEL A. Structures of Silver Fingers and a Pathway to Their Genotoxicity. Angewandte Chemie International Edition (2022) 61(12): e202116621 (8 p.) DOI: 10.1002/anie.202116621 (2021)	Za pomocą spektroskopii rentgenowskiej wyznaczono struktury kompleksów tworzonych przez srebro w wyniku wyparcia cynku z palców cynkowych i wykazano, że proces ten powoduje odłączenie czynnika transkrypcji od swoistej sekwencji DNA, tworząc podwaliny pod mechanizmem genotoksyczności srebra.
2.	USA, Wielka Brytania Brytania, Polska	Department of Physiology and Cellular Biophysics, Columbia University Irving Medical Center, New York, NY, USA Department of Anesthesiology, Columbia University Irving Medical Center, New York, NY, USA Department of Biochemistry and Molecular Biology,	ASHRAF KU, NYGAARD R, VICKERY ON, ERRAMILLI SK, HERRERA CM, MCCONVILLE TH, PETROU VI, GIACOMETTI SI, BELCHER DUFRISNE M, NOSOL K, ZINKLE AP, GRAHAM CLB, LOUKERIS M, KLOSS B, SKORUPINSKA-TUDEK K, SWIEZEWSKA E, ROPER DI, CLARKE OB,	Ligaza WaaL katalizuje ostatni etap biosyntezy liposacharydu (LPS), głównego składnika zewnętrznej błony komórkowej bakterii Gram-ujemnych, stanowiącego selektywną barierę chroniącą bakterie przed czynnikami przeciwbakteryjnymi. W pracy przedstawiono strukturę WaaL bakterii <i>Cupriavidus</i> metallidurans w wersji apo oraz w kompleksie z karierem

	University of Chicago, Chicago, IL, USA Department of Infectious Diseases, College of Veterinary Medicine, University of Georgia, Athens, GA, USA Department of Medicine, Division of Infectious Diseases, Columbia University Medical Center, New York, NY, USA Department of Microbiology, Biochemistry, and Molecular Genetics, New Jersey Medical School, Rutgers Biomedical Health Sciences, Newark, NJ, USA Center for Immunity and Inflammation, New Jersey Medical School, Rutgers Biomedical Health Sciences, Newark, NJ, USA New York Consortium on Membrane Protein Structure, New York Structural Biology Center, New York, NY, USA School of Life Sciences, University of Warwick, Coventry, UK Department of Chemistry, University of Warwick, Coventry, UK Institute of Biochemistry and Biophysics, Polish Academy of Sciences, Warsaw, Poland	UHLEMANN A-C, KOSSIAKOFF AA, TRENT MS(*), STANSFELD PJ(*), MANCIA F(*) Structural basis of lipopolysaccharide maturation by the O-antigen ligase <i>Nature</i> (2022) 604: 371-376; doi: 10.1038/s41586-022-04555-x	lipidowym, difosforanem undekaprenylu, uzyskaną metodą single particle cryo-electron microscopy. Uzyskane dane opisują strukturalne podstawy dojrzewania LPS.
--	---	--	--

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	

nie dotyczy

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).

nie dotyczy

II.9.3. Działalność dydaktyczna:

- krótki opis działalności dydaktycznej. **nie dotyczy**

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: 5

z tego:

Nazwa konferencji miejsce, data	Organizator, współorganizatorzy	Rodzaj konferencji	
		krajowa	międzynarodowa
Dnia Chorób Rzadkich V konferencja naukowa Choroby, których nie widać, on-line, 28.02.2022 r. Konferencja organizowana w ramach obchodów Światowego Dnia Chorób Rzadkich	Instytut Biochemii i Biofizyki PAN Polskie Towarzystwo Biochemiczne Instytut Matki i Dziecka Fundacja EB Polska Instytut Medycyny Doświadczalnej i Klinicznej Polskie Towarzystwo Alzheimerowskie	X	
Myco RiseUp! Młodzi w Mykologii, Warszawa, 27 – 29 maja 2022	Wydział Biologii Uniwersytetu Warszawskiego, Ogród Botaniczny UW, Instytut Biochemii i Biofizyki PAN Koło Biologii Mikroorganizmów	X	
1st Polish Yeast Conference, Rzeszów, 22-24.06.2022	Uniwersytet Rzeszowski Instytut Biochemii i Biofizyki PAN		X
Covid-19: diagnostyka, objawy kliniczne, leczenie, badania post mortem, on-line, 23.11.2022 r.	Warszawski Oddział Polskiego Towarzystwa Biochemicznego Instytut Biochemii i Biofizyki PAN		X
„The last word belongs to microbes – Celebrating the 200th anniversary of the birth of Louis Pasteur”, Warszawa, 29-30.11.2022 r	Uniwersytet Warszawski, Polska Instytut Biologii Medycznej, Polska Akademia Nauk, Polska Instytut Immunologii i Terapii Doświadczalnej im. Hirszfelda, Polska Collegium Medicum Uniwersytetu Jagiellońskiego, Polska Zachodniopomorski Uniwersytet Technologiczny, Polska Warszawski Uniwersytet Medyczny, Polska Uniwersytet Mikołaja Kopernika w Toruniu		X

	Uniwersytet Szczeciński, Polska Pomorski Uniwersytet Medyczny w Szczecinie Uniwersytet Gdański, Polska Uniwersytet Rzeszowski, Polska Uniwersytet Wrocławski, Polska L'Oréal Polska Dla Kobiet i Nauki Microbiology Research		
--	--	--	--

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).

26. Festiwal Nauki w Warszawie - 16-25 września 2022 r.

Kiedy wiem, a kiedy mi się wydaje? Dlaczego biologia i inne nauki potrzebują matematyk
 Tomasz Turowski – 20 IX 2022, godz. 19

Większość wiedzy, którą znajdujemy dziś w podręcznikach, to tak naprawdę wiara w wyniki badań innych. Czy ktoś to sprawdza i jeśli tak, to w jaki sposób?

W czasie spotkania zastanawiano się nad tym, jak rygor metod naukowych i precyzja języka naukowego pozwala ludziom unikać błędów i rozumieć otaczający nas świat. Skupiano się szczególnie na współczesnej biologii, która próbuje zrozumieć, jak działają skomplikowane systemy biologiczne. W przystępny sposób rozmawiano o analizie danych i wybranych metodach matematycznych, które używane są w laboratoriach naukowych. Na koniec uczestnicy zostali zaproszeni do pracowni biologii molekularnej.

Przygoda z antarktyczną przyrodą

Joanna Plenzler, Małgorzata Rogala, Aleksandra Woltyńska – 19 IX 2022, godz. 17

Kto zamieszkuje Antarktykę i czy coś tam rośnie? Co robi tam człowiek? O tych i innych ciekawostkach opowiedzieli naukowcy z Zakładu Biologii Antarktyki IBB PAN.

Podczas spotkania prowadzonego przez naukowców Zakładu Biologii Antarktyki IBB PAN opowiadano jak wygląda życie i praca na Polskiej Stacji Antarktycznej im. Henryka Arctowskiego, jakie zwierzęta i inne organizmy można spotkać na Wyspie Króla Jerzego, a także jakie badania są prowadzone wokół Stacji. Ponadto, przybliżono sylwetkę polarnika, uczestnicy dowiedzieli się jakie umiejętności są przydatne w życiu codziennym w Antarktyce. Na spotkaniu można było także obejrzeć eksponaty z dalekiego południa.

Ale kwas! – czyli jak pracować z DNA

Aneta Jurkiewicz, Joanna Klim, Aleksandra Woltyńska, 24 IX 2022, godz. 10, 14,

Zaproszono uczestników nasze warsztaty, gdzie był (deoksyrybonukleinowy) kwas! Pokazano w przystępny sposób, że biologia molekularna może być superzabawą. Młodzi naukowcy przekonali, że praca z DNA to przyjemna sprawa!

Celem warsztatów było zdobycie wiedzy na temat kwasu deoksyrybonukleinowego (DNA) i poznanie jego funkcji w komórce. Uczestnicy warsztatów mieli możliwość zapoznania się z charakterystyką pracy z DNA i różnymi technikami biologii molekularnej. Podczas warsztatów uczestnicy przeprowadzali reakcję łańcuchową polimerazy (PCR) – pozwalającą na uzyskanie dużej ilości ściśle zdefiniowanego fragmentu DNA i zapoznali się z podstawową techniką analizy i obrazowania DNA – elektroforezą.

LEKCJE

Dlaczego i w jaki sposób bakterie stają się odporne na antybiotyki?

Izabela Kern-Zdanowicz, Aleksandra Kurylek, 28 IX 2022, godz. 10:00

Opowiedziano uczniom szkół średnich o problemie nabywania oporności na antybiotyki przez bakterie i o jej rozprzestrzenianiu w środowisku. Przybliżono zjawiska, które do tego prowadzą i o tym, co z tego wynikać może.

Problem nabywania oporności na antybiotyki przez bakterie i jej rozprzestrzeniania w środowisku jest w ostatnich latach szczególnie niepokojący. Coraz częściej antybiotyki stosowane do leczenia ludzi są nieskuteczne. Dlaczego bakterie stają się niewrażliwe na antybiotyki? Na spotkaniu naukowcy próbowali odpowiedzieć na to pytanie oraz poruszyli zagadnienie rozprzestrzeniania się wśród bakterii genów kodujących oporność na antybiotyki. Naukowcy opowiadali też zjawiskach, które do tego prowadzą, i o nośnikach takich informacji, i o tym, co z tego wszystkiego wynikać może.

Przygoda z Antarktyczną Przyrodą

Joanna Plenzler, Małgorzata Rogala, Aleksandra Woltyńska, 26 IX 2022

Szukasz przygody? Wołają cię nieznane wody? Chcesz zobaczyć pingwina? Zapraszamy do nas, nie zrzędnie Ci mina! Naukowcy pokażą Wam niesamowity Świat pięknej Antarktyki, z którym są za pan brat.

Czy pingwiny są naprawdę tak sprytne, jak ekipa nietotów z Madagaskaru? Czy to prawda, że lodowce tak szybko topnieją? Czy w całej Antarktyce naprawdę jest tak zimno? Skąd się biorą góry lodowe? Co robi człowiek w takim z pozoru nieprzyjaznym miejscu?

Na lekcji starano się odpowiedzieć na te i inne pytania. Dodatkowo, młodzi uczestnicy mogli dowiedzieć się jakie zwierzątka, roślinki i co jeszcze... można spotkać na południowym końcu świata - Antarktyce. Naukowcy z Polskiej Stacji Antarktycznej im. Henryka Arctowskiego nie tylko przybliżyli antarktyczny Świat, ale także go pokazali.

Probiotyki, czyli tak naprawdę co?

Magdalena Kowalczyk, Olha Kostiuchenko, 28 IX, 2022

Podczas spotkania przedstawiono jaka jest droga od wyizolowania szczepu bakterii do uzyskania probiotyku. Uczestnicy mogli obejrzeć komórki bakterii mlekowych oraz sprawdzić czy mają potencjalne właściwości probiotyczne.

Uczestnicy lekcji dowiedzieli się, że probiotyki są to żywe drobnoustroje, które podane w odpowiedniej ilości wywierają korzystny wpływ na zdrowie gospodarza. Jednym z podstawowych kryteriów selekcji mikroorganizmów probiotycznych, w tym bakterii jest ich zdolność do przeżycia w organizmie gospodarza. Adhezja, czyli zdolność mikroorganizmów do przylegania do śluzówki jelita umożliwia kolonizację przewodu pokarmowego, a tym samym wydłuża czas działania probiotyków i przyczynia się do poprawy równowagi mikrobiologicznej przewodu pokarmowego. Również inne cechy, takie jak oporność na niskie pH, czy sole żółciowe, wytwarzanie różnych metabolitów, w tym substancji przeciwko innym, konkurencyjnym drobnoustrojom, decydują o zdolności do przeżycia bakterii w przewodzie pokarmowym zwierząt czy ludzi. Adhezja ponadto, umożliwia mikroorganizmom i komórkom nabłonka bezpośredni kontakt co jest czynnikiem istotnym, w przypadku wielu efektów prozdrowotnych obserwowanych dla szczepów probiotycznych. W trakcie lekcji przedstawiono bakterie mlekowe, grupę drobnoustrojów, do której należy najwięcej szczepów z poznanych dotychczas bakterii probiotycznych. Pokazano, jak wyglądają ich komórki, jak zbadać ich właściwości pod kątem zastosowań probiotycznych przy użyciu prostych testów mikrobiologicznych i biochemicznych, oraz opowiemy o badaniach probiotyków z wykorzystaniem nowoczesnych technik omicznych (genomiki, metagenomiki, transkryptomiki, proteomiki i metabolomiki).

25. Piknik Naukowy Polskiego Radia i Centrum Nauki Kopernik, 21 maja 2022 r.

Tatuaże wodne

Komu naukowy tatuaż? Spokojnie, nie zostanie na zawsze. Możecie wybrać zakreconą cząsteczkę RNA, spiralne białko, krągłego wirusa. Zanim obrazek znajdzie się na waszym ramieniu, poznaćcie dokładnie organizm, który przedstawia. Takimi hasłami i obrazami przybliżano dzieciom, młodzieży i dorosłym zagadnienia naukowe.

Woda w świecie makro – oblicza wody w Antarktyce

Co kryją wnętrza lodowców? Czy lód morski jest słony? Skąd biorą się góry lodowe? Uczestnicy Pikniku mieli wyjątkową okazję poznać badaczy Antarktyki i zobaczyć stworzoną przez nich unikatową wystawę.

Woda w świecie mikroorganizmów

Bakterie nie muszą być złe, a drożdże to bardzo żywotne grzyby. Przekonajcie się sami.

Pomogli w tym naukowcy, którzy o mikroorganizmach wiedzą wszystko. Prezentowali drobnoustroje w dużym powiększeniu i opowiadali o ich "zwyczajach".

Biomolekuły – molekuły które zmieniają wodę w życie

Czym zajmują się biolodzy molekularni? Badają komórki i obecne w nich białka, tłuszcze, cukry, kwasy nukleinowe. Dzięki nim, na Pikniku można było przyjrzeć się bliżej tym biomolekułom i zobaczyć, jak przekazywane są informacje z DNA do białek.

II.11. Działalność zaplecza naukowego jednostki, o charakterze ogólnoodrodowiskowym, w tym:

II.11.1. Muzea, wystawy, kolekcje specjalne i eksponaty, banki zasobów m.in. genetycznych, i in. w strukturze jednostki

eksponaty, kolekcje – działy, grupy – krótki opis nabytków w roku sprawozdawczym
udostępnianie zbiorów kolekcji i zasobów (rodzaj zadań i usług specjalistycznych – krótki opis).

nie dotyczy

II.11.2. Laboratoria, stacje diagnostyczne, obserwatoria, prace terapeutyczne, itp.

zadania, usługi, świadczenia (rodzaj zadań, usług i świadczeń – krótki opis);

uzyskane certyfikaty za wdrożenia systemów jakości, międzynarodowych, przyjętych w UE (opis);

uzyskane akredytacje Polskiego Centrum Akredytacji lub równorzędnego, systemy jakości (opis).

nie dotyczy

II.12. Nagrody i wyróżnienia naukowe uzyskane przez pracowników jednostki w roku sprawozdawczym

II.12.1. Nagrody krajowe i zagraniczne przyznane za działalność naukową

nazwa-rodzaj nagrody/za co przyznana/przez kogo/komu

(m.in. Prezydenta RP, Prezesa Rady Ministrów, nagrody PAN, nagrody akademii nauk i instytucji równorzędných, 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 znaczące osiągnięcia w zakresie działalności naukowej	Minister Edukacji i Nauki	Wojciech Bal
Nagroda Ministra Nauki i Edukacji	Nagroda za całokształt dorobku naukowego	Minister Edukacji i Nauki	Agnieszka Sirko
Nagroda Ministra Nauki i Edukacji	Nagroda zespołowa za znaczące osiągnięcia w zakresie działalności naukowej	Minister Edukacji i Nauki	Jarosław Poznański (wniosek MIBMiK)
Nagroda Prezesa Rady Ministrów za wyróżniającą się rozprawę doktorską	Za pracę doktorską p.t.: Dystrybucja jonów miedzi pomiędzy peptydami amyloidu- β a biomolekułami obecnymi w szczelinie synaptycznej w chorobie Alzheimera.	Prezes Rady Ministrów RP	Ewelina Stefaniak
Start 2022	Za dotychczasowe osiągnięcia badawcze	Fundacja Na Rzecz Nauki Polskiej	Aleksandra Tymoszevska
Konkurs 3W (Woda, Wodór, Węgiel)	Lider Świata 3W w kategorii NAUKA - Wodór	BGK	Anna Sikora Anna Detman
Konkurs 3W (Woda, Wodór, Węgiel)	Lider Świata 3W w kategorii NAUKA – Woda, Węgiel	BGK	Joanna Kruszevska
Medal im. Leona Marchlewskiego	Wybitne osiągnięcia w dziedzinie biochemii i biofizyki	Komitet Biologii Molekularnej i Komórkowej Polskiej Akademii Nauk	Magdalena Rakowska-Boguta
Wyróżnienie za pracę zespołową w konkursie im. prof. Włodzimierza Krzyżosiaka	Publikacja: Tudek A., Krawczyk P.S., 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 <i>Saccharomyces cerevisiae</i> . Nature Communications (2021) 12(1): 4951 (14 p.) DOI: 10.1038/s41467-021-25251-w (2021)	Komitet Biologii Molekularnej Komórki Polskiej Akademii Nauk	Agnieszka Tudek

Wyróżnienie za pracę zespołową w konkursie im. prof. Kazimierza Bassalika	Publikacja: Tudek A., Krawczyk P.S., 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 <i>Saccharomyces cerevisiae</i> . Nature Communications (2021) 12(1): 4951 (14 p.) DOI: 10.1038/s41467-021-25251-w (2021)	Komitet Biologii Molekularnej Komórki Polskiej Akademii Nauk	Agnieszka Tudek
Nagroda Zespołowa II stopnia	Za udział w powstaniu cyklu publikacji pt. Molekularne mechanizmy procesów komórkowych leżących u podłoża funkcjonowania tkanek i organizmów.	Rektor Uniwersytetu Gdańskiego	Magdalena Gabig-Cimińska Marta Moskot
Best Abstract Award, session topic: Engineering, Conference: The Last Word Belongs to Microbes – Celebrating the 200 th Anniversary of the Birth of Louis Pasteur, 29-30.11.2022, Warszawa	Abstract: Efficiency of bio-hydrogen production as a result of dynamics of metabolic activity and composition of dark fermentation microbial communities: open-flow systems vs static batch experiments.	Organizatorzy konferencji: The Last Word Belongs to Microbes – Celebrating the 200 th Anniversary of the Birth of Louis Pasteur	Anna Sikora
Nagroda za najlepszy plakat na XXIX Zjeździe Polskiego Towarzystwa Mikrobiologów, 15-17.11.2022, Warszawa	Plakat pt. Dynamika i złożoność wspólnot mikroorganizmów produkujących biowodor i biometan w układzie dwustopniowym.	Organizatorzy XXIX Zjazdu Polskiego Towarzystwa Mikrobiologów	Anna Detman
Najlepsza praca badawcza opublikowana w roku 2021	Za pracę “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 (2021)	Komisja ds. nagród IBB PAN	Anna Sikora Anna Detman Aleksandra Chojnacka
Wyróżniona praca badawcza opublikowana w roku 2021	Za pracę “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 (2021)	Komisja ds. nagród IBB PAN	Małgorzata Gutkowska Magdalena Kaus-Drobek Marta Hoffman-Sommer Małgorzata Perycz Małgorzata Lichocka Michał Dadlez M, Ewa Świeżewska Liliana Surmacz
Wyróżniona praca badawcza opublikowana w roku 2021	Za pracę „P 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 (2021)	Komisja ds. nagród IBB PAN	Justyna Maszkowska Anna Anielska-Mazur Lidia Polkowska-Kowalczyk Grażyna Dobrowolska Anna Kulik

Najlepsza praca przeglądowa opublikowana w roku 2021	Za pracę „Specific features of RNA polymerases I and III: structure and assembly. Frontiers in Molecular Biosciences (2021) 8: 680090 DOI: 10.3389/fmolb.2021.680090 (2021)	Komisja ds. nagród IBB PAN	Magdalena Rakowska-Boguta Tomasz Turowski
Najlepsza praca doktorska obroniona w roku 2021	Za pracę doktorską p.t.: Dystrybucja jonów miedzi pomiędzy peptydami amyloidu- β a biomolekułami obecnymi w szczelinie synaptycznej w chorobie Alzheimera.	Komisja ds. nagród IBB PAN	Ewelina Stefaniak

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).

nie dotyczy

III. Zatrudnienie

Zatrudnienie średnioroczne w przeliczeniu na pełne etaty*:

Liczba ogółem/w tym naukowych

228/117

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

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– Sklodowskiej, 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

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 Kopertka, - Uniwersytet Wrocławski, - Instytut Geofizyki PAN, - Instytut Oceanologii PAN, - Instytut Nauk Geologicznych PAN, - Akademia Morska w Gdyni, - Państwowy Instytut Geologiczny – Państwowy Instytut Badawczy, - Politechnika Gdańska, - Uniwersytet Warszawski, - Uniwersytet Łódzki, - Politechnika Warszawska.
3.	Biocentrum Ochota	28.12.2007	biologia, medycyna, bioinżynieria	- Instytut Biochemii i Biofizyki PAN, - Instytut Biocybernetyki i Inżynierii Biomedycznej PAN, - Instytut Biologii Doświadczalnej PAN, - Instytut Medycyny Doświadczalnej i Klinicznej PAN, - Instytut Podstawowych Problemów techniki PAN, - Międzynarodowy Instytut Biologii Molekularnej i Komórkowej.

IV.5. Udział jednostki w pracach innych form zrzeszeń powołanych dla potrzeb wspólnych przedsięwzięć naukowych lub prac rozwojowych (centra naukowe uczelni, centra naukowo-przemysłowe instytutów badawczych, inne)

L.p.	Nazwa	Data powołania	Specjalność naukowa	Jednostki naukowe zawiązujące umowę
1.	Porozumienie o współpracy	11.01.2016	badania polarne	- Instytut Biochemii i Biofizyki PAN, - Uniwersytet Warszawski
2.	Umowa naukowo-badawcza	01.03.2016	biochemia	- Instytut Biochemii i Biofizyki PAN, - Instytut Rybactwa Śródlądowego im. Stanisława Sakowicza w Olsztynie (IRS Olsztyn)
3.	Basic cooperation agreement	12.06.2016	Chemia organiczna i analityczna, biochemia, biofizyka, biologia syntetyczna, chemoinformatyka	- Instytut Biochemii i Biofizyki PAN, - University of Orleans, France

IV.6. Uczestnictwo instytutu w federacji (stan przygotowania do utworzenia federacji, nazwa i siedziba federacji, data utworzenia federacji decyzją administracyjną, jednostki uczestniczące w federacji, prezydent federacji, zakres działania federacji, wyniki ewaluacji jakości działalności dla federacji).

nie dotyczy

* zgodnie z obowiązującymi przepisami.

miejsowość, dnia 30 stycznia, 2023 r.

Imię i nazwisko, telefon do kontaktów osoby sporządzającej informację
Katarzyna Jagiełło-Wilgat, 22-592-21-41