

2023



INSTYTUT
BIOCHEMII
I BIOFIZYKI
POLSKIEJ
AKADEMII NAUK

SPRAWOZDANIE Z DZIAŁALNOŚCI IBB PAN ZA ROK 2023

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-10 - Pracownia Metabolizmu RNA w Procesach Odpowiedzi Immunologicznej	12
PN-12 - Pracownia Patogenezy Roślin.....	13
PN-13 - Pracownia Segregacji DNA i Cyklu Życiowego Proteobakterii	14
PN-14 - Pracownia Lekooporności Bakterii.....	15
PN-15 - Pracownia Biologii Grzybów.....	16
PN-16 - Pracownia Biologii Roślin i Mikroorganizmów	18
PN-17 - Pracownia Bioenergetyki i Mechanizmów Chorób Mitochondrialnych	18
PN-18 - Pracownia Biochemii Lipidów	20
PN-19 - Pracownia Biologii Bakteriofagów	21
PN-20 - Pracownia Niekodujących RNA i Rearanżacji Genomu	23
PN-21 - Pracownia Molekularnych Podstaw Aktywności Biologicznej	24
PN-22 - Pracownia Transkrypcji tRNA	25
PN-23 - Pracownia Regulacji Ekspresji Genów.....	26
PN-24 - Pracownia Białej Biotechnologii.....	27
PN-25 - Pracownia Homeostazy Białek Roślinnych.....	29
PN-26 - Pracownia Mechanizmów Stabilności Genetycznej.....	30
PN-27 - Pracownia Biologii RNA	31
PN-28 - Pracownia Mutagenezy i Tolerancji Uszkodzeń DNA.....	32
PN-29 - Pracownia Biologii Molekularnej Nasion	33
PN-30 - Laboratory of Molecular Basis of Aging and Rejuvenation.....	34
PN-31 - Pracownia Fizjologii Molekularnej Zwierząt.....	35
PN-33 - Zakład Bioinformatyki	36

PN-34 - Pracownia Środowiskowej i Ewolucyjnej Biologii Systemów	38
PN-35 - Pracownia Genetyki i Biologii Molekularnej Drożdży	39
PN-36 - Pracownia Translatomiki	40
PN-37 - Pracownia Mechanizmów Transkrypcji.....	42
PN-38 - Laboratory of Intracellular Immunity	43
PN-39 – Pracownia Mikrobiologii Stosowanej	44
PN-40 – Pracownia Bioinformatyki Grzybów	46
PN-41 – Pracownia Dojrzewania i Degradacji RNA	47
PN-42 – Pracownia Biotechnologii Bakterii Mlekowych	49
PN-43 – Pracownia Biologii Metaloprotein	50
PN-44 Pracownia Chemoinformatyki i Modelowania Molekularnego (CHEMM)	51
FA-01 - Środowiskowa Pracownia Mikroskopii Fluorescencyjnej.....	52
FA-02 - Środowiskowa Pracownia Spektrometrii Mas	53
FA-03 - Środowiskowa Pracownia Sekwencjonowania i Syntezy DNA	54
FA-04 - Środowiskowa Pracownia Hodowli Komórkowych i Produkcji Białek.....	56
FA-05 - Środowiskowa Pracownia Biologicznego NMR.....	58
FA-06 - Pracownia Analiz Mikromacierzy.....	59
LISTA SEMINARIÓW WYGŁOSZONYCH W IBB PAN W ROKU 2023 – pracownicy oraz zaproszeni wykładowcy.....	61
LISTA SEMINARIÓW DOKTORANCKICH WYGŁOSZONYCH W IBB PAN W ROKU 2023	63
ARTYKUŁY 2023	65
ABSTRAKTY 2023	90
ROZPRAWY HABILITACYJNE 2023	110
ROZPRAWY DOKTORSKIE 2023	111
PRACE MAGISTERSKIE 2023	116
MISCELLANEA 2023	120
PUBLIKACJE NIEUWZGLĘDNIONE W LATACH 2020 – 2022.....	121
Informacje o działalności jednostki naukowej PAN w 2023 r.	127
I.3. Misja, uprawiane dyscypliny naukowe oraz realizowane główne kierunki badawcze.	128
II.1. Publikacje naukowe jednostki (liczbowo)	131
II.2. Aktywność wydawnicza jednostki	131

II.3. Projekty, prace badawcze realizowane w roku sprawozdawczym	133
II.4. Działalność jednostki o charakterze innowacyjnym, aplikacyjnym	150
II. 5. Działalność jednostki na rzecz terytorialnych struktur samorządowych	155
II.6. Kształcenie i rozwój kadry naukowej	155
II.7. Działalność dydaktyczna pracowników jednostki	167
II.8. Współpraca z zagranicą	168
II.9. Międzynarodowe centra naukowe (działające w strukturze jednostki)	173
II.10. Upowszechnianie i promocja osiągnięć naukowych	174
II.11. Działalność zaplecza naukowego jednostki, o charakterze ogólnoodrodowiskowym, w tym:	176
II.12. Nagrody i wyróżnienia naukowe uzyskane przez pracowników jednostki w roku sprawozdawczym	177
III. Zatrudnienie	181
IV. Inne Formy Zrzeszenia Jednostek Naukowych PAN	181

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.

NAKŁADY NA DZIAŁALNOŚĆ IBB PAN w 2023 r.:	
Przyznane dotacje: wpływy w roku 2023	
Działalność statutowa	62 628 900,58
w tym:	
<i>Subwencja</i>	<i>30 389 700,00</i>
<i>Pomoc materialna dla doktorantów</i>	<i>9 742,02</i>
<i>Dotacja podmiotowa - SPUB Zintegrowane laboratorium wielkoskalowych analiz genów i białek (2022-2024) 2 671 000,00 zł</i>	<i>3 048 000,00</i>
<i>Dotacja podmiotowa - SPUB Polska Stacja Antarktyczna im. H. Arctowskiego (2022-2024)</i>	<i>9 427 750,00</i>
<i>Dotacje celowe</i>	
<i>ARCTOWSKI - PolarPOL - Polskie Multidyscyplinarne Laboratorium Badań Polarnych w Antarktyce (ogółem przyznano 130 442 000,00 zł; 2018-2023)</i>	<i>19 753 708,56</i>
Projekty badawcze: NCN, NCBiR, MNiSW, FNP, i inne	23 425 242,80
w tym:	
<i>Projekty badawcze NCN</i>	<i>18 190 414,30</i>
<i>Fundusze strukturalne (FNP)</i>	<i>304 133,67</i>
<i>Projekty badawcze MNiSW</i>	<i>377 670,35</i>
<i>Projekty badawcze NCBiR</i>	<i>1 913 165,09</i>
<i>Projekty NAWA</i>	<i>956 401,37</i>
<i>Projektu UE</i>	<i>1 257 428,93</i>
<i>Stypendia - MNiSW</i>	<i>0,00</i>
<i>Nagrody MNiSW</i>	<i>100 000,00</i>
<i>inne: Naukowa Fundacja Polpharmy</i>	<i>326 029,09</i>
Inne	19 153 646,85
w tym:	
<i>Wsparcie kosztów utrzymania infrastruktury badawczej: Wpływy ze Stacji</i>	<i>62 540,00</i>

<i>Prawa do wynalazku</i>	23 869,19
<i>Działalność gospodarcza</i>	1 431 528,86
<i>Sprzedaż usług naukowych</i>	4 325 833,86
<i>Konferencje i HORIZON</i>	163 375,02
<i>Przychody finansowe</i>	4 740 755,24
<i>Refundacje z PAN</i>	483 264,26
<i>Pozostałe</i>	7 922 480,42
ŁĄCZNIE:	105 207 790,23

Publikacje naukowe jednostki (liczbowo) - za rok 2023

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
152	1	0	148	0	3

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-Legińska, 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 Aβ5-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 Aβ (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 Małgorzata Korczak-Abshire, dr Jakub Grzesiak, dr Joanna Plenzler, dr Katarzyna Tołkacz, dr Stephen Jennings, dr Kornelia Wójcik-Długoborska, mgr Michał Dziembowski, mgr Katarzyna Fudala, mgr Małgorzata Rogala, mgr Stanisław Cukier, Julia Brzykcy

Cel badań:

Głównym celem prac był rozwój prowadzonych na Polskiej Stacji Antarktycznej im. H. Arctowskiego monitoringów środowiska, które są wsparte ciągłymi obserwacjami z wykorzystaniem bezzałogowych statków powietrznych (BSP). W szczególności, w roku 2023, jednym z głównych zadań było przeprowadzenie z wykorzystaniem BSP inwentaryzacji ekologicznej obszaru obejmującego wschodni kraniec Wyspy Króla Jerzego, w tym Przylądek Melville i rozległą część Zatoki Destruction, a także małe przybrzeżne wyspy znajdujące się w tym rejonie.

Opis realizowanych prac:

Wykazano niezwyklej potencjał *Acidovorax* sp. A1169, który można uznać za silnego producenta polihydrokwasów (PHA) w niskich temperaturach, co doskonale wpisuje się w koncepcję biotechnologii przemysłowej nowej generacji. Pokazano niskotemperaturowy proces biosyntezy PHA i przedstawiono wytyczne do analizy bakterii z regionów polarnych, jako cennego zasobu do produkcji PHA. Wykorzystanie bakterii do produkcji PHA jest obiecujące nie tylko pod względem efektywności energetycznej, ale także waloryzacji ścieków o niskim stężeniu związków z przetwarzaniem węglowodanów.

Opracowano mapy roślinności obejmujące Antarktyczny Obszar Specjalnie Chroniony nr 128. Roślinność na obszarze 7,5 km² została zmapowana w ultrawysokiej rozdzielczości. Otrzymane wyniki pokazały, że zastosowanie BSP jest efektywne czasowo w porównaniu do klasycznych obserwacji terenowych i mniej inwazyjne dla ekosystemu. Co więcej, BSP znacznie poprawiają bezpieczeństwo, co jest szczególnie interesujące w badaniach obszarów polarnych. Ich rozwój jest wysoce zalecany do monitorowania obszarów w odległych i wrażliwych środowiskach.

Opis najważniejszych osiągnięć:

W ciągu 38 miesięcy między grudniem 2018 r. a styczniem 2022 r. wykonano w 31 lokalizacjach w Zatoce Admiralicji na Wyspie Króla Jerzego wieloparametrowe pomiary hydrograficzne. Obserwacje te obejmowały pomiary słupa wody temperatury, przewodności,

mętności i pH, a także zawartości rozpuszczonego tlenu, rozpuszczonej materii organicznej, chlorofilu-a i fikoerytryny. Miejsca zostały wybrane ze względu na ich zmienne odległości od frontów lodowcowych i otwartych wód oceanicznych. Piętnaście lokalizacji znajdowało się w mniejszych zatokach lodowcowych, z wodami silnie dotkniętymi wypływami lodowcowymi; siedem lokalizacji znajdowało się na otwartych wodach głównego części Zatoki Admiralicji; a dziewięć lokalizacji znajdowało się w rejonie fiordu Ezcurra. Ostateczny zestaw danych składa się z pomiarów przeprowadzonych w ciągu 142 oddzielnych dni, ze średnią 3,74 pomiarów na miesiąc. Średnio każda lokalizacja była badana 98,2 razy. Zmienność mierzonych właściwości w każdym sezonie i przez okres 4 lat ujawnia regularne oscylacje, a także możliwe długoterminowe trendy. Opisany zbiór danych został w roku sprawozdawczym opracowany, opublikowany i bezpłatnie udostępniony na stronie PANGAEA: <https://doi.org/10.1594/PANGAEA.947909>.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Ilościowo oceniono wielkość populacji słodkowodnych bezkręgowców Antarktydy, które hipotetycznie mogą być przenoszone przez ludzi na obuwie. Otrzymane wyniki podkreślają, że przestrzeganie zaleceń bezpieczeństwa i procedur czyszczenia obuwia zalecanych przez SCAR, IAATO i COMNAP ma ogromne znaczenie nie tylko w kontekście wprowadzania obcych, potencjalnie inwazyjnych gatunków do ekosystemu Antarktyki, ale także w kontekście ich translokacji. Zaproponowano dodatkowe zalecenia, w tym skuteczne metody czyszczenia lub wymiany obuwia w terenie, celem zapobiegania rozprzestrzenianiu się gatunków rodzimych w obrębie lub pomiędzy biogeoregionami Antarktyki, zwłaszcza gdy prowadzone działania terenowe obejmują zbiorniki słodkowodne lub okolice ich brzegów. Ponadto, otrzymane w br. wyniki pozwoliły na złożenie do BirdLife International wniosku o ponowne nadanie Przylądkowi Melville statusu IBA.

Publikacje:

6491, 6494, 6497, 6500, 6508, 6511, 6521, 6527, 6540, 6541, 6563, 6588, 6579, 6590, 6596, 6616, 5085/A, 5086/A, 5087/A, 5090/A, 5091/A, 5095/A, 5098/A, 5099/A, 5151/A, 5152/A, 5153/A, 5154/A, 5155/A

PN-04 - Pracownia Inżynierii Genomu

Kierownik: prof. dr hab. Matthias Bochtler

Zespół:

dr hab. Honorata Czapińska, dr Dominik Rafalski, mgr Igor Helbrecht

Cel badań:

Charakterystyka modyfikowanych kwasów nukleinowych i oddziałujących z nimi enzymów.

Opis zrealizowanych prac:

W roku 2023, prowadziliśmy badania metylacji adeniny i cytozyny.

1. Scharakteryzowaliśmy nową rodzinę domen białkowych typu wH (ang. winged helix) swoistych wobec metylacji reszt adeniny. Domeny te często występują w połączeniu z domenami endonukleazowymi typu PD-(D/E)XK, HNH, GIY-YIG i PLD. Manuskrypt opisujący uzyskane wyniki uzyskał pozytywne opinie recenzentów i jesteśmy w trakcie realizacji ich sugestii.

2. Ukończyliśmy badania oddziaływań metylotransferaz DNA z analogami cytozyny. Analogi tego typu są stosowane klinicznie jako środki hipometylujące w terapii przeciwnowotworowej. Wprowadziliśmy pierwszy zestaw poprawek recenzentów i jesteśmy w trakcie wprowadzania drugiego.
3. W ramach realizacji projektu SHENG prowadziliśmy wspólnie z grupą prof. Jiemina Wonga badania nad konsekwencjami utraty metylacji zachowawczej po replikacji. Manuskrypt opisujący wyniki tych badań jest w przygotowaniu.

Opis najważniejszych osiągnięć:

1. Wykazaliśmy, że domeny wH, znane jako swoiste wobec metylacji cytozyny u eukariontów, są powszechnie obecnymi domenami wiążącymi metylowane reszty adeniny u prokariotów.
2. Odkryliśmy nową dehalogenującą aktywność metylotransferaz DNA, która wymaga braku SAM i obecności niskocząsteczkowych nukleofilów tiolowych.
3. We współpracy z grupą prof. Jiemina Wonga wykazaliśmy, że defekty metylacji zachowawczej w replisomie preferencyjnie aktywują geny zlokalizowane na chromosomie X. W przypadku żeńskich linii komórkowych jest to wytłumaczalne aktywacją wyciszonego chromosomu X. Natomiast efekt ten zaobserwowaliśmy również w przypadku męskiej linii komórek raka okrężnicy (HCT116). Najbardziej prawdopodobnym powodem tego zjawiska jest preferencyjna aktywacja tzw. antygenów rakowo-jądrowych (ang. cancer-testis antigens), które występują w znacznej części na chromosomie X.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Środki hipometylujące są klinicznie stosowane w leczeniu zespołu mielodysplastycznego, a także u starszych pacjentów cierpiących na ostrą białaczkę szpikową (AML), którzy nie są w stanie znieść konwencjonalnej chemioterapii. Kilka dużych firm farmaceutycznych pracuje aktywnie nad stworzeniem niekowalencyjnych inhibitorów metylacji. Odkrycie preferencyjnej aktywacji antygenów rakowo-jądrowych poprzez zahamowanie metylacji zachowawczej ma interesujące implikacje kliniczne. Z jednej strony antygeny rakowo-jądrowe, jako czynniki proproliferacyjne, wspomagają przeżycie nowotworu. Z drugiej strony, jako silne antygeny, znacznie zwiększają widoczność nowotworów dla układu odpornościowego, co powinno ułatwić ich eliminację w kontekście całego organizmu.

Publikacje:

6488, 6572, 6607

PN-05 - Pracownia Genetycznych Podstaw Chorób Człowieka

Kierownik: dr hab. Beata Burzyńska, prof. instytutu

Zespół:

dr Monika Góra, mgr Karolina Maciak, Aleksandra Żochowska

Cel badań:

Celem prowadzonych badań były:

1. Analiza genetyczna wrodzonych niedokrwistości hemolitycznych, ze szczególnym uwzględnieniem przypadków niedoborów kinazy pirogronianowej.
2. Badania funkcjonalne wariantów genetycznych o nieznanym znaczeniu klinicznym (*VUS - variant of uncertain significance*).
3. Badania roli krążących mikroRNA w migotaniu przedsionków.

Opis realizowanych prac:

Ad 1. Niedobór kinazy pirogronianowej (PKD, MIM #266200) jest dziedzicznym autosomalnym recesywnym zaburzeniem metabolicznym związanym z wadliwą glikolizą w czerwonych krwinkach. Niedobór PK prowadzi do dziedzicznej niesferocytarnej niedokrwistości hemolitycznej o różnym stopniu nasilenia. Do tej pory opisano 382 wariantów w genie PKLR, z których najczęstszymi są warianty missense. Wykorzystując metody bioinformatyczne oraz testy minigene scharakteryzowaliśmy warianty genetyczne odpowiedzialne za wystąpienie ciężkiej postaci niedoboru PK w populacji polskiej.

Ad 2. American College of Medical Genetics and Genomics oraz Association for Molecular Pathology (ACMG/AMP) zalecają laboratoryjną weryfikację wariantów splicingowych poprzez analizę funkcjonalną RNA lub analizę białek. Nawiązaliśmy współpracę z Poradnią Genetyczną MedGen oraz klinikami w Polsce w celu przeprowadzeniu badań funkcjonalnych wykrytych VUS u pacjentów z rzadkimi chorobami genetycznymi.

Ad 3. Przeprowadzono analizę wyników sekwencjonowania pod kątem typu arytmii i w rezultacie otrzymano 14 miRNA o istotnie statystycznie zmienionym poziomie ekspresji pomiędzy pacjentami z przetrwałą formą migotania a pacjentami z formą napadową. Do dalszej analizy wybrano 9 miRNA o potencjalnie wysokiej (detekcyjnej w reakcjach PCR) ekspresji. Do walidacji otrzymanych wyników wykorzystano system QX200 Droplet Digital PCR ze względu na wysoką czułość, precyzję.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Ad 1. Analiza sekwencji genomowych genu kodującego kinazę pirogronianową PKLR, w tym ich flankujących sekwencji intronowych, u probantów ujawniła pięć wcześniej opisanych wariantów (c.460G>C, c.101-1G>A, c.1058delAAG, c.1456C>T, c.1529G>A) i jeden nowy wariant (c.178C>T). Przeprowadziliśmy test minigenu w celu zbadania, w jaki sposób wariant intronu PKLR c.101-1G>A wpływa na splicing.

Nasze wyniki przyczyniają się do lepszego zrozumienia korelacji genotyp-fenotyp w niedoborze PK oraz mechanizmów patogenności dwóch wcześniej nie scharakteryzowanych wariantów PKLR. Dodatkowo sugerujemy, że wariant c.101-1G>A prawdopodobnie pochodzi od wspólnego przodka naszych Pacjentów, ponieważ wszyscy pochodzą z tego samego regionu Polski.

Ad 2. Została wykonana analiza funkcjonalna dotąd nieraportowanego wariantu zaburzającego splicing w genie *NEK1*, powiązanego m.in. z letalną dysplazją kostno-szkieletową (Short rib-polydactyly syndrome, type 2). Wykazaliśmy patogenność wykrytego wariantu.

Ad 3. Dane sekwencjonowania z grupy badanej ujawniły nową sekwencję mikroRNA, nazwaną put-miR-25, który różnicuje pacjentów z przetrwałym i napadowym migotaniem przedsionków. Analiza bioinformatyczna wykazała, że put-miR-25 może być zaangażowany w procesy metaboliczne istotne dla patogenezy układu sercowo-naczyniowego.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Uzyskane wyniki zostały, przedstawione w publikacjach naukowych (dwie publikacje przyjęte do druku, jedna w recenzji). Część wyników dotyczących roli miRNA w patogenezie arytmii, zostanie wykorzystana we wniosku grantowym.

Publikacje:

brak

PN-06 - Pracownia Spektrometrii Mas

Kierownik: prof. dr hab. Michał Dadlez

Zespół:

dr Aleksandra Wyśtouch-Cieszyńska, Lilia Żukowa, 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 opiekuńczych, białek powodujących separację faz, jak GRP8, czy białek natywnie nieustrukturuowanych. Badamy też rolę modyfikacji potranslacyjnych białek w kształtowaniu ich własności strukturalnych.

Opis realizowanych prac:

Kontynuowano współpracę z prof. Borisem Negrutskim z Instytutu Biologii Molekularnej, Ukraińskiej Akademii Nauk z Kijowa dotyczącą badań strukturalnych białek eukariotycznego kompleksu elongacji translacji eEF1A i eEF1B, z zastosowaniem metod spektrometrii mas. Elongacja translacji jest podstawowym procesem biologicznym, a wiedza o własnościach strukturalnych tych czynników jest zaledwie w powijkach, ponieważ nie poddają się one klasycznym metodom analiz strukturalnych. W roku sprawozdawczym zakończono pracę nad modelami strukturalnymi dwu wariantów podstawowego czynnika elongacji translacji eEF1A - A1 i A2, poszerzając dane wymiany proton-deuter o badania techniką SAXS. Rezultaty ilustrują drastyczne różnice w dynamice obu wariantów, prowadzące do odmiennych tendencji oligomeryzacyjnych. W kontynuacji tego projektu wykonano też serię analiz repertuaru modyfikacji potranslacyjnych obu form A1 i A2 w ich natywnym i nienatywnym kontekście tkankowym. W badaniach indukowanego stresem białka roślinnego grp8 odpowiedzialnego za tworzenie zubożonych w wodę granul stresowych wskazano silną destabilizację strukturalną grp8, spowodowaną fosforylacją jednej reszty aminokwasowej, co zapoczątkowuje proces granulacji (wsp. z prof. G. Dobrowolską). Zakończono etap badań zmian strukturalnych towarzyszących tworzeniu kompleksu opiekuńczego JDP/Hsp70 (współpraca z prof. J. Marszałkiem, UGd). Wykazano silną destabilizację struktury nesfatyny po związaniu jonów cynku (wsp. z prof. A. Ożyharem, PWr). Rozpoczęto serię analiz HDX wariantów dysmutazy nadtlenkowej ze *Staph. Nucleus* (wsp. z dr Kevinem Waldronem) oraz kompleksu AlkB-AidB (wsp. z dr A. Maciejewską).

Szczególny postęp osiągnięto w pracach nad nowym oprogramowaniem do analizy i wizualizacji danych HDX-MS. Zakończono prace nad narzędziem informatycznym (program HaRDeX, dostępny dla użytkowników pod adresem <https://hradex.mslab-ibb.pl/>) pozwalającym na rozkład krzywych czasowych wymiany proton deuter na trzy składowe: szybką, pośrednią i wolną. Jest to unikalne w skali całej dziedziny oprogramowanie pozwalające na dogłębną analizę cech dynamiki strukturalnej łańcucha białkowego. Pozwala też na nowatorski sposób wizualizacji stanu dynamiki struktur białkowych w oparciu o tak wykonane dopasowanie oraz porównywanie różnych stanów strukturalnych.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Zamknięcie prac nad nowym narzędziem analizy danych wymiany proton deuter HRaDex. Pozwoliło to na dogłębną analizę wzorów dynamiki strukturalnej w w/w układach białkowych, opisanych powyżej, umożliwiających tworzenie nowych modeli strukturalnych trudnych obiektów białkowych, jak np. dimer czynnika elongacji translacji eEF1A1.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

publikacje

Publikacje:

6586, 6601, 6608, 5107/A, 1112/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 Paulina Stachula, dr Olga Sztatelman, mgr Dominika Cieślak, mgr Adrian Kasztelan, mgr Mateusz Olechowski, Dominika Trzmiel, Jolanta Rakowska, Dominika Trzmiel

Cel badań:

Celem prowadzonych badań było:

1. Wyjaśnienie roli kinaz SnRK2.4 i SnRK2.10 w procesie starzenia się liści, kontynuacja badań.
2. Poznanie udziału kinaz SnRK2 nieaktywowanych przez kwas abscysynowy (ABA) oraz regulatorów aktywności SnRK2 i czynnika transkrypcyjnego ATAF1 w regulacji wtórnego spoczynku nasion.
3. Wyjaśnienie znaczenia poszczególnych fragmentów białka PMI1 w regulacji ruchów chloroplastów z wykorzystaniem uzyskanych linii delecyjnych, kontynuacja badań.
4. Zmapowanie reszt aminokwasowych wymaganych do wiązania lipidów przez domenę NT-C2 PMI1.
5. Zmapowanie miejsc fosforylacji czynników HSF przez kinazy SnRK2 oraz poznanie ich potencjalnej funkcji.
6. Uzyskanie roślin transgenicznych o ekspresji *GFP-GRP8* pod kontrolą natywnego promotora w tle mutantu *grp8*.

Opis realizowanych prac:

1. Wykazano, że kinazy SnRK2.4 i SnRK2.10 kontrolują produkcję ABA w starzejących się liściach rzodkiewnika pospolitego poprzez regulację ekspresji genu *NCED2* kodującego jeden z kluczowych enzymów syntezy tego fitohormonu. Wynik ten sugeruje działanie ścieżek kinaz SnRK2 z grupy 1 (nieaktywowanych przez ABA) powyżej kinaz SnRK2 z grupy 3 (aktywowanych przez ABA).
2. Zbadano wewnątrzkomórkową lokalizację białek ATAF1 oraz ORS1 - białek nie zmutowanych oraz ze zmutowanymi resztami aminokwasowymi fosforylowanymi przez kinazy SnRK2. Wykazano, że fosforylacja ATAF1 ma wpływ na lokalizację tego białka.
3. Po raz pierwszy wykazano zmiany aktywności kinaz SnRK2 w nasionach w odpowiedzi na imbibicję w 20°C i 30°C (indukcja wtórnego spoczynku). Wykazano, że kinazy SnRK2 z grupy 1 działają powyżej szlaków kinaz SnRK2 z grupy 3. Ponadto wykazano, że aktywność SnRK2 w nasionach jest zmieniona w mutantach insercyjnych *ataf1* oraz *dog1*.
4. W badaniach ruchów chloroplastów metodą fotometryczną oraz poprzez obserwacje mikroskopowe potwierdzono rolę N-końcowego fragmentu białka, zawierającego domenę NT-C2 oraz regiony nieustrukturyzowane, w regulacji ruchów chloroplastów. Delecja domeny C-końcowej nie prowadziła do utraty funkcji białka.
5. Zidentyfikowano zasadowe aminokwasy w N-końcowym regionie domeny NT-C2 PMI1 jako kluczowe dla wiązania się PMI1 do błony komórkowej. Mutacja reszt tryptofanu i tyrozyny w regionach flankujących domenę NT-C2 nie prowadziła do zmian lokalizacji

wewnątrzkomórkowej, nie potwierdzając roli tych aminokwasów w wiązaniu PMI1 do błony komórkowej. Wykazano kolokalizację PMI1 oraz domeny NT-C2 z markerami fosfoinozydów, PI4P oraz PI(4,5)P, zarówno w warunkach kontrolnych, jak i w odpowiedzi na stres zasolenia.

6. Zmapowano miejsca fosforylacji przez kinazy SnRK2 w czynnikach transkrypcyjnych HSFB1, HSFB2A i HSFB2B. Przeprowadzono analizę lokalizacji wewnątrzkomórkowej badanych białek z mutacjami w miejscach fosforylacji i nie zaobserwowano roli modyfikacji badanych aminokwasów w kierowaniu białek do jądra komórkowego.
7. Uzyskano rośliny transgeniczne o ekspresji *GFP-GRP8* pod kontrolą natywnego promotora w tle mutantu *grp8* i potwierdzono w nich rekrutację GRP8 granul stresowych pod wpływem stresu solnego.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Zidentyfikowano i scharakteryzowano domenę NT-C2 białka PMI1 odpowiedzialną za regulację ruchów chloroplastów w odpowiedzi na zmienne warunki oświetlenia.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Uzyskane wyniki mają charakter poznawczy, poszerzają naszą wiedzę na temat odpowiedzi roślin na stresy abiotyczne oraz molekularne mechanizmy odpowiedzialne za regulację wtórnego spoczynku nasion, starzenia się liści oraz ruchów chloroplastów w zmiennych warunkach świetlnych. Część wyników została w roku 2023 opublikowana lub przygotowana w formie manuskryptu.

Publikacje:

5157/A, 5125/A, 5124/A, 5159/A, 5115/A, 5107/A, 5100/A, 6582, 6507, 1114/N

PN-08 - Pracownia Replikacji DNA i Stabilności Genomu

Kierownik: prof. dr hab. Iwona Fijałkowska

Zespół:

dr hab. Anna Bębenek (do 07.2023r.), dr Michał Dmowski, dr Karolina Makiela-Dzbeńska, dr Krystian Łazowski, lic. Alina Krasilia, doktorantka: mgr Deepali Chaudhry (od 03.2023 r.)

Cel badań:

Badanie mechanizmów odpowiedzialnych za utrzymanie stabilności genetycznej w komórkach prokariotycznych i eukariotycznych.

Opis realizowanych prac:

W szczepach *Escherichia coli* sprawdzano wpływ braku aktywności RNazyHI na mechanizm replikacji obu nici DNA. Pokazano, że brak RNazy HI powoduje zwiększenie częstości mutagenyzy w szczepach z nieaktywnym systemem MMR, zwłaszcza na nici wiodącej DNA, co jest związane z efektem mutatorowym polimeraz TLS w wyniku aktywacji systemu SOS.

Brak naprawy R-pętli (potencjalnych starterów replikacji) w warunkach braku RNazyHI powoduje zaburzenie ciągłości replikacji, a w konsekwencji zwiększony udział polimeraz TLS, na nici wiodącej. Zmiana mechanizmu replikacji nici wiodącej w szczepach bez RNazyHI nie jest związana ze zwiększoną ilością jednoniciowego DNA w komórkach. Do analizy częstości mutacji na obu niciach DNA opracowano narzędzie bioinformatyczne MLE MUtation Rate calculator (mlemur).

Analizowano kompleks prymazy i polimerazy DNA faga T4 z wykorzystaniem mikroskopii CryoEM. Analiza próbek kompleksu pol_prym wykazały jedynie obecność dimerów polimerazy. Próbkę dla samej prymazy nie zawierały natywnych cząstek prymazy.

W badaniach mających na celu charakterystykę konsekwencji nieprawidłowego funkcjonowania kompleksu helikazy-polimerazy CMGE dla przebiegu cyklu komórkowego *Saccharomyces cerevisiae* przeprowadzono analizę zmian poziomu białka Sic1, inhibitora cyklin fazy S, czyli Clb5 i Clb6. W szczepie *dpb2-103* (ale nie w szczepie *psf1-1*), po uwolnieniu komórek z blokady w fazie G1 i przejściu do fazy S białko Sic1 było degradowane szybciej niż w komórkach typu dzikiego. Oznacza to, że efektem niesprawnej działającej podjednostki Dpb2 jest przedwczesne przejście z fazy G1 do fazy S cyklu komórkowego (syntezy DNA). Ponadto, przeprowadzono analizę RNAseq szczepów *dpb2-103* i *psf1-1* w momencie wyjścia z fazy G1 do fazy S oraz w trakcie syntezy DNA. Pozwoliło to scharakteryzować zmiany transkrypcyjne na początku i w późniejszych etapach replikacji DNA. Opracowano metody wyciszania i nadekspresji genów *POLE2* i *GINS1* w komórkach ludzkich.

Przeprowadzono też analizę serii mutantów w genie kodującym niekatalityczną podjednostkę Cdc45 kompleksu helikazy CMG. Ustalono, że warianty Cdc45-1, Cdc45-25, Cdc45-26 i Cdc45-35 mimo, że nie wpływają na tworzenie kompleksu białkowego, powodują zwiększenie częstości mutageny spontanicznej oraz zaburzenie przebiegu replikacji DNA. Pierwszy z nich skutkuje zaburzeniami głównie na etapie elongacji syntetyzowanych nici DNA, zaś pozostałe głównie na etapie inicjacji.

Opis najważniejszych osiągnięć:

1. Przedstawiono wyniki sugerujące nową istotną rolę RNazyHI w utrzymaniu prawidłowego mechanizmu replikacji nici wiodącej DNA.
2. Opracowano nowe, dostępne publicznie narzędzie do analizy mutageny w populacjach mikroorganizmów.
3. Uzyskane wyniki pokazały, że nieprawidłowe funkcjonowanie podjednostki Dpb2 może powoduje, że sygnały komórkowe o przejściu do fazy S uruchamiane są szybciej niż w komórkach typu dzikiego.
4. Globalna analiza transkrypcyjna wykazała, że w szczepie *dpb2-103* znacząco szybciej hamowana jest transkrypcja genów, których ekspresja jest kluczowa dla rozpoczęcia procesu replikacji DNA. Jednocześnie pomimo spowolnionej syntezy DNA, sygnały transkrypcyjne przejścia do fazy G2 uruchamiane są przedwcześnie.
5. Analizowane mutacje w genie *CDC45* powodują podwyższenie częstości mutageny spontanicznej w porównaniu do szczepu typu dzikiego. Błędy są częściowo korygowane przez system naprawy błędnie sparowanych zasad (błędy replikacyjne), częściowo też są efektem działania niskowiernej polimerazy zeta (Polζ).
6. Mutacje *cdc45-25*, *cdc45-26* i *cdc45-35* prowadzą do zaburzeń na etapie inicjacji replikacji, mutacja *cdc45-1* prowadzi do nieprawidłowego przebiegu syntezy nici potomnej.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Część wyników została opisana w rozprawie doktorskiej Krystiana Łazowskiego i pracy licencjackiej Aliny Krasillii oraz wymienionych niżej publikacjach.

Publikacje:

6512, 6530, 6565, 1113/N, 1131/N

PN-10 - Pracownia Metabolizmu RNA w Procesach Odpowiedzi Immunologicznej

Kierownik: dr Damian Graczyk

Zespół:

mgr Neuton Gorjao, mgr Hitha Gopalan

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. Interesuje nas także metabolizm niekodujących RNA w procesach immunologicznych. 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, $TNF\alpha$), jest pleiotropową 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 $TNF\alpha$ wiąże się z dużą toksycznością. Inną możliwością jest uwrażliwianie komórek nowotworowych na $TNF\alpha$, który i tak produkowany jest w guzach. Nasze badania pokazały, że obniżenie aktywności RNA polimerazy III uwrażliwia komórki raka jelita grubego na $TNF\alpha$. Wykazaliśmy, że zahamowanie RNA polimerazy III obniża $TNF\alpha$ -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 tych prac zostały opublikowane w czasopiśmie *Cancers*.

W minionym okresie sprawozdawczym kontynuowaliśmy prace nad wpływem manipulacji poziomem jednej z podjednostek polimerazy RNA I i III, na aktywność kinazy mTOR. W tym roku skupiliśmy się nad wyjaśnieniem mechanizmu tego zjawisko. W tym celu nawiązaliśmy współpracę z prof. Aurelio Telemannem (German Cancer Research Centre, Heilderberg), u którego doktorant odbył trzymiesięczny staż w ramach stypendium EMBO Scientific Exchange Grant.

Ponadto, kontynuowaliśmy także 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 mechanizm obserwowanego zjawiska oraz przygotowaliśmy manuskrypt publikacji.

We współpracy z dr. Romanem Szczęsnym (IBB PAN), firmą Adamed Pharma oraz Uniwersytetem Gdańskim prowadziliśmy badania nad opracowaniem szczepionki RNA.

Dodatkowo, w ramach współpracy z prof. Marcinem Nowotnym oraz dr Romanem Szczęsnym prowadziliśmy badania nad sensorem hybryd DNA:RNA (R-loops). Naszym zadaniem była analiza bioinformatyczna danych uzyskanych z wielkoskalowego sekwencjonowania.

W ramach kolejnej współpracy w naszym Instytucie, z dr. Pawłem Siedleckim, pracowaliśmy nad wpływem wydzielanych przez bakterie mlekowe substancji na właściwości nowotworowe komórek raka jelita grubego.

Opis najważniejszych osiągnięć:

1. Wykazaliśmy, że zahamowanie polimerazy III RNA uwrażliwia komórki raka jelita grubego na $TNF\alpha$, i że odpowiada za to obniżona aktywność czynnika transkrypcyjnego NF- κ B.
2. Wykazaliśmy, że modulacja poziomem jednej z podjednostek polimerazy RNA I i III, wpływa na aktywność kinazy mTOR i częściowo wyjaśniliśmy mechanizm tego zjawiska.
3. Wykazaliśmy, że modulacja aktywności polimerazy III RNA wpływa na odpowiedź interferonową makrofagów i także częściowo wyjaśniliśmy mechanizm tego zjawiska.

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. Nasze badania mogą w przyszłości przyczynić się opracowania nowych terapii chorób zapalnych czy nowotworów. Niemniej, w ramach współpracy z prof. Marcinem Nowotnym oraz dr Romanem Szczęsnym zostało opracowane molekularne narzędzie (sensor molekularny), które może mieć komercyjne zastosowanie. Narzędzie to jest przedmiotem zgłoszenia patentowego. Wyniki uzyskane podczas prac badawczych wejdą w skład przygotowywanych publikacji.

Publikacje:

6516

PN-12 - Pracownia Patogenezy Roślin

Kierownik: prof. dr hab. Jacek Hennig

Zespół:

dr Marta Grech-Baran, dr Angelika Fiodor, dr Małgorzata Lichocka

Cel badań:

1. Pogłębiona analiza funkcjonalna receptora Ry_{sto}, należącego do rodziny TIR-NB-LRR, warunkującego niezależną od temperatury odporność roślin na infekcje wirusów z rodziny *Potyviridae*.
2. Weryfikacja hipotezy zakładającej aktywny udział aneksyny 5 (ANN5) w procesie biosyntezy białka w dojrzałych ziarnach pyłku u *Arabidopsis thaliana*.

Opis realizowanych prac:

Kontynuowaliśmy analizę funkcjonalną receptora Ry_{sto}, należącego do rodziny TIR-NB-LRR. Wykazaliśmy, że dla prawidłowego funkcjonowania białka, w podwyższonej temperaturze, krytyczny jest układ przestrzenny alfa helikalnej struktury dystalnej części domeny NB-ARC oraz beta-kartek domeny LRR receptora.

Analiza profilu polisomów wykazała zmieniony profil akumulacji podjednostek rybosomu w mutantach *A. thaliana* z niedoborem aneksyny 5, przejawiającą się redukcją ilości dużej podjednostki (60S) w stosunku do małej (40S). Zaobserwowaliśmy, że zaburzeniom w biosyntezie podjednostek rybosomów towarzyszy obniżona wydajność biosyntezy białka w ziarnach pyłku.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Wykazanie, że białko ANN5 uczestniczy w procesie biosyntezy białka w dojrzałych ziarnach pyłku roślin *A. thaliana*.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

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

Publikacje:

6612, 5164/A, 5215/A 1148/N

PN-13 - Pracownia Segregacji DNA i Cyklu Życiowego Proteobakterii

Kierownik: prof. dr hab. Grażyna Jagura-Burdzy

Zespół:

dr hab. Aneta Bartosik, dr hab. Elżbieta Kraszewska, dr Adam Kawałek, dr Barbara Domańska, dr Luis Felipe Padilla Martinez, mgr Weronika Czekąła, mgr Asha Ajithakumari Sobhanakumar, mgr Shweta, Studenci: inż. Natalia Bednarek, inż. Filip Pośnik

Cel badań:

Główne cele badawcze w roku sprawozdawczym obejmowały:

1. Charakterystykę procesu segregacji chromosomów *P. aeruginosa* (*Pa*) i powiązań z innymi procesami w komórce.
2. Zaadaptowanie metody interferencji CRISPR (CRISPRi) do analizy funkcjonalnej genów *Pa* i wykorzystanie jej m.in. w badaniu mechanizmów oporności bakterii na związki przeciwbakteryjne.
3. Rozpoczęcie charakterystyki genów kodujących transportery leków/metabolitów (DMT) oraz towarzyszących im genów kodujących regulatory transkrypcji z *Pa*.
4. Poznanie roli regulatorów transkrypcji DdaR i PA2577 w biologii *Pa*.

Opis realizowanych prac:

1. Opracowano wyniki uzyskane z wykorzystaniem metody Tn-seq dla szczepu dzikiego *Pa* oraz mutantów $\Delta parAB$ oraz $\Delta mksBEF$, co umożliwiło identyfikację białek potencjalnie współpracujących z powyższymi systemami. Trwa weryfikacja zidentyfikowanych interakcji genetycznych poprzez konstrukcję mutantów delecyjnych, wyciszenie wybranych genów przy użyciu CRISPRi i analizy segregacji DNA. Opracowano wyniki uzyskane z wykorzystaniem metody 3C-seq dla różnych szczepów *Pa* wykazując wielopłaszczyznowy wpływ systemu ParAB-*parS* na interakcje w obrębie chromosomu bakteryjnego.
2. Wykonano szereg prac związanych z adaptacją CRISPRi do analizy funkcjonalnej genów *Pa*. Sprawdzone systemy CRISPRi z różnych bakterii, różne układy genetyczne do ekspresji, wybrano metodę pozwalającą na optymalny wybór sekwencji kierujących w *Pa* oraz metodę opartą na wprowadzaniu niekomplementarnych par zasad (ang. *mismatch*), pozwalającą na stopniowanie wyciszenia badanego genu.
3. Sklonowano wybrane geny kodujące transportery leków/metabolitów oraz towarzyszące im geny kodujące regulatory transkrypcji z *Pa* w wektorach ekspresyjnych i przeprowadzono wstępne analizy obejmujące zbadanie efektów nadprodukcji białek w komórkach bakterii (*E. coli* i *Pa*).
4. Opracowano wyniki uzyskane z wykorzystaniem analizy ChIP-seq dla białka DdaR oraz kontynuowano prace nad regulatorem PA2577 i jego wpływem na system sekrecji typu III u *Pa*.

Opis najważniejszych osiągnięć:

1. Potwierdzono interakcje genetyczne pomiędzy ParAB i MksBEF. Działanie kompleksu MksBEF wiąże się z współpracą z topoizomerazą IV, gdyż komórki pozbawione MksBEF są nadwrażliwe na jej wyciszenie, a MksE fizycznie oddziałuje z jej podjednostkami. Wykazano wielowymiarowy wpływ systemu ParAB-*parS* na interakcje w obrębie chromosomu bakteryjnego. Oprócz roli ParB-*parS* w załadunku białek SMC-ScpAB, wykazano interakcje wzdlużne między obszarami bliskimi *oriC*, a różnymi miejscami na chromosomie, co okazało się reprezentować proces segregacji DNA. Zaobserwowano również obecność pętli zależnej od ParB między regionem *oriC* a regionem zawierającym operon kodujący system toksyna-antytoksyna PA0124-PA0125. Pomimo wiązania się ParB z wieloma miejscami half-*parS* w całym genomie, dane wskazały na ich ograniczony wpływ na topologię genomu.
2. W ramach adaptacji metody CRISPRi opracowano szereg wektorów i protokołów zoptymalizowanych pod kątem wyciszenia genów w *Pa*. Skuteczność działania określono poprzez analizę wyciszenia genu reporterowego, genów niezbędnych oraz genów zaangażowanych w oporność na antybiotyki. Dopracowano protokół integracji kaset w chromosom przy użyciu wektorów bazujących na mini-Tn7 i wykazano, że inaktywacja systemu restrykcja-modyfikacja w tej bakterii zwiększa tę wydajność 1000-krotnie.
3. Wykazano, że nadprodukcja niektórych transporterów leków/metabolitów w *E. coli* spowalnia wzrost bakterii. Podobne testy z białkami zawierającymi metkę FLAG na N-końcu, zasugerowały, że nienaruszony N-koniec tych białek jest konieczny do kierowania tych białek do błony.
4. Wykazano, że brak lub nadprodukcja DdaR prowadzi do globalnych zmian w transkryptomie *Pa*. Białka IHF and HU wspomagają interakcje DdaR z DNA i RpoN w regionie promotorowym genu *ddaH* kodującego hydrolazę dimetylargininy. Odkryto oddziaływanie PA2577 z jednym z kluczowych białek biorących udział w regulacji ekspresji systemu sekrecji typu III u *Pa*.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Uzyskane wyniki były podstawą 2 opublikowanych oryginalnych prac (6502, 6578), a kolejne manuskrypty w oparciu o uzyskane dane są w przygotowaniu. Wyniki prezentowano na seminariach grup mikrobiologicznych oraz na dwóch wykładach na zaproszenie na Wydziale Biotechnologii Uniwersytetu Wrocławskiego.

Publikacje:

6502, 6578, 322/M, 1121/N

PN-14 - Pracownia Lekooporności Bakterii

Kierownik: dr hab. Izabela Kern-Zdanowicz

Zespół:

doktorantka: mgr Aleksandra Kuryłek

Cel badań:

1. Analiza rdzenia transportera systemu koniugacyjnego pCTX-M3, plazmidu z grupy IncM odpowiedzialnego za rozprzestrzenianie różnych genów kodujących oporność na antybiotyki wśród bakterii, przedstawicieli rzędu *Enterobacterales*.
2. Poszukiwanie czynników wirulencji inwazyjnego szczepu *Streptococcus anginosus*, wyizolowanego z krwi.

Opis realizowanych prac:

Ad. 1. Kontynuowana jest analiza systemu koniugacyjnego plazmidu pCTX-M3 z grupy IncM (dawniej IncL/M). Na rdzeń transportera, przewidziany na podstawie budowy homologicznego kompleksu z *Legionella pneumophila*, składają się białka TraH, TraI, TraN, TraO i TraP. Przygotowano 4 nowe konstrukcje plazmidowe metodą InFusion, niosące geny kodujące różne elementy systemu koniugacyjnego, niezbędne do jego funkcjonowania. Jeden plazmidów niesie geny kodujące rdzeń transportera, i jest przygotowany w sposób, który umożliwia zwiększoną produkcję i ułatwia izolację z błon komórkowych *E. coli*. Przygotowane 4 plazmidy są zgodne i umożliwią zweryfikowanie poprawności rekonstrukcji transportera – wspólnie powinny umożliwić transfer koniugacyjny jednego z nich.

Ad2. *S. anginosus* to Gram-dodatnia bakteria żyjąca na błonach śluzowych człowieka i choć uważało się ją za komensala, to okazuje się, że nawet u zdrowych ludzi może wywoływać infekcje, także te zagrażające życiu.

Metodą TraDIS – Transposon Directed Insertion Sequencing – analizowano przygotowaną uprzednio bibliotekę mutantów insercyjnych inwazyjnego szczepu *S. anginosus* 980/01, poddaną działaniu pełnej krwi ludzkiej. Wytypowano pulę genów niezbędnych do przeżycia w pełnej krwi ludzkiej. Po odjęciu genów niezbędnych do życia tej bakterii w optymalnych warunkach, wskazane zostały 4 geny, w których mutacja uniemożliwiała przeżycie w ludzkiej krwi. Przygotowano mutanty w każdym z wytypowanych 4 genów i zbadano ich właściwości. W warunkach optymalnych czas generacji szczepów był identyczny ze szczepem dzikim. Natomiast w pełnej krwi ludzkiej każdy z mutantów przeżywał ok. dwukrotnie gorzej niż szczep dziki. Badania te będą kontynuowane.

Wykorzystując przygotowaną bibliotekę mutantów insercyjnych badano również geny istotne dla przylegania *S. anginosus* 980/01 do komórek śródbłonna żyły pępowinowej (linia nowotworowa EA.hy926). Przeprowadzono sekwencjonowanie TraDIS. Trwa analiza wyników.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Wytypowano 4 geny istotne dla przeżywania w pełnej krwi ludzkiej. Jeden z genów wskazany był również u innych gatunków paciorkowców jako istotni do przeżycia w krwi, trzy pozostałe nie były poprzednio opisywane.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Wyniki posłużą do przygotowania publikacji naukowej.

Publikacje:

6543, 5083/A, 5184/A, 5185/A

PN-15 - Pracownia Biologii Grzybów

Kierownik: prof. dr hab. Joanna Kruszewska

Zespół:

dr Anna Janik, dr Urszula Perlińska-Lenart, dr hab. Sebastian Piłsyk, mgr Patrycja Skalmowska

Cel badań:

1. Określenie roli grzybów w przystosowaniu traw do skrajnych warunków okolic Polskiej Stacji Antarktycznej im H. Arctowskiego.
2. Opracowanie metody dezodoryzacji odpadów z wykorzystaniem grzybów strzępkowych - dalsze prace.

3. Poszukiwanie enzymu katalizującego nasycanie wiązań po stronie ω w cząsteczce oryginalnych dolicholi z grzybów strzępkowych – kontynuacja prac.
4. Analiza histologiczna i bioinformatyczna kluczowych markerów oligodendrocytów w wybranych obszarach mózgu człowieka i psa.
5. Próba określenia metabolizmu fukozy u *Mucoromycotina*.

Opis realizowanych prac:

Ad. 1 W okolicach Polskiej Stacji Antarktycznej występują dwa gatunki traw, rodzima trawa *Deschampsia antarctica* i gatunek obcy *Poa annua*. Badania przeprowadzono na próbkach traw i gleby z trzech różnych lokalizacji. Odkryliśmy, że *Deschampsia* rośnie tylko na glebach o umiarkowanym poziomie zbiorowisk grzybów, rekrutuje grzyby selektywnie i w podobnym składzie we wszystkich lokalizacjach i woli rekrutować Ascomycota. W przeciwieństwie do tego *Poa* może rosnąć na różnorodnych glebach ze zbiorowiskami grzybów od umiarkowanie do bardzo bogatych i rekrutuje grzyby na masową skalę, tak że zbiorowisko mikoryzowe z grubsza odzwierciedla zbiorowisko glebowe, przynajmniej na poziomie gromady. Różnice w populacjach grzybów mogą wynikać z wieloletniego ustabilizowania współpracy z grzybami przez *Deschampsia* i ustanawianiu współpracy z grzybami przez napływową trawę *Poa*. Współpraca z dr A. Znój i dr J. Grzesiakiem z Zakładu Biologii Antarktyki. – publikacja w przygotowaniu

Ad. 2 Do kolekcji grzybów które mogą być wykorzystane do utylizacji i dezodoryzacji odpadów dołączono następne grzyby wyizolowane ze środowiska naturalnego, najwięcej z odchodów zwierząt roślinożernych.

Ad. 3 Wytypowano 2 enzymy, które mogłyby katalizować nasycanie dolicholi. Sporządzono konstrukty do delekcji genów kodujących te enzymy i transformowano nimi *Trichoderma*. Trwa izolacja i oczyszczanie transformantów i poszukiwanie szczepów z delecją.

Ad. 4 W pracy podjęto się wyjaśnienia pochodzenia ewolucyjnego kluczowych dla funkcjonowania oligodendrocytów białek: MBP, MOG i FTH. Analizy wykonano typowymi metodami bioinformatycznymi – poprzez porównania filogenetyczne i modelowanie potencjalnych właściwości katalitycznych białek. Uzyskane wyniki pozwalają postawić hipotezę, że różnorodne grupy ferrytyn, obserwowane u strunowców pochodzą od jednego, wspólnego białka. Wyniki przeprowadzonych analiz pozwoliły również zaproponować nową klasyfikację ferrytyn, opartą o ich potencjalne właściwości katalityczne i pochodzenie ewolucyjne. W pracach wziął udział dr hab. Sebastian Piłsyk jako promotor pomocniczy doktoratu mgr Macieja Golana. Współpraca z Kolegium Nauk Medycznych Uniwersytetu Rzeszowskiego.

Ad. 5 Udział dr hab. S. Piłsyka w badaniach grupy dr hab. Anny Muszewskiej (Pracownia Bioinformatyki Grzybów) nad metabolizmem fukozy u grzybów.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Pokazanie bioróżnorodności grzybów w glebie Antarktydy. Pokazanie selektywnego rekrutowania grzybów przez rodzimy gatunek trawy Antarktycznej *Deschampsia antarctica* i nieselektywne rekrutowanie grzybów przez trawę napływową *Poa annua*. Grzyby rekrutowane przez *Poa* okazały się znanymi endofitami traw o korzystnym działaniu promującym wzrost roślin.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Wyniki są opublikowane w czasopismach międzynarodowych i prezentowane na Zjazdach.

Publikacje:

6477, 6609, 6691, 6539, 5081/A, 5079/A

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 Bartosz Baranowski, Izabela Barymow-Filoniuk

Cel badań:

Efektor HopBF1 produkowany przez bakterie *Pseudomonas syringae*. Jak wykazały nasze wcześniejsze badania, efektor ten wykorzystuje roślinne białka z rodziny HSP90 do uzyskania dojrzałej konformacji. Następnie unieczynnia te białka opiekuńcze poprzez fosforylację. Prowadzi to do obumierania komórek gospodarza w miejscu infekcji bakteryjnej. Tym lokalnym zmianom, towarzyszą aberracje w morfologii liści systemowych. Celem naszych badań jest poznanie natury tego zjawiska.

Opis realizowanych prac:

W ramach prowadzonych prac wykonano sekwencjonowanie, zarówno mRNA, jak również małych cząsteczek izolowanych z tkanek lokalnych i systemowych, w których ekspresji ulegał efektor HopBF1 oraz jego warianty pozbawione aktywności kinazowej lub zdolności do oddziaływania z białkiem HSP90. Kontrolę stanowiły rośliny wyrażające lokalnie białko reporterowe. Przeprowadzona analiza wykazała funkcjonalne klasy transkryptów podlegające zmianom w liściach systemowych na skutek lokalnej ekspresji HopBF1. Jak również grupy mikro RNA różnicowo zmieniające się w tych tkankach.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Zidentyfikowano transkrypty oraz mikro RNA w liściach systemowych, których ekspresja zależy od HopBF1.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Publikacje:

6580, 5092/A

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 Marta Sipko, Iwona Rąpała (magistrantka) Abhiphita De (magistrantka).

Cel badań:

Celem prowadzonych badań jest zrozumienie funkcji biologicznej i mechanizmu działania dwóch białek mitochondrialnych: ampylasy Fmp40 i depalmitylazy Ynl320w w regulacji homeostazy redoks w mitochondriach oraz regulacji aktywności systemu fosforylacji oksydacyjnej, w szczególności syntazy ATP przez stan redoks w mitochondriach. Hipotetyza badawcza zakłada, że oba białka regulują aktywność mitochondrialnych białek regulujących

prawidłowy poziom reaktywnych form tlenu (RFT) poprzez modyfikacje po-translacyjne oraz, że mogą mieć wspólne substraty.

Opis realizowanych prac:

1. Kontynuowano prace nad mechanizmem regulacji redoksyn mitochondrialnych Prx1, Trx3 i Grx2 przez ampylazę Fmp40. Zbadano zmiany poziomu ekspresji 40-tu genów kodujących białka obrony komórki przed RFT. Fmp40 jest niezbędne do prawidłowego poziomu mRNA tych genów, przy czym w komórkach pozbawionych białka Fmp40 zmiany w poziomach ekspresji są odwrotne w zależności od stężenia nadtlenu wodoru na jakie ekspozowane były komórki. Zbadano stany redoks Prx1 i Trx3 i wykazano, że Fmp40 jest potrzebne do prawidłowego przebiegu cyklu redukcji Prx1 po ekspozycji komórek na wysoki stres oksydacyjny oraz prawidłowego przebiegu cyklu redukcji Trx3, zależnie od intensywności stresu oksydacyjnego. Wykazano, że Trx3 oddziałuje fizycznie z białkiem Fmp40 i Prx1 ale nie z Grx2. Zidentyfikowano resztę treoniny w pozycji 66 białka Trx3 modyfikowaną przez dodanie AMP *in vivo*.
2. Poszukując ampylowanych białek w mitochondriach drożdży zidentyfikowano dwie reszty treoniny w pozycjach 154 i 155 białka Atp4 – podjednostki ramienia zewnętrznego syntazy ATP – podlegające ampylacji *in vivo*. Wykonana została analiza funkcjonowania syntazy ATP oraz łańcucha oddechowego w natywnych mitochondriach z mutantów *atp4-TT>>AA* i *atp4-TT>EE*. Modyfikacje po-translacyjne w tym obszarze Atp4, także fosforylacja wykazana przez inne zespoły na tych samych resztach, są kluczowe w regulacji aktywności łańcucha oddechowego przez syntazę ATP. W w.w. mutantach ta regulacja została utracona.
3. Kontynuowane są badania funkcji białka Ynl320w. W komórkach pozbawionych Ynl320w dokonano analizy zmian morfologii sieci mitochondrialnej, oddziaływań genetycznych z redoksynami mitochondrialnymi Prx1, Trx3, Grx2 i Ycp4, w tym wykazano oddziaływanie białka Ynl320w z Ycp4 (flaworedoksyną, która podlega plamitylacji) w systemie dwu-hybrydowym uzyskując wynik pozytywny, co sugeruje, że Ycp4 może być substratem Ynl320w), zbadano aktywność łańcucha oddechowego i syntazy ATP w mutantach *gsh1*, *fmp40*, *ynl320w*, *gsh1 fmp40* i *gsh1 ynl320w*, zbadano poziomy redoksyn mitochondrialnych. Prowadzone są eksperymenty mające na celu uzyskanie białka Ynl320w z komórek owadzych i drożdżowych w celu zbadania aktywności depalmitylazy.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Odkryliśmy, że Fmp40 jest białkiem biorącym udział w regulacji komórkowej komunikacji na linii mitochondria-jądro komórkowe za pośrednictwem reaktywnych form tlenu. Jednym z mechanizmów tej komunikacji jest udział w regulacji cyklu peroksyredoksyny mitochondrialnej Prx1, która jest jak dotąd jedynym zidentyfikowanym białkiem bezpośrednio wiążącym nadtlenek wodoru w mitochondriach i niezbędnym do utleniania GSH do GSSG w mitochondriach, który sygnalizuje wejście komórki na drogę programowanej śmierci komórki.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Wyniki badań prezentowane były w formie 4 posterów na konferencji: 31st International Conference on Yeast Genetics and Molecular Biology, Florence, Italy (Abstrakty 5134/A, 5130/A, 5129/A, 5222/A). Otrzymane wyniki wejdą w skład publikacji oraz będą podstawą prac doktorskich Suchsmita Masanty i Marty Kasabuły.

Prace doktorskie obroniły: mgr Sylwia Pilch (w lutym 2023 r.) i mgr Krystyna Bińko (w listopadzie 2023 r.), pracę magisterską pani Iwona Rąpała (9 styczeń 2023).

Publikacje:

6561, 6533, 6526, 6518

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 (do 30.09.2023), mgr Agnieszka Onyśk, doktoranci: mgr Natalia Piłka, mgr Marta Zajbt-Łuczniowska, mgr Karolina Sztompka, mgr Zuzanna Bechler

Cel badań:

Celem badań było poznanie biologicznej roli lipidów poliizoprenoidowych w komórkach eukariotycznych oraz opisanie mechanizmów ich biosyntezy. Kierunki badań:

1. charakterystyka molekularna wybranych *cis*-prenylotransferaz (CPT) - enzymów syntetyzujących łańcuch poliizoprenoidów i identyfikacja ich partnerów białkowych w komórkach pantofelka i roślinnych;
2. mechanizmy transkrypcyjnej regulacji biosyntezy poliizoprenoidów;
3. rola składników kompleksu TRAPP w metabolizmie komórki roślinnej;
4. charakterystyka molekularna reduktaz poliprenolu u roślin.

Opis realizowanych prac:

1. Wykazano różnice w pochodzeniu biosyntetycznym poliprenoli (szlak MEP) i dolicholi (dwa szlaki MEP i MVA) w korzeniach i liściach rzodkiewnika [#6532, wsp. prof. M.Rohmer, ULP, Strasbourg].
2. Badano mechanizm łączący Rubber Elongation Factors (REF) z syntezą poliizoprenoidów u rzodkiewnika [#5120/A].
3. Badano rolę fosforylacji *cis*-prenylotransferaz przez kinazy SnRK2 jako potencjalnego mechanizmu regulującego biosyntezę poliizoprenoidów w roślinach. [#5100/A, wsp. prof. G.Dobrowolska, IBB].
4. Wykazano rolę CPTA i -B oraz ich partnera białkowego, POC1, w biosyntezie dolicholi u *Paramecium tetraurelia* (wsp. dr J.Nowak, IBB).
5. Wykazano, że zmiana lokalizacji subkomórkowej *cis*-prenylotransferaz w komórkach rzodkiewnika powoduje zmianę długości syntetyzowanych przez nie łańcuchów poliizoprenoidowych. [#5122/A].
6. Zidentyfikowano i wstępnie scharakteryzowano CPTazy *Rosa chinensis* – 2 heteromeryczne syntetyzujące długołańcuchowe poliprenole oraz 1 homodimeryczną syntetyzującą krótkie poliprenole chloroplastowe.
7. Wykazano rolę czynników transkrypcyjnych HSFA1 oraz SWI/SNF ATPazy BRM w regulacji procesu syntezy poliprenoli u rzodkiewnika [#5148/A, wsp. dr hab. R.Archacki, UW].
8. Wykazano rolę podjednostki C8 kompleksu TRAPP III (Transport Protein Particle III) rzodkiewnika w procesie autofagii i w regulacji poziomu dolicholi (wsp. dr Y.Dagdas, GMIMPB, Wiedeń).
9. Wykazano, że reduktaza poliprenolu 1 (PPRD1) rzodkiewnika odgrywa rolę w rozwoju korzeni i akumulacji długich dolicholi [#5126/A].
10. Udokumentowano, że brassinosteroidy wpływają na szlak biosyntezy poliprenoli syntetyzowanych w liściach rzodkiewnika [#6613, wsp. dr M.Gutkowska, SGGW].
11. Wykazano, że ekspresja *ScRER2* w *Trichoderma atroviride* zwiększa aktywność hydrolaz wydzielniczych i poprawia właściwości przeciwdrobnoustrojowe. [#6477, wsp. prof. J.Kruszewska, IBB].

12. Udowodniono, że dwufunkcyjna syntaza difosforanu geranylu/farnezylu dostarcza GPP pochodzącego z MVA do biosyntezy geraniolu w kwiatach róży; [#6545, wsp. dr B. Boachon, Université Jean Monnet Saint-Etienne].
13. Wykazano, że mutacja w syntazie difosforanu poliprenolu (DHDDS K42E) – najbardziej rozpowszechniony wariant u pacjentów cierpiących na dziedziczne choroby zwyrodnieniowe siatkówki (Retinis Pigmentosa 59) skutkuje syntezą dolicholi o skróconych łańcuchach; w mysim modelu RP59 stwierdzono wadliwą transmisję synaptyczną z zewnętrznej do wewnętrznej części siatkówki [#6564, 5176/A współpraca kilku grup badawczych].
14. W badaniach nad bakteryjnymi ramnozylotransferazami wykazano, że lipidy prenylowe są obligatoryjnymi składnikami akceptorów glikolipidowych w procesie syntezy O-antigenu [#6569, wsp. dr T. Lupoli, New York University].
15. Udostępniono preparaty poliizoprenoidowe kilkunastu grupom badawczym w ramach działalności Kolekcji Poliprenoli.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Wykazano, że szlaki MVA i MEP są źródłem prekursorów wykorzystywanych w różny sposób do syntezy poliprenoli i dolicholi rzodkiewnika.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

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

Publikacje:

6477, 6532, 6545, 6564, 6569, 6613, 5100/A, 5120/A, 5122/A, 5126/A, 5148/A, 5176/A

PN-19 - Pracownia Biologii Bakteriofagów

Kierownik: prof. dr hab. Małgorzata Łobocka

Zespół:

dr Emil Stefańczyk, doktoranci: mgr Stephen Amankwah, mgr Łukasz Kałuski, dr Aleksandra Głowacka-Rutkowska (niepełny czas), Aleksandra Krysiak (magistrantka od 25. 04 2023).

Cel badań:

Poznanie biologii wybranych bakteriofagów o szerokim spektrum gospodarzy, identyfikacja determinantów ich szerokiej specyficzności oraz identyfikacja bakteryjnych determinantów odporności na określone bakteriofagi.

Opis realizowanych prac:

1. W ramach prac nad analizą funkcji bakteriofaga P1 związanych z przystosowaniem do wielogospodarzowości wykazano, że środowiskowe szczepy *Pantoea agglomerans* mogą być lizogenizowane i produktywnie infekowane przez pochodne faga P1 z niemobilnym genem antybiotykooporności. Zademonstrowano, że wiele z nich zawiera megaplazmidy niekompatybilne z P1, a pochodne P1 mogą służyć do szybkiej eliminacji tych plazmidów. Skonstruowano środowiskowy szczep *P. agglomerans* pozbawiony dwóch z trzech jego dużych plazmidów. Wykazano wpływ mobilności genów antybiotykooporności przenoszonych przez ruchome elementy genetyczne na rozprzestrzenianie się tych elementów w warunkach presji selekcyjnej.
2. Skonstruowano pochodne wahadłowego wektora *E. coli* - *S. aureus* o obniżonej liczbie kopii w komórkach *E. coli* lub obniżonej stabilności w komórkach *S. aureus*. Wyposażono je w gen małej podjednostki terminazy transdukującego faga gronkowcowego w celu

zwiększenia ich transdukowalności przez tego faga. Rozpoczęto prace nad wklonowaniem do nich zinktywowanych kasetą oporności na erytromycynę genów zidentyfikowanych jako potencjalne determinanty fagoodporności. W dalszych badaniach uzyskane plazmidy posłużą jako dawcy homologicznych fragmentów DNA do inaktywacji wybranych genów fagoodporności w klinicznych szczepach *S. aureus* z badanej kolekcji 48 szczepów o zsekwencjonowanych genomach. Będą one wprowadzane do tych szczepów z wykorzystaniem opracowanej poprzednio zoptymalizowanej metody transdukcji plazmidowego DNA.

3. Sklonowano w wektorze wahadłowym *E. coli* - *S. aureus* większość genów modelowego faga terapeutycznego z rodzaju *Kayvirus*, kodowanych przez długie terminalne powtórzenia na końcach jego genomu. Przeanalizowano wpływ produktów badanych genów na wzrost i przeżywalność komórek *E. coli* i *S. aureus*.
4. Kontynuowano analizę funkcjonalną genów bakteriofagów z rodzaju *Kayvirus* kodujących białka zawierające potencjalne domeny transmembranowe. Wykazano lokalizację produktów niektórych z tych genów na peryferiach komórek *S. aureus* lub w pęcherzykach membranowych. Zademonstrowano, że dwa z nich uwrażliwiają komórki *S. aureus* na infekcję fagami taksonów niespokrewnionych z kaywirusami.
5. W celu identyfikacji w puli zidentyfikowanych w genomach 48 zsekwencjonowanych szczepów *S. aureus* potencjalnych determinantów odporności na fagi, determinantów odporności na określone kaywirusy porównano cechy genomowe różnicujące szczepy odporne i wrażliwe na określone fagi w obrębie tych samych kompleksów klonalnych. Zidentyfikowano kilka potencjalnych genów mogących odpowiadać za konkretne fenotypy fagoodporności. Zidentyfikowano marker genetyczny wystarczający jako jedyny do identyfikacji szczepów kompleksu CC7 i zweryfikowano jego przydatność diagnostyczną.
6. Scharakteryzowano, na poziomie sekwencji DNA, łagodnego bakteriofaga infekującego szczepy *S. pseudintermedius* powodujące zakażenia skórne u psów i kotów (we współpracy z SGGW).

Opis najważniejszych osiągnięć:

Wykazanie, że bakterie rodzaju *Pantoea* mogą być gospodarzami bakteriofaga P1. Wykrycie w szeregu szczepów *Pantoea* dużych plazmidów niekompatybilnych z P1 i opracowanie prostej metody leczenia z tych plazmidów. Optymalizacja systemu modyfikacji genomów klinicznych szczepów *S. aureus*. Identyfikacja wpływu dwóch białek błonowych kaywirusów na podatność szczepów *S. aureus* na fagi niespokrewnione z kaywirusami. Zademonstrowanie toksyczności produktów większości genów terminalnych powtórzeń kaywirusów dla *S. aureus*. Identyfikacja unikalnego markera genetycznego szczepów *S. aureus* kompleksu CC7. Identyfikacja i analiza porównawcza mobilomu 48 szczepów *S. aureus* o zsekwencjonowanych genomach.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Otrzymane wyniki wykorzystano jako materiał do przygotowania manuskryptów publikacji. Część została opublikowana. Pozostałe są w druku lub na etapie dalszego przygotowywania.

Publikacje:

6495, 6496, 6504, 6520, 6546, 6553, 1119/N, 5143/A, 5144/A, 5145/A, 5146/A, 5147/A, 5149/A, 5150/A, 5213/A, 5214/A

PN-20 - Pracownia Niekodujących RNA i Rearanżacji Genomu

Kierownik: dr Jacek K. Nowak

Zespół:

dr Julita Gruchota, mgr inż. Katarzyna Nowak, mgr Seyma Duran, mgr Yunyi Gao

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: 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 TFIIIS, 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.

W ubiegłych latach wykazano, że białko Gtsf1 jest odpowiedzialne za selekcję scnRNA – najprawdopodobniej poprzez naznaczenie przez ubikwitynację kompleksu Ptiwi09-scnRNA do degradacji. Wykonano szereg eksperymentów polegających na immunoprecypitacji i sekwencjonowaniu (RIP-seq) scnRNA związanych z białkiem Ptiwi09 oraz związanych z Gtsf1. Wykazano, że pojawiające się podczas wyciszania ekspresji Gtsf1 nadmiarowe scnRNA są związane z białkiem Ptiwi09, a ponadto w kompleksie Gtsf1-Ptiwi09-scnRNA częściej występują scnRNA przeznaczone do degradacji niż te, które są transportowane do nowego makronukleusa.

We wcześniejszych eksperymentach dowiedziono, że wyciszenie genu *SEN1.2c* prowadzi do akumulacji dwuniciowych pęknięć DNA (DSB) podczas mejozy, brakiem nowych makronukleusów w ponad połowie komórek, zaburzenia rearanżacji nowego makronukleusa i śmierci komórek po przejściu procesu płciowego. Aby zbadać związek pomiędzy działaniem genu *SEN1.2c* a białkiem Spo11 odpowiedzialnym za wprowadzanie meiotycznych DSB oraz Mre11 odpowiedzialnym za ich naprawę, przeprowadzono analizę transkryptomu oraz oceniono proces rearanżacji nowego makronukleusa przy użyciu wielkoskalowego sekwencjonowania DNA wyizolowanego z nowych makronukleusów przy wyciszaniu *SEN1.2c*, *SPO11* i *MRE11*. Wykonano także szczegółową analizę procesu mejozy przy wykorzystaniu

przeciwiał wiążących się do centromerów, uwidaczniając nieprawidłowości w segregacji chromosomów związane najprawdopodobniej z nienaprawionymi DSB.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Wykazano, że krótkie niekodujące scnRNA są związane z białkiem Ptiwi09 także podczas wyciszania ekspresji GTSF1, a wiązanie się białka Gtsf1 do białka Ptiwi09 ma powiązanie z procesem selekcji i degradacji scnRNA. Ustalono, że helikaza Sen1.2c może być istotna dla prawidłowej segregacji chromosomów podczas mejozy.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Wyniki badań zostaną wykorzystane w publikacjach naukowych oraz w przygotowywanej rozprawie doktorskiej. Rezultaty prezentowano podczas Ciliate Molecular Biology Conference, Montpellier, Francja, 26-29.06.2023.

Publikacje:

5111/A, 5112/A

PN-21 - Pracownia Molekularnych Podstaw Aktywności Biologicznej

Kierownik: prof. dr hab. Jarosław Poznański

Zespół:

dr hab. Agnieszka M. Maciejewska, dr Maria Winiewska-Szajewska, 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 in silico 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 równolegle 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. Z powodzeniem kontynuowane są badania stosujące w praktyce teorię małych zaburzeń. Jako zaburzenie wprowadzono zaprojektowane wcześniej zmiany aminokwasowe w podjednostce katalitycznej kompleksu kinazy CK2 (CK2 α). Zebrane dane termodynamiczne pozwoliły na ocenę wkładów różnych typów oddziaływań - Publikacja w recenzjach w Scientific Reports.
2. Kontynuowano badania nad mechanizmami solwatacji związków niskocząsteczkowych za pomocą pomiarów gęstości rozcieńczonych roztworów wodnych. Zostały przeprowadzone

pomiary dla dziewięciu rozcieńczonych roztworów soli (5224/A). Publikacja w przygotowaniu.

3. Poszukiwanie nowych molekularnych mechanizmów działania białek odpowiedzi adaptacyjnej *Escherichia coli*. Określono specyficzność substratową dehydrogenazy AidB wobec produktów ubocznych powstających w reakcji naprawy DNA przez dioksygenazę AlkB oraz oddziaływania i ewentualnego współdziałania AlkB i AidB w naprawie adduktów do zasad DNA i RNA (publikacja w przygotowaniu). Analiza wpływu mutagenów (MMS, CAA oraz ACR) na profil transkryptomyczny szczepu AB1157 oraz jego mutantów *alkB⁻*, *aidB⁻* oraz *alkB⁻/aidB⁻* wykazała zmiany w ekspresji licznych genów związanych z metabolizmem/detoksyfikacją aldehydów, metabolizmem kwasów tłuszczowych oraz naprawą uszkodzeń DNA, a najsilniejszej deregulacji ulegają geny zaangażowane w kontrolę metabolizmu. Analiza całkowitego RNA izolowanego z badanych szczepów rosnących w obecności subletalnych dawek mutagenów sugeruje, że podobnie jak w przypadku naprawy uszkodzeń DNA, AlkB może być odpowiedzialna za naprawę uszkodzeń powstających endogennie.
4. Interpretacja danych medycznych, biochemicznych lub biofizycznych w kontekście danych strukturalnych - współpraca z różnymi grupami (6503; 6532; 6533; 6561; 6623; 5107/A, 5131/A; 5215/A)

Opis najważniejszych osiągnięć:

Badania nad oddziaływaniem wariantów podjednostki katalitycznej kinazy CK2 niosących zaprojektowane zmiany w sekwencji rzuciły nowe światło na możliwe mechanizmy allosterycznej regulacji aktywności tej kinazy (Publikacja w recenzjach w Sci. Rep.).

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Uzyskane wyniki znalazły się (bądź znajdą się) w publikacjach naukowych. Wyniki badań posiadające potencjał komercjalizacyjny staną się podstawą zgłoszenia patentowego.

Publikacje:

6503; 6532; 6533; 6561; 6623; 5107/A; 5131/A; 5215/A, 5224/A

PN-22 - Pracownia Transkrypcji tRNA

Kierownik: prof. dr hab. Magdalena Rakowska-Boguta

Zespół:

mgr Alicja Armatowska, mgr Malak Farhat, mgr Aleksandra Łopusińska studenci: Marta Świąch

Cel badań:

Wyjaśnienie mechanizmu molekularnego odpowiedzialnego za supresję fenotypu mutacji *maf1Δ* przez nadprodukcję fragmentu największej podjednostki RNA polimerazy III.

Opis realizowanych prac:

Od wielu lat tematem naszej pracowni jest białko Maf1 drożdży *Saccharomyces cerevisiae*, którego rolą jest hamowanie transkrypcji polimerazy III RNA (Pol III). Poprzednie badania wykazały, że rola Maf1 polega na represji aktywności polimerazy III w warunkach stresu, na pożywce z niefermentowalnym źródłem węgla w podwyższonej temperaturze. W tych warunkach obserwowano brak wzrostu mutantu *maf1Δ*. Fenotyp *maf1Δ* wykorzystano do selekcji genów, dla których zwiększona ekspresja przywraca wzrost. Jako wielokopijny supresor *maf1Δ* wyselekcjonowano N-terminalny fragment C160, największej podjednostki

Pol III, nazwany NTF. Fragment NTF zawiera domenę a podjednostki C160, ewolucyjnie konserwowaną w największych podjednostkach Pol I i Pol II. NTF ulega ekspresji w komórkach drożdży jako polipeptyd, który lokalizuje się w cytoplazmie i jądrze komórkowym.

Poprzez zastosowanie technik hybrydyzacji northern oraz immunoprecypitacji chromatyny i RT-qPCR (ChIP) badano wpływ NTF na transkrypcję tRNA w kontrolnym szczepie dzikim i w mutancie *maf1Δ*. W odróżnieniu od szczepu dzikiego, w komórkach mutantu *maf1Δ* nie obserwowano spadku poziomu nowo transkrybowanego tRNA i okupacji genów tRNA przez Pol III w warunkach stresu. Dopiero nadprodukcja NTF powodowała istotnie statystycznie obniżenie transkrypcji w komórkach mutantu *maf1Δ*. Analogicznego efektu nadprodukcji NTF nie obserwowano w kontrolnym szczepie dzikim.

Stosując technikę ko-immunoprecypitacji białek potwierdzono negatywny wpływ NTF na asocjację C160 z innymi podjednostkami Pol III, C34, C82 i C53. Szczególnie wyraźny efekt NTF obserwowano w komórkach mutantu *maf1Δ* w warunkach stresu. Wyniki te potwierdziły hipotetyczny wpływ NTF na składanie kompleksu Pol III.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Stwierdzono negatywny wpływ nadprodukcji fragmentu największej podjednostki RNA polimerazy III, C160, na składanie kompleksu i transkrypcję tRNA w komórkach mutantu *maf1Δ* w warunkach stresu.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Wyniki wejdą w skład rozprawy doktorskiej mgr. Aleksandry Łopusińskiej i będą podstawą publikacji.

Publikacje:

5097/A, 51108/A, 51109/A, 5197/A, 5198/A, 5199/A, 5200/A

PN-23 - Pracownia Regulacji Ekspresji Genów

Kierownik: Prof. dr hab. Tomasz Sarnowski, prof. instytutu

Zespół:

dr Szymon Kubala, dr Jakkapong Kluebsoongneon, dr Paweł Ćwiek, dr Jarosław Steciuk, doktoranci: mgr Magdalena Wilga, mgr Magdalena Zaborowska, mgr Robert Bińkowski, mgr Jakub Szurmak, mgr Maryam Jozghorbani, mgr Jakub Chalimoniuk, studentka Małgorzata Mierzejewska

Cel badań:

Celem badań prowadzonych w 2023 roku było rozszerzenie wiedzy na temat zachowanych w ewolucji funkcji kompleksów remodelujących chromatynę i ich partnerów, ze szczególnym uwzględnieniem wielopoziomowej regulacji opartej o sprzężenia zwrotne.

Opis realizowanych prac:

Podczas prowadzonych badań wykorzystane zostały ludzkie linie komórkowe, Arabidopsis i krewetki stanowiące niezwykle wartościowe układy modelowe. Określone zostały efekty zaburzeń kompleksów remodelujących chromatynę w różnych typach nowotworów, m.in. zaawansowanego raka gruczołowo-torbielowatego ślinianki i jasnokomórkowego raka nerki. Kontynuowane były badania nad zagadnieniem syntetycznej letalności. Rozwijana była platforma oparta o nanoprzeciw ciała i bakteriofagi. W naszych badaniach wykorzystane zostały najnowocześniejsze techniki biologii molekularnej m.in. transkryptomika przestrzenna, inżynierii genetycznej oraz genetyki klasycznej a także technologia

nanoprzeciwiał i techniki wykorzystujące bakteriofagi do opracowania czynników skierowanych przeciwko nowym wariantom koronawirusa SARS-CoV-2.

Opis najważniejszych osiągnięć:

1. Określono niekanoniczną funkcję białek ERECTA w szlaku sygnalizacji za pomocą giberelin u Arabidopsis i wykazano funkcjonalną analogię pomiędzy ERECTA i EGFR.
2. Ustalono rolę podjednostki SWI3B w szlaku sygnalizacji za pomocą giberelin i wykazano zależność SWI3B-ERECTA.
3. Zaproponowano cele molekularne jako podstawę dla nowych terapii chłoniaka Hodgkina.
4. Ustalono rolę mechanizmów epigenetycznych w kontroli szlaków hormonalnych związanych z rozrodem u krewetki.
5. Zmodyfikowano platformę opartą o VHH i bakteriofagi i wykorzystano ją do identyfikacji szeregu VHH.
6. Określono specyficzność zidentyfikowanych VHH pod kątem różnych wariantów koronawirusa SARS-CoV-2.
7. Przygotowano linie Arabidopsis, które posłużą do dalszych badań nad rolą kompleksów SWI/SNF w kontroli różnych etapów ekspresji genów.
8. Zidentyfikowano nowy, dotąd nieznany u roślin mechanizm regulacji alternatywnego procesowania RNA. Wykazano, że podjednostki kompleksów NTC i SWI/SNF oddziałują ze sobą i regulują alternatywne wykorzystanie egzonu w genie *PLATZ* u Arabidopsis.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Wyniki, które uzyskano w ramach prowadzonych badań ujęte zostały w publikacjach naukowych opublikowanych podczas okresu sprawozdawczego a także w szeregu manuskryptów, które są na różnym etapie zaawansowania. Uzyskane dane prezentowano na międzynarodowych konferencjach naukowych w formie wykładów i plakatów. Uzyskane dane posłużyły do konstrukcji nowych projektów badawczych oraz podczas szkolenia studentów/praktykantów oraz uczniów liceum.

Publikacje:

6506, 6542, 6570, 320/M, 5096/A, 5123/A, 5127/A, 5170/A, 5171/A, 5172/A, 5173/A, 5174/A, 5182/A, 5186/A, 5188/A, 5190/A, 5191/A, 5192/A, 5193/A, 5194/A, 5195/A, 5196/A, 5201/A, 5202/A, 5204/A, 5205/A, 5208/A, 5209/A, 5210/A, 5211/A, 1144/N

PN-24 - Pracownia Białej Biotechnologii

Kierownik: dr hab. Anna Sikora, prof. instytutu

Zespół:

dr inż. Anna Detman-Ignatowska, doktorantka: Martyna Paul

Cel badań:

1. Analiza porównawcza beztlenowego rozkładu melasy buraczanej w układzie jednostopniowym (bez odzysku biowodoru) i dwustopniowym (z odzyskiem biowodoru) w odniesieniu do stabilności procesu i wydajności produkcji biopaliw gazowych.
2. Analiza właściwości chemicznych i nawozowych końcowego pofermentu uzyskanego w wyniku jedno- i dwustopniowego beztlenowego rozkładu melasy buraczanej.
3. Analiza oddziaływań syntroficznych w mikrobiomach procesujących krótkołańcuchowe kwasy tłuszczowe na podstawie danych metaomicznych.

4. Analiza metagenomiczna wspólnot mikroorganizmów wyselekcjonowanych z mikrobioty kałowej pochodzącej od pacjentów z chorobą Leśniowskiego-Crohna i zdrowych ochotników w testach *in vitro* na podłożach z glukozą oraz mleczanem i octanem.

Opis realizowanych prac:

Ad 1. Prowadzono beztlenowy rozkład melasy buraczanej w układzie ciągłym w dwóch wariantach:

- jednostopniowym, gdzie produktami są biogaz i końcowy poferment;
- dwustopniowym, gdzie w pierwszym etapie powstaje gaz bogaty w biowodór, a kwaśny odciek fermentacyjny poddawany jest metanizacji i produkuje się biogaz oraz końcowy poferment.

Wykazano, że w optymalnych warunkach układ dwustopniowy charakteryzuje się wyższą stabilnością w czasie, a dobowy uzysk biopaliw gazowych jest o 30-50% wyższy w porównaniu do układu jednostopniowego.

Ad 2. Analiza pierwiastkowa (C, N /amonowy, azotowy, organiczny/, P, S, K, Ca, Mg, Fe) wykazała podobny skład pofermentów z jedno- i dwustopniowego beztlenowego rozkładu melasy. Nie wykryto metali ciężkich. W eksperymentach szklarniowych obserwowano korzystny wpływ pofermentów, porównywalny do nawozów sztucznych, na wybrane parametry wzrostu pszenicy we wczesnej fazie wegetacji (długość źdźbła, sucha masa części nadziemnych, sucha masa korzeni) w porównaniu do nienawożonych roślin. Efekt był silniejszy dla pofermentu z dwustopniowego rozkładu melasy, co wymaga dalszych badań. Prace realizowane we współpracy z SGGW, projekt NCN Sonata UMO-2022/47/D/NZ9/01729.

Ad 3. Wykonano analizy metagenomiczne i metatranskryptomiczne na podstawie danych z zakończonego projektu NCN Opus UMO-2015/17/B/NZ9/01718, dotyczących szlaków metabolicznych metanizacji produktów fermentacji kwaśnej (propionowej, masłowej, mlekowej i octowej). Rozkład maślanu i mleczanu prowadzony był głównie przez układy syntroficzne Syntrophomonadaceae i Mesotoga z metanogenami hydrogenotroficznymi; octanu przez konkurujące Smithellaceae sp. i *Methanothrix soehngenii*; propionianu przez Syntrophomonadaceae i Smithellaceae. Wykazano, że *M. soehngenii* posiada zdolność do utleniania mleczanu. Manuskrypt został wysłany do ISME Journal.

Ad 4. Badania były uzupełnieniem prac wykonanych w ramach grantu wewnętrznego MG-2/21-18. Wykonano analizę metagenomiczną prób kału z hodowli *in vitro* od 5 wybranych pacjentów z chorobą Leśniowskiego-Crohna oraz 5 wybranych zdrowych ochotników. Znalezione korelacje pomiędzy stanem zdrowia, wyselekcjonowanym konsorcjum bakterii na różnych źródłach węgla, ich aktywnością metaboliczną i potencjałem metabolicznym. Manuskrypt do czasopisma Microbiome w przygotowaniu.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Efekty nawożenia pszenicy pofermentem po beztlenowym rozkładzie melasy buraczanej jest zbliżony do efektów nawożenia sztucznego.

Analizy aktywności metabolicznej mikrobioty kałowej w warunkach laboratoryjnych różnicują pacjentów z chorobą Leśniowskiego-Crohna od zdrowych ochotników, co w przyszłości może znaleźć zastosowanie w diagnostyce tej choroby.

Integracja danych metaomicznych z modelowaniem metabolicznym na poziomie genomu umożliwia dokładną rekonstrukcję dynamiki w beztlenowych ekosystemach bioreaktorów produkujących biogaz.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

1. Materiał do nowych manuskryptów oraz dwóch manuskryptów będących w trakcie recenzji.
2. Prezentacje na konferencjach naukowych w 2023 r.
3. Badania wstępne do nowych projektów z zakresu badań podstawowych i B+R.
4. Badania wstępne do złożonego wniosku grantowego NCN Opus 26 (oceniany).

Publikacje:

6531, 5082/A, 5105/A, 5207/A, 1136/N, 1137/N

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, mgr Konrad Jurczewski, mgr Justyna Piotrowska

Cel badań:

Poznanie molekularnych podstaw zmian metabolizmu roślin w odpowiedzi na stresy środowiskowe, 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:

Badania prowadzone w pracowni należą do trzech grup tematycznych. (1) Rola białek z rodziny LSU w asymilacji siarczanu oraz homeostazie siarki w roślinach. Genom *Arabidopsis thaliana* koduje 4 białka LSU, LSU1-4. Przygotowano manuskrypt (w trakcie recenzji) opisujący sposób uzyskania oraz wstępną analizę pojedynczych oraz wielokrotnych mutantów delecyjnych *lsu-KO A. thaliana*. Analiza mutantów wykazała, że białka LSU nie są niezbędne dla wzrostu i rozwoju roślin, ponieważ wszystkie mutanty *lsu-KO* wykazywały normalny wzrost oraz produkowały nasiona zdolne do kiełkowania. Analiza fenotypowa wykazała nieznaczne różnice w długości korzeni siewek mutantów wielokrotnych, szczególnie mutantu poczwórnego (*q-lsu-KO*), względem siewek roślin macierzystych (*Col-0*), w warunkach deficytu siarki. Szczegółowe porównanie linii *q-lsu-KO* z *Col-0* wykazało istotne różnice w ich transkryptomach oraz metabolomach, w tym odmienne poziomy metabolitów szlaku asymilacji siarczanu w warunkach optymalnych oraz deficytu siarki. Pokazaliśmy, że wszystkie białka LSU są zdolne do oddziaływania z enzymami szlaku asymilacji siarczanu i wpływają pozytywnie na aktywność przynajmniej jednego z nich, reduktazy siarczynowej. Wyniki są podstawą przygotowywanego manuskryptu. (2) Znaczenie LSU i NBR1 w selektywnej degradacji wybranych białek. Białko NBR1 zaliczane jest do grupy selektywnych receptorów autofagii i jest degradowane na drodze autofagii. Oddziaływanie LSU1 z NBR1 sugerowało, że LSU1 jest degradowane w sposób zależny od NBR1. Nieoczekiwanie, stwierdzono brak wpływu NBR1 na tempo degradacji LSU1, natomiast zaobserwowano stabilizację NBR1 przez LSU1. Mechanizm zaobserwowanego zjawiska jest badany. Kolejny cykl doświadczeń obejmował badanie wpływu LSU1 i NBR1 na stabilność katalaz CAT2 i CAT3. Stwierdzono, że oba białka zmieniają wewnątrzkomórkową lokalizację obu katalaz, powodując tworzenie większych kondensatów zlokalizowanych w cytosolu. Ponadto, kontynuowane są doświadczenia wyjaśniające znaczenie NBR1 w degradacji czynników transkrypcyjnych odpowiedzialnych za utrzymanie równowagi hormonów roślinnych w warunkach stresu oraz warunkach

optymalnych. Te wyniki zostały opisane w manuskrypcie, który zostanie niebawem zgłoszony do recenzji (3) Uzyskanie aktywnego rekombinowanego enzymu GULO (L-Gulonolactone oxidase). GULO katalizuje końcowy etap syntezy kwasu askorbinowego (witaminy C) u ssaków. Ludzie nie mają funkcjonalnego GULO. Celem projektu było uzyskanie aktywnego enzymatycznie rekombinowanego białka GULO pochodzącego ze szczura, co umożliwiłoby w przyszłości jego biotechnologiczne zastosowanie. W komórkach *Escherichia coli* uzyskano dwa warianty enzymu, pełnej długości oraz C-końcowy fragment GULO. Rekombinowane białka częściowo oczyszczono a następnie wykazano, że oba warianty mają oczekiwaną aktywność enzymatyczną.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Uzyskano oraz scharakteryzowano serię linii *A. thaliana* z pojedynczymi oraz wielokrotnymi delecjami *lsu*. Stwierdzono, że białka z rodziny LSU nie są krytyczne do wzrostu i rozwoju roślin, ale wspomagają dostosowanie metabolizmu roślin do warunków środowiska np. deficytu siarki.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Przygotowano manuskrypt wysłany do druku, kolejne manuskrypty są przygotowywane.

Publikacje:

6612, 5166/A

PN-26 - Pracownia Mechanizmów Stabilności Genetycznej

Kierownik: dr hab. Adrianna Skoneczna, prof. instytutu

Zespół:

mgr Tuguldur Enkhbaator, Julia Rokicka, mgr Anna Długajczyk (do września)

Cel badań:

Celem badań jest poznanie mechanizmów determinujących skuteczną odpowiedź na stresy, umożliwiającą zachowanie funkcjonalnego genomu; jak również poznanie mechanizmów odpowiedzialnych za starzenie się komórek.

Opis realizowanych prac:

Prowadząc badania nad starzeniem komórek eukariotycznych w warunkach głodzenia (ang. chronological lifespan), jako modelu w tych badaniach użyliśmy diploidalnych drożdży *Saccharomyces cerevisiae*. Umożliwiło to odkrycie, że w toku starzenia redukcji ulega zawartość DNA genomowego. Seria dobrze zaplanowanych doświadczeń, pozwoliła rozwikłać mechanizm tego fenomenu. Wykazaliśmy, mianowicie, że za stopniowe ubywanie DNA genomowego w komórkach starzejących się w warunkach stresu, odpowiedzialne są dwie ścieżki autofagii: nukleofagia oraz PMN (ang. piecemeal microautophagy of nucleus).

Wykazaliśmy również, że mimo, iż starzejące się w warunkach głodzenia komórki mają zawartość DNA typową dla haploidów, powrót do optymalnych warunków wzrostu wystarcza, by komórki te mogły odbudować drugą kopię genomu i rosnąć dalej już jako komórki diploidalne.

Kontynuując badania nad regulacją rekombinacji homologicznej poprzez modyfikacje potranslacyjne białek uczestniczących w tej naprawie, przeprowadziliśmy wstępną analizę częstości powstawania ognisk reperacyjnych rekombinazy Rad51 wyznakowanej znacznikiem fluorescencyjnym, w szczepach nadprodukujących wybrane enzymy modyfikujące białka.

Stwierdziliśmy zależność między liczbą powstających spontanicznie ognisk reperacyjnych YFP-Rad51 a poziomem ekspresji szeregu analizowanych enzymów, przy czym najwyższą częstość ognisk YFP-Rad51 zaobserwowaliśmy podczas nadprodukcji ligazy ubikwitynowej Rad18.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Wykazanie, że starzeniu chronologicznemu towarzyszy stopniowy ubytek DNA genomowego oraz że aby przeżyć, komórki diploidalne (posiadające zwykle przynajmniej dwie kopie DNA genomowego, a dokładniej mówiąc od 2c do 4c) muszą zachować przynajmniej jedną kopię DNA genomowego (1c). Wykazanie, że początkowemu, gwałtownemu spadkowi żywotności komórek w warunkach starzenia chronologicznego towarzyszy aktywacja procesu nukleofagii, podczas gdy PMN jest aktywne niemal cały czas, co prawdopodobnie umożliwia komórkom usuwanie z jądra rekombinogennych fragmentów DNA przyczyniając się do ich przetrwania.

Stwierdzenie zależności między rekrutacją rekombinazy Rad51 do miejsc uszkodzenia w DNA a poziomem ekspresji enzymów modyfikujących to białko potranslacyjnie.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Uzyskane wyniki umożliwiają odkrycie nieznanych dotąd mechanizmów starzenia komórkowego; pomagają w zrozumieniu mechanizmów komórkowych warunkujących stabilność genetyczną komórek eukariotycznych.

Otrzymane wyniki są również podstawą publikacji naukowych, rozpraw doktorskich i prac magisterskich zaangażowanych w ich przeprowadzenie studentów.

Publikacje:

6603, 6602, 6557, 5179/A, 5167/A, 5161/A, 5129/A, 5089/A, 5088/A, 1140/N

PN-27 - Pracownia Biologii RNA

Kierownik: dr hab. Roman Szczęsny

Zespół:

dr hab. Elżbieta Speina, dr Aneta Jurkiewicz, dr Łukasz Borowski, dr Przemysław Surowiecki, doktoranci: mgr Joanna Grochowska, mgr Giulia Santonoceto, magistrantka: Marcelina Kurowska

Cel badań:

Celem prowadzonych 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* oraz roli kompleksu mitochondrialnej RNazy P w utrzymaniu normalnego poziomu mitochondrialnego dsRNA. Badania przeprowadzone we współpracy z prof. Marcinem Nowotnym (MIBMiK w Warszawie) oraz dr. Damianem Graczykiem doprowadziły do opracowania genomowej metody analizy hybryd RNA/DNA. W sprawozdawanim roku prowadzono prace mające na celu złożenie zgłoszenia patentowego (P.445172) oraz wyjaśnienie zagadnień wskazanych przez recenzentów (Jedynak-Slyvka i wsp., w trakcie przygotowania rewizji). Przeprowadzono serię

eksperymentów mających na celu zoptymalizowanie metody analizy syntezy i dystrybucji DNA mitochondrialnego w komórkach ludzkich hodowanych *in vitro* (Borowski i wsp., J Vis Exp. 2023). Przeprowadzono również badania nad nowymi pochodnymi antramycyny jako potencjalnych związków antynowotworowych, których potencjał terapeutyczny jest niezależny od aktywności białka p53.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Zaproponowano, że zaburzenie obróbki pierwotnego policistronowego RNA mitochondrialnego zależnej od kompleksu RNazy P powoduje wzrost poziomu dwuniciowego RNA w mitochondriach poprzez oddziaływania wewnątrzkomórkowe.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Wyniki badań zostały wykorzystane w publikacjach naukowych, zgłoszeniu naukowym oraz dwóch monografiach stanowiących rozprawy doktorskie.

Publikacje:

6498, 6568, 1115/N

Patent - P.445172

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, dr Milena Szafraniec, doktoranci: mgr Martyna Wiśniewska, mgr Shadi Setayeshi, magistranci: Julia Maroszek

Cel badań:

Celem naszych badań jest identyfikacja procesów kontrolujących stabilność genetyczną. W szczególności chcemy poznać jądrowe mechanizmy regulujące działanie polimeraz DNA, oraz czynniki wpływające na stabilność mitochondrialnego DNA.

Opis realizowanych prac:

Nasze wcześniejsze badania pokazały istnienie nieznanego dotychczas mechanizmu kontroli stabilności genetycznej związanego z regulacją komórkowego poziomu replikacyjnej polimerazy DNA (Pol) delta. Regulacja ta, jak stwierdziliśmy, zależy od poziomu białka Mms2, znanego kofaktora enzymu koniugującego ubikwitynę Ubc13. Stwierdziliśmy, że w procesie regulacji Pol delta mamy do czynienia z nową niekanoniczną funkcją Mms2 niezależną od Ubc13. Zwiększony poziom Mms2 prowadzi do obniżenia poziomu Pol delta i podwyższonej częstości mutagenезy spontanicznej zależnej od polimerazy zeta. Nasze ubiegłoroczne badania koncentrowały się na identyfikacji białek zaangażowanych w mutagenезę zależną od nowej funkcji Mms2. Stwierdziliśmy, że proces ten wymaga aktywności ligazy ubikwitynowej typu HECT, Rsp5, ligazy ubikwitynowej typu RING, Not4 oraz enzymu koniugującego ubikwitynę Ubc4. Stwierdziliśmy też, że mutagenезa zależna od Mms2 wymaga obecności w komórce wielofunkcyjnego białka Srs2. Równocześnie nasze wstępne wyniki wskazują na to, że Srs2 nie jest zaangażowane w zależny od Mms2 proces obniżenia poziomu Pol delta, lecz raczej w proces powstawania mutacji z udziałem Pol zeta.

Badania nad regulacją i funkcją ludzkiej polimerazy iota przebiegały w bieżącym roku wielotorowo. Z jednej strony, badając acetylację tego białka wykazaliśmy, że sirtuina SIRT1, obok wcześniej zidentyfikowanej deacetyazy HDAC1, może deacetylować polimerazę iota. Z

drugiej strony, w ramach prac nad rolą acetylotransferazy p300 w regulacji polimerazy iota określiliśmy, że polimeraza iota oddziałuje z domeną katalityczną białka p300. Dodatkowo, wykorzystując specyficzny inhibitor p300- L002, jak również generując mutację punktową w centrum aktywnym acetylotransferazy p300, potwierdziliśmy nasze uprzednie przypuszczenia, iż aktywność acetylotransferazy p300 ma stabilizujący wpływ na komórkowy poziom tego białka, co, jak sądzimy, może przekładać się na ochronę polimerazy iota przed poliubikwitynacją i degradacją.

W ramach badań nad komórkową funkcją polimerazy, wykazaliśmy, że brak tego enzymu przyczynia się do obniżenia poziomu spontanicznej mutagenyzy w komórkach ssaczych, co dostarcza fizjologicznego dowodu na mutagenną aktywność polimerazy iota w czasie normalnej replikacji DNA. Dodatkowo, zapoczątkowaliśmy badania dotyczące regulacji i roli polimerazy iota w warunkach hipoksji. Wyniki naszych badań wskazują, że w warunkach obniżonego tlenu, które są charakterystyczne na przykład dla guzów litych, poziom mutagenyzy istotnie wzrasta i w znacznym stopniu zależy od obecności polimerazy iota. Wynik ten koreluje się ze wskazaniami, iż ekspresja polimerazy iota w komórce jest indukowana w hipoksji.

W badaniach mechanizmów kontroli stabilności mitochondrialnego DNA w komórkach drożdży stwierdziliśmy, że lizyna K164 PCNA (odpowiedzialna za ubikwitynację PCNA i rekrutację polimeraz TLS) i RNazaH1 (wycinająca RNA z hybryd RNA/DNA) funkcjonują w różnych ścieżkach naprawy tych samych uszkodzeń mitochondrialnego DNA indukowanych UV. Nasze wskazują na rolę PCNA w metabolizmie rybonukleotydów w mitochondrialnym DNA.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Brak polimerazy iota w komórce przyczynia się do obniżenia poziomu spontanicznej mutagenyzy, jak również mutagenyzy zaindukowanej w warunkach hipoksji. Wskazuje to, iż mutagenna aktywność polimerazy iota odpowiada za częściej powstające błędy replikacyjne w warunkach obniżonego stężenia tlenu, charakterystycznego m.in. dla guzów litych.

RNAzaH1 jest zaangażowana w ochronę mitochondrialnego DNA przed mutagennym działaniem UV.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

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

Publikacje:

6523, 5106/A, 1149/N

PN-29 - Pracownia Biologii Molekularnej Nasion

Kierownik: dr hab. Szymon Świeżewski, prof. instytutu

Zespół:

dr Lien Brzeźniak, dr Michał Krzysztoń, dr Sebastian Sacharowski, dr Ruslan Yatusevich, mgr Ce Wang, mgr Magdalena Wrona, mgr Veena Halale Manjunath

Cel badań:

Poznanie mechanizmów molekularnej kontroli spoczynku i kiełkowania nasion.

Opis realizowanych prac:

W omawianym okresie kontynuowaliśmy badania nad regulacją genu *DOG1*, kluczowego regulatora spoczynku nasion. Nasze badania pokazały między innymi regulację genu *DOG1* w odpowiedzi na czynniki wywołujące wtórny spoczynek u *Arabidopsis*. Dodatkowo badaliśmy mechanizmy kontroli wczesnych faz kiełkowania nasion badając zmiany w degradacji i produkcji RNA na wczesnych etapach uwodnienia nasion.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Opisanie mechanizmu indukcji ekspresji genu *DOG1* w odpowiedzi na czynniki wywołujące wtórny spoczynek a także powiązanie ścieżki regulowanej przez gen *DOG1* ze ścieżką zależną od ABA.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Uzyskane wyniki posłużyły do napisania aplikacji grantowej.

Publikacje:

6509

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 Spoorthy Gowda, mgr Ismail Tahmaz, mgr Ramin Zadalimomen

Research objective:

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

Description of the works carried out:

1. Characterisation of the role of the co-chaperone prefoldin during protein homeostasis. We revealed a link between prefoldin and mitochondrial biogenesis. We propose a direct or indirect impact of prefoldin in maintenance of mitochondrial precursor proteins prior import into the organelle. Moreover, using proteomics approach we uncovered that loss of prefoldin results in activation of cellular stress responses including decrease in cytosolic translation and increase in folding chaperones. The project was completed.
2. Characterization of changes in the translational output upon cellular stress conditions using RNA sequencing approach. High-quality sequencing data were obtained. Bioinformatics analysis revealed distinct cellular responses that could help to compensate the cellular stress. In addition, a proteomics approach was performed under same experimental conditions to observe whether changes on the transcript levels correlate with protein levels.
3. Identification of changes in the translation apparatus during aging using proteomics approach. We analysed the composition of ribosomes and associated proteins in a time course experiment during organismal aging. The results of the analysis identified candidate ribosome-associated proteins enriched during aging. Their functional relevance during the aging process is a subject of ongoing research. Moreover, we identified ribosomal proteins and ribosome-associated proteins with reversible thiol oxidation, which increases during the aging process. Proteins sensitive to oxidation early during aging are involved in

processes of protein homeostasis. Moreover, the analysis revealed a hierarchy of cellular responses affected by reversible redox changes/

Description of the most important achievements:

1. Identification of prefoldin as an important factor of the protein homeostasis network.
2. Identification of proteins with evolutionary conserved cysteine residues subject to oxidative modification during the aging process.
3. Identification of candidate proteins with altered abundance at ribosomes during aging.

Use of the obtained results:

Obtained results related to point (1) were published as experimental paper in *BMC Biology* and included in the dissertation. Ismail Tahmaz successfully defended the dissertation and the distinction for the thesis was awarded. Results obtained related to point (3) were included in the preprint released on BioRxiv.org and additionally, we build a database that can be accessed through a publically available website <https://oxiage.ibb.waw.pl/>. Moreover, results were presented at international conferences (GRC, EMBO, EMBL) as poster and oral presentations.

Publications:

6594, 5168/A, 5162/A, 5118/A, 5116/A

PN-31 - Pracownia Fizjologii Molekularnej Zwierząt

Kierownik: dr Michał Turek

Zespół:

dr Agata Szczepańska, mgr Justyna Polaczyk, mgr Klaudia Kołodziejska, mgr Ramakrishnan Ponath Sukumaran, mgr Satya Vadlamani

Cel badań:

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

Opis realizowanych prac:

1. Przeprowadzenie mutagenезы nicieni w celu odkrycia genów odpowiedzialnych za indukcję lub inhibicję powstawania egzofer.
W wyniku mutagenезы uzyskano około 20 szczepów nicieni produkujących więcej lub mniej egzofer w porównaniu do nicieni typu dzikiego. Nowopowstałe szczepy zostały zamrożone i w przyszłości posłużą do uzyskania wyników wstępnych dla nowych projektów badawczych.
2. Odkrycie nowego mechanizmu regulacji powstawania mięśniowych egzofer zależnego od odpowiedzi immunologicznej.
Wykazaliśmy, że obecność patogenów powoduje zwiększenie produkcji egzofer u nicieni *C. elegans*. Ponadto uzyskane wyniki pozwoliły na określenie które komórki nerwowe odpowiadają za regulację tego procesu. W ramach tych prac dr Agata Szczepańska oraz mgr Klaudia Kołodziejska odbyły miesięczny staż zagraniczny w grupie badawczej kierowanej przez dr Nathalie Pujol z Centre d'Immunologie Marseille-Luminy we Francji.
3. Przygotowanie próbek do analizy transkryptomicznej nicieni produkujących znaczne ilości egzofer w celu określenia, które mikro RNA wpływają na biogenezę egzofer.
4. Pogłębienie naszej wiedzy na temat tego jak interakcje pomiędzy poszczególnymi osobnikami w populacji wpływają na produkcję egzofer.

Wykazaliśmy które metabolity produkowane przez nicienie wpływają na produkcję egzofer, jak również odkryliśmy receptor wiążący się z jednym z odkrytych metabolitów.

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 immunologicznego i nerwowego. Wykazaliśmy, że produkcja mięśniowych egzofer jest regulowana przez kilka określonych komórek nerwowych których aktywność jest zależna od obecności w środowisku patogenów nicieni.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Niektóre z opisanych powyżej wyników zostały wykorzystane w rewizji manuskryptu, który jest w trakcie procesu *peer review* w czasopiśmie naukowym. Uaktualniona wersja tego manuskryptu została udostępniona jako preprint na portalu bioRxiv (Szczepańska et al. 2023).

Część wyników została zaprezentowana w postaci plakatów na międzynarodowej konferencji naukowej „24th International *C. elegans* Conference” w Glasgow. Pozostałe wyniki są przygotowywane do publikacji.

Publikacje:

6505

PN-33 - Zakład Bioinformatyki

Kierownik: prof. dr hab. Piotr Zielenkiewicz

Zespół:

dr hab. Szymon Kaczanowski, prof. Krzysztof Mucha, dr hab. Piotr Pawłowski, prof. Leszek Pączek, dr Kamil Steczkiewicz, dr n. med. Radosław Zagożdżon, dr Dariusz Ekonomiuk, dr Aizhan Rakhmetullina, dr Kinga Mieczkowska, dr Piotr Włodzimierz, Hubert Slamaga, Susana Poveda Torres. Doktorant: Mehmet Özhelvaci

Cel badań:

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

Opis realizowanych prac:

Przeprowadzono analizę strukturalną interfejsów oddziaływania bakteryjnych kompleksów białkowych HadA-HadB z *Mycobacterium tuberculosis* oraz LytH-ActH z *Staphylococcus aureus*. Na podstawie oceny wkładu energetycznego reszt aminokwasowych do energii oddziaływania wytypowano peptydy które mają szansę skutecznie wiązać się na interfejsie i blokować tworzenie ww. kompleksów. W zaproponowanych peptydach zaprojektowano szereg mutacji, które mogą zwiększać siłę wiązania peptydów do powierzchni białka.

Kinaza GSK-3beta odgrywa kluczową rolę w wielu procesach komórkowych.

Badano zmiany konformacyjne motywu DFG kinazy GSK-3beta przy wykorzystaniu dynamiki molekularnej. Zaproponowano model oddziaływania GSK-3beta z zarejestrowanym lekiem elexacaftor. W drugim obszarze tematycznym związanym z antybiotykoopornością, zaproponowano nowe modyfikacje peptydów anty-drobnoustrojowych.

Zmapowano znane, a także zidentyfikowano nowe rodziny powtórzeń kilkudziesięciu genomów ludzkich. Przeprowadzono analizę porównawczą mającą na celu prześledzenie ewolucji centromerów i ich roli w procesach nowotworzenia. We współpracy z TAIR oraz międzynarodowym konsorcjum Col-CC finalizowano prace nad nową adnotacją genomu

Arabidopsis thaliana. Opisano i przeanalizowano struktury ponad 200 genomów w ramach projektu Darwin Tree of Life.

Badano interakcje genów ludzkich, związanych z ADPKD i miRNA roślinnymi. 178 identyfikatorów nazw genów zostało pomyślnie zmapowanych na 1035 identyfikatorów UniProtKB. Porównano białka o różnym stężeniu w moczu pacjentów z ADPKD oraz białka z transkryptów CD178. Regulację transkrypcji CD178 zbadano za pomocą analizy wzbogacenia czynników transkrypcyjnych przy użyciu metabaz danych ShinyGO i GeneSetDB. Sekwencje nukleotydowe mRNA ludzkich genów pobrano z GenBank (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov>). Sekwencje nukleotydowe roślinnych miRNA pobrano z miRBase v.22 (<http://www.mirbase.org/>). Miejsca wiązania miRNA w mRNA docelowych genów przewidywano za pomocą psRNATarget, PsRobot, RNA22, Guugle, RNAhybrid, miRanda, PITA.

Opracowano model struktury czwartorzędowej fragmentu replisomu faga T4 obejmującego polimerazę oraz prymazę (praca w przygotowaniu). Zbadano różnorodność i ewolucję syntaz dolicholi w *Paramecium tetraurelia*. Zbudowano model oddziaływania białek CPTA i CPTB z białkiem NUS1. Zidentyfikowano białko PTET.51.1.P0200327 jako homologa białka NUS1 niezbędnego do prawidłowej syntezy poliprenoidów w *Paramecium*. Scharakteryzowano dynamikę białek S100A8 i S100A9 w kontekście danych z eksperymentów HDX. Zbadano występowanie dodatkowych domen białkowych w różnych izoformach białek kodowanych w genomie człowieka. Oszacowano przydatność sekwencji ancestralnych rodzin białkowych dla wykrywania podobieństw sekwencyjnych i przewidywania funkcji białek.

W roku sprawozdawczym 2023 kontynuowano badania dotyczące pochodzenia i ewolucyjnej historii programowanej śmierci komórkowej apoptozy oraz wykrywania typu selekcji naturalnej działającej na powierzchnie białek i mutacje typu nonsens. Opublikowane badania sugerują, że apoptoza powstała w wyniku udomowienia mitochondriów i że białka, w których selekcja naturalna działa tylko na powierzchni są obiecującymi szczepionkami przeciwko malarii.

Opracowano fizyko-chemiczną hipotezę abiotycznego organizowania się polimerów RNA/DNA w warunkach wirów pod bąbelkami powietrza, powstającymi w środowisku praocenu.

W oparciu o zawansowane narzędzie AI ze środowiska WEKA (random forest classifier), w wyniku procesu typu uczenia maszynowego opracowano, wytrenowano i zoptymalizowano model do dokładnego przewidywania ekspresji genów *Saccharomyces cerevisiae*.

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. Patent P.436491 „Peptyd do stosowania w leczeniu lub zapobieganiu COVID-19”

Publikacje:

6525, 6556, 6602, 6484, 6599, 6566, 6524, 6481, 6600, 6623, 6517

PN-34 - Pracownia Środowiskowej i Ewolucyjnej Biologii Systemów

Kierownik: dr hab. Urszula Zielenkiewicz

Zespół:

dr Joanna Klim, 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 eksperymentalna

We współpracy z Zakładem Bioinformatyki kontynuowano eksperymentalne testowanie hipotez mechanizmów ewolucyjnych. Zakończono prace związane z hipotezą endosymbiotycznego pochodzenia apoptozy wykazując komplementację genów maszynarii apoptotycznej drożdży przez ortologi z filogenetycznie odległych organizmów. W odniesieniu do mechanizmów ewolucyjnych adaptacji organizmów do nowych nisz ekologicznych przeprowadzone zostały testy tzw. hipotezy „mniej-to-więcej”, według której utrata genów może być ważnym mechanizmem zmian ewolucyjnych. Wykorzystując analizy statystyczne mutacji pojawiających się w eksperymentalnej ewolucji drożdży w hodowli ciągłej, wskazano 5 genów, których brak mógłby być korzystny w zmienionych warunkach. Skonstruowano szczepy mutantów delecyjnych tych genów, a następnie przeprowadzono testy kompetycji (szczepy mutantów vs szczep typu dzikiego) w różnych warunkach wzrostu. Wykazano, że mutacje powodujące inaktywację genu pełnią rolę w szybkiej adaptacji drożdży do nowych warunków.

Dormancy heterogeneity among *Arabidopsis thaliana* seeds is linked to individual seed size. Przeprowadzono również pogłębione analizy informatyczne danych sekwencyjnych metagenomów komory beztlenowej oczyszczalni ścieków Cukrowni Dobrzelin przed i po jej modernizacji. Wykazano obecność kompletnych wszystkich czterech znanych szlaków biologicznego wytwarzania metanu przez mikrobiotę oczyszczalni, ze wskazaniem na dominację ścieżki z wykorzystywaniem CO₂, realizowanej przez archeony rodzaju *Methanosarcina*.

2. Kontynuowano badania stabilności roślinnego miRNA172a w tkankach myszy domowych po podaniu dożyłkowym syntetycznego preparatu dupleksu miR172/miR172a. Wykazano, że syntetyczne miR172a jest wykrywane jedynie w jelicie ślepym badanych myszy w pierwszym dniu po podaniu.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Mikrobiom złoża filtrującego osadnika IBB wykazuje bardzo duży potencjał do usuwania metali ze ścieków laboratoryjnych. Jest to prawdopodobnie związane z obecnością licznych genów oporności na metale (MGRs) u mikroorganizmów zasiedlających złoża. Wydajna produkcja metanu w komorze beztlenowej oczyszczalni ścieków Cukrowni Dobrzelin związana jest z obecnością stabilnej strukturalnie mikrobioty zdolnej do przeprowadzania wszystkich czterech znanych szlaków metanogenezy.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Wyniki eksperymentalnego testowania hipotezy endosymbiotycznego pochodzenia apoptozy zostały wykorzystane w dysertacji doktorskiej oraz publikacji w *Genome Biology & Evolution*. Część wyników badań mikrobiomu osadnika IBB zawarta została w pracy magisterskiej. Wyniki testów hipotezy „mniej-to-więcej” zawarto w publikacji wysłanej do

recenzji (Scientific Reports). Rezultaty badań były prezentowane na 3 międzynarodowych konferencjach naukowych. Wyniki pozostałych analiz są podstawą opracowywanych publikacji naukowych.

Publikacje:

6602, 5110/A, 5128/A, 5156/A, 1128/N, 1139/N

PN-35 - Pracownia Genetyki i Biologii Molekularnej Drożdży

Kierownik: prof. dr hab. Teresa Żóładek

Zespół:

dr hab. Joanna Kamińska, dr hab. Marek Skoneczny, mgr Zuzanna Frydzińska (doktorantka do 30.09.2023), mgr Kierutheile Thou (doktorantka od 01.10.2023), Ngwube Stella Ginikachukwu (magistrantka do 18.12.2023), Maciej Andrzejewski (magistrant do 21.12.2023), Kinga Plizga (magistrantka do 11.07.2023)

Cel badań:

1. Modelowanie z użyciem drożdży chorób neurodegeneracyjnych zależnych od genów VPS13 w celu poznania mechanizmów rozwoju tych chorób oraz znalezienia celów terapeutycznych i leków.
2. Scharakteryzowanie wybranych białek zidentyfikowanych w cało-genomowym teście przesiewowym pod kątem ich udziału w niekonwencjonalnej sekrecji.

Opis realizowanych prac:

1. W poprzednich wielkoskalowych badaniach zidentyfikowano białka: Fpr1, oddziałujące z kompleksem kinazy TORC1, oraz ligazę ubikwitynową Rsp5 jako wiążące się z białkiem Vps13 drożdży. W badaniach genetycznych zidentyfikowano mutację *kog1-m* w genie *KOG1*, kodującym podjednostkę kompleksu TORC1, jako mutację supresorową mutacji *vps13-I2749R*. W związku z tymi wynikami monitorowano aktywność kinazy TORC1 w mutantach *vps13* i *kog1-m* badając fosforylację białka Sch9-HA. Stwierdzono, że mutanty *vps13Δ* i *vps13-I2749R* nie mają znacząco zmienionej aktywności TORC1 w stosunku do szczepu typu dzikiego. Natomiast wprowadzenie mutacji *kog1-m* skutkuje obniżeniem całkowitego poziomu Sch9-HA. Oznacza to mniejszy poziom syntezy tego białka lub jego szybszą degradację. Do oznaczenia aktywności TORC1 posłużono się więc testami wzrostowymi wrażliwości na inhibitory TORC1, rapamycynę i kofeinę. Stwierdzono, że mutant *vps13* jest oporny na rapamycynę i wrażliwy na kofeinę, a mutacja supresorowa *kog1-m* nie wpływa na te fenotypy. Doświadczenia te nie dały odpowiedzi na pytanie jak mutacje *vps13* i *kog1-m* wpływają na aktywność kinazy TORC1. Potwierdzono (metodą koimmunoprecypitacji) oddziaływanie białek Fpr1 oraz Rsp5 z Vps13 w komórkach drożdży.

Otrzymano pochodne szczepu typu dzikiego oraz mutantów *vps13* i *vps13 kog1-m* niosące w genomie fuzje: *EDC3-mCitrine*, *PAB1-Venus*, *HSP104-mCherry* i *FPR1-mCherry*, a także szczep typu dzikiego z fuzją *KOG1-mCherry*, które użyto do badań mikroskopowych. Mutacje genu *VPS13* nie zmieniały liczby granul zawierających Edc3-mCitrine oraz Pab1-Venus w komórkach. Wprowadzenie mutacji *kog1-m* do mutantu *vps13-I2749R* skutkowało większą liczbą obu typów granul. Sugeruje to wpływ mutacji *kog1-m* na proces translacji przez akumulację mRNA w różnego typu granulach, co jest zgodne z zaobserwowanym spadkiem poziomu białka Sch9-HA. Badane szczepy różniły się natomiast liczbą struktur punktowych z białkiem opiekuńczym Hsp104-mCherry,

największa akumulacja była obserwowana w szczepach z *kog1-m*. Szczepy te wykazywały też zwiększenie liczby ciałek lipidowych.

Wyciszono gen *VPS13A* w komórkach HeLa. Potwierdzono wpływ wyciszenia na autofagię i poziom kinazy Pak1 oraz stwierdzono wpływ na poziom kinazy dehydrogenazy pirogronianowej. Nie stwierdzono wpływu flawonoidu zidentyfikowanego z użyciem drożdży, luteoliny, na wymienione fenotypy. Tolkapon, zidentyfikowany potencjalny lek, był toksyczny dla komórek HeLa nawet bez wyciszonego *VPS13A*. Stwierdzono, że komórki z wyciszonym *VPS13A* łatwo obumierają i trzeba opracować model wyciszenia czasowego.

2. Kontynuując badania nad niekonwencjonalną sekrecją w drożdżach *S. cerevisiae*, poddaliśmy dalszej analizie 184 geny wyselekcjonowane poprzednio w cało-genomowym teście przesiewowym. Szczepy pozbawione poszczególnych genów przetestowaliśmy pod kątem sekrecji kilku białek markerowych: Hsp31 i Pgk1 wydzielanych na drodze niekonwencjonalnej oraz Gas1 wydzielanego na drodze klasycznej, zależnej od ER i aparatu Golgi'ego. Zidentyfikowaliśmy 7 genów, których brak zaburzał sekrecję Hsp31: *SIP3*, *SSD1*, *EMC2*, *SRP54*, *SKS1*, *SSK2*, *SRO77*. Za szczególnie interesujący uznaliśmy gen *SSD1*, kodujący białko o funkcji represora translacji, które wiąże motyw CNYTCNYT w 5'UTR cząsteczek mRNA kodujących białka ściany komórkowej oraz białka uczestniczące w pączkowaniu i integralności ściany komórkowej. Fosforylacja Ssd1 przez kinazę Cbk1 ma znaczenie w asymetrycznym podziale między komórką macierzystą i potomną specyficznych mRNA i ich translacji. Ponadto Ssd1 oddziałuje ze składnikami szlaku sygnałowego TORC1. Transport białka Ssd1 pomiędzy jądrem a cytoplazmą ma znaczenie dla jego funkcji. Nasze wstępne eksperymenty wykazały, że brak tego białka silnie zaburza sekrecję niekonwencjonalną, ale nie ma wpływu na sekrecję klasyczną. Przytoczone dane literaturowe i nasze wyniki wskazują na kluczową rolę Ssd1p w procesie niekonwencjonalnej sekrecji.

Opis najważniejszych osiągnięć:

1. Potwierdzenie interakcji transportera lipidów Vps13 z izomerazą Fpr1 i ligazą ubikwitynową Rsp5.
2. Cało-genomowy test przesiewowy doprowadził do zidentyfikowania białka Ssd1p o prawdopodobnie kluczowej roli w procesie niekonwencjonalnej sekrecji.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Przygotowano 4 publikacje, wyniki badań były prezentowane ustnie na międzynarodowych konferencjach i były podstawą dwóch obronionych prac magisterskich.

Publikacje:

6490, 6557, 6558, 6603, 5061/A, 5088/A, 5089/A, 5133/A, 5140/A, 5141/A, 5142/A, 5161/A, 5167/A, 5179/A, 5181/A, 1141/N, 1147/N

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. Translatom 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 szczególności interesuje nas lokalizacja translacji i rybosomów. 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 i mikroskopią wysoko-rozdzielczą SIM.
2. 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 dotyczą regulacji ekspresji genów podczas biosyntezy antybiotyku, a w szczególności roli paralogów czynników

elongacyjnych EF-G w regulacji biosyntezy antybiotyków z grupy tiopeptydów. Zostały zebrane dane dotyczące transkryptomów bakterii hodowanej na trzech różnych podłożach w czasie. Obecnie trwają analizy danych.

Opis najważniejszych osiągnięć:

1. Ukończenie analiz translatomu bakterii *B. subtilis* w czasie sporulacji.
2. Analiza lokalizacji rybosomów oraz aktywnej translacji w czasie sporulacji u bakterii *B. subtilis*.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Wyniki są wykorzystywane do przygotowania publikacji, wniosków grantowych i prac doktorskich.

Publikacje:

6479

PN-37 - Pracownia Mechanizmów Transkrypcji

Kierownik: dr Tomasz Turowski

Zespół:

mgr Katarzyna Grelewska-Nowotko, mgr Jan Mikołajczyk, dr Ahmed Eisa Elhag

Cel badań:

1. Identyfikacji kluczowych procesów i nowych ścieżek regulacyjnych we wczesnych etapach replikacji koronawirusów.
2. Identyfikacja mechanizmów molekularnych mutacji polimerazy III RNA, które prowadzą do leukodystrofii.

Opis realizowanych prac:

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

1. Transkrypcja koronawirusów. Rozpoczęto hodowlę mysiego koronawirusa MHV1 w komórkach LR7. W tym celu zaaranżowano przestrzeń i opracowano protokoły w pracowni komórkowej klasy BSL2. Oznaczono miano wirusa i przeprowadzono pilotażowe hodowle zbierając próbki z różnych czasów infekcji w celu opisanie kinetyki transkrypcji i replikacji wirusa MHV1.
2. Mutacje RNAPIII prowadzące do leukodystrofii.
 - a. Wykonano powtórzenia mapowań aktywnej transkrypcyjnie RNAPIII w komórkach ludzkich oraz przeprowadzone szereg analiz obliczeniowych. Pozwoliło to określić relatywną prędkość RNAPIII w czasie transkrypcji genów tRNA oraz zasocjować terminację ze spowolnieniem polimerazy. Co ciekawe, w genach tRNA zawierających introny, obserwowano przyspieszenie transkrypcji w czasie transkrypcji intronu. Dodatkowo podjęto próby określenia czynników które determinują aktywność transkrypcyjną genów tRNA – prace te są w trakcie realizacji.
 - b. W komórkach z wprowadzonymi mutacjami RNAPIII które prowadzą do leukodystrofii zbadano poziomy dojrzałych transkryptów tRNA i oszacowano spadek całkowitego poziomu tRNA oraz zmiany w poziomach poszczególnych tRNA. Dane te posłużą do analizy kodonów w mRNA, które mogą być szczególnie narażone na mutacje powodujące leukodystrofię.

- c. Ponadto w komórkach z wprowadzonymi mutacjami RNAPIII, zmapowano aktywność RNAPII. Prace te ujawniły, że osłabiona aktywność transkrypcyjna RNAPIII prowadzi do zmian w transkrypcji mRNA poprzez zmiany poziomów transkrypcji, zmiany miejsc inicjacji i terminacji transkrypcji. Mechanizm w jaki RNAPIII wpływa na RNAPII pozostaje nieznany.

Opis najważniejszych osiągnięć:

1. Opracowanie protokołu hodowli wirusa MHV1 w Pracowni.
2. Scharakteryzowanie kinetyki transkrypcji polimerazy III RNA w komórkach ludzkich.
3. Pomiar poziomów tRNA w mutantach polimerazy III RNA powodujących leukodystrofię.
4. Zmapowanie aktywnej transkrypcyjnie polimerazy II RNA w komórkach z mutacjami polimerazy III RNA.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

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

Publikacje:

6615, 6550

PN-38 - Laboratory of Intracellular Immunity

Head of laboratory: dr Michał Wandel

Team:

dr Ammarah Shabbir, doktorantki: mgr Aleksandra Bajger, mgr Vartika Gurdaswani Khubchandani

Research objective:

At the Laboratory of Intracellular Immunity at the IBB PAS we endeavour to study the interactions of pathogenic microorganisms with their human host, by combination of cell and molecular biology methods and advanced biochemical assays. We aim to explore the molecular details of how cell-intrinsic and cytokine-enhanced immunity protects the interior of the host cell against microbial invasion, and also how pathogens evade the intracellular immune system. We plan to identify novel key factors of cytosolic, anti-bacterial and anti-fungal defence mechanisms of the innate immunity and determine the specific mechanism of action of newly identified immunity factors.

Description of the works carried out:

During the reporting period we continued two research projects initiated in previous years (Ammarah and Aleksandra) and started one new project (Vartika).

Aleksandra's PhD project concerns identification of novel human interferon (IFN) inducible genes involved in induction and execution of pyroptotic cell death in response to bacterial infection using microscopy-based siRNA screening. Aleksandra successfully performed two screens and identified several human protein candidates potentially involved in cell death in response to bacterial infection. In order to validate the significance of identified hits, she started constructing knock-out cell lines of identified genes through CRISPR/Cas9 technology.

Ammarah aims to provide molecular analysis of an IFN-induced enzyme, which we found to be recruited to the intracellular bacteria in a candidate-based approach amongst selected IFN-induced proteins. Moreover, she observed recruitment of the analyzed protein to

sterically damaged endosomes and lysosomes. Hence, Ammarah gained evidence that the studied factor likely acts as a danger receptor alerting the cell of loss of endomembranes integrity.

The last project is led by new PhD student, Vartika, and aims to investigate the role of the host protein serving as a multifunctional signaling hub in interferon-enhanced immunity.

Description of the most important achievements:

1. Identification of several putative human IFN-inducible factors involved in induction and execution of pyroptotic cell death in response to bacterial infection (Aleksandra).
2. Discovery of a putative IFN-inducible danger receptor responding to the bacterial invasion into the host cell cytosol (Ammarah).

Use of the obtained results:

Our research program aims to understand the molecular mechanisms of IFN-inducible anti-microbial defense pathways of the host cell cytosol. In principle, the knowledge of host immunity mechanisms can be used in the future to generate therapeutics antagonizing bacterial pathogens, either during natural infection or vaccination. The research results will be used in scientific publications and to prepare doctoral theses.

Publications:

In progres.

PN-39 – Pracownia Mikrobiologii Stosowanej

Kierownik: dr hab. Tamara Aleksandrak-Piekarczyk

Zespół:

dr hab. Agnieszka Szczepankowska, doktoranci: mgr Anna Santo, mgr Anastasiya Vasileuskaya

Cel badań:

1. Analiza funkcjonalna białek i charakterystyka niekodujących determinantów zaangażowanych w replikację litycznych fagów infekujących bakterie *Lactococcus lactis*.
2. Identyfikacja szczepów bakterii *L. lactis* i ich metabolitów zewnątrzkomórkowych, wykazujących cytotoksyczny wpływ na ludzkie komórki gruczołakoraka jelita grubego.
3. Analiza genomowa oraz badania fizjologiczne szczepów mających cytotoksyczny wpływ na łuszczykowe komórki skóry.
4. Poszukiwanie nowych szczepów o właściwościach antybakteryjnych i probiotycznych.
5. Charakterystyka modeli działania oraz mechanizmów oporności na przeciwdrobnoustrojowe peptydy.
6. Badania porównawcze genomów oraz funkcjonalności bakterii kwasu mlekowego pochodzących z różnych środowisk.
7. Badania mechanizmów działania i oporności niemodyfikowanych potranslacyjnie bakteriocyn z grupy wiążącej receptor Man-PTS.

Opis realizowanych prac:

1. Analiza funkcjonalna białka helikazy DNA litycznego faga *L. lactis*, w tym badanie wpływu podmienionych aminokwasów w sekwencji białka helikazy fagowej na jego aktywność rozplatania DNA oraz zdolność do multimeryzacji, badanie wpływu fagowej helikazy DNA na inicjację replikacji *in trans*.

2. Badanie przesiewowe wpływu pochodowlanych supernatantów szczepów *L. lactis* na proliferację i żywotność ludzkich komórek gruczolakoraka jelita grubego (CRC), badanie szczepu *L. lactis* o najsilniejszym efekcie cytotoksycznym pod kątem: oceny poziomu apoptozy komórek Caco-2 po inkubacji z supernatantem, cytotoksyczności poszczególnych frakcji molekularnych na linię komórek CRC, analizy produkcji zewnątrzkomórkowych bakteriocyn oraz sekwencjonowanie i analiza genomowa szczepu, w celu wytypowania potencjalnych czynników odpowiedzialnych za obserwowany efekt.
3. Opracowanie i optymalizacja techniki przygotowania szczepów oraz ich pochodowlanych supernatantów szczepów *L. lactis* do badań na keranocytach i komórkach pierwotnych wyprowadzonych z biopsji skóry pacjentów z łuszczycą, sekwencjonowanie i analiza genomowa szczepów, wykazujących najsilniejszy efekt hamujący łuszczycowe komórki skóry i badanie ich aktywności probiotycznej.
4. Wyizolowano szereg bakterii kwasu mlekowego z różnorodnych środowisk i oceniono ich właściwości przeciwbakteryjne skierowane przeciwko patogenom oraz drobnoustrojom powodującym psucie się żywności. Oceniono ich właściwości probiotyczne w podejściach *in vitro* oraz na modelach linii komórkowych jak i nicieniach.
5. Badanie spektrum aktywności antymikrobiologicznej szczepu *L. lactis* i produkowanych przez niego syntetyzowanych rybosomalnie peptydów (bakteriocyn), w tym poszukiwania receptorów i mechanizmów prowadzących do oporności wśród bakterii.
6. Przeprowadzono sekwencjonowania genomów oraz identyfikację nowych genów o znaczeniu biotechnologicznym lub medycznym oraz oceniono ich wpływ na aktywność genów chromosomalnych szczepów *Carnobacterium* spp. Izolowanych ze środowisk regionów polarnych.
7. Przeprowadzono badania porównawcze pomiędzy bakteriocynami klasy IId, otrzymano mutanty odporne w szczepach *L. lactis*, przeprowadzono badania poziomów oporności w uzyskanych mutantach.

Opis najważniejszych osiągnięć:

1. Wykazanie w sekwencji fagowej helikazy aminokwasów o kluczowej roli w aktywności rozplatającej białka oraz zdolności tworzenia heksamerów w roztworze.
2. Wyselekcjonowanie szczepu *L. lactis* i frakcji molekularnej supernatantu pochodowlanego, która wykazuje najsilniejszy, istotnie statystyczny efekt hamujący proliferację i żywotność komórek Caco-2, a także indukuje w nich apoptozę.
3. Wykrycie trzech szczepów *L. lactis* o wysokim potencjale hamowania proliferacji łuszczycowych komórek skóry.
4. Wykazanie działania przeciwdrobnoustrojowego nowej bakteriocyny *L. lactis* na szczepy z gatunku *L. lactis* oraz bakterie patogenne i wstępne określenie mechanizmu działania jako Man-PTS niezależne.
5. Wykazanie szeregu cech biotechnologicznie użytecznych w psychrofilnych szczepach *Carnobacterium* spp. i identyfikacja ich determinantów na poziomie genomowym
6. Wyodrębnienie podgrup bakteriocyn wiążących Man-PTS na podstawie ich spektrum działania przeciwbakteryjnego oraz sekwencji aminokwasowej i struktur 2- i 3-rzędowych. Zaproponowanie mechanizmu działania odrębnego dla każdej z wytypowanych grup bakteriocyn.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Część uzyskanych wyników stanowią podstawę do przygotowania rozpraw doktorskich członków Pracowni jak i publikacji naukowych.

Publikacje:

6621, 6558, 6554, 6490, 5138/A, 5117/A, 5114/A, 5078/A, 5189/A, 5158/A, 5105/A, 1104/N, 1130/N, 1135/N

PN-40 – Pracownia Bioinformatyki Grzybów

Kierownik: dr hab. Anna Muszewska

Zespół:

dr Magdalena Płecha, mgr Drishtee Barua, mgr Aleksander Kossakowski, studenci: mgr Marianna Krysińska

Cel badań:

Osiągnięto większość celów planowane na bieżący rok, część planów została przesunięta na rok 2024. Uzyskano wyniki wstępne dla kolejnych cech o nieoczekiwanej dystrybucji taksonomicznej (m.in. ścieżka TOR, kompleks GINS).

Opis realizowanych prac:

1. W roku 2023 zakończona została analiza ewolucji kompleksów Fanconi Anemia u grzybów, zaproponowany został model działania tej ścieżki naprawy DNA dla Mucoromycota. U tej gromady zaobserwowano zachowanie największej liczby białek wchodzących w skład 6 kompleksów Fanconi Anemia, co najbardziej je zbliża do modelu działania Fanconi Anemia u ssaków i Dictyostellium.
2. Przegląd domen białkowych wspólnych dla bakterii i non-Dikarya wskazuje na to, że HGT z bakterii zwykle obejmuje również Dikarya.
3. Przeprowadzono analizy filogenetyczne, oraz ponowne klastrowanie wybranych 22 rodzin białek związanych z metabolizmem ceramidów. Zaobserwowano obecność licznych paralogów o potencjalnie różnych preferencjach substratowych w obrębie poszczególnych rodzin białkowych, co przełożyło się na konieczność dopracowywania zbioru danych. Prace nad tym projektem będą kontynuowane.
4. Analiza białek związanych z lizosomem zwierzęcym została tymczasowo zawieszona. Wiele analizowanych białek należy do bardzo dużych rodzin białkowych z niejasnymi rolami w komórce, co utrudnia wyróżnienie tych najważniejszych dla funkcjonowania organellum.
5. Przewidywania funkcji domen o nieznanej funkcji (DUF) charakterystycznych dla starych ewolucyjnie grzybów pozwoliły na ustalenie potencjalnej funkcji dla około 1/3 analizowanych domen. Wyróżnia się pulę DUF, dla których trudno będzie zaproponować konkretną rolę, ponieważ ich budowa jest bardzo prosta (1-2 helisy) i/lub są bardzo krótkimi sekwencjami. Problem ten jest opisany w literaturze. Jednocześnie udało się wyróżnić grupę DUF potencjalnie związanych z wicią u grzybów posiadających wić.
6. Przeprowadziliśmy analizę obszarów o niskiej złożoności w białkach grzybów, przyjmując nowe parametry przy ich identyfikacji, dodaliśmy położenie względem domen PFAM. Zbadaliśmy położenie LCRów w białku, rozkład ich długości liczonej w aminokwasach, liczość w proteomie, skład aminokwasowy, podział na homopolimery i złożone LCry. Zbadaliśmy różnice pomiędzy gromadami grzybów.
7. Opracowanie charakterystyki sekwencyjnej nowego typu transpozonów odkrytych przez nas w 2022 roku w genomach Glomeromycotina okazało się bardzo trudne. Integraza potencjalnie odpowiedzialna za insercje tego transpozonu kodowana jest w klastrach powtórzonych sekwencji oraz innych transpozonów tworzących mozaikę powtórzeń na poziomie sekwencji nukleotydowej i aminokwasowej. Przeprowadziliśmy adnotację

obszaru upstream i downstream od genu kodującego integrasę translując sekwencję w 6 ramach odczytu. Uzyskane wyniki zostały przedstawione graficznie, pozwalając na sprawne porównanie potencjalnego cargo lub otoczenia transpozonu.

8. Przeprowadzono wstępną analizę białek istotnych dla nowego organellum PXo body opisanego w tym roku dla zwierząt. Uzyskane obserwacje wskazują na to, że większość białek PXo ma homologii w grzybach. Pozostaje zatem otwarte pytanie, czy takie organellum istnieje również u grzybów.
9. Rozpoczęto budowanie zbioru cech unikalnych dla Mortierellomycotina. Obecnie dostępnych jest wiele genomów tych grzybów, mają istotny potencjał biotechnologiczny, jednocześnie bardzo niewiele wiadomo o ich biologii.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Zaobserwowanie szeregu nowych cech ancestralnych np. zachowanie mechanizmów represji TOR nieobecnych u drożdży.

Wykazanie, że skład aminokwasowy obszarów o niskiej złożoności może być swoisty dla grup ewolucyjnych, szczególnie wyróżniający się zaobserwowano u *Neocallimastigomycota*.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

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

Publikacje:

6581, 6591, 6609, 6622, 6610, 6589, 6605, 6538

PN-41 – Pracownia Dojrzewania i Degradacji RNA

Kierownik: dr Agnieszka Tudek

Zespół:

dr hab. Rafał Tomecki, mgr Małgorzata Drabko, Miłosz Ludwinek

Cel badań:

W pracowni realizowane są trzy główne cele badawcze:

1. Rola i mechanizm deadenylacji końców 3' ogonów pA mRNA drożdżowych. Biochemiczna i funkcjonalna charakterystyka nowego kompleksu TANC (ang. TTC33-associated complex core) oraz jego interaktorów.
2. Charakterystyka potencjału chorobotwórczego pojedynczych polimorfizmów nukleotydu u pacjentów cierpiących na rzadkie choroby genetyczne.
3. Prace podsumowujące działalność badawczą w obszarze działania kompleksu SKI.

Opis realizowanych prac:

1. W celu pogłębionej analizy mechanizmu deadenylacji mRNA u drożdży *Saccharomyces cerevisiae* podjęto współpracę z prof. J. Poznańskim, który opracował numeryczny model oparty o zmodyfikowaną dystrybucję gamma. Działania te umożliwiły obliczenie w skali transkryptomu rzeczywistej enzymatycznej prędkości deadenylacji wynoszącej 10 adenozyń na minutę. W ramach popularyzacji metod analizy danych z sekwencjonowania nanopore (ONT) opracowano protokół stanowiący rozdział w książce *Methods in Molecular Biology: Deadenylation*.
2. W pracowni zidentyfikowano nowy kompleks TANC składający się z trimery TNC33:WDR61:PHF5A. Kompleks TANC stabilnie oddziałuje z CCDC97 i UNG, dlatego

przypuszczano, że białka te mogą być stałą częścią kompleksu. Podjęto próbę oczyszczania tetrameru TAN:CCDC97 lub TAN:UNG, jednak za każdym razem uzyskano jedynie trimer TAN w stosunku stechiometrycznym oraz śladowe ilości UNG lub CCDC97 związane z TAN. Wszystkie białka współmigrowały podczas analizy za pomocą chromatografii mas. Dlatego wnioskowano, że TANC tworzy izoformy związane z CCDC97 lub UNG. Wykonano ponadto pogłębioną analizę oddziaływania fragmentów TTC33 z podjednostkami TANC oraz CCDC97, która pokazała, że WDR61 i PHF5A wiążą się niezależnie do regionu TPR4 TTC33, zaś region TPR1-3 jest odpowiedzialny za oddziaływanie z CCDC97. Koniec 3' TTC33 potencjalnie pozwala na multimeryzację białka. W tym roku wykonano pogłębioną analizę spektrometrii mas TTC33 oraz CCDC97, która zidentyfikowała dodatkowe interakторы. W celu pogłębienia analizy funkcjonalnej TTC33 i CCDC97 wykonano wyciszoną ekspresję tych białek za pomocą siRNA w liniach komórkowych HeLa, HEK293, HCT116 oraz A549. TTC33 okazał się niezbędny dla wzrostu trzech linii, zaś powodował jedynie nieznaczny spadek tempa proliferacji HEK293.

3. W pracowni kontynuowano charakterystykę, mutacji Arg170Ile białka CSTF3 (CstF77). Mutacja zidentyfikowana została w WUM w laboratorium prof. Płoskiego za pomocą porównania frekwencji mutacji w danym locus w populacji zdrowej. Mutacja powstała w pacjencie *de novo*, w układzie heterozygotycznym o wysokim prawdopodobieństwie chorobotwórczym. W roku 2023 podjęto próbę przygotowania modelu komórkowego w liniach HEK293-FlipInTex. W tym celu przetestowano, bez powodzenia, kilka microRNA nakierowanych na endogenne CSTF3. W celu nadekspresji białka przygotowano także stabilne linie ze zintegrowanymi do genomu konstruktami kodującymi CSTF3 dziki lub zmutowany w fuzji z tagiem EGFP lub MBP pod promotorem zależnym od tetracykliny. Wykorzystując te linie wykonano testy wzrostowe, które wykazały, że ekspresja zatagowanego zmutowanego CSTF3 powoduje obniżenie tempa proliferacji komórek, mimo obecności endogennej prawidłowej kopii białka. To potwierdza potencjał chorobotwórczy mutacji w układzie heterozygotycznym i otwiera pole do dalszych badań funkcjonalnych.
4. W roku 2023 opracowano obszerną pracę przeglądową dotyczącą struktury kompleksu SKI, mechanizmu jego działania, a także jego roli w komórce oraz patogenezie chorób genetycznych u człowieka.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Publikacja obszernej pracy przeglądowej dotyczącej struktury, roli oraz mechanizmu działania kompleksu SKI.

Identyfikacja linii komórkowych dla których kompleks TAN jest istotny dla wzrostu. Odkrycie to daje nadzieję na możliwość dogłębnej analizy funkcjonalnej kompleksu w najbliższej przyszłości.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Badania podstawowe.

Publikacje:

6612

PN-42 – Pracownia Biotechnologii Bakterii Mlekowych

Kierownik: dr hab. Magdalena Kowalczyk

Zespół:

mgr Julia Kopczyńska, mgr Olha Kostiuhenko, studentka: Kinga Malczewska

Cel badań:

Charakterystyka bakterii mlekowych (LAB) pozyskanych z różnych środowisk pod kątem możliwości ich wykorzystania jako kultury starterowe/szczepy produkcyjne w przemyśle oraz szczepy potencjalnie probiotyczne.

Opis realizowanych prac:

Badania obejmowały:

1. podsumowanie uzyskanych wyników dotyczących sekwencjonowania genomu, analizy probiogenomicznej szczepu *Weissella* o najkorzystniejszych właściwościach potencjalnie probiotycznych oraz dużym potencjale biotechnologicznym;
2. analizę z wykorzystaniem spektrometrii mas bakteryjnych szczepów z rodzaju *Lactococcus* i *Leuconostoc* pod kątem zdolności do produkcji metabolitów takich jak mleczan, kwasy tłuszczowe i witaminy;
3. analizę pod kątem zdolności tych szczepów do degradacji reszt cukrowych mucyn;
4. optymalizację metody golenia (z ang. shaving method) w celu przeprowadzenia analizy proteomicznej białek powierzchniowych;
5. sekwencjonowanie genomów 10 szczepów z rodzaju *Lactococcus* i *Leuconostoc*;
6. analizę probiogenomiczną 2 zsekwencjonowanych szczepów.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Selekcja szczepów LAB o korzystnych cechach probiotycznych (dobra adhezja do mucyn, oporność na niskie pH i sole żółciowe, produkcja witamin, kwasów tłuszczowych i egzopolisacharydów; zdolność do degradacji reszt cukrowych mucyn), które mogą być wykorzystane w opracowywaniu preparatów probiotycznych.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Wyniki badań dotyczące szczepu *Weissella* zostały zgłoszone do ochrony patentowej. Wyniki dotyczące szczepów probiotycznych zostały/zostaną wykorzystane w publikacjach naukowych, doniesieniach konferencyjnych, zgłoszeniach patentowych oraz stanowią podstawę prowadzonych w zespole prac doktorskich i magisterskich. 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:

6548, 319/M, 5135/A, 5136/A, 5175/A, 5178/A, 1142/N, 1143/N

PN-43 – Pracownia Biologii Metalobiałek

Kierownik: dr Kevin Waldron

Team:

dr Rafał Mazgaj, dr Mariam Esmaeeli dr Moghaddam Tabalvandani, PhD student Lorna Nikolić

Research objective:

Structural, functional and evolutionary studies of the Fe/Mn dependent superoxide dismutase family of enzymes.

Description of the works carried out:

Our research aims to study the Fe/Mn dependent superoxide dismutase family of enzymes in unprecedented biochemical and structural detail. In 2023, we have begun optimizing protocols for reliable production of the initial target enzymes from *Staphylococcus aureus* within our bespoke *Escherichia coli* strain. These protocols ensure the required quantity of purified protein, with sufficiently specific metal-loading, for future biochemical and structural analyses. We have initiated hydrogen-deuterium exchange experiments, in collaboration with the mass spectrometry (MS) Lab, from which we have already acquired very interesting data for an initial publication. More HDX-MS experiments are ongoing for further publications. We have also begun preliminary experiments for production of F-Trp-labelled proteins to initiate fluorine nuclear magnetic resonance (NMR) spectroscopy experiments, in collaboration with the Biological NMR lab, to study the internal dynamics of these proteins during redox catalysis.

Main achievements:

During our first year at IBB, our primary achievements lie in establishing the laboratory, purchasing and setting up the requisite equipment, and recruiting the first members of the team. I am satisfied with the group that I am building in IBB, and we are now collecting data for publications from my IBB lab. In addition, I published a high impact paper (Nature Ecology & Evolution) containing data acquired in my previous institution, which has laid the groundwork for the studies we will perform in Warsaw. I have also established a new collaboration with David Lalaouana (Strasbourg, France), who will be a key partner in a forthcoming planned ERC Synergy grant application.

Use of the obtained results:

The data already acquired in 2023, and forthcoming in the early stages of 2024, are already being shaped for a first fully-IBB-based manuscript (First author: Mariam Esmaeeli).

Publications:

6617

PN-44 Pracownia Chemoinformatyki i Modelowania Molekularnego (CHEMM)

Kierownik: dr hab. Paweł Siedlecki

Zespół:

mgr. Jakub Poziemski, mgr. Łukasz Milewski, mgr. Artur Yurkiewicz

Cel badań:

Zastosowanie uczenia maszynowego, głębokiego uczenia i sieci neuronowych do problemów związanych z komputerowym przewidywaniem powinowactwa i właściwości związków drobnocząsteczkowych. Integracja danych chemicznych, strukturalnych i omicznych w celu wypracowania pełniejszego modelu predykcyjnego dla systemów biologicznych.

Opis realizowanych prac:

Główne realizowane prace:

1. Wykorzystanie danych pochodzących z wysokoprzepustowych dynamik molekularnych do przewidywania powinowactwa związków drobnocząsteczkowych oraz oceny skuteczności metod skринingowych.
2. Ocena potencjału synergii związków drobnocząsteczkowych poprzez budowę modeli predykcyjnych wykorzystujących publiczne zestawy danych oraz nowotworowe modele *in vitro*.
3. Budowa specjalistycznych zestawów danych pozwalających na przewidywanie efektów środowiskowych związków drobnocząsteczkowych, w szczególności wybranych organizmów wodnych i błonkoskrzydłych.
4. Prace związane z kampaniami skринingowymi konkretnych celów molekularnych - MAF1 (Turowski Lab) oraz oddziaływania p300- polł (McIntyre Lab).
5. Prace nad obiecującym terapeutycznie szczepem *Lactococcus lactis* spp. *lactis* Lc4, zdolnym do uwalniania cytostatyku - deiminazy argininy (ADI) - do supernatantu po hodowli w warunkach naśladujących środowisko ludzkiego jelita.

Opis najważniejszych osiągnięć:

1. Zakończono prace teoretyczne i praktyczne w doktoracie wdrożeniowym. Napisano pracę doktorską "Efekt cytostatyczny postbiotyku wybranych szczepów bakterii kwasu mlekowego w modelu raka jelita grubego. Mechanizm działania postbiotyku szczepu Lc4 *Lactococcus lactis*". W pracy pokazano, że uwolniona deiminaza argininy była w stanie znacząco zmniejszyć wzrost komórek HT-29 i HCT116 poprzez zatrzymanie cyklu komórkowego. Uwalnianie ADI i właściwości cytostatyczne były zależne od szczepu, co było widoczne w porównaniu z innymi szczepami *L. lactis* spp. *lactis*. Badany szczep może potencjalnie modyfikować postęp choroby i odpowiedź na terapię.
2. Nawiązano współpracę z Wydziałem Informatyki AGH w ramach której rozwijany jest projekt przewidywania efektów środowiskowych związków drobnocząsteczkowych.
3. Uczestnictwo międzynarodowym konsorcjum aplikującym o grant Horyzont Europa "HORIZON-HLTH-2023-TOOL-05-04".
4. Założono pracownię oraz wyremontowano pomieszczenia.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

1. W roku sprawozdawczym przedstawiono wyniki na dwóch konferencjach oraz przygotowano manuskrypty czterech publikacji.
2. Napisano rozdział "Bioinformatyka" oraz "Bazy danych i narzędzia bioinformatyczne", w książce "Genetyka medyczna i molekularna", redakcja naukowa Jerzy Bał, wydawnictwo PWN.

Publikacje:

Brak

FA-01 - Środowiskowa Pracownia Mikroskopii Fluorescencyjnej

Kierownik: 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 samodzielłą pracą użytkowników.

Opis realizowanych prac:

W roku sprawozdawczym w oparciu o infrastrukturę pracowni wykonywane były analizy mikroskopowe żywych i utrwalonych komórek roślinnych, utrwalonych linii komórkowych oraz bakterii, drożdży i pierwotniaków. Zrealizowano wszystkie zgłoszone szkolenia stanowiskowe obsługi mikroskopów dostępnych w pracowni, umożliwiając samodzielność pracy. Dla zainteresowanych stron realizowano zlecenia analiz mikroskopowych. W 2023 roku z infrastruktury Środowiskowej Pracowni Mikroskopii Fluorescencyjnej korzystali pracownicy, doktoranci oraz magistranci IBB PAN z następujących Pracowni: Fosforylacji Białek Roślinnych; Metabolizmu RNA w Procesach Odpowiedzi Immunologicznej; Patogenezy Roślin; Biologii Roślin i Mikroorganizmów; Bioenergetyki i Mechanizmów Chorób Mitochondrialnych, Biologii Bakteriofagów; Niekodujących RNA i Rearanżacji Genomu; Regulacji Ekspresji Genów; Homeostazy Białek Roślinnych; Translatomiki; Mutagenyzy i Tolerancji Uszkodzeń DNA Biochemii Lipidów; Biologii Molekularnej Roślin; Podstaw Molekularnych Starzenia i Odmładzania. Z infrastruktury korzystały również osoby z Zakładu Biologii Systemów i Instytutu Genetyki i Biotechnologii (Uniwersytet Warszawski). Kontynuowano współpracę z zespołami prof. G. Dobrowolskiej, prof. E. Świeżewskiej, prof. J. Henniga. Nawiązano współpracę z prof. I. Gientka (SGGW). Prowadzono nadzór nad stanem technicznym mikroskopów i sprzętu w ŚPMF oraz bieżące konserwacje w celu nieprzerwanej funkcjonalności pracowni. W roku 2023 mikroskop konfokalny Nikon EZ-C1 wykorzystano w wymiarze 1248 godzin, mikroskop fluorescencyjny Nikon E-800 wykorzystano w wymiarze 187 godzin, a Olympus IX70 60 godzin.

Przeprowadzono koordynację półrocznego kursu dla szkoły doktorskiej „Biological Imaging”. W ramach kursu wygłoszono jeden wykład. Pracownia brała udział w promocji Instytutu Biochemii i Biofizyki, w konferencjach i przygotowaniu wniosku aparaturowego.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Określenie lokalizacji i oddziaływań wielu białek z kinazami z grupy SnRK2 w warunkach zasolenia i stresu oksydacyjnego. Kontynuacja współpracy.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

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

Publikacje:

Publikacje (z współautorstwem AAM): 6582, 5107/A, 5125/A, 5124/A, 5143/A, 5144/A, 5157/A, 5183/A

Publikacje (bez współautorstwa AAM, z wykorzystaniem danych otrzymanych w FA-01): 6507, 6570

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 Świderska, mgr Emilia Samborowska, mgr Mariusz Radkiewicz, mgr Michał Kistowski

Cel badań:

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

Opis realizowanych prac:

Pracownia wykonywała analizy zlecone dla grup badawczych i przemysłu. Były to zarówno projekty mieszczące się w zakresie badań podstawowych, jak dotyczące chorób człowieka i parametrów istotnych w przemyśle rybnym, hodowli trzody chlewnej i koni. Łącznie w roku 2023 wykonano prawie 3500 proteomicznych oznaczeń LC-MS. Między innymi, we współpracy z dr Joanną Perłą-Kajan z Uniwersytetu Przyrodniczego w Poznaniu kontynuowano analizy występowania i wzoru homocysteinylacji. Zrealizowano oznaczenia białek uwalnianych przez ziarnistości płytek krwi w ramach wspólnego minigrantu BioS realizowanego z dr Anną Kurpińską z JCET. Wykonano oznaczenia białek i peptydów mleka przenikających barierę jelitową w modelu *in-vitro* (dr Anna Ogródowczyk, Instytut Rozrodu Zwierząt i Badań Żywności PAN w Olsztynie). Wykonano dalsze badania nad układem rozrodczym świń we współpracy z prof. dr hab. Niną Smolińską i prof. dr hab. Tadeuszem Kamińskim z Uniwersytetu Warmińsko-Mazurskiego. Kontynuowano próby ustalenia profilu biomarkerów endometriozy, w ramach których zrealizowano analizę pęcherzyków EVs pochodzących z osocza i płynu otrzewnowego pacjentek (prof. dr hab. Piotr Laudański z Uniwersytetu Kaliskiego i WUM, prof. dr hab. Tadeusz Issat z IMiD, dr Małgorzata Czystowska-Kuźmich z WUM). Ponadto w roku ubiegłym wykonano szereg innych analiz globalnych i oznaczeń interaktomów dla próbek pochodzenia bakteryjnego, roślinnego, zwierzęcego i ludzkiego we współpracy z ośrodkami naukowymi z Polski (m.in. Uniwersytet Gdański, WUM, UW, UWM, UAM, UJ, UMB, SGGW, UW, UMCS, Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin, Instytut Chemii Bioorganicznej PAN, Narodowy Instytut Onkologii, Instytut Rozrodu Zwierząt i Badań Żywności PAN, Instytut Hematologii i Transfuzjologii, Instytut Genetyki Człowieka PAN) i zagranicy (University of North Carolina USA, Ospedale San Raffaele Włochy, Imperial College London GB). W ramach współpracy z przemysłem wykonano analizy dla firm BGW, Acteryon, Aperto, Adamed i ChromoTek.

Część laboratorium zajmująca się analizą substancji niskocząsteczkowych, prowadząca działalność jako medyczne laboratorium diagnostyczne, kontynuowała oznaczanie ewerolimusu we krwi pełnej (Synevo, IPCZD, 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: FiLeClo (stworzenie nowych substancji bakteriobójczych będących pochodnymi salinomycyny), Captor Therapeutics (oznaczanie związków-potencjalnych leków wywołujących celowaną degradację białek). Rozpoczęto współpracę z firmą Agrobiotics w zakresie globalnych analiz metabolicznych. 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), dr Joanny Ostrowskiej (WUM). Przeprowadzono analizę kwasów tłuszczowych średnio i długotańcuchowe w wątrobach myszy z delecją genu *marc2* (dr hab. Michał Mikula, Instytut Onkologii). Rozszerzono panel witamin z grupy B wykonano oznaczenia tych związków w próbkach pożywek bakteryjnych (dr hab. Magdalena Kowalczyk, IBB PAN). Metodę oznaczania witamin z grupy B została również zaaplikowana do oznaczeń w mięsie drobiowym. Dodatkowo opracowano metodę oznaczania cholesterolu w mięsie drobiowym z zastosowaniem techniki GC/MS. Kontynuowano oznaczenia prenoli, dolicholi oraz ich ufosforylowanych pochodnych (prof. Świeżewska, IBB). Wykonywano analizy nukleotydocukrów (Mariusz Olczak, Uniwersytet Wrocławski) S-adenozylometioniny i S-adenozylhomocysteiny (Krzysztof Brzeziński, IBCH PAN). We współpracy z dr hab. Iwona Gregorczyk-Magą (UJ, Kraków) wykonano analizy metabolitów bakterii jelitowych: trimetyloaminy (TMA) i jej tlenku (TMAO) w osoczu oraz krótkotańcuchowych kwasów tłuszczowych (KŁKT) w próbkach płynu z kieszonek zębowych u chorych z cukrzycą typu 1. Opracowano metodę oznaczania markerów narażenia na plastyfikatory (ftalanów) w moczu oraz wykonano oznaczenia tych markerów w moczu pacjentów z kamicą nerkową.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Opublikowano wyniki badań zrealizowanych w latach ubiegłych wykonanych we współpracy z innymi ośrodkami naukowymi (lista poniżej). Ponadto cały czas doskonalono metody przygotowania próbek, analizy LC-MS i analizy statystycznej wyników, tak aby nadążać za zapotrzebowaniem nauki i rozwojem metod proteomicznych i metabolomicznych.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

publikacje, patenty

Publikacje:

6478, 6482, 6487, 6513, 6534, 6536, 6543, 6544, 6555, 6564, 6567, 6571, 6573, 6575, 6577, 6586, 6601, 6604, 6608, 6618

FA-03 - Środowiskowa Pracownia Sekwencjonowania i Syntezy DNA

Kierownik: dr Robert Gromadka

Zespół:

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

Cel badań:

1. Sekwencjonowanie i analiza sekwencji genomów bakterii *Streptococcus pyogenes* należących.
2. 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*”.
8. Sekwencjonowanie oraz charakterystyka sekwencji plazmidów z *Escherichia coli* z kurzych i bydlęcych ferm w ramach współpracy z Wydziałem Biologii UW.
9. Badanie zmian ekspresji genów w odpowiedzi na zmieniające się warunki hodowli w drożdżach *Saccharomyces cerevisiae*.

Opis realizowanych prac:

Kontynuowano prace nad sekwencjonowaniem i analizą genomów bakterii *Streptococcus pyogenes* o serotypach M77 i M28. W ramach prowadzonych prac konstruowano drzewa pokrewieństwa filogenetycznego oparte o analizę SNPs a także identyfikowano i charakteryzowano sekwencje mobilnych elementów genetycznych. Zidentyfikowano oraz scharakteryzowano czynniki wirulencji w badanych izolatach. Dodatkowo ustalono kompletne sekwencje chromosomów dla 8 wybranych izolatów *S. pyogenes* serotypu M77.

Zoptymalizowano procedurę analizy danych sekwencjonowania III generacji dla mitochondrialnego DNA z hodowli komórkowych w ramach współpracy z Instytutem Genetyki i Biotechnologii UW.

Wykonano sekwencjonowanie oraz charakterystykę sekwencji plazmidowych z izolatów *E. coli* pochodzących z kurzych i bydlęcych ferm niosących geny oporności na antybiotyki.

Z wykorzystaniem aparatów MiSeq oraz NextSeq firmy Illumina, wykonano sekwencjonowania: DNA totalnego z 14 szczepów bakterii z rodzaju *Streptococcus pyogenes*; 28 genomów z kolekcji IBB PAN; 70 genomów mitochondrialnych z DNA leukocytów psów, 1 genomu bakteriofaga, 3 próbki środowiskowe pochodzące z regionów polarnych; 11 bibliotek TnSeq uzyskanych w ramach badań nad *Streptococcus anginosus*; 43 próbki amplikonów z próbek środowiskowych; 12 bibliotek RNASeq z *Pseudomonas* oraz 38 bibliotek ChipSeq. 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 75 miliardów par zasad. Pozwoliło to na złożenie pełnych genomów jak również obecnych w komórkach plazmidów.

Podczas badania zmian ekspresji genów w drożdżach *Saccharomyces cerevisiae* wykonano łącznie 1 854 oznaczenia dla 38 genów.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Uzyskano 8 kompletnych sekwencji genomów bakterii *S. pyogenes* serotypu M77 różniących się repertuarem mobilnych elementów genetycznych niosących badane geny oporności na antybiotyki. Zidentyfikowano nowy typ elementu ICE nazwanego ICEsp1109 niosący geny oporności na tetracyklinę oraz erytromycynę, który charakteryzuje się hybrydową strukturą.

Otrzymano wysokiej jakości sekwencje i złożenia genomów plastydowych alg z rodzaju *Prototheca* sp.

Zsekwencjonowano i uzyskano kompletne sekwencje 70 genomów mitochondrialnych z DNA leukocytów psów z wykorzystaniem technologii Illumina.

Zoptymalizowano procedurę analizy danych uzyskanych dzięki technologii Oxford Nanopore w celu identyfikacji wariantów SNP w ludzkich genomach mitochondrialnych.

Kontynuowano optymalizację procedury wielkoskalowego sekwencjonowania oraz analizy danych dla bakteryjnych mutanów transpozonowych (TnSeq) z wykorzystaniem technologii Illumina.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Uzyskanie kompletnej sekwencji chromosomów bakterii *S. pyogenes* pozwoli na dokładniejszą charakterystykę mobilnych elementów genetycznych (ICE oraz złożonych transpozonów) niosących geny oporności na antybiotyki.

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

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

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

Uzyskanie kompletnej sekwencji genomów plastydowych z *Prototheca* sp. pozwoli na zrekonstruowanie filogenezy, która ujawni wzorce ewolucyjne w obrębie rodzaju i wśród pokrewnych gatunków.

Publikacje:

6502, 6508, 6528, 6538, 6574, 6596, 6597, 6621; 5083/A, 5145/A, 5149/A, 5150/A, 5184/A, 5185/A, 5214/A

FA-04 - Środowiskowa Pracownia Hodowli Komórkowych i Produkcji Białek

Kierownik: dr hab. Ewa Szołajska

Zespół:

dr hab. Ewa Szołajska, mgr Małgorzata Podsiadła-Białoskórska. Opiekun cytometru przepływowego dr Michał Dmowski (Pracownia Replikacji DNA i Stabilności Genomu)

Cel działania:

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

Opis realizowanych prac:

W okresie sprawozdawczym udostępniono w Pracowni nowe stanowisko przeznaczone do prowadzenia badań w warunkach hipoksji, wyposażone w inkubator oraz komorę umożliwiającą kontrolowanie stężenia tlenu, dwutlenku węgla oraz temperatury.

Zakup komory został sfinansowany ze środków projektu OPUS NCN, kierowanego przez dr hab. Justynę McIntyre.

Z infrastruktury Środowiskowej Pracowni Hodowli Komórkowych w 2023 roku korzystali pracownicy Instytutu, doktoranci oraz magistranci z następujących Pracowni: Biologii RNA, Chemii Biologicznej Jonów Metali, Mechanizmów Transkrypcji, Mutagenyzy i Tolerancji Uszkodzeń DNA oraz Regulacji Ekspresji Genów. W Pracowni realizowali również badania pracownicy Instytutu Genetyki i Biotechnologii, Wydziału Biologii Uniwersytetu Warszawskiego. Analizy z użyciem cytometru przepływowego wykonywali członkowie Pracowni: Bioenergetyki i Mechanizmów Chorób Mitochondrialnych, Mechanizmów Stabilności Genetycznej, Molekularnych Podstaw Starzenia i Odmładzania, Mutagenyzy i Tolerancji Uszkodzeń DNA, Replikacji DNA i Stabilności Genomu oraz Środowiskowej i Ewolucyjnej Biologii Systemów.

Wzorem ubiegłych lat udostępniano nieodpłatnie badaczom IBB dwa przygotowane w Pracowni odczynniki: złożę z powinowactwem do GFP, do immunoprecypitacji białek fuzyjnych oraz proteazę służącą do usuwania znaczników fuzyjnych z białek rekombinowanych.

Na potrzeby badań prowadzonych w Pracowni Bioenergetyki i Mechanizmów Chorób Mitochondrialnych, otrzymano w komórkach owadzych należące do rodziny hydrolaz drożdżowych białko mitochondrialne Ynl320w. Rekombinowane białko zostało wstępnie oczyszczone z wykorzystaniem chromatografii powinowactwa. Równolegle, w ramach kontynuacji współpracy z Zespołem z Wielkopolskiego Centrum Zaawansowanych Technologii optymalizowano warunki nadprodukcji i oczyszczania białka z rodziny Argonaute.

W okresie sprawozdawczym zaangażowałyśmy się we współpracę z Pracownią Spektrometrii Mas, dotyczącą identyfikacji białek komórki gospodarza oddziałujących z białkiem kapsydu wirusa Zika. Badania prowadzono w modelu ludzkich komórek neuroeprecursorowych.

Kolejna współpraca, z Pracownią Chemii Biologicznej Jonów Metali, dotyczyła opracowania metody wykorzystania spektroskopii elektronowego rezonansu paramagnetycznego (EPR) do detekcji różnych rodzajów rodników melaninowych w modelu zarodków danio pręgowanego (*Danio rerio*) z transplantowanymi komórkami czerniaka.

Wcześniejsze prace naszego zespołu koncentrowały się na badaniu możliwości wykorzystania nanocząstki wirusopodobnej (VLP) – dodekahedronu adenowirusowego, otrzymywanego w systemie bakulowirusa, do celów biomedycznych. Wykazano zdolność VLP do wydajnej indukcji immunologicznej odpowiedzi humoralnej i komórkowej, a użycie cząstki jako platformy dostarczającej antygeny w preparatach szczepionkowych zostało objęte ochroną patentową. W 2023 roku rozpoczęto współpracę z francuską firmą biotechnologiczną Covalab. Dotyczy ona wykorzystania dodekahedronu jako nośnika nieimmunogennych substancji niskocząsteczkowych, w celu otrzymania specyficznych przeciwciał. Przygotowano homogenne preparaty VLP, wykorzystane do przygotowania koniugatów z haptenami, w ilościach wymaganych do immunizacji zwierząt laboratoryjnych.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Otrzymanie wstępnie oczyszczonego rekombinowanego białka mitochondrialnego Ynl320w, do przeprowadzenia testów *in vitro* zmierzających do wyjaśnienia biologicznej funkcji białka.

Opracowanie systemu detekcji rodników melaninowych stanowiącego dogodny model testowania *in vivo* potencjalnych czynników terapeutycznych.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Uzyskane wyniki wejdą w skład publikacji w czasopismach naukowych. Wyniki badań mechanizmu działania szlaku hormonalnego u krewetki, w których uczestniczono w ramach współpracy z grupą prof. Tomasza Sarnowskiego (Pracownia Regulacji Ekspresji Genów) zostały opublikowane w czasopiśmie *Aquaculture*.

Publikacje:

6506

FA-05 - Środowiskowa Pracownia Biologicznego NMR

Kierownik: dr Igor Żukow

Zespół:

prof. dr hab. Andrzej Ejchart, dr Lesia Kolomiets, mgr Thomas Okoth

Cel badań:

Badania strukturalne oraz analiza procesów dynamiki molekularnej w roztworze na podstawie danych otrzymanych za pomocą wielowymiarowej spektroskopii NMR. Prowadzimy badania finansowane między innymi z grantów NCN W ramach grantu G-296 analizujemy wpływ nanocząstek na rozwój chorób neurodegeneratywnych. Grant G-327 jest skierowany na badania mechanizmu blokowania białka transportera związanego z kompleksem procesowania antygenu (Antigen Processing complex (TAP)) przez ludzki wirus Herpes.

Opis realizowanych prac:

Wspólnie z Wydziałem Chemii Uniwersytetu Gdańskiego oraz Instytutem Fizyki PAN przeprowadzimy analizy strukturalne transmembranowego białka UL49.5, kodowanego przez wirus Herpesu, w micelach dodecylphosphocholine (DPC) (6583).

Opis najważniejszych osiągnięć:

1. Badania mechanizmu oddziaływania białka S100B w formie wysyczonej jonami Ca^{2+} z peptydem $\text{A}\beta(1-40)$ za pomocą wielowymiarowej spektroskopii NMR (5220/A).
2. Otrzymanie rekombinowanych białek zawierających fluorowane aminokwasy aromatyczne ^{19}F -Trp, ^{19}F -Phe, oraz ^{19}F -Tyr. Przypisanie sygnałów pochodzących od ^{19}F -Trp na podstawie zamiany Trp na Phe wykonanej za pomocą mutagenyzy (5221/A).
3. Wprowadzenie pomiarów na jądrach ^{19}F – pomiary szybkości relaksacji ^{19}F R1, R2. Wykorzystanie rezonansu ^{19}F dla analizy strukturalnej za pomocą 1D ^{19}F - ^{19}F NOESY. Wstępne wyniki pomiarów dyfuzji translacyjnej metodą PFG NMR na jądrach ^{19}F .

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Jednostka badawczo-usługowa FA-05 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 IBB oraz w ramach zleceń wewnętrznych na zasadach komercyjnych.

Publikacje:

6583, 5220/A, 5221/A

FA-06 - Pracownia Analiz Mikromacierzy

Kierownik: dr hab. Marta Kobłowska

Zespół:

dr hab. Iwanicka-Nowicka Roksana

Cel badań:

Analizy genomiczne i transkryptomiczne.

Opis realizowanych prac:

W roku sprawozdawczym 2023 kontynuując współpracę naukową Środowiskowej Pracowni Analiz Mikroamacierzy wykonano szereg analiz z zastosowaniem zarówno mikromacierzy DNA do analiz ekspresyjnych jak i wzoru metylacji DNA.

Prowadzona współpraca z Centrum Medycznym Kształcenia Podyplomowego (CMKP) dotycząca badań nad jasnokomórkowym rakiem nerki (ang. Clear cell renal cell carcinoma, ccRCC) oparta zarówno o wykonanie mikromacierzy, jak i analizy bioinformatyczne uzyskanych wyników przyniosła dwie bardzo ciekawe publikacje dotyczące biologii ccRCC (6489, 6585).

W ramach tej współpracy został także przygotowany manuskrypt dotyczący roli czynnika splicingowego CWC22 w jasnokomórkowym raku nerki. W 2023 współpraca z CMKP została rozszerzona o badania nad niedoczynnością tarczycy.

Z kolei prowadzona wzorem poprzednich lat współpraca z Zespołami z Wydziału Biologii Uniwersytetu Warszawskiego przyczyniła się do opublikowania wyników związanych z rolą zdefiniowanych cząsteczek miRNA w różnicowaniu komórek miogenicznych i ich udziale w regeneracji mięśni szkieletowych (6584).

Kontynuowano także współpracę z Centrum Onkologii – Instytutu im. Marii Skłodowskiej-Curie związaną z ustaleniem zmian wzoru metylacji DNA w nowotworach jajnika i endometrium.

Nawiązano współpracę z Uniwersytetem Medycznym w Lublinie dotyczącą badań nad ostrymi białaczkami limfoblastycznymi.

W 2023 roku oprócz badań eksperymentalnych opartych o badania transkryptomiczne i analizy metylacji DNA komórek człowieka przeprowadzono także analizy bioinformatyczne otrzymanych danych z użyciem ogólnodostępnego oprogramowania: Transcriptome Analysis Console, gProfiler, ToppGene oraz GSEA. Wykonano także analizy komercyjnym oprogramowaniem firmy QIAGEN Ingenuity Pathway Analysis (*QIAGEN IPA*). Do potwierdzenia wyników analiz wysoko-przepustowych, w Pracowni przeprowadzono badania poziomów mRNA wybranych genów i zdefiniowanych izoform mRNA wykorzystując metodę RTqPCR.

Naukowcy, z którymi współpracowała Środowiskowa Pracownia Analiz Mikromacierzy w 2023 r.:

1. Prof. dr hab. Agnieszka Piekietko-Witkowska, Centrum Medycznego Kształcenia Podyplomowego.
2. Dr hab. Joanna Bogusławska, prof. CMKP, Centrum Medycznego Kształcenia Podyplomowego
3. Dr n. med. Karolina Hanusek, Centrum Medycznego Kształcenia Podyplomowego.

4. Prof. dr hab. Maria Anna Ciemerych-Litwinienko, Wydział Biologii, Uniwersytetu Warszawskiego.
5. Dr hab. Edyta Elżbieta Brzóska-Wójtowicz, Wydział Biologii, Uniwersytetu Warszawskiego.
6. Dr hab. Bożena Szal, prof. ucz., Wydział Biologii, Uniwersytetu Warszawskiego.
7. Dr n. med. Łukasz Szafron, Centrum Onkologii – Instytut im. Marii Skłodowskiej-Curie.
8. Dr hab. Jan Konrad Siwicki, profesor instytutu, Centrum Onkologii – Instytut im. Marii Skłodowskiej-Curie.
9. Dr hab. Monika Lejman, prof. UML, Uniwersytet Medyczny w Lublinie.
10. Dr n. med. Katarzyna Wojciechowska, Uniwersytet Medyczny w Lublinie.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Wykonane w Pracowni analizy transkryptomiczne komórek jasnokomórkowego raka nerki wsparty badania przeprowadzone na poziomie proteomu i metabolomu. Analiza proteomiczna i metabolomiczna pożywki kondycjonowanej ccRCC w połączeniu z analizą transkryptomiczną komórek ccRCC dostarczyła listy cząsteczek wydzielanych przez te komórki nowotworowe. Wykazano, że główne zmiany w sekretomie ccRCC są ściśle związane z infiltracją nowotworu przez komórki odpornościowe i śródbłonkowe (6489).

Z kolei wykonane w Środowiskowej Pracowni Analiz Mikroamcierz analizy profilu transkrypcyjnego mezenchymalnych komórek macierzystych (MSCs) (o których wiadomo, że promują progresję raka nerki) pozwoliły ustalić, że w efekcie działania wydzielanych przez komórki ccRCC cytokin i innych białek stymulujących (sekretem) na MSCs zmienia się ekspresja ich kluczowych regulatorów migracji komórkowej (6585).

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Otrzymane wyniki prac będą publikowane w międzynarodowych czasopismach.

Publikacje:

6585, 6584, 6489

LISTA SEMINARIÓW WYGŁOSZONYCH W IBB PAN W ROKU 2023

– pracownicy oraz zaproszeni wykładowcy

Date	Name	Title	Affiliation
17.01.2023	Prof. dr hab. Marcin Nowotny	FNP Prize Lecture: Mechanisms of nucleic acid recognition in DNA repair and transposition	International Institute of Molecular and Cell Biology in Warsaw, Poland
24.01.2023	Dr hab. Michał Bogdziewicz	NCN Award Lecture: Trees reproduction in the overheated world	Forest Biology Center, Adam Mickiewicz University in Poznań, Poland
31.01.2023	Dr Ewa Chrostek	Uncovering gene functions of an antiviral bacterium	Jagiellonian University, Krakow, Poland
07.02.2023	Dr Jacek Nowak	Towards understanding the metabolism of development-specific non-coding small RNAs	Laboratory of Non-coding RNA and Genome Rearrangements, IBB PAS, Poland
14.02.2023	Dr Ayala Shiber	Protein folding and misfolding on the ribosome	Technion, Israel Institute of Technology, Israel
21.02.2023	Dr Katarzyna Jastrzębska-Mazur	R&D Series	ADAMED
07.03.2023	Dr Evangelos Giampazolias	Natural barriers of cancer immunity. Unmasking cancer through self-deception	CRUK Manchester Institute, United Kingdom
14.03.2023	Prof. dr hab. Leonora Bużańska	Modeling neurodevelopment and neurodegeneration with human brain organoids	Mossakowski Medical Research Institute PAS, Poland
21.03.2023	Prof. dr hab. Dorota Gryko	Vitamin B12 conjugates for biomedical applications	Institute of Organic Chemistry PAS, Poland
28.03.2023	Prof. dr hab. Leszek Pączek	Translational Medicine in 2023	Department of Immunology, Transplantology and Internal Diseases, Medical University of Warsaw; Department of Bioinformatics, IBB PAS, Poland
04.04.2023	Dr Deborah Tribouillard-Tanvier	Yeast and mammalian models of mitochondrial diseases: mechanisms and drug screening	French Institute of Health and Medical Research (INSERM), Institute for Cellular Biochemistry and Genetics (IBGC), Bordeaux, France
18.04.2023	Dr Stephen Jennings	Glaciers: History written in the ice	Department of Antarctic Biology, IBB PAS, Poland
25.04.2023	Dr Michał Dmowski	Contribution of non-catalytic subunits of the CMGE helicase-polymerase complex to shaping genome stability	Laboratory of DNA Replication and Genome Stability, IBB PAS, Poland
09.05.2023	Dr Joanna Jachowicz	How Xist silences the X, the whole X, and nothing but the X (and few other stories about RNAs)	Institute of Molecular Biotechnology, Austrian Academy of Science, Austria
16.05.2023	Dr Piotr Włodzimierz	Illuminating the genomic dark matter: extreme diversity of centromeric satellite repeats	Department of Bioinformatics, IBB PAS, Poland

23.05.2023	Prof. dr hab. Małgorzata Łobocka	Phage therapy perspectives of staphylococcal infections in the view of studies on phages and phage-bacteria interaction	Laboratory of Bacteriophage Biology, IBB PAS, Poland
30.05.2023	Dr Didier Devaurs	A Tale of Two Strategies to Efficiently Explore the Conformational Space of Molecular Systems	MRC Institute of Genetics and Cancer
06.06.2023	Dr Adam Jóźwiak	Unorthodox function of molecular hijacking in the evolution of triterpenoid metabolism	Weizmann Institute of Science, Rehovot, Israel
13.06.2023	Dr William Copeland	Structural insights into mitochondrial DNA mutagenesis	Mitochondrial DNA Replication Group, National Institute of Environmental Health Sciences, USA
20.06.2023	Prof. dr Thomas Lahaye	In search of the molecular basis of how plant-pathogenic bacteria manipulate their host plants to favour their reproduction in the host.	University of Tübingen, Germany
04.07.2023	Dr Thomas Kehl-Fie	You are what you don't eat: The impact of nutritional immunity	School of Molecular & Cellular Biology; University of Illinois
03.10.2023	Dr Miguel Montez-Mariano-Coelho	Dynamic chromatin processes help plants respond to the environment	Department of Cell and Developmental Biology, John Innes Centre, Norwich Research Park, UK
10.10.2023 13.10.2023	IBB Scientific Session and IBB DAY		
24.10.2023	Prof. Mark Banfield	Engineering plant NLR immune receptors for resistance to blast disease	Plant Health Programme Lead, John Innes Centre, Norwich Research Park, UK
07.11.2023	Dr Anna Marusiak	Mixed-Lineage Kinases - their role in cancer progression and mechanisms of resistance to cancer therapies	The International Institute of Molecular Mechanisms and Machines Polish Academy of Sciences
21.11.2023	Prof. dr hab. Andrzej Dziembowski	Complex metabolic pathways of mRNA vaccines, Career Development Series	TBA, Career Development Series
28.11.2023	Prof. Michal Sharon	Beyond Ubiquitin: The Autonomous Power of the 20S Proteasome in Protein Degradation	Weizmann Institute of Science, Israel
05.12.2023	Dr Tomasz Włodarski	A computational microscope to study co-translational protein folding	Department of Bioinformatics, Institute of Biochemistry and Biophysics PAS, Poland
12.12.2023	Dr Filip Stefaniak	Bioinformatics methods in the study of RNA interactions with small-molecule ligands	International Institute of Molecular and Cell Biology in Warsaw, Poland
19.12.2023	Dr Stefan Bresson	The transcriptional and translational landscape of coronavirus OC43 infection	Wellcome Centre for Cell Biology and Institute of Cell Biology, University of Edinburgh, UK

LISTA SEMINARIÓW DOKTORANCKICH WYGŁOSZONYCH W IBB PAN W ROKU 2023

Date	Speaker	Title	Supervisor(s)
13-10-2022	Miguel Montez	LncRNAs regulate DOG1 gene transcriptional dynamics	Dr hab. Szymon Swieżewski
27-10-2022	Rafał Jastrząb	Cytostatic effects of protein fractions produced by <i>Lactococcus lactis</i>	Dr hab. Paweł Siedlecki
	Neuton Gorjão	POLR1D, a common subunit of RNA polymerases I and III, interferes with TOR signalling	Dr hab. Roman Szczęsny Dr Damian Graczyk
17-11-2022	Adrian Kasztelan	Consequences of GRP8 phosphorylation by ABA-non-responsive SnRK2 kinases	Prof. dr hab. Grażyna Dobrowolska Dr Olga Sztatelman
01-12-2022	Anna Zawada	Impaired protein interactions within the replisome and their impact on the stability of microsatellite DNA sequences in <i>Saccharomyces cerevisiae</i> yeast cells	Prof. dr hab. Iwona J. Fijałkowska
12-01-2023	Vandana Kaushal	Apoptosis and mitochondrial domestication: co-evolution?	Dr hab. Urszula Zielenkiewicz
02-03-2023	Magdalena Zaborowska	The role of the SWI/SNF complex in alternative transcription start sites choice in <i>Arabidopsis thaliana</i>	Dr hab. Tomasz Sarnowski, prof. IBB Dr Szymon Kubala
16-03-2023	Ismail Tahmaz	The function of the molecular co-chaperone prefoldin during cellular homeostasis	Dr hab. Ulrike Topf
	Marta Wiśniewska	The enemy within? Detection of the His-brace motif in the N-terminal peptide of HSA-DA	Prof. dr hab. Wojciech Bal
30-03-2023	Igor Helbrecht	DNA methylation detection	Prof. dr hab. Matthias Bochtler
	Marta Zajb-Łucznińska	Heat Shock Transcription Factors A1 (HSFA1s) and SWI/SNF ATPase BRM regulate polyprenol biosynthesis	Prof. dr hab. Ewa Kula-Świeżewska Dr Daniel Buszewicz
13-04-2023	Joanna Grochowska	Identification and functional analysis of proteins involved in double-stranded RNA metabolism in human mitochondria	Dr hab. Roman Szczęsny Dr Łukasz Borowski
	Yusufu Rouzaimaiti	The catalytic triplex changes between the 1st and 2nd steps of splicing	Prof. dr hab. Magdalena Konarska
27-04-2023	Anastasiya Vasileuskaya	Antiproliferative effect of cell-free supernatants derived from lactic acid bacteria cultures on colon cancer cells	Prof. dr hab. Jacek Bardowski Dr Agnieszka Szczepankowska
11-05-2023	Katarzyna Kosiorek	Genetic and functional analysis of plasmid genes from lactic bacteria with the study of their influence on the chromosomal gene expression	Dr hab. Tamara Aleksandrak-Piekarczyk
25-05-2023	Aleksandra Kuryłek	Searching for virulence factors of <i>Streptococcus anginosus</i>	Dr hab. Izabela Kern-Zdanowicz

15-06-2023	Maciej Plichta	Novel incubation mode and AAS copper determination help revise the mechanism of cellular copper uptake	Prof. dr hab. Wojciech Bal
	Stanisław Cukier	Evolutionary success of Antarctic fairy shrimp (<i>Branchinecta gaini</i>)	Dr hab. Robert Bialik
15-06-2023	Joanna Ziemska-Legińska	Computational analysis of low complexity regions in proteins	Dr hab. Marcin Grynberg

ARTYKUŁY 2023

6477

PERLIŃSKA-LENART U., GRACZYK S., PIŁSYK S., LENART J., LIPKO A., ŚWIEŻEWSKA E., BERNAT P., KRUSZEWSKA J.S.,

Expression of *Saccharomyces cerevisiae* RER2 Gene Encoding Cis-prenyltransferase in *Trichoderma atroviride* increases the activity of secretory hydrolases and enhances antimicrobial features.

Journal of Fungi (2023) 9(1): 38 (16 p.)

DOI: 10.3390/jof9010038

IF 4.7 (2022)

6478

NYNCA J., MALINOWSKA A., ŚWIDERSKA B., WIŚNIEWSKA J., DOBOSZ S., CIERESZKO A.,

Triploidization of rainbow trout affects proteins related to ovary development and reproductive activity.

Aquaculture (2023) 565: 739145 (7 p.)

DOI: 10.1016/j.aquaculture.2022.739145

IF 4.5 (2022)

6479

FILIPEK K., DERYŁO K., MICHALEC-WAWIÓRKA B., ZACIURA M., GONZALES-IBARRA A., KROKOWSKI D., LATOCH P., STAROSTA A.L., CZAPIŃSKI J., RIVERO-MÜLLER A., WAWIÓRKA L., TCHÓRZEWSKI M., Identification of a novel alternatively spliced isoform of the ribosomal uL10 protein.

Biochimica et Biophysica Acta-Gene Regulatory Mechanisms (2023) 1866(1): 194890 (15 p.)

DOI: 10.1016/j.bbagr.2022.194890

IF 4.7 (2022)

6480

BARANOWSKI D., MIECZKOWSKI A., TRZYBIŃSKI D., WOŹNIAK K., BEDNARSKA-SZCZEPANIAK K., GDANIEC Z., LEŚNIKOWSKI Z.J.,

Insights into molecular structure of adenosine-boron cluster conjugates and their phenyl isomers as adenosine receptor ligands: Nuclear magnetic resonance, crystallographic and computational studies.

Journal of Molecular Structure (2023) 1274 (Part 1): 134588 (11 p.)

DOI: 10.1016/j.molstruc.2022.134588

IF 3.8 (2022)

6481

KAMENOVA S., SHARAPKHANOVA A., AKIMNIYAZOVA A., KUZHYBAYEVA K., KONDYBAYEVA A., RAKHMETULLINA A., PYRKOVA A., IVASHCHENKO A.,

piRNA and miRNA can suppress the expression of multiple sclerosis candidate genes.

Nanomaterials (2023) 13(1): 22 (18 p.)

DOI: 10.3390/nano13010022

IF 5.3 (2022)

6482

MIELECKI D., GRZESIUŁ E., BEDNARSKA A., GARBICZ D., ŚWIDERSKA B., GRZESIUŁ M.,

Contamination of aquatic environment with anticancer reagents influences *Daphnia magna* – ecotoxicogenomics approach.

Ecotoxicology and Environmental Safety (2023) 249: 114372 (13 p.)

DOI: 10.1016/j.ecoenv.2022.114372

IF 6.8 (2022)

6483

RAVATIN M., ODOLCZYK N., SERVEL N., GUIJARRO I.J., TAGAT E., CHEVALIER B., BAATALLAH N., CORRINGER P.J., LUKACS G.L., EDELMAN A., ZIELENKIEWICZ P., CHAMBARD J.-M. HINZPETER A., FAURE G.,

Design of crotoxin-based peptides with potentiator activity targeting the $\Delta F508$ NBD1 cystic fibrosis transmembrane conductance regulator.

Journal of Molecular Biology (2023) 435(3): 167929 (21 p.)

DOI: 10.1016/j.jmb.2022.167929

IF 5.6 (2022)

6484

KACZANOWSKI S.,

Detection of positive selection acting on protein surfaces at the whole-genome scale in the human malaria parasite *Plasmodium falciparum*.

Infection, Genetics and Evolution (2023) 107: 105397 (9 p.)

DOI: 10.1016/j.meegid.2022.105397

IF 3.2 (2022)

6485

MAKAROVA K., OLCZOWIK- GRABAREK E., DRABIKOWSKI K., KURKOWIAK J., ZAWADA K.,

Products of bisphenol a degradation induce cytotoxicity in human erythrocytes (*in vitro*).

International Journal of Molecular Sciences (2023) 24(1): 492 (12 p.)

DOI: 10.3390/ijms24010492

IF 5.6 (2022)

6486

SZUKALSKA M., FRĄCZYK T., FLOREK E., PĄCZEK L.,

Concentrations of transition metal ions in rat lungs after tobacco smoke exposure and treatment with his-leu dipeptide.

Molecules (2023) 28(2): 628 (11 p.)

DOI: 10.3390/molecules28020628

IF 4.6 (2022)

6487

KONOP M., RYBKA M., SZUDZIK M., MAZUREK Ł., LASKOWSKA A.K., SULEJCZAK D., RUSZCZAK Z., MAZGAJ R., CIEŚLIK B., SCHWARTZ R.A., SAMBOROWSKA E., FRANKOWSKI J., WASZKOWSKI A., KONOPELSKI P., CZUWARA J.,

Keratin-Butyrate Scaffolds Promote Skin Wound Healing in Diabetic Rats Through Down-Regulation of IL-1 β and Up-Regulation of Keratins 16 and 17.

Journal of Natural Fibers (2023) 20(1): 2136325 (16 p.)

DOI: 10.1080/15440478.2022.2136325

IF 3.5 (2022)

6488

STROYNOWSKA-CZERWIŃSKA A.M., KLIMCZAK M., PASTOR M., KAZRANI A.A., MISZTAL K., BOCHTLER M.,

Clustered PHD domains in KMT2/MLL proteins are attracted by H3K4me3 and H3 acetylation-rich active promoters and enhancers.

Cellular and Molecular Life Sciences (2023) 80(1): 23 (22 p.)

DOI: 10.1007/s00018-022-04651-1

IF 8.0 (2022)

6489

POPLAWSKI P., ALSEEKH S., JANKOWSKA U., SKUPIEŃ-RABIAN B., IWANICKA-NOWICKA R., KOSSOWSKA H., FOGTMAN A., RYBICKA B., BOGUSŁAWSKA J., ADAMIOK-OSTROWSKA A., HANUSEK K., HANUSEK J., KOBLOWSKA M., FERNIE A.R., PIEKIEŁKO-WITKOWSKA A.

Coordinated reprogramming of renal cancer transcriptome, metabolome and secretome associates with immune tumor infiltration.

Cancer Cell International (2023) 23(1): 2 (15 p.)

DOI: 10.1186/s12935-022-02845-y

IF 5.8 (2022)

6490

KOSIOREK K., KORYSZEWSKA-BAGIŃSKA A., SKONECZNY M., STASIAK-RÓŻAŃSKA L., ALEKSANDRZAK-PIEKARCZYK T.,

The Presence of Plasmids in *Lactococcus lactis* IL594 Determines Changes in the Host Phenotype and Expression of Chromosomal Genes.

International Journal of Molecular Sciences (2023) 24(1): 793 (15 p.)

DOI: 10.3390/ijms24010793

IF 5.6 (2022)

6491

WÓJCIK-DŁUGOBORSKA K.A., BIALIK R.J.,

The Glacial Meltwater Turbidity Algorithm (GaMTA): Adaptation of single-band algorithm retrieving turbidity to satellite and UAV dataset from highly glaciated Antarctic region.

Regional Studies in Marine Science (2023) 58: 102798 (11 p.)

DOI: 10.1016/j.rsma.2022.102798

IF 2.1 (2022)

6492

IZDEBSKI W., IZDEBSKI M., KOSIOREK K.,

Evaluation of Economic Possibilities of Production of Second-Generation Spirit Fuels for Internal Combustion Engines in Poland.

Energies (2023) 16(2): 892 (21 p.)

DOI: 10.3390/en16020892

IF 3.2 (2022)

6493

IZDEBSKI W., KOSIOREK K.,

Analysis and Evaluation of the Possibility of Electricity Production from Small Photovoltaic Installations in Poland.

Energies (2023) 16(2): 944 (19 p.)

DOI: 10.3390/en16020944

IF 3.2 (2022)

6494

KRUPIŃSKA M., ANTOLOVÁ D., TOŁKACZ K., SZCZEPANIAK K., STRACHECKA A., GOLL A., NOWICKA J., BARANOWICZ K., BAJER A., BEHNKE J.M., GRZYBEK M.,

Grassland versus forest dwelling rodents as indicators of environmental contamination with the zoonotic nematode *Toxocara* spp.

Scientific Reports (2023) 13(1): 483 (9 p.)

DOI: 10.1038/s41598-022-23891-6

IF 4.6 (2022)

6495

WEBER-DĄBROWSKA B., ŻACZEK M., ŁOBOCKA M., ŁUSIAK-SZELACHOWSKA M., OWCZAREK B., ORWAT F., ŁODEJ N., SKARADZIŃSKA A., ŁACZMAŃSKI Ł., MARTYNOWSKI D., KASZOWSKA M., GÓRSKI A., Characteristics of Environmental *Klebsiella pneumoniae* and *Klebsiella oxytoca* Bacteriophages and Their Therapeutic Applications.

Pharmaceutics (2023) 15(2): 434 (31 p.)

DOI: 10.3390/pharmaceutics15020434

IF 5.4 (2022)

6496

TURNER D., SHKOPOROV A N., LOOD C., MILLARD A.D., DUTILH B.E., ALFENAS-ZERBINI P., VAN ZYL L.J., AZIZ R.K., OKSANEN H.M., PORANEN M.M., KROPINSKI A.M., BARYLSKI J., BRISTER J.R., CHANISVILI N., EDWARDS R.A., ENAULT F., GILLIS A., KNEŽEVIĆ P., KRUPOVIC M., KURTBÖKE I., KUSHKINA A., LAVIGNE R., LEHMAN S., ŁOBOCKA M., MORARU C., MORENO SWITT A., MOROZOVA V., NAKAVUMA J., REYES MUÑOZ A., RŪMNIKS J., SARKAR B.L., SULLIVAN M.B., UCHIYAMA J., WITTMANN J., YIGANG T., ADRIAENSSENS E.M.,

Abolishment of morphology-based taxa and change to binomial species names: 2022 taxonomy update of the ICTV bacterial viruses subcommittee.

Archives of Virology (2023) 168(2): 74 (9 p.)

DOI: 10.1007/s00705-022-05694-2

IF 2.7 (2022)

6497

TOŁKACZ K., KOWALEC M., ALSARRAF M., GRZYBEK M., DWUŹNIK-SZAREK D., BEHNKE J.M., BAJER A., Candidatus *Neoehrlichia mikurensis* and *Hepatozoon* sp. in voles (*Microtus* spp.): occurrence and evidence for vertical transmission.

Scientific Reports (2023) 13(1): 1733 (13 p.)

DOI: 10.1038/s41598-023-28346-0

IF 4.6 (2022)

6498

SPEINA E., WILCZEK M., MIECZKOWSKI A.,

Dimeric Benzodiazepines as Peptide Mimetics to Overcome p53-Dependent Drug Resistance of Tumors.

Biomolecules (2023) 13(2): 291 (13 p.)

DOI: 10.3390/biom13020291

IF 5.5 (2022)

6499

MROZIKIEWICZ-RAKOWSKA B., SZABŁOWSKA-GADOMSKA I., CYSEWSKI D., RUDZIŃSKI S., PŁOSKI R., GASPEROWICZ P., KONARZEWSKA M., ZIELIŃSKI J., MIECZKOWSKI M., SIENKO D., GRZELA T., NOSZCZYK M., PALESKA B., CZUPRYNIAK L., LEWANDOWSKA-SZUMIEL M.,

Allogenic Adipose-Derived Stem Cells in Diabetic Foot Ulcer Treatment: Clinical Effectiveness, Safety, Survival in the Wound Site, and Proteomic Impact.

International Journal of Molecular Sciences (2023) 24(2): 1472 (16 p.)

DOI: 10.3390/ijms24021472

IF 5.6 (2022)

6500

KAMINTZIS J.E., IRVINE-FYNN T.D.L., HOLT T.O., JONES J.P.P., PORTER P.R., JENNINGS S.J.A., NAEGELI K., HUBBARD B.,
Morphology, flow dynamics and evolution of englacial conduits in cold ice.
Earth Surface Processes and Landforms (2023) 48(2): 415-432
DOI: 10.1002/esp.5494
IF 3.3 (2022)

6501

GRABOWSKI Ł., PIERZYNOWSKA K., GAFFKE L., CYSKE Z., MINCEWICZ G., WĘGRZYN G.,
The use of phage display systems to combat infectious diseases in poultry: diagnostic, vaccine, and therapeutic approaches.
Journal of Applied Microbiology (2023) 134(1): lxac012 (14 p.)
DOI: 10.1093/jambio/lxac012
IF 4.0 (2022)

6502

KAWAŁEK A., GŁĄBSKI K., BARTOSIK A.A., WOŹNIAK D., KUSIAK M., GAWOR J., ŻUCHNIEWICZ K.,
JAGURA-BURDZY G.,
Diverse Partners of the Partitioning ParB Protein in *Pseudomonas aeruginosa*.
Microbiology Spectrum (2023) 11(1): e04289-22 (18 p.)
DOI: 10.1128/spectrum.04289-22
IF 3.7 (2022)

6503

HYJEK-SKŁADANOWSKA M., ANDERSON B.A., MYKHAYLYK V., ORR CH., WAGNER A., POZNAŃSKI J.,
SKOWRONEK K., SETH P., NOWOTNY M.,
Structures of annexin A2-PS DNA complexes show dominance of hydrophobic interactions in phosphorothioate binding.
Nucleic Acids Research (2023) 51(3): 1409–1423
DOI: 10.1093/nar/gkac774
IF 14.9 (2022)

6504

SIMMONDS P., ADRIAENSSENS E.M., ZERBINI F.M., ABRESCIA N.G.A., AIEWSAKUN P., ALFENAS-ZERBINI P., BAO Y., BARYLSKI J., DROSTEN CH., DUFFY S., DUPREX W.P., DUTILH B.E., ELENA S.F., GARCIA M.L., JUNGLEN S., KATZOURAKIS A., KOONIN E.V., KRUPOVIC M., KUHN J.H., LAMBERT A.J., LEFKOWITZ E.J., ŁOBOCKA M., ET AL.
Four principles to establish a universal virus taxonomy.
Plos Biology (2023) 21(2): e3001922 (23 p.)
DOI: 10.1371/journal.pbio.3001922
IF 9.8 (2022)

6505

BANASIAK K., TUREK M., POKRZYWA W.,
Preparation of *Caenorhabditis elegans* for Scoring of Muscle-derived Exophers.
Bio-protocol (2023) 13(1): e4586 (13 p.)
DOI: 10.21769/BioProtoc.4586
IF 0.8 (2022)

6506

KLUEBSOONGNOEN J., SAENSUWANNA A., JOZGHORBANI M., HO T., SZOŁAJSKA E., SARNOWSKI T.J., UDOMKIT A.,

A possible role of the ecdysone receptor in modulating gonad-inhibiting hormone gene expression in the black tiger prawn, *Penaeus monodon*.

Aquaculture (2023) 569: 739393(12 p.)

DOI: 10.1016/j.aquaculture.2023.739393

IF 4.5 (2022)

6507

STACHULA P., KAPELA K., MAŁECKA E., JAROŃCZYK K., PATRYN J., SIWIRYKOW N., BUCHOLC M., MARCZAK M., KOTLIŃSKI M., ARCHACKI R.,

BRM Complex in Arabidopsis Adopts ncBAF-like Composition and Requires BRD Subunits for Assembly and Stability.

International Journal of Molecular Sciences (2023) 24(4): 3917 (18 p.)

DOI: 10.3390/ijms24043917

IF 5.6 (2022)

6508

WOLTYŃSKA A., GAWOR J., OLECH M.A., GÓRNIK D., GRZESIAK J.,

Bacterial communities of Antarctic lichens explored by gDNA and cDNA 16S rRNA gene amplicon sequencing.

FEMS Microbiology Ecology (2023) 99(3): fiad015 (11 p.)

DOI: 10.1093/femsec/fiad015

IF 4.2 (2022)

6509

MONTEZ M., MAJCHROWSKA M., KRZYSZTOŃ M., BOKOTA G., SACHAROWSKI S., WRONA M., YATUSEVICH R., MASSANA F., PLEWCZYŃSKI D., ŚWIEŻEWSKI S.,

Promoter-pervasive transcription causes RNA polymerase II pausing to boost *DOG1* expression in response to salt.

EMBO Journal (2023) 42(5): e112443(32 p.)

DOI: 10.15252/embj.2022112443

IF 11.4 (2022)

6510

KOTUNIAK R., BAL W.,

Reactive Cu²⁺-peptide intermediates revealed by kinetic studies gain relevance by matching time windows in copper metallomics.

Metallomics (2023) 15(2): mfad007 (10 p.)

DOI: 10.1093/mtomcs/mfad007

IF 3.4 (2022)

6511

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

Annual hydrographic variability in Antarctic coastal waters infused with glacial inflow.

Earth System Science Data (2023) 15(2): 607–616

DOI: 10.5194/essd-15-607-2023

IF 11.4 (2022)

6512

ŁAZOWSKI K., FARAZ M., VAISMAN A., ASHTON N.W., JONCZYK P., FIJAŁKOWSKA I.J., CLAUSEN A.R., WOODGATE R., MAKIEŁA-DZBEŃSKA K.,
Strand specificity of ribonucleotide excision repair in *Escherichia coli*.
Nucleic Acids Research (2023) 51(4): 1766-1782
DOI: 10.1093/nar/gkad038
IF 14.9 (2022)

6513

KODZIK N., CIERESZKO A., SZCZEPKOWSKI M., KAROL H., JUDYCKA S., MALINOWSKA A., ŚWIDERSKA B., DIETRICH M.A.,
Comprehensive proteomic characterization and functional annotation of Siberian sturgeon seminal plasma proteins.
Aquaculture (2023) 568: 739326 (14 p.)
DOI: 10.1016/j.aquaculture.2023.739326
IF 4.5 (2022)

6514

KULESZA A., PAĆZEK L., BURDZIŃSKA A.,
The Role of COX-2 and PGE2 in the Regulation of Immunomodulation and Other Functions of Mesenchymal Stromal Cells.
Biomedicines (2023) 11(2): 445 (21 p.)
DOI: 10.3390/biomedicines11020445
IF 4.7 (2022)

6515

ŁUPKOWSKA A., MONEM S., DĘBSKI J., STOJOWSKA-SWĘDRZYŃSKA K., KUCZYŃSKA-WIŚNIK D., LASKOWSKA E.,
Protein aggregation and glycation in *Escherichia coli* exposed to desiccation-rehydration stress.
Microbiological Research (2023) 270: 127335 (11 p.)
DOI: 10.1016/j.micres.2023.127335
IF 6.7 (2022)

6516

NAIR H.G., JURKIEWICZ A., GRACZYK D.,
Inhibition of RNA Polymerase III Augments the Anti-Cancer Properties of TNF α .
Cancers (2023) 15(5): 1495 (19 p.)
DOI: 10.3390/cancers15051495
IF 5.2 (2022)

6517

ADAMCZYK-SZABELA D., CHRZEŚCIJAŃSKA E., ZIELENKIEWICZ P., WOLF W.M.,
Antioxidant Activity and Photosynthesis Efficiency in *Melissa officinalis* Subjected to Heavy Metals Stress.
Molecules (2023) 28(6): 2642 (12 p.)
DOI: 10.3390/molecules28062642
IF 4.6 (2022)

6518

PANJA CH., WIĘSYK A., NIEDŹWIECKA K., BARANOWSKA E., KUCHARCZYK R.,
ATP synthase interactome analysis identifies a new subunit / as a modulator of permeability
transition pore in yeast.

Scientific Reports (2023) 13(1): 3839 (18 p.)

DOI: 10.1038/s41598-023-30966-5

IF 4.6 (2022)

6519

KERBER O., TRAN J., MISIASZEK A., CHORAŻEWSKA A., BAL W., KRĘŻEL A.,
Zn(II) to Ag(I) Swap in Rad50 Zinc Hook Domain Leads to Interprotein Complex Disruption through
the Formation of Highly Stable Ag_x(Cys)_y Cores.

Inorganic Chemistry (2023) 62(10): 4076-4087

DOI: 10.1021/acs.inorgchem.2c03767

IF 4.6 (2022)

6520

BEDNAREK A., GIERMASIŃSKA-BUCZEK K., ŁOBOCKA M.,
Efficient traceless modification of the P1 bacteriophage genome through homologous recombination
with enrichment in double recombinants: A new perspective on the functional annotation of
uncharacterized phage genes.

Frontiers in Microbiology (2023) 14: 1135870 (6 p.)

DOI: 10.3389/fmicb.2023.1135870

IF 5.2 (2022)

6521

CUKIER S., FUDALA K., BIALIK R.J.,
Are Antarctic aquatic invertebrates hitchhiking on your footwear?

Journal for Nature Conservation (2023) 72: 126354 (10 p.)

DOI: 10.1016/j.jnc.2023.126354

IF 2.0 (2022)

6522

KALLASH M., WANG Y., SMITH A., TRACHTMAN H., GBADEGESIN R., NESTER C., CANETTA P., WANG
CH., HUNLEY T.E., SPERATI C.J., SELEWSKI D., AYOUB I., SRIVASTAVA T., MOTTL A.K., KOPP J.,
GILLESPIE B., ROBINSON B., CHEN D., STEINKE J., TWOMBLY K., REIDY K., MUCHA K., ET AL.
Rapid Progression of Focal Segmental Glomerulosclerosis in Patients with High-Risk *APOL1*
Genotypes.

Clinical Journal of the American Society of Nephrology (2023) 18(3): 344-355

DOI: 10.2215/CJN.0000000000000069

IF 9.8 (2022)

6523

KRAWCZYK M., HAŁAS A., ŚLEDZIEWSKA-GÓJSKA E.,
A novel role for Mms2 in the control of spontaneous mutagenesis and Pol3 abundance.

DNA Repair (2023) 125: 103484 (11 p.)

DOI: 10.1016/j.dnarep.2023.103484

IF 3.8 (2022)

6524

RAKHMETULLINA A., AKIMNIYAZOVA A., NIYAZOVA T., PYRKOVA A., KAMENOVA S., KONDYBAYEVA A., RYSKULOVA A.-G., IVASHCHENKO A., ZIELENKIEWICZ P.,
Endogenous piRNAs Can Interact with the Omicron Variant of the SARS-CoV-2 Genome.

Current Issues in Molecular Biology (2023) 45(4): 2950-2964

DOI: 10.3390/cimb45040193

IF 3.1 (2022)

6525

POLAKOWSKA M., STECZKIEWICZ K., SZCZEPANOWSKI R.H., WYSŁOUCH-CIESZYŃSKA A.,
Toward an understanding of the conformational plasticity of S100A8 and S100A9 Ca²⁺-binding proteins.

Journal of Biological Chemistry (2023) 299(4): 102952 (20 p.)

DOI: 10.1016/j.jbc.2023.102952

IF 4.8 (2022)

6526

BARANOWSKA E., NIEDŹWIECKA K., PANJA CH., CHARLES C., DAUTANT A., DI RAGO J.-P.,
TRIBOUILLARD-TANVIER D., KUCHARCZYK R.,
Molecular basis of diseases induced by the mitochondrial DNA mutation m.9032T > C.

Human Molecular Genetics (2023) 32(8): 1313-1323

DOI: 10.1093/hmg/ddac292

IF 3.5 (2022)

6527

ALSARRAF M., DWUŹNIK-SZAREK D., HILDEBRAND J., MIERZEJEWSKA E.J., KLOCH A., KOT K., KUREK K., NOWAK S., MYŚLAJEK R.W., MYŚLIWY I., POPIOŁEK M., RODO A., ALSARRAF M., TOŁKACZ K.,
TOPOLNYTSKA M., WĘŻYK D., BAJER A.,
Occurrence of *Dirofilaria repens* in wild carnivores in Poland.

Parasitology Research (2023) 122(5): 1229-1237

DOI: 10.1007/s00436-023-07823-5

IF 2.0 (2022)

6528

PUZIA W., GAWOR J., GROMADKA R., SKOCZYŃSKA A., SADOWY E.,
Comparative genomic analysis of two ST320 *Streptococcus pneumoniae* isolates, representing serotypes 19A and 19F.

BMC Genomic Data (2023) 24(1): 19 (10 p.)

DOI: 10.1186/s12863-023-01118-5

IF 1.9 (2022)

6529

MUCHA K., PAC M., PĄCZEK L.,
Omics are Getting Us Closer to Understanding IgA Nephropathy.

Archivum Immunologiae et Therapiae Experimentalis (2023) 71(1): 12 (17 p.)

DOI: 10.1007/s00005-023-00677-w

IF 3.2 (2022)

6530

ŁAZOWSKI K.,

Efficient, robust, and versatile fluctuation data analysis using MLE MUTation Rate calculator (mlemur).

Mutation Research-Fundamental and Molecular Mechanisms of Mutagenesis (2023) 826: 111816 (16 p.)

DOI: 10.1016/j.mrfmmm.2023.111816

IF 2.3 (2022)

6531

DRĘŻEK K., SOBCZYK M.K., KÁLLAI Z., DETMAN A., BARDADYN P., MIERZEJEWSKA J.,

Valorisation of Whey Permeate in Sequential Bioprocesses towards Value-Added Products– Optimisation of Biphasic and Classical Batch Cultures of *Kluyveromyces marxianus*.

International Journal of Molecular Sciences (2023) 24(8): 7560 (17 p.)

DOI: 10.3390/ijms24087560

IF 5.6 (2022)

6532

LIPKO A., PĄCZKOWSKI C., PEREZ-FONS L., FRASER P.D., KANIA M., HOFFMAN-SOMMER M., DANIKIEWICZ W., ROHMER M., POZNAŃSKI J., ŚWIEŻEWSKA E.,

Divergent contribution of the MVA and MEP pathways to the formation of polyprenols and dolichols in Arabidopsis.

Biochemical Journal (2023) 480(8): 495-520

DOI: 10.1042/BCJ20220578

IF 4.1 (2022)

6533

BARANOWSKA E., NIEDŹWIECKA K., PANJA CH., CHARLES C., DAUTANT A., POZNAŃSKI J., DI RAGO J.-P., TRIBOUILLARD-TANVIER D., KUCHARCZYK R.,

Probing the pathogenicity of patient-derived variants of MT-ATP6 in yeast.

Disease Models and Mechanisms (2023) 16(4): dmm049783 (12 p.)

DOI: 10.1242/dmm.049783

IF 4.3 (2022)

6534

KAMIŃSKA K., GODAKUMARA K., ŚWIDERSKA B., MALINOWSKA A., MIDEKESSA G., SOFIŃSKA K., BARBASZ J., FAZELI A., GRZESIAK M.,

Characteristics of size-exclusion chromatography enriched porcine follicular fluid extracellular vesicles.

Theriogenology (2023) 205: 79-86

DOI: 10.1016/j.theriogenology.2023.04.010

IF 2.8 (2022)

6535

MONTICOLO M., MUCHA K., FORONCEWICZ B.,
Lupus Nephritis and Dysbiosis.

Biomedicines (2023) 11(4): 1165 (12 p.)

DOI: 10.3390/biomedicines11041165

IF 4.7 (2022)

6536

SZŁĘŻAK D., UFNAL M., DRAPAŁA A., SAMBOROWSKA E., WRÓBEL M.,
Urinary excretion of asymmetric (ADMA) and symmetric (SDMA) dimethylarginine is positively related to nitric oxide level in tissues of normotensive and hypertensive rats.

Amino Acids (2023) 55(4): 529-539

DOI: 10.1007/s00726-023-03246-9

IF 3.5 (2022)

6537

SAGER G., TÜRKYILMAZ A., GÜNBEY H.P., TAŞ I., OZHELVACI F., AKIN Y.,
Pyrroline-5-carboxylate reductase 2 (*PYCR2*) deficiency causes hereditary spastic paraplaegia in late childhood.

European Journal of Paediatric Neurology (2023) 44: 51-56

DOI: 10.1016/j.ejpn.2023.04.002

IF 3.1 (2022)

6538

PANAGIOTOPOULOU H., MARZECKI K., GAWOR J., KUHL H., KOPER M., WĘGLEŃSKI P., FAJKOWSKA M., SZCZEPKOWSKI M., BACA M., GESSNER J., PŁECHA M., RZEPKOWSKA M.,
Extensive search of genetic sex markers in Siberian (*Acipenser baerii*) and Atlantic (*A. oxyrinchus*) sturgeons.

Aquaculture (2023) 573: 739517(11 p.)

DOI: 10.1016/j.aquaculture.2023.739517

IF 4.5 (2022)

6539

PIŁSYK S.,

The tales of fungal sulfurtransferases: lost, found, and stolen.

Chapter 3 in: **Sulfurtransferases: Essential Enzymes for Life, Foundations and Frontiers in**

Enzymology, Elsevier Academic Press. Ed. N. Nagahara. ISBN 978-0-443-18827-5, 2023, p.67-82

DOI: 10.1016/B978-0-443-18827-5.00005-4

6540

ZMARZ A., KARLSEN S.R., KYCKO M., KORCZAK-ABSHIRE M., GOŁĘBIOWSKA I., KARSZNIA I.,
CHWEDORZEWSKA K.J.,

BVLOS UAV missions for vegetation mapping in maritime Antarctic.

Frontiers in Environmental Science (2023) 11: 1154115 (11 p.)

DOI: 10.3389/fenvs.2023.1154115

IF 4.6 (2022)

6541

HAŁUPKA L., ARLT D., TOLVANEN J., MILLON A., BIZE P., ADAMIK P., ALBERT P., ARENDT W.J.,
KORCZAK-ABSHIRE M., ET AL.

The effect of climate change on avian offspring production: A global meta-analysis.

Proceedings of the National Academy of Sciences USA (2023) 120(19): e2208389120 (8 p.)

DOI: 10.1073/pnas.2208389120

IF 11.1 (2022)

6542

SADAF H., AMBROZIAK M., BIŃKOWSKI R., KLUEBSOONGNOEN J., PASZKIEWICZ-KOZIK E., STECIUK J., MARKOWICZ S., WALEWSKI J., SARNOWSKA E., SARNOWSKI T.J., KONOPÍŃSKI R.,
New molecular targets in Hodgkin and Reed-Sternberg cells.

Frontiers in Immunology (2023) 14: 115546 (16 p.)

DOI: 10.3389/fimmu.2023.1155468

IF 7.3 (2022)

6543

BUDZIASZEK J., PILARCZYK-ŻUREK M., DOBOSZ E., KOZIŃSKA A., NOWICKI D., OBSZAŃSKA K., SZALEWSKA-PAŁASZ A., KERN-ZDANOWICZ I., SITKIEWICZ I., KOZIEŁ J.,
Studies of *Streptococcus anginosus* Virulence in *Dictyostelium discoideum* and *Galleria mellonella* Models.

Infection and Immunity (2023) 91(5): e0001623 (16 p.)

DOI: 10.1128/iai.00016-23

IF 3.1 (2022)

6544

SAMBOROWSKA E., OLEK R.A.,

Twenty-Four Weeks of L-Carnitine Combined with Leucine Supplementation Does Not Increase the Muscle Carnitine Content in Healthy Active Subjects.

Annals of Nutrition and Metabolism (2023) 79(2): 51-59

DOI: 10.1159/000529333

IF 3.9 (2022)

6545

CONART C., BOMZAN D.P., HUANG X-Q., BASSARD J-E., PARAMITA S.N., SAINT-MARCOUX D., RIUS-BONY A., HIVERT G., ANCHISI A., SCHALLER H., HAMAMA L., MAGNARD J-L., LIPKO A., ŚWIEŻEWSKA E., JAME P., RIVEILL G., HIBRAND-SAINT OYANT L., ROHMER M., LEWINSOHN E., DUDAREVA N., BAUDINO S., CAISSARD J-C., BOACHON B.,

A cytosolic bifunctional geranyl/farnesyl diphosphate synthase provides MVA-derived GPP for geraniol biosynthesis in rose flowers.

Proceedings of the National Academy of Sciences USA (2023) 120(19): e2221440120 (12 p.)

DOI: 10.1073/pnas.2221440120

IF 11.1 (2022)

6546

SIDDELL S.G., SMITH D.B., ADRIAENSSENS E.M., ALFENAS-ZERBINI P., DUTILH B.E., GARCIA M.L., JUNGLEN S., KRUPOVIC M., KUHN J.H., LAMBERT A.J., LEFKOWITZ E.J., ŁOBOCKA M., MUSHEGIAN A.R., OKSANEN H.M., ROBERTSON D.L., RUBINO L., SABANADZOVIC S., SIMMONDS P., SUZUKI N., VAN DOORSLAER K., VANDAMME A-M., VARSANI A., ZERBINI F.M.,

Virus taxonomy and the role of the International Committee on Taxonomy of Viruses (ICTV).

Journal of General Virology (2023) 104(5): 001840 (11 p.)

DOI: 10.1099/jgv.0.001840

IF 3.8 (2022)

6547

MACYSZYN J., BURMISTRZ M., MIECZKOWSKI A., WOJCIECHOWSKA M., TRYLSKA J.,

Conjugates of Aminoglycosides with Stapled Peptides as a Way to Target Antibiotic-Resistant Bacteria.

ACS Omega (2023) 8(21): 19047–19056

DOI: 10.1021/acsomega.3c02071

IF 4.1 (2022)

6548

LUSHNIKOVA I., KOSTIUCHENKO O., KOWALCZYK M., SKIBO G.,
mTOR/ α -ketoglutarate signaling: impact on brain cell homeostasis under ischemic conditions.
Frontiers in Cellular Neuroscience (2023) 17: 1132114 (7 p.)
DOI: 10.3389/fncel.2023.1132114
IF 5.3 (2022)

6549

GĘCA I., OCHAB M., ROBAK A., MERGO P., KOROLCZUK M.,
Anodic stripping voltammetric determination of Se(IV) by means of a novel reusable gold
microelectrodes array.
Desalination and Water Treatment (2023) 286: 248-256
DOI: 10.5004/dwt.2023.29325
IF 1.1 (2022)

6550

DUVAL M., YAGUE-SANZ C., TUROWSKI T.W., PETFALSKI E., TOLLERVEY D., BACHAND F.,
The conserved RNA-binding protein Seb1 promotes cotranscriptional ribosomal RNA processing by
controlling RNA polymerase I progression.
Nature Communications (2023) 14(1): 3013 (14 p.)
DOI: 10.1038/s41467-023-38826-6
IF 16.6 (2022)

6551

GRABOWSKI Ł., PIERZYNOWSKA K., KOSZNIK-KWAŚNICKA K., STASIŁOJĆ M., JERZEMOWSKA G.,
WĘGRZYN A., WĘGRZYN G., PODLACHA M.,
Sex-dependent differences in behavioral and immunological responses to antibiotic and
bacteriophage administration in mice.
Frontiers in Immunology (2023) 14: 1133358 (17 p.)
DOI: 10.3389/fimmu.2023.1133358
IF 7.3 (2022)

6552

SOHRABI T., MIRZAEI-BEHBAHANI B., ZADALI R., PIRHAGHI M., MOROZOVA-ROCHE L.A., MERATAN
A.A.,
Common Mechanisms Underlying α -Synuclein-Induced Mitochondrial Dysfunction in Parkinson's
Disease.
Journal of Molecular Biology (2023) 435(12): 167992 (22 p.)
DOI: 10.1016/j.jmb.2023.167992
IF 5.6 (2022)

6553

ZERBINI F.M., 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. JUNGLEN S., KRUPOVIC M.,
KUHN J.H., LAMBERT A.J., ŁOBOCKA M., OKSANEN H.M., ROBERTSON D.L., RUBINO L.,
SABANADZOVIC S., SIMMONDS P., SMITH D.B., SUZUKI N., VAN DOORSLAER K., VANDAMME A-M.,
VARSANI A.,
Changes to virus taxonomy and the ICTV Statutes ratified by the International Committee on
Taxonomy of Viruses (2023).
Archives of Virology (2023) 168(7): 175 (11 p.)
DOI: 10.1007/s00705-023-05797-4
IF 2.7 (2022)

6554

TYMOSZEWSKA A., SZYLIŃSKA M., ALEKSANDRZAK-PIEKARCZYK T.,
The LiaFSR-LiaX System Mediates Resistance of *Enterococcus faecium* to Peptide Antibiotics and to Aureocin A53-and Enterocin L50-Like Bacteriocins.

Microbiology Spectrum (2023) 11(3): e00343-23 (17 p.)

DOI: 10.1128/spectrum.00343-23

IF 3.7 (2022)

6555

SKUBISZ K., DĄBKOWSKI K., SAMBOROWSKA E., STARZYŃSKA T., DESKUR A., AMBROŹKIEWICZ F.,
KARCZMARSKI J., RADKIEWICZ M., KUŚNIERZ K., KOS-KUDŁA B., SULIKOWSKI T., CYBULA P.,
PAZIEWSKA A.,

Serum Metabolite Biomarkers for Pancreatic Tumors: Neuroendocrine and Pancreatic Ductal
Adenocarcinomas—A Preliminary Study.

Cancers (2023) 15(12): 3242 (24 p.)

DOI: 10.3390/cancers15123242

IF 5.2 (2022)

6556

OZHELVACI F., STECZKIEWICZ K.,

Identification and classification of papain-like cysteine proteinases.

Journal of Biological Chemistry (2023) 299(6): 104801 (23 p.)

DOI: 10.1016/j.jbc.2023.104801

IF 4.8 (2022)

6557

ANTONIUK-MAJCHRZAK J., ENKHBAATAR T., DŁUGAJCZYK A., KAMIŃSKA J., SKONECZNY M., KLIONSKY
D.J., SKONECZNA A.,

Stability of Rad51 recombinase and persistence of Rad51 DNA repair foci depends on post-
translational modifiers, ubiquitin and SUMO.

Biochimica et Biophysica Acta-Molecular Cell Research (2023) 1870(7): 119526 (18 p.)

DOI: 10.1016/j.bbamcr.2023.119526

IF 5.1 (2022)

6558

KOSIOREK K., KORYSZEWSKA-BAGIŃSKA A., SKONECZNY M., ALEKSANDRZAK-PIEKARCZYK T.,

Control of Bacterial Phenotype and Chromosomal Gene Expression by Single Plasmids of *Lactococcus*
lactis IL594.

International Journal of Molecular Sciences (2023) 24(12): 9877 (13 p.)

DOI: 10.3390/ijms24129877

IF 5.6 (2022)

6559

KOPACZ A., KLÓSKA D., CYSEWSKI D., KRASZEWSKA I., PRZEPIÓRSKA K., LENARTOWICZ M., ŁOBODA
A., GROCHOT-PRZĘCZEK A., NOWAK W., JÓZKOWICZ A., PIECHOTA-POLAŃCZYK A.,

Co-administration of angiotensin II and simvastatin triggers kidney injury upon heme oxygenase-1
deficiency.

Free Radical Biology and Medicine (2023) 205: 188-201

DOI: 10.1016/j.freeradbiomed.2023.05.018

IF 7.4 (2022)

6560

CZARNECKA A.M., SKOCZYLAS J., BARTNIK E., ŚWITAJ T., RUTKOWSKI P.,
Management Strategies for Adults with Locally Advanced, Unresectable or Metastatic Malignant
Perivascular Epithelioid Cell Tumor (PEComa): Challenges and Solutions.

Cancer Management and Research (2023) 15: 615-623

DOI: 10.2147/CMAR.S351284

IF 3.3 (2022)

6561

PANJA CH., NIEDŹWIECKA K., BARANOWSKA E., POZNAŃSKI J., KUCHARCZYK R.,
Analysis of *MT-ATP8* gene variants reported in patients by modeling in silico and in yeast model
organism.

Scientific Reports (2023) 13(1): 9972 (13 p.)

DOI: 10.1038/s41598-023-36637-9

IF 4.6 (2022)

6562

KIRYLUK K., SANCHEZ-RODRIGUEZ E., ZHOU X-J., ZANONI F., LIU L., MUCHA K., PĄCZEK L., ET AL.
Genome-wide association analyses define pathogenic signaling pathways and prioritize drug targets
for IgA nephropathy.

Nature Genetics (2023) 55: 1091–1105

DOI: 10.1038/s41588-023-01422-x

IF 30.8 (2022)

6563

JARZYNOWSKA M., SANIEWSKA D., FUDALA K., WILMAN B., BAŁAZY P., PŁOŃSKA P., SANIEWSKI M.,
Mercury and methylmercury in birds and marine mammals inhabiting the coastal zone of the two
King George Island's bays: Admiralty and King George Bay (maritime Antarctic).

Marine Pollution Bulletin (2023) 193: 115237 (10 p.)

DOI: 10.1016/j.marpolbul.2023.115237

IF 5.8 (2022)

6564

NGUYEN M.N., CHAKRABORTY D., RAO S.R., ONYŚK A., RADKIEWICZ M., SURMACZ L., ŚWIEŻEWSKA
E., SOUBEYRAND E., AKHTAR T.A., KRAFT T.W., SHERRY D.M., FLIESLER S.J., PITTLER S.J.,
A *Dhdds* K42E knock-in RP59 mouse model shows inner retina pathology and defective synaptic
transmission.

Cell Death & Disease (2023) 14(7): 420

DOI: 10.1038/s41419-023-05936-4

IF 9.0 (2022)

6565

DMOWSKI M., MAKIEŁA-DZBEŃSKA K., SHARMA S., CHABES A., FIJAŁKOWSKA I.J.,
Impairment of the non-catalytic subunit Dpb2 of DNA Pol ϵ results in increased involvement of Pol δ
on the leading strand.

DNA Repair (2023) 129: 103541(11 p.)

DOI: 10.1016/j.dnarep.2023.103541

IF 3.8 (2022)

6566

RAKHMETULLINA A., AKIMNIYAZOVA A., NIYAZOVA T., PYRKOVA A., TAUASSSAROVA M.,
IVASHCHENKO A., ZIELENKIEWICZ P.,
Interactions of piRNAs with the mRNA of Candidate Genes in Esophageal Squamous Cell Carcinoma.
Current Issues in Molecular Biology (2023) 45(7): 6140–6153
DOI: 10.3390/cimb45070387
IF 3.1 (2022)

6567

BOREK B., NOWICKA J., GZIK A., DZIĘGIELEWSKI M., JĘDRZEJCZAK K., BRZEZIŃSKA J., GRZYBOWSKI M.,
STAŃCZAK P., POMPER P., ZAGOŹDŻON A., REJCZAK T., MATYSZEWSKI K., GOŁĘBIEWSKI A., OLCZAK
J., LISIECKI K., TYSZKIEWICZ M., KANIA M., PIASECKA S., CABAJ A., DERA P., MULEWSKI K.,
CHRZANOWSKI J., KUŚMIREK D., SOBOLEWSKA E., MAGDYCZ M., MUCHA Ł., MASNYK M., GOŁĄB J.,
NOWOTNY M., NOWAK E., NAPIÓRKOWSKA-GROMADZKA A., PIKUL S., JAŻWIEC R., DZWONEK K.,
DOBRZAŃSKI P., MEYRING M., SKOWRONEK K., IWANOWSKI P., ZASŁONA Z., BŁASZCZYK R.,
Arginase 1/2 Inhibitor OATD-02: From Discovery to First-in-man Setup in Cancer Immunotherapy.
Molecular Cancer Therapeutics (2023) 22(7): 807-817
DOI: 10.1158/1535-7163.MCT-22-0721
IF 5.7 (2022)

6568

BOROWSKI Ł.S., KASZTELAN K., CZERWIŃSKA-KOSTRZEWSKA J., SZCZĘSNY R.J.,
High-Throughput Image-Based Quantification of Mitochondrial DNA Synthesis and Distribution.
Jove-Journal of Visualized Experiments (2023) 195: e65236 (13 p.)
DOI: 10.3791/65236
IF 1.2 (2022)

6569

HARNAGEL A.P., SHESHOVA M., ZHENG M., ZHENG M., SKORUPIŃSKA-TUDEK K., ŚWIEŻEWSKA E.,
LUPOLI T.J.,
Preference of Bacterial Rhamnosyltransferases for 6-Deoxysugars Reveals a Strategy To Deplete O-
Antigens.
Journal of the American Chemical Society (2023) 145(29): 15639–15646
DOI: 10.1021/jacs.3c03005
IF 15.0 (2022)

6570

SARNOWSKA E., KUBALA S., ĆWIEK P., SACHAROWSKI S., 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., SKONECZNA A., DOMAGALSKA M.A., AMAR S.,
HAJIREZAEI M-R., SIEDLECKI J.A., FERNIE A.R., DAVIS S.J., SARNOWSKI T.J.,
A non-canonical function of Arabidopsis ERECTA proteins and a role of the SWI3B subunit of the
SWI/SNF chromatin remodeling complex in gibberellin signaling.
The Plant Journal (2023) 115(3): 788-802
DOI: 10.1111/tpj.16261
IF 7.2 (2022)

6571

GREGORCZYK P., PORĘBSKA N., ŻUKOWSKA D., CHORAŻEWSKA A., GĘDAJ A., MALINOWSKA A., OTLEWSKI J., ZAKRZEWSKA M., OPALIŃSKI Ł.,
N-glycosylation acts as a switch for FGFR1 trafficking between the plasma membrane and nuclear envelope.

Cell Communication and Signaling (2023) 21(1): 177 (15 p.)

DOI: 10.1186/s12964-023-01203-3

IF 8.4 (2022)

6572

FANTUZZI A., HANIEWICZ P., FARCI D., LOI M.C., PARK K., BÜCHEL C., BOCHTLER M., RUTHERFORD A.W., PIANO D.,

Bicarbonate activation of the monomeric photosystem II-PsbS/Psb27 complex.

Plant Physiology (2023) 192(4): 2656-2671

DOI: 10.1093/plphys/kiad275

IF 7.4 (2022)

6573

BOREK S., STEFANIAK SZ., NUC K., WOJTYŁA Ł., RATAJCZAK E., SITKIEWICZ E., MALINOWSKA A., ŚWIDERSKA B., WLEKLIK K., PIETROWSKA-BOREK M.,

Sugar Starvation Disrupts Lipid Breakdown by Inducing Autophagy in Embryonic Axes of Lupin (*Lupinus* spp.) Germinating Seeds.

International Journal of Molecular Sciences (2023) 24(14): 11773 (31 p.)

DOI: 10.3390/ijms241411773

IF 5.6 (2022)

6574

LESZCZYŃSKA K., ŚWIĘCICKA I., DANILUK T., LEBENSZTEJN D., CHMIELEWSKA-DEPTUŁA S., LESZCZYŃSKA D., GAWOR J., KLIBER M.,

Escherichia albertii as a Potential Enteropathogen in the Light of Epidemiological and Genomic Studies.

Genes (2023) 14(7): 1384 (19 p.)

DOI: 10.3390/genes14071384

IF 3.5 (2022)

6575

MIERZEJEWSKA J., KOWALSKA P., MARLICKA K., DWORAKOWSKA S., SITKIEWICZ E., TRZASKOWSKI M., GŁUCHOWSKA A., MOSIENIAK G., MILNER-KRAWCZYK M.,

Exploring Extracellular Vesicles of Probiotic Yeast as Carriers of Biologically Active Molecules Transferred to Human Intestinal Cells.

International Journal of Molecular Sciences (2023) 24(14): 11340 (15 p.)

DOI: 10.3390/ijms241411340

IF 5.6 (2022)

6576

ENKLER L., SZENTGYÖRGYI V., PENNAUER M., PRESCIANOTTO-BASCHONG C., RIEZMAN I., WIĘSYK A., AVRAHAM R.E., SPIESS M., ZALCKVAR E., KUCHARCZYK R., RIEZMAN H., SPANG A.,

Arf1 coordinates fatty acid metabolism and mitochondrial homeostasis.

Nature Cell Biology (2023) 25(8): 1157–1172

DOI: 10.1038/s41556-023-01180-2

IF 21.3 (2022)

6577

OLEK R.A., SAMBOROWSKA E., WIŚNIEWSKI P., WOJTKIEWICZ P., WOCHNA K., ZIELIŃSKI J.,
Effect of a 3-month L-carnitine supplementation and resistance training program on circulating
markers and bone mineral density in postmenopausal women: a randomized controlled trial.

Nutrition & Metabolism (2023) 20(1): 32 (8 p.)

DOI: 10.1186/s12986-023-00752-1

IF 4.5 (2022)

6578

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

Robust ParB Binding to Half-parS Sites in *Pseudomonas aeruginosa*-A Mechanism for Retaining ParB
on the Nucleoid?

International Journal of Molecular Sciences (2023) 24(15): 12517 (17 p.)

DOI: 10.3390/ijms241512517

IF 5.6 (2022)

6579

PLENZLER J., PIOTROWICZ K., RYMER W., BUDZIK T.,

Variability of biothermal conditions in the vicinity of the Polish Antarctic station in the South
Shetlands, West Antarctica.

Polar Research (2023) 42: 9108 (12 p.)

DOI: 10.33265/polar.v42.9108

IF 1.9 (2022)

6580

BARANOWSKI B., PAWŁOWSKI K.,

Protein family neighborhood analyzer- ProFaNA.

PeerJ (2023) 11: e15715 (24 p.)

DOI: 10.7717/peerj.15715

IF 2.7 (2022)

6581

GRYGANSKYI A.P., GOLAN J., MUSZEWSKA A., IDNURM A., DOLATABADI S., MONDO S.J., KUTOVENKO
V.B., KUTOVENKO V.O., GAJDECZKA M.T., ANISHCHENKO I.M., PAWŁOWSKA J., TRAN N.V.,
EBERSBERGER I., VOIGT K., WANG Y., CHANG Y., PAWŁOWSKA T.E., HEITMAN J., VILGALYS R., BONITO
G., BENNY G.L., SMITH M.E., REYNOLDS N., JAMES T.Y., GRIGORIEV I.V., SPATAFORA J.W., STAJICH
J.E.,

Sequencing the Genomes of the First Terrestrial Fungal Lineages: What Have We Learned?

Microorganisms (2023) 11(7): 1830 (24 p.)

DOI: 10.3390/microorganisms11071830

IF 4.5 (2022)

6582

RACHOWKA J., ANIELSKA-MAZUR A., BUCHOLC M., STEPHENSON K., KULIK A.,

SnRK2.10 kinase differentially modulates expression of hub WRKY transcription factors genes under
salinity and oxidative stress in *Arabidopsis thaliana*.

Frontiers in Plant Science (2023) 14: 1135240 (21 p.)

DOI: 10.3389/fpls.2023.1135240

IF 5.6 (2022)

6583

KARSKA N., ZHUKOV I., LIPIŃSKA A.D., RODZIEWICZ-MOTOWIDŁO S., KRUPA P.,
Why does the herpes simplex 1 virus-encoded UL49.5 protein fail to inhibit the TAP-dependent antigen presentation?

Biochimica et Biophysica Acta-Biomembranes (2023) 1865(8): 184200 (12 p.)

DOI: 10.1016/j.bbamem.2023.184200

IF 3.4 (2022)

6584

MIERZEJEWSKI B., GRABOWSKA I., MICHALSKA Z., ZDUŃCZYK K., ZARĘBA F., IRHASHAVA A.,
CHRZĄSZCZ M., PATRYCY M., STREMIŃSKA W., JAŃCZYK-ILACH K., KOBLOWSKA M., IWANICKA-
NOWICKA R., GROMADKA A., KOWALSKI K., CIEMERYCH M.A., BRZÓSKA E.,
SDF-1 and NOTCH signaling in myogenic cell differentiation: the role of miRNA10a, 425, and 5100.

Stem Cell Research & Therapy (2023) 14(1): 204 (26 p.)

DOI: 10.1186/s13287-023-03429-x

IF 7.5 (2022)

6585

POPŁAWSKI P., ZARYCHTA-WIŚNIEWSKA W., BURDZIŃSKA A., BOGUSŁAWSKA J., ADAMIOK-
OSTROWSKA A., HANUSEK K., RYBICKA B., BIAŁAS A., KOSSOWSKA H., IWANICKA-NOWICKA R.,
KOBLOWSKA M., PĄCZEK L., PIEKIEŁKO-WITKOWSKA A.

Renal cancer secretome induces migration of mesenchymal stromal cells.

Stem Cell Research & Therapy (2023) 14(1): 200 (13 p.)

DOI: 10.1186/s13287-023-03430-4

IF 7.5 (2022)

6586

ŻURAWSKA M., BASIK M., AGUILAR-MAHECHA A., DADLEZ M., DOMAŃSKI D.,
A micro-flow, high-pH, reversed-phase peptide fractionation and collection system for targeted and
in-depth proteomics of low-abundance proteins in limiting samples.

MethodsX (2023) 11: 102306 (11 p.)

DOI: 10.1016/j.mex.2023.102306

IF 1.9 (2022)

6587

NAZARUK P., TKACZYK I., MONTICOLO M., JĘDRZEJCZAK A.M., KRATA N., PĄCZEK L., FORONCEWICZ
B., MUCHA K.,

Hybrid Immunity Provides the Best COVID-19 Humoral Response in Immunocompromised Patients
with or without SARS-CoV-2 Infection History.

Vaccines (2023) 11(8): 1380 (18 p.)

DOI: 10.3390/vaccines11081380

IF 7.8 (2022)

6588

FUDALA K., BIALIK R.J.,

Identifying Important Bird and Biodiversity Areas in Antarctica Using RPAS Surveys—A Case Study of
Cape Melville, King George Island, Antarctica.

Drones (2023) 7(8): 538 (11 p.)

DOI: 10.3390/drones7080538

IF 4.8 (2022)

6589

JAGIELSKA M., HAŁAKUC P., PŁECHA M., MILANOWSKI R.,

Genomy mitochondrialne – jedność i różnorodność.

Postępy Biochemii (2023) 69(2): 113-121

DOI: 10.18388/pb.2021_486

IF - (2022)

6590

TOŁKACZ K., KRETSCHMER M., NOWAK S., MYŚLAJEK R.W., ALSARRAF M., WĘŻYK D., BAJER A.,

The first report on *Hepatozoon canis* in dogs and wolves in Poland: clinical and epidemiological features.

Parasites & Vectors (2023) 16: 313 (11 p.)

DOI: 10.1186/s13071-023-05928-5

IF 3.2 (2022)

6591

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

Fucose as a nutrient ligand for *Dikarya* and a building block of early diverging lineages.

IMA Fungus (2023) 14: 17 (17 p.)

DOI: 10.1186/s43008-023-00123-8

IF 5.4 (2022)

6592

KUJAWA M.J., ŚWIĘTOŃ D., WIERZBA J., GRZYWIŃSKA M., BUDZIŁO O., LIMANÓWKA M.,

PIERZYNOWSKA K., GAFFKE L., GRABOWSKI Ł., CYSKE Z., RINTZ E., RĄBALSKI Ł., KOSIŃSKI M.,

WĘGRZYN G., MAŃSKI A., ANIKIEJ-WICZENBACH P., RANGANATH L., PISKUNOWICZ M.,

Clinical presentation of 13 children with alkaptonuria.

Journal of Inherited Metabolic Disease (2023) 46(5): 916-930

DOI: 10.1002/jimd.12647

IF 4.2 (2022)

6593

PŁONKA D., WIŚNIEWSKA M.D., ZIEMSKA-LEGIEĆKA J., GRYNBERG M., BAL W.,

The Cu(II) affinity constant and reactivity of Hephcidin-25, the main iron regulator in human blood.

Journal of Inorganic Biochemistry (2023) 248: 112364 (11 p.)

DOI: 10.1016/j.jinorgbio.2023.112364

IF 3.9 (2022)

6594

TAHMAZ I., SHAHMORADI GHAHE S., STASIAK M., LIPUT K.P., JONAK K., TOPF U.,

Prefoldin 2 contributes to mitochondrial morphology and function.

BMC Biology (2023) 21: 193 (27 p.)

DOI: 10.1186/s12915-023-01695-y

IF 5.4 (2022)

6595

PARK S., KIM M., LIN Y., HONG M., NAM G., MIECZKOWSKI A., KARDOS J., LEE Y-H., LIM M.H.,

Designing multi-target-directed flavonoids: a strategic approach to Alzheimer's disease.

Chemical Science (2023) 14: 9293 (13 p.)

DOI: 10.1039/d3sc00752a

IF 8.4 (2022)

6596

GRZESIAK J., GAWOR J., ROGALA M.M., KOUŘILOVÁ X., OBRUČA S.,
Genetic engineering of low-temperature polyhydroxyalkanoate production by *Acidovorax* sp. A1169,
a psychrophile isolated from a subglacial outflow.

Extremophiles (2023) 27: 25 (14 p.)

DOI: 10.1007/s00792-023-01311-5

IF 2.9 (2022)

6597

PUZIA W., GAWOR J., GROMADKA R., ŻUCHNIEWICZ K., WRÓBEL-PAWELCZYK I., RONKIEWICZ P.,
GOŁĘBIEWSKA A., HRYNIEWICZ W., SADOWY E., SKOCZYŃSKA A.,
Highly Resistant Serotype 19A *Streptococcus pneumoniae* of the GPSC1/CC320 Clone from Invasive
Infections in Poland Prior to Antipneumococcal Vaccination of Children.

Infectious Diseases and Therapy (2023) 12(8): 2017-2037

DOI: 10.1007/s40121-023-00842-w

IF 5.4 (2022)

6598

GOROSPE C.M., CARVALHO G., HERRERA CURBELO A., MARCHHART L., MENDES I.C., NIEDŹWIECKA
K., WANROOIJ P.H.,

Mitochondrial membrane potential acts as a retrograde signal to regulate cell cycle progression.

Life Science Alliance (2023) 6(12): e202302091 (14 p.)

DOI: 10.26508/lsa.202302091

IF 4.4 (2022)

6599

RAKHMETULLINA A., IVASHCHENKO A., PYRKOVA A., UTEULIN K., ZIELENKIEWICZ P.,

In silico analysis of maize and wheat miRNAs as potential regulators of human gene expression.

ExRNA (2023) 5:4 (15 p.)

DOI: 10.21037/exrna-23-4

IF - (2022)

6600

MARKS R., PAWŁOWSKI P.H.,

Rotational-electric principles of RNA/DNA and viability.

AIMS Biophysics (2023) 10(3): 385-400

DOI: 10.3934/biophy.2023023

IF 1.5 (2022)

6601

JELEŃ M., GROCHOWINA I., GRABIŃSKA-ROGALA A., CIESIELSKI SZ. J., DĄBROWSKA K., TOMICZEK B.,
NIERZWICKI Ł., DELEWSKI W., SCHILKE B., CZUB J., DADLEZ M., DUTKIEWICZ R., CRAIG E.A.,
MARSZAŁEK J.,

Analysis of Reconstituted Tripartite Complex Supports Avidity-based Recruitment of Hsp70 by
Substrate Bound J-domain Protein.

Journal of Molecular Biology (2023) 435(21): 168283 (15 p.)

DOI: 10.1016/j.jmb.2023.168283

IF 5.6 (2022)

6602

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

Apoptotic Factors Are Evolutionarily Conserved Since Mitochondrial Domestication.

Genome Biology and Evolution (2023) 15(10): evad154 (14 p.)

DOI: 10.1093/gbe/evad154

IF 3.3 (2022)

6603

ENKHBAATAR T., SKONECZNY M., STĘPIEŃ K., MOŁOŃ M., SKONECZNA A.,

Live while the DNA lasts. The role of autophagy in DNA loss and survival of diploid yeast cells during chronological aging.

Aging-US (2023) 15(19): 9967-9992

DOI: 10.18632/aging.205102

IF 5.2 (2022)

6604

TOMASOVA L., MAKSYMIOUK K., CHABOWSKI D., SAMBOROWSKA E., UFNAL M.,

Mice, Rats and Guinea Pigs Exhibit Significant Variations in the Plasma, Urine and Tissue Levels of Taurine, Betaine, Sarcosine and Other Osmolyte-Active Amino Acids.

Discovery Medicine (2023) 35(177): 492-502

DOI: 10.24976/Descov.Med.202335177.50

IF 1.4 (2022)

6605

OSTROWSKI G., JAWORSKA D., PŁECHA M., PRZYBYLSKI W., SAŁEK P., SAWICKI K., PAWŁOWSKA J., Cold adapted and closely related *mucoraceae* species colonise dry-aged beef (DAB).

Fungal Biology (2023) 127(10-11): 1397-1404

DOI: 10.1016/j.funbio.2023.09.005

IF 2.5 (2022)

6606

CUKIER S., RĄCZKA R., KAMASZEWSKI M.,

Large branchiopods in extensive carp ponds - morphometric analysis of *Triops cancriformis* (Bosc, 1801) and *Streptocephalus torvicornis* (Waga, 1842).

Oceanological and Hydrobiological Studies (2023) 52(3): 374-388

DOI: 10.26881/oahs-2023.3.10

IF 0.9 (2022)

6607

SZCZĘŚNIAK K., VEILLARD F., SCAVENIUS C., CHUDZIK K., FERENC K., BOCHTLER M., POTEMPA J., MIZGALSKA D.,

The Bacteroidetes Q-rule and glutaminyl cyclase activity increase the stability of extracytoplasmic proteins.

mBio (2023) 14(5): e0098023 (16 p.)

DOI: 10.1128/mbio.00980-23

IF 6.4 (2022)

6608

YANG X.-C., DESOTELL A., LIN M.-H., PAIGE A.S., MALINOWSKA A., SUN Y., AIK W.S., DADLEZ M., TONG L., DOMIŃSKI Z.,

In vitro methylation of the U7 snRNP subunits Lsm11 and SmE by the PRMT5/MEP50/pICln methylosome.

RNA (2023) 29(11): 1673-1690

DOI: 10.1261/rna.079709.123

IF 4.5 (2022)

6609

SOKOŁOWSKA B., ORŁOWSKA M., OKRASIŃSKA A., PIŁSYK S., PAWŁOWSKA J., MUSZEWSKA A.,
What can be lost? Genomic perspective on the lipid metabolism of *Mucoromycota*.

IMA Fungus (2023) 14(1): 22 (21 p.)

DOI: 10.1186/s43008-023-00127-4

IF 5.4 (2022)

6610

RUDZKA A., PATLOKA O., PŁECHA M., KRÓLIKOWSKI T., OCZKOWSKI M., ZBOROWSKI M., KOŁOŻYN-KRAJEWSKA D., ZIELIŃSKA D.,

Changes in the microbiome of a human and in the Simulator of Human Intestinal Microbial Ecosystem (SHIME®) in response to a diet and probiotic supplementation.

Żywność. Nauka. Technologia. Jakość (2023) 30(1): 53-72

DOI: 10.15193/zntj/2023/134/437

IF - (2022)

6611

TOMECKI R., DRAŻKOWSKA K., KOBYŁECKI K., TUDEK A.,

SKI complex: A multifaceted cytoplasmic RNA exosome cofactor in mRNA metabolism with links to disease, developmental processes, and antiviral responses.

Wiley Interdisciplinary Reviews-RNA (2023) 14(6): e1795 (69 p.)

DOI: 10.1002/wrna.1795

IF 7.3 (2022)

6612

ZAKRZEWSKA-PŁACZEK M., GOLISZ-MOCYDLARZ A., KRZYSZTOŃ M., PIOTROWSKA J., LICHOCKA M., KUFEL J.,

The nucleolar protein NOL12 is required for processing of large ribosomal subunit rRNA precursors in Arabidopsis.

BMC Plant Biology (2023) 23(1): 538 (16 p.)

DOI: 10.1186/s12870-023-04561-9

IF 5.3 (2022)

6613

GUTKOWSKA M., BUSZEWICZ D., ZAJBT-ŁUCZNIEWSKA M., RADKIEWICZ M., NOWAKOWSKA J., ŚWIEŻEWSKA E., SURMACZ L.,

Medium-chain-length polyprenol (C45-C55) formation in chloroplasts of Arabidopsis is brassinosteroid-dependent.

Journal of Plant Physiology (2023) 291: 154126 (10 p.)

DOI: 10.1016/j.jplph.2023.154126

IF 4.3 (2022)

6614

MORCINEK-ORŁOWSKA J., WALTER B., FORQUET R., CYSEWSKI D., CARLIER M., MOZOLEWSKI M., MEYER S., GLINKOWSKA M.,
Interaction networks of *Escherichia coli* replication proteins under different bacterial growth conditions.

Scientific Data (2023) 10(1): 788 (15 p.)

DOI: 10.1038/s41597-023-02710-1

IF 9.8 (2022)

6615

SCHINDLER D., WALKER R.S.K., JIANG S., BROOKS A.N., WANG Y., MÜLLER C.A., COCKRAM CH., LUO Y., GARCIA A., SCHRAIVOGEL D., MOZZICONACCI J., PENNA N., ASSARI M., SÁNCHEZ OLMOS MDC., ZHAO Y., BALLERINI A., BLOUNT B.A., CAI J., OGUNLANA L., LIU W., JÖNSSON K., ABRAMCZYK D., GARCIA-RUIZ E., TUROWSKI T.W., SWIDAH R., ELLIS T., PAN T., ANTEQUERA F., SHEN Y., NIEDUSZYNSKI C.A., KOSZUL R., DAI J., STEINMETZ L.M., BOEKE J.D., CAI Y.,
Design, construction, and functional characterization of a tRNA neochromosome in yeast.

Cell (2023) 186(24): 5237-5253.e22

DOI: 10.1016/j.cell.2023.10.015

IF 64.5 (2022)

6616

BAJER A., ALSARRAF M., TOPOLNYTSKA M., TOŁKACZ K., DWUŹNIK-SZAREK D., RODO A.,
Vector-borne parasites in dogs from Ukraine translocated to Poland following Russian invasion in 2022.

Parasites & Vectors (2023) 16(1): 430 (7 p.)

DOI: 10.1186/s13071-023-06042-2

IF 3.2 (2022)

6617

HONG Y., MACKENZIE E.S., FIRTH S.J., BOLTON J.R.F., STEWART L.J., WALDRON K.J., DJOKO K.Y.,
Mis-regulation of Zn and Mn homeostasis is a key phenotype of Cu stress in *Streptococcus pyogenes*.

Metallomics (2023) 15(11): mfad064 (12 p.)

DOI: 10.1093/mtomcs/mfad064

IF 3.4 (2022)

6618

MUCHA O., MYSZKA M., PODKALICKA P., ŚWIDERSKA B., MALINOWSKA A., DULAK J., ŁOBODA A.,
Proteome Profiling of the Dystrophic *mdx* Mice Diaphragm.

Biomolecules (2023) 13(11): 1648 (22 p.)

DOI: 10.3390/biom13111648

IF 5.5 (2022)

6619

AJIJAH N., FIODOR A., DZIURZYŃSKI M., STASIUK R., PAWŁOWSKA J., DZIEWIT Ł., PRANAW K.,
Biocontrol potential of *Pseudomonas protegens* ML15 against *Botrytis cinerea* causing gray mold on postharvest tomato (*Solanum lycopersicum* var. *cerasiforme*).

Frontiers in Plant Science (2023) 14: 1288408 (18 p.)

DOI: 10.3389/fpls.2023.1288408

IF 5.6 (2022)

6620

WYPYCH A., DUNISŁAWSKA A., GRABOWSKA M., MICHAŁEK K., OŹGO M., LIPUT K., HEROSIMCZYK A., POŁAWSKA E., PIERZCHAŁA M., LEPCZYŃSKI E.,
Effects of three-month feeding high-fat diets with different fatty acid composition on kidney histology and expression of genes related to cellular stress and water-electrolyte homeostasis in mice.

Journal of Animal and Feed Sciences (2023) 32(4): 372-384

DOI: 10.22358/jafs/163179/2023

IF 1.0 (2022)

6621

KOBIERECKA P., WYSZYŃSKA A., ALEKSANDRZAK-PIEKARCZYK T., SAŁAŃSKA A., GAWOR J., BARDOWSKI J.K., JAGUSZTYN-KRYNICKA E.K.,
Genomic and transcriptomic analysis of *Ligilactobacillus salivarius* IBB3154-in search of new promoters for vaccine construction.

Microbiology Spectrum (2023) 11(6): e0284423 (16 p.)

DOI: 10.1128/spectrum.02844-23

IF 3.7 (2022)

6622

BREVIK K., SCHOVILLE S.D., MUSZEWSKA A., PÉLISSIE B., COHEN Z., IZZO V., CHEN Y. H.,
Transposable elements differ between geographic populations of the Colorado potato beetle, *Leptinotarsa decemlineata* (Coleoptera: Chrysomelidae).

Environmental Entomology (2023) 52(6): 1162-1171

DOI: 10.1093/ee/nvad105

IF 1.7 (2022)

6623

HABICH M., PAWLIŃSKI B., LORENC K., SADY M., SIEWRUK K., ZIELENKIEWICZ P., GAJEWSKI Z., POZNAŃSKI J., PĄCZEK L., SZCZĘŚNY P.,
The relationship between EMG high frequency and low frequency band amplitude changes correlates with tissue inorganic phosphate levels.

Acta Biochimica Polonica (2023) 70(4): 951-954

DOI: 10.18388/abp.2020_6893

IF 1.7 (2022)

ABSTRAKTY 2023

5078/A

FERENC M., HOLMAN D.R., PIETRZYCKI M., SZCZEPANKOWSKA A.K., LOPATINA A., POLZ M.,
Mathematical modeling of phage-host interactions for investigating bacterial
Immunity and phage counter-defense proteins.

EMBO Workshop: The Immune System of Bacteria, Rehovot, Israel, 28 February - 3 March 2023

Abstracts, poster

5079/A

SOKOŁOWSKA B., ORŁOWSKA M., OKRASIŃSKA A., PIŁSYK S., PAWŁOWSKA J., MUSZEWSKA A.,
Distribution of lipid metabolism enzymes in Mucoromycota shows repeated loss of ergosterol syn-thesis
genes in plant-associated fungi.

16th European Conference on Fungal Genetics, Basal Fungi Workshop, Innsbruck, Austria, 5-8 March 2023

Abstracts, talk

5080/A

BARUA D., MUSZEWSKA A.,

A minimal fanconi anemia complex present in early diverging fungi.

16th European Conference on Fungal Genetics, Innsbruck, Austria, 5-8 March 2023

Abstracts, poster

5081/A

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

Janus-faced fucose as a nutrient ligand for Dikarya and a building block of Early Diverging Lineages.

16th European Conference on Fungal Genetics, Innsbruck, Austria, 5-8 March 2023

Abstracts, poster

5082/A

SIKORA A.,

Microorganisms as producers of biohydrogen and biomethane.

Tribute to Stan Halas & 30th Anniversary of Laboratory of Isotope Geology and Geoecology,
Wrocław, Poland, 9-11 May 2023

Abstracts, oral presentation

5083/A

KURYŁEK A., GAWOR J., ŻUCHNIEWICZ K., GROMADKA R., KERN-ZDANOWICZ I.,

Potential virulence factors of an invasive *Streptococcus anginosus* strain.

ECCMID 2023, Copenhagen, Denmark, 15-18 April 2023

Abstracts, poster

5084/A

BAL W., KLUSKA K., SZCZERBA P., KERBER O., TRAN J., ZHUKOV I., KRĘŻEL A.,

Fox in the henhouse: how Ag(I) ions destroy structure and function of zinc fingers and like domains.

CanBIC-8, Parry Sound, Canada, 23-26 May, 2023

Abstracts, oral presentation

5085/A

KORCZAK-ABSHIRE M., JAWORSKA K., PABJANEK P., KYCKO M., ZMARZ A.,

Nest-site preferences of *Pygoscelis penguins* - spatial analysis based on DEM.

Symposium Polarne/Polar Symposium BIS, Sopot, 19 May 2023

Abstracts, poster

5086/A

ZMARZ A., KARLSEN S.R., KYCKO M., KORCZAK-ABSHIRE M., GOŁĘBIEWSKA I., KARSZNIA I.,
CHWEDORZEWSKA K.J.,

BVLOS UAV missions for vegetation mapping in Antarctic Specially Protected Area 128.

Symposium Polarne/Polar Symposium BIS, Sopot, 19 May 2023

Abstracts, poster

5087/A

KORCZAK-ABSHIRE M., HINKE J.T., JUÁRES M.A., MILINEVSKY G., SANTOS M., WATTERS G.M.,

Tracking the overwinter habitat use of *Pygoscelis penguins* in Antarctic Peninsula region.

Symposium Polarne/Polar Symposium BIS, Sopot, 19 May 2023

Abstracts, oral presentation

5088/A

FRYDZIŃSKA Z., NATKAŃSKA U., SKONECZNA A., SKONECZNY M.,

Saccharomyces cerevisiae Hsp31p as a tool in the studies of Unconventional Protein Secretion.

47th Annual Conference on Yeasts, Smolenice, Slovakia, 16-19 May 2023

Abstracts, oral presentation

5089/A

ENKHBAATAR T., SKONECZNY M., STĘPIEŃ K., MOŁOŃ M., SKONECZNA A.,

Chronological aging - live while the DNA lasts.

47th Annual Conference on Yeasts, Smolenice, Slovakia, 16-19 May 2023

Abstracts, oral presentation

5090/A

BRZYKCY J., GRZESIAK J., STASIUK R., MATLAKOWSKA R.,

Geomicrobiology of soils in the Hornsund region (Svalbard, High Arctic).

Symposium Polarne/Polar Symposium BIS, Sopot, 19 May 2023

Abstracts, poster

5091/A

BRZYKCY J., MATLAKOWSKA R., STASIUK R., GRZESIAK J.,

Nitrogen cycling model in Arctic ornithogenic soil (Hornsund, Svalbard).

The 10th Intercollegiate Biotechnology Symposium "Symbioza", Warsaw, 12-14 May 2023

Abstracts, poster

5092/A

GÓRECKA M., JONAK M., KRZYMOWSKA M.,

To be or not to be a toxin – How does the HopAG1 effector upset the host?

2nd International Molecular Plant Protection Congress, Orhangazi, Turkey, 15-18 May 2023

Abstracts, oral presentation

5093/A

KOSSAKOWSKI A., MUSZEWSKA A.,

Unraveling the unknown: New proteins in motility apparatus of Chytridiomycota.

MycoriseUp! Youth in Mycology, 4th edition, Lublin, Poland, 20-21 May 2023

Abstracts, talk

5094/A

BARUA D., MUSZEWSKA A.,

Fanconi Anemia pathway in Early Diverging Fungi.

MycoRiseUp! Youth in Mycology, 4th edition, Lublin, Poland, 20-21 May 2023

Abstracts, talk

5095/A

TOŁKACZ K., BELLIORE J., BARROS-GARCIA C., COLOMINAS-CIURO R., MORANDINI V., BARBOSA A.,

Zasięg występowania kleszczy *Ixodes uriae* w rejonie Sztetlandów Południowych oraz wzdłuż zachodniego brzegu Półwyspu Antarktycznego.

Symposium Polarne/Polar Symposium BIS, Sopot, 19 May 2023

Abstracts, oral presentation

5096/A

SARNOWSKI T.J.,

Czy układy modelowe oparte o *Arabidopsis thaliana* i krewetki mogą pomóc w lepszym zrozumieniu chorób nowotworowych?

VII Ogólnopolska Konferencja Genetyczna Genomica, Cracow, Poland, 19-21 May 2023

Abstracts, oral presentation

5097/A

ŁOPUSIŃSKA A., TYS M., BOGUTA M., CIEŚLA M.,

Molecular insights into the regulation of RNA polymerase III transcription machinery by the ubiquitin ligase Rsp5.

OddPols 2023. International Conference on Transcription Mechanism and Regulation by archaeal RNA Polymerases and eukaryotic RNA polymerases I, III, IV and V, Jaen, Spain, 30 May - 2 June 2023

Abstracts, poster

5098/A

TOŁKACZ K., KOWALEC M., ALSARRAF M., GRZYBEK M., DWUŻNIK-SZAREK D., BEHNKE J.M., BAJER A.,
From mummy, with love: vertical transmission of *Candidatus Neoehrlichia mikurensis* and Hepatozoon sp. in voles (*Microtus spp.*).

10th Conference of the Scandinavian-Baltic Society for Parasitology, Tartu, Estonia, 5-7 June 2023

Abstracts, oral presentation

5099/A

TOŁKACZ K., MORANDINI V., BELLIORE J., COLOMINAS-CIURO R., BARROS-GARCIA C., BARBOSA A.,
Seabird ticks (*Ixodes uriae*) distribution in Antarctica.

10th Conference of the Scandinavian-Baltic Society for Parasitology, Tartu, Estonia, 5-7 June 2023

Abstracts, poster

5100/A

BECHLER Z., ZDANOWSKI K., BUCHOLC M., DOBROWOLSKA G., ŚWIEŻEWSKA E., SURMACZ L.,
Phosphorylation of cis-prenyltransferases by SnRK2 kinases as a potential mechanism regulating biosynthesis of polyisoprenoids in plants.

10th European Symposium on Plant Lipids, Amsterdam, the Netherlands, 9-12 July 2023

Abstracts, poster

5101/A

KOPACZ A., KLÓSKA D., TARGOSZ-KORECKA M., CYSEWSKI D., AWSIUK K., JÓZKOWICZ A., GROCHOT-PRZĘCZEK A.,

NRF2 and aging impair the aortic structural properties– impact on abdominal aortic aneurysm.

Redox Biology Congress, Vienna, Austria, 6-9 June 2023

Free Radical Biology and Medicine (2023) 201: 8 (suppl 1)

5102/A

TUROWSKI T., PETFALSKI E., TOLLERVEY D.,

Traffic Jam on a Highway – Fail-Safe Mechanisms for RNA Polymerase I Transcription System.

OddPols 2023. International Conference on Transcription Mechanism and Regulation by archaeal

RNA Polymerases and eukaryotic RNA polymerases I, III, IV and V, Jaen, Spain, 30 May - 2 June 2023

Abstracts, oral presentation

5103/A

GRELEWSKA-NOWOTKO K., SHCHEPACHEV V., SINGH U., TOLLERVEY D., TUROWSKI T.,

Potential for Regulation of Transcription by the Structure of SARS-CoV-2 Template RNA.

OddPols 2023. International Conference on Transcription Mechanism and Regulation by archaeal

RNA Polymerases and eukaryotic RNA polymerases I, III, IV and V, Jaen, Spain, 30 May - 2 June 2023

Abstracts, poster

5104/A

MIKOŁAJCZYK J., TUROWSKI T.,

Mapping Active Transcription Sites of Human RNA Polymerase III at Nucleotide Resolution.

OddPols 2023. International Conference on Transcription Mechanism and Regulation by archaeal

RNA Polymerases and eukaryotic RNA polymerases I, III, IV and V, Jaen, Spain, 30 May - 2 June 2023

Abstracts, poster

5105/A

MIELECKI D., DETMAN A., ALEKSANDRZAK-PIEKARCZYK T., CHOJNACKA A., SIKORA A.,

The genome of non-sourdough-derived *Kazachstania humilis* MAW1 strain in the context of its antibacterial properties.

VII Ogólnopolskie Sympozjum Mikrobiologiczne „Metagenomy Różnych Środowisk”, Lublin, 20-21 June 2023

Abstracts, oral presentation

5106/A

FEDOROWICZ M., HAŁAS A., MACIAS M., ŚLEDZIEWSKA-GÓJSKA E., WOODGATE R., McINTYRE J.,

E3 ubiquitin ligase RNF2 regulates the cellular level of human most mutagenic DNA polymerase - polymerase iota.

2nd Annual Meeting of the ProteoCure COST Action, Zagreb, Croatia, 12-15 June 2023

Abstracts, oral presentation

5107/A

KASZTELAN A., MASZKOWSKA J., CIEŚLAK D., KASZTELAN K., ANIELSKA-MAZUR A., POLKOWSKA-KOWALCZYK L., NOH CH., STEFFEN A., POZNAŃSKI J., GUTIERREZ-BELTRAN E., DADLEZ M., STAIGER D., SZTATELMAN O., DOBROWOLSKA G.,

Phosphorylation of Arabidopsis Glycine-Rich RNA-Binding Protein 8 by ABA-non-activated SnRK2s triggers its localization to the stress granules upon salinity stress by promoting its liquid-liquid phase separation.

33rd International Conference on Arabidopsis Research (ICAR2023), Chiba, Japan, 5-9 June 2023

Abstracts, poster

5108/A

ARMATOWSKA A., SŁUPSKI J., MOLESTAK E., TCHÓRZEWSKI M., BRESSON S., CIEŚLA M., BOGUTA M.,
The linkage between Maf1-mediated control of tRNA transcription and mRNA translation in yeast
Saccharomyces cerevisiae.

International conference on transcription mechanism and regulation by archaeal RNA polymerases
and eukaryotic RNA polymerases I, III, IV, and V, Jaen, Spain, 30 May - 2 June 2023

Abstracts, poster

5109/A

FARHAT M., ŁOPUSIŃSKA A., LEŚNIEWSKA E., CIEŚLA M., BOGUTA M.,

Functional Suppression of maf1 Deletion Mutant of *Saccharomyces cerevisiae* by Overdose of N-
terminal Domains of the Largest Pol III Subunit, C160.

OddPols 2023. International Conference on Transcription Mechanism and Regulation by archaeal
RNA Polymerases and eukaryotic RNA polymerases I, III, IV and V, Jaen, Spain, 30 May - 2 June 2023

Abstracts, poster

5110/A

LAUDY A.E., KÖHLING I., GROMADKA A., ZIELENKIEWICZ U.,

The investigation into the microbiological succession on silk decorations in museum conditions.

Technical Meeting: Conservation and Presentation of Historic Tapestries, Molesey, United Kingdom,
17-18 April 2023

Abstracts, oral presentation

5111/A

NOWAK K.P., GRUCHOTA J., ARNAIZ O., ZANGARELLI C., BETERMIER M., NOWAK J.K.,

The role of Sen1 helicase in meiosis and developmental genome rearrangements in *Paramecium*
tetraurelia.

Ciliate Molecular Biology Conference, Montpellier, France, 26-29 June 2023

Abstracts, oral presentation

5112/A

MIRÓ-PINA C., CHARMANT O., GRUCHOTA J., DE VANSSAY A., FRAPPORTI A., HUMBERT A.,
LHUIILLIER-AKAKPO M., ZANGARELLI C., BETERMIER M., ARNAIZ O., CHEVREUX G., NOWAK J.,
DUHARCOURT S.,

Control of small RNA dynamics during programmed genome elimination in *Paramecium*.

Ciliate Molecular Biology Conference, Montpellier, France, 26-29 June 2023

Abstracts, oral presentation

5113/A

KOLOMIIETS L., LOZHKO D., IATSUNSKYI I., KORNELIYUK A.I., ZHUKOV I.,

Structural aspects and computational approach to the nanocomposite complex of EMAP II cytokine
with TiO₂ nanoparticles.

NanoTech Poland Conference, Poznań, Poland, 14-16 June 2023

Abstracts, poster

5114/A

SANTO A., CHMIELEWSKA-JEZNACH M., SZCZEPANKOWSKA A.K.,

Functional analysis of a RepA-like helicase and its mutant variants encoded by *Lactococcus lactis*
bacteriophage 94p4.

Viruses of Microbes 2023, Tbilisi, Georgia, 3-7 July 2023

Abstracts, poster

5115/A

CIEŚLAK D., DOBROWOLSKA G., SZTATELMAN O.,
PMI1 NT-C2 domain binds phospholipids and is crucial for PMI1 membrane localisation.
SEB Centenary Conference, Edinburgh, United Kingdom, 4-7 July 2023

Abstracts, oral presentation

5116/A

SHAHMORADI GHAE S., TOPF U.,
Non-canonical function of prefoldin complex in maintenance of protein homeostasis.
Stress Proteins in Growth, Development and Disease- Gordon Research Conference, Castelvechio di
Barga, Italy, 2-7 July 2023

Abstracts, poster

5117/A

CHMIELEWSKA-JEZNACH M., STECZKIEWICZ K., KOBYŁECKI K., SZCZEPANKOWSKA A.K.,
An ATP-dependent 5'-3' DNA helicase of lytic *Lactococcus lactis* phage F13.
Viruses of Microbes - 2023, Tbilisi, Georgia, 3-7 July 2023

Abstracts, poster

5118/A

JONAK K., TOPF U.,
Evolutionarily conserved regulation of proteostasis networks by redox switches during the early
stages of aging.
Gordon Research Conference: Stress Proteins in Growth, Development and Disease, Lucca, Italy, 2-7
July 2023

Abstracts, poster

5119/A

WRONA M., ZINSMEISTER J., YATUSEVICH R., ŚWIEŻEWSKI S.,
BRM, a SWI/SNF ATPase controls *Arabidopsis thaliana* secondary seed dormancy.
The 14th ISSS Biennial Conference, Paris, France, 3-7 July 2023

Abstracts, poster

5120/A

SZTOMPKA K., SUROWIECKI P., SURMACZ L.,
Do rubber elongation factors are involved in the biosynthesis of polyisoprenoids in *Arabidopsis
thaliana*?
10th European Symposium on Plant Lipids, Amsterdam, the Netherlands, 9-12 July 2023

Abstracts, poster

5121/A

WANG C., KRZYSZTOŃ M., BRZEŹNIAK L., SACHAROWSKI S.P., ŚWIEŻEWSKI S.,
Seed dormancy control by UBA2A in *Arabidopsis thaliana*.
The 14th ISSS Biennial Conference, Paris, France, 3-7 July 2023

Abstracts, oral presentation

5122/A

WEREMCZUK A., SUROWIECKI P., SURMACZ L.,
The length of prenyl chains synthesized by cis-prenyltransferase depends on the subcellular
localization of the enzyme.
Plant Biology Europe 2023, Marseille, France, 3-6 July 2023

Abstracts, poster

5123/A

SZURMAK J., WILGA M., ĆWIEK P., KUBALA S., STACHOWIAK M., SARNOWSKA E., SARNOWSKI T.J.,
The role of impairment of the chromatin remodeling machinery in clear cell renal cell carcinoma.
The 47th FEBS Congress, Tours, France, 8-12 July 2023

Abstracts, poster

5124/A

ANIELSKA-MAZUR A., RACHOWKA J., STEPHENSON K., KULIK A.,
Snrk2.10 kinase differentially modulates expression of hub WRKY transcription factors genes under
salinity and oxidative stress in *Arabidopsis thaliana*.
Plant Biology Europe 2023, Marseille, France, 3-6 July 2023

Abstracts, poster

5125/A

ANIELSKA-MAZUR A., MAZUR R., POLKOWSKA-KOWALCZYK L., KULIK A.,
The SnRK2.4 and SnRK2.10 kinases act redundantly to initiate developmental- but not salinity-
induced leaf senescence.
Plant Biology Europe 2023, Marseille, France, 3-6 July 2023

Abstracts, poster

5126/A

PIŁKA N., HOFFMAN-SOMMER M., ŚWIEŻEWSKA E.,
The biosynthesis of dolichols in *Arabidopsis thaliana*.
10th European Symposium on Plant Lipids: Lipid Dynamics, Metabolism & Function Amsterdam, the
Netherlands, 9-12 July 2023

Abstracts, poster

5127/A

ZABOROWSKA M., OKSIŃSKA P., ĆWIEK P., SACHAROWSKI S., SARNOWSKA E., KUBALA S.,
SARNOWSKI T.J.,
The role of SWI/SNF chromatin remodeling complex in organ-specific transcription start site choice.
The 47th FEBS Congress – Together in bioscience for a better future, Tours, France, 8-12 July 2023

Abstracts, oral presentation

5128/A

KAUSHAL V., KLIM J., ZIELENKIEWICZ U., KURLANDZKA A., KACZANOWSKI S.,
Conserved Apoptotic Machinery: Insights from Orthologous Proteins Function in Yeast.
31st International Conference on Yeast Genetics and Molecular Biology ICYGMB31, Florence, Italy,
20-25 August 2023

Abstracts, poster presentation

5129/A

MASANTA S., WIĘSYK A., PILCH S., DE A., KASABUŁA M., PANJA CH., SKONECZNA A., KUCHARCZYK R.,
The Fmp40 ampylase regulates mitochondrial redoxin cycle in *Saccharomyces cerevisiae*.
31st International Conference on Yeast Genetics and Molecular Biology ICYGMB31, Florence, Italy,
20-25 August 2023

Abstracts, poster presentation

5130/A

PANJA CH., WIĘSYK A., KUCHARCZYK R.,

ATP synthase new subunit I has a role in permeability transition pore in yeast.

31st International Conference on Yeast Genetics and Molecular Biology ICYGMB31, Florence, Italy,
20-25 August 2023

Abstracts, poster presentation

5131/A

STAROS R., FORONCEWICZ B., KAMIŃSKA D., OCHMANN M., RASZEJA-WYSZOMIRSKA J. NAZARUK P.,
TKACZYK I., POZNAŃSKI P., STAJNEK-CICHORACKA A., ZIARKIEWICZ-WRÓBLEWSKA B., KOSIERADZKI
M., ZIENIEWICZ K., PĄCZEK L., MUCHA K.,

Post-transplantation lymphoproliferative disorder: comparison of risk and prognostic factors
between kidney and other organ transplant recipients.

60th ERA Congress, Milan, Italy, 15-18 June 2023

Nephrology Dialysis Transplantation (2023) 38 (suppl1): i965-i966

5132/A

KRATA N., MOSZCZUK B., TAŃSKA J., MONTICOLO M., PĄCZEK L., FORONCEWICZ B., MUCHA K.,

Peroxisomes are related to eGFR decline in IgA nephropathy, membranous nephropathy and lupus
nephritis: a 5-year follow-up.

60th ERA Congress, Milan, Italy, 15-18 June 2023

Nephrology Dialysis Transplantation (2023) 38 (suppl1): i1137

5133/A

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

Genetic and physical interaction of Vps13 lipid transporter with Rsp5 E3 ubiquitin ligase: coordination
of lipid synthesis with lipid transport?

31st International Conference on Yeast Genetics and Molecular Biology ICYGMB31, Florence, Italy,
20-25 August 2023

Abstracts, poster presentation

5134/A

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

Role of Ynl320w – *S. cerevisiae* serine hydrolase – in the OXPHOS and mitochondrial redox
homeostasis.

31st International Conference on Yeast Genetics and Molecular Biology ICYGMB31, Florence, Italy,
20-25 August 2023

Abstracts, poster presentation

5135/A

KOSTIUCHENKO O., GODOWSKA M., MALCZEWSKA K., KOWALCZYK M.,

Screening of natural *Lactococcus* sp. strains for persistence in the GIT and production of health-
promoting metabolites.

14th Symposium on Lactic Acid Bacteria, Egmond aan Zee, the Netherlands, 27-31 August 2023

Abstracts, poster, oral presentation

5136/A

KOPCZYŃSKA J., SŁOMKA M., KOWALCZYK M.,

The probiotic potential of natural *Leuconostoc* isolates.

14th Symposium on Lactic Acid Bacteria, Egmond aan Zee, the Netherlands, 27-31 August 2023

Abstracts, poster

5137/A

BEDNARIKOVA Z., NIEDZIAŁEK D., WIECZOREK G., KOŹMIŃSKI P., GAZOVA Z.,

A lever-like anti-A β fibrils potential of azobenzene molecules.

14 th EBSA Congress, Stockholm, Sweden, 31 July - 4 August 2023

European Biophysics Journal with Biophysics Letters (2023) 52 (suppl 1): S171-S171, P-613

5138/A

SANTO A., CHMIELEWSKA-JEZNACH M., SZCZEPANKOWSKA A.K.,

Funkcjonalna i strukturalna analiza NTPazy bakteriofaga 94p4 *Lactococcus lactis* oraz jej mutantów

II Sympozjum Bakteriofagowe, Gdańsk, 7-9 września 2023

Abstrakty, poster

5139/A

FRĄCZYK T., WEZYNFELD N.E., TOBOLSKA A., WOLSKA Z., SIKORA K., KAMYSZ W.,

Phosphorylation impacts Cu(II) binding by human peptides.

26th Polish Peptide Symposium, Stare Jabłonki, Poland, 3-7 September 2023

Abstracts, oral presentation

5140/A

KAMIŃSKA J., KABZIŃSKA D., KOCHAŃSKI A., ŻOŁĄDEK T.,

Using human cells to validate drugs effective in a yeast model of chorea acanthocytosis.

11th International Meeting on Neuroacanthocytosis Syndromes, Homburg, Germany, 15-17

September 2023

Abstracts, oral presentation

5141/A

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

Genetic and physical interaction of Vps13 lipid transporter with Rsp5 E3 ubiquitin ligase: coordination of lipid synthesis with lipid transport?

11th International Meeting on Neuroacanthocytosis Syndromes, Homburg, Germany, 15-17

September 2023

Abstracts, oral presentation

5142/A

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

Genetic and physical interaction of Vps13 lipid transporter with Rsp5 E3 ubiquitin ligase: coordination of lipid synthesis with lipid transport?

11th International Meeting on Neuroacanthocytosis Syndromes, Homburg, Germany, 15-17

September 2023

Abstracts, poster presentation

5143/A

KAŁUSKI Ł., ULATOWSKA M., ANIELSKA-MAZUR A., GŁOWACKA-RUTKOWSKA A., STEFAŃCZYK E.,

ŁOBOCKA M.,

Analiza funkcjonalna genów gronkowcowego faga MSA6 kodujących białka o przewidzianych domenach błonowych.

II Sympozjum Bakteriofagowe, Gdańsk, Polska, 7-9 września 2023

Abstrakty, prezentacja ustna

5144/A

KAŁUSKI Ł., ULATOWSKA M., ANIELSKA-MAZUR A., GŁOWACKA A., STEFAŃCZYK E., ŁOBOCKA M.,
Functional analysis of selected kayviral proteins with predicted transmembrane domains.
5th International hands-on PHAGE Biotechnology Course, Braga, Portugal, 19-23 June 2023

Abstracts, poster

5145/A

KAŁUSKI Ł., STEFAŃCZYK E., GŁOWACKA-RUTKOWSKA A., SZCZYPKOWSKA A., GAWOR J., EMPEL J.,
ORCZYKOWSKA-KOTYNA M., GROMADKA R., ŁOBOCKA M.,
A convenient genetic manipulation system to target various *Staphylococcus aureus* strains.
Viruses of Microbes, Tbilisi, Georgia, 3-7 July 2023

Abstracts, poster

5146/A

ŁOBOCKA M.,
Klasyfikacja bakteriofagów wobec ogromu danych genomowych - wytyczne International Committee
on Taxonomy of Viruses (ICTV)
II Sympozjum Bakteriofagowe, Gdańsk, Polska, 7-9 września 2023

Abstrakty, prezentacja ustna

5147/A

ŁOBOCKA M.,
Perspektywy fagoterapii zakażeń gronkowcowych w świetle badań nad bakteriofagami i interakcjami
fag-bakteria.
II Sympozjum Bakteriofagowe, Gdańsk, Polska, 7-9 września 2023

Abstrakty, prezentacja ustna

5148/A

ZAJBT-ŁUCZNIEWSKA M., SOSNOWSKA K., ARCHACKI R., BUSZEWICZ D., ŚWIEŻEWSKA E.,
Heat Shock Transcription Factors A1 (HSFA1s) and SWI/SNF ATPase BRM regulate polyprenol
biosynthesis.
10th European Symposium on Plant Lipids, Amsterdam, the Netherlands, 9-12 July 2023

Abstracts, poster

5149/A

STEFANŃCZYK E., KAŁUSKI Ł., GŁOWACKA-RUTKOWSKA A., GAWOR J., EMPEL J., ŻUCHNIEWICZ K.,
ORCZYKOWSKA-KOTYNA M., GROMADKA R., ŁOBOCKA M.,
Diversity within diversity: prophages of *Staphylococcus aureus* clinical isolates.
Viruses of Microbes - 2023, Tbilisi, Georgia, 3-7 July 2023

Abstracts, poster

5150/A

STEFANŃCZYK E., KAŁUSKI Ł., GŁOWACKA-RUTKOWSKA A., GAWOR J., EMPEL J., ŻUCHNIEWICZ K.,
ORCZYKOWSKA-KOTYNA M., GROMADKA R., ŁOBOCKA M.,
Charakterystyka mobilomu podkolekcji klinicznych szczepów *Staphylococcus aureus*.
II Sympozjum Bakteriofagowe, Gdańsk, 7-9 września 2023

Abstrakty, prezentacja ustna

5151/A

FUDALA K., BIALIK R.J.,

Pinniped markings database for 2017-2023 from Antarctic Specially Protected Areas nos. 128 and 151, King George Island.

XIII SCAR Biology Symposium, Christchurch, New Zealand, 29 July-8 August 2023

Abstracts, poster

5152/A

BIALIK R.J., FUDALA K.,

Is comprehensive Southern elephant seal monitoring possible using satellite imagery?

XIII SCAR Biology Symposium, Christchurch, New Zealand, 29 July-8 August 2023

Abstracts, poster

5153/A

FUDALA K., BIALIK R.J.,

RPAS as a tool to update the status of important bird and biodiversity areas.

XIII SCAR Biology Symposium, Christchurch, New Zealand, 29 July-8 August 2023

Abstracts, poster

5154/A

BIALIK R.J., FUDALA K.,

The use of remotely piloted aircraft systems for regular and long-term monitoring of birds and pinnipeds populations on King George Island.

XIII SCAR Biology Symposium, Christchurch, New Zealand, 29 July-8 August 2023

Abstracts, poster

5155/A

FUDALA K., BIALIK R.J.,

Monitoring Antarctic shag breeding and post-breeding movements with use of long-life GPS solar loggers.

XIII SCAR Biology Symposium, Christchurch, New Zealand, 29 July-8 August 2023

Abstracts, poster

5156/A

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

Adaptations in yeast short-term evolutionary experiments are mainly a result of the appearance of loss-of-function mutations.

9th Polish Evolutionary Conference, Kraków, Poland, 18-20 September 2023

Abstracts, oral presentation

5157/A

KULIK A., ANIELSKA-MAZUR A., MAZUR R., POLKOWSKA-KOWALCZYK L., CIEŚLAK D.,

The SnRK2.4 and SnRK2.10 kinases act redundantly to control developmental leaf senescence.

11 PTBER Conference, Poznań, Poland, 19-22 September 2023

Abstracts, poster

5158/A

ALEKSANDRZAK-PIEKARCZYK T., STASIAK-RÓŻAŃSKA L.,

Complementation of the 1,2-propanediol pathway in propionic acid biosynthesis in selected lactic acid bacteria.

14th Symposium on Lactic Acid Bacteria, Egmond aan Zee, the Netherlands, 27-31 August 2023

Abstracts, poster

5159/A

SZTATELMAN O., CIEŚLAK D., STASZAŁEK Z., DOBROWOLSKA G.,
Plastid Movement Impaired1 binds to the plasma membrane via its phospholipid- recognizing NT-C2 domain.

11th biennial Polish Society of Experimental Plant Biology Conference, Poznań, Poland, 19-22 September 2023

Abstracts, oral presentation

5160/A

BARDOWSKI J.K.,

Żywność okiem mikrobiologa – bezpieczeństwo czy zagrożenie?

Konferencja Zarządzanie bezpieczeństwem i jakością żywności - 13, 8-10 października 2023, Zakopane, Polska

Abstrakty, prezentacja ustna

5161/A

ENKHBAATAR T., SKONECZNY M., SKONECZNA A.,

Recruitment of Rad51 recombinase to the repair foci depends on SUMOylation.

31st International Conference on Yeast Genetics and Molecular Biology ICYGMB31, Florence, Italy, 20-25 August 2023

Abstracts, poster

5162/A

TAHMAZ I., SHAHMORADI GHAHE S., TOPF U.,

Non-canonical functions of the co-chaperone prefoldin.

EMBO Workshop: Proteostasis: From Translation to Degradation, Ericeira, Portugal, 17 – 21 November 2023

Abstracts, oral presentation

5163/A

LATOCH P., IWAŃSKA O., KOVALENKO M., STAROSTA A.L.,

TimeSeqR: A Comprehensive R Package for Integrated Analysis of Transcriptomic and Translatomic Data from Time-Course RNAseq and RIBOseq Experiments.

EMBO | EMBL Symposium: New approaches and concepts in microbiology, Heidelberg, Germany, 27-30 June 2023

Abstracts, poster

5164/A

IWAŃSKA O., KOVALENKO M., LATOCH P., LICHOCKA M., STAROSTA A.L.,

Tracking of cell poles during asymmetric cell division of sporulating *Bacillus subtilis* cells using fluorescent D-amino acid.

EMBO | EMBL Symposium: New approaches and concepts in microbiology, Heidelberg, Germany, 27-30 June 2023

Abstracts, poster

5165/A

OZHELVACI F., STECZKIEWICZ K.,

Unraveling the tangled classification of α/β hydrolases.

12th General Meeting of the International Proteolysis Society, Singapore, 23-29 June 2023

Abstracts, poster

5166/A

GAD A.A.M., GÓRA-SOCHACKA A., SIRKO A.,
Heterologous production of L-gulonolactone oxidase fused with human elastin like-polypeptide.
The 18th International Conference of Biochemistry and Molecular Biology
"Towards a Better Future for Humanity", Cairo, Egypt, 16-17 September 2023

Abstracts, poster

5167/A

SKONECZNY M., FRYDZIŃSKA Z., NATKAŃSKA U., SKONECZNA A.,
Saccharomyces cerevisiae Hsp31p as a tool in the studies of Unconventional Protein Secretion.
37th International Specialised Symposium on Yeasts (ISSY37), Adelaide, Australia, 27 November - 1
December 2023

Abstracts, oral presentation

5168/A

ZADALIMOMEN R., TOMECKI R., TOPF U.,
The role of Rps29 in ribosome biogenesis.
Protein synthesis and translational control - EMBL Conference, Heidelberg, Germany, 6-10
September 2023

Abstracts, poster

5169/A

SAMBOROWSKA E., RADKIEWICZ M., DYŃKA D., OCHOCIŃSKA A., KARCZMARSKI J., SKUBISZ K.,
WYSOCKA-MINCEWICZ M., CUKROWSKA B., PAZIEWSKA A.,
Serum metabolites as a potential biomarkers in children with type 1 diabetes.
5th BIO Congress, Szczecin, Poland, 13-16 September 2023

Abstracts, poster

5170/A

KLUEBSOONGNOEN J., SATHAPONDECHA P., LERTPHADUNGKIT P., KUBALA S., ĆWIEK P.,
JOZGHORBANI M., SAENSUWANNA A., STACHOWIAK M., SARNOWSKA E., SARNOWSKI T.J., UDOMKIT
A.,
Penaeus monodon- a shrimp model for functional studying of steroid hormone role in modulating
ovary development.
The 9th Warsaw Oncology Conference, Warsaw, Poland, 24 May 2023

Abstracts, poster

5171/A

SAENSUWANNA A., KLUEBSOONGNOEN J., JOZGHORBANI M., SARNOWSKA E., SARNOWSKI T.J.,
Inhibitory effects of epidrugs on salivary gland adenoid cystic carcinoma (SACC) cells through
regulating BRM expression.
The 9th Warsaw Oncology Conference, Warsaw, Poland, 24 May 2023

Abstracts, poster

5172/A

JOZGHORBANI M., KLUEBSOONGNOEN J., SAENSUWANNA A., SARNOWSKA E., SARNOWSKI T.J.,
Investigation of the stimulatory effect of brain extract and glucose treatment on salivary gland
adenoid cystic carcinoma (SACC) cell line.
The 9th Warsaw Oncology Conference, Warsaw, Poland, 24 May 2023

Abstracts, poster

5173/A

KLUEBSOONGNOEN J., SAENSUWANNA A., JOZGHORBANI M., OLDACHOWSKI T., SARNOWSKA E., SARNOWSKI T.J.,

Inhibitory effects of epidrugs and BRM suppression on salivary gland adenoid cystic carcinoma (SACC) cell line.

The 8th Warsaw Conference on Perspectives of Molecular Oncology, Warsaw, Poland, 7-8 September 2023

Abstracts, poster

5174/A

JOZGHORBANI M., KLUEBSOONGNOEN J., SARNOWSKA E., SARNOWSKI T.J.,

Stimulatory developmental effect of salivary gland adenoid cystic carcinoma cell line upon treatment with brain extract and glucose.

The 8th Warsaw Conference on Perspectives of Molecular Oncology, Warsaw, Poland, 7-8 September 2023

Abstracts, poster

5175/A

RADKIEWICZ M., SAMBOROWSKA E., KOWALCZYK M., KOPCZYŃSKA J., KOSTIUCHENKO O.,
LC-MS/MS profiling of Lactococcus and Leuconostoc excretome: vitamins B, short-chain fatty acids and lactic acid in culture media.

5th BIO Congress, Szczecin, Poland, 13-16 September 2023

Abstracts, poster

5176/A

RADKIEWICZ M., ONYŚK A., SURMACZ L., SKORUPIŃSKA-TUDEK K., ŚWIEŻEWSKA E.,
Sensitive and Robust LC-MS Analysis of Polyisoprenoids and their Phosphates in Biological Samples.
19th Euro Fed Lipid Congress and Expo, Poznań, Poland, 17-20 September 2023

Abstracts, poster

5177/A

RADKIEWICZ M., SAMBOROWSKA E., BZIKOWSKA-JURA A., MOŁAS A., VAN GOUDOEVEER J.B., VAN AKKER C.H.P., BERTINO E., TONETTO P., GANDINO S., SOTTEMANO S. SINKIEWICZ-DAROL E.,
DRAŻKOWSKA I., SZCZYGIOŁ P., KRÓLAK-OLEJNIK B., GAWROŃSKA M., WESOŁOWSKA A.,
Lipid composition of human milk: robust LC-MS method for fat profiling.

19th Euro Fed Lipid Congress and Expo, Poznań, Poland, 17-20 September 2023

Abstracts, oral presentation and poster

5178/A

KOWALCZYK M., KOSTIUCHENKO O., KOPCZYŃSKA J., AYODELE TAWAKALT A., SŁOMKA M.,
GODOWSKA M., MALCZEWSKA K.,

Nowe trendy w badaniach probiotyków.

Symposium Mikrobiota, Warszawa, 22 marca 2023

Abstrakty, prezentacja ustna

5179/A

SKONECZNA A., ENKHBAATAR T., STĘPIEŃ K., MOŁOŃ M., SKONECZNY M.,

Live while the DNA lasts. The autophagy-dependent DNA loss in diploid yeast during chronological aging.

37th International Specialised Symposium on Yeasts (ISSY37), Adelaide, Australia, 27 November - 1 December 2023

Abstracts, oral presentation

5180/A

KOSSAKOWSKI A.,

Unveiling Cosmic Kinship: Remote Homology Detection in Proteins.

Life and Space Conference, online, 1-3 December 2023

Abstracts, poster

5181/A

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

Genetic and physical interaction of Vps13 lipid transporter with Rsp5 E3 ubiquitin ligase: coordination of lipid synthesis with lipid transport?

37th International Specialised Symposium on Yeasts (ISSY37), Adelaide, Australia, 27 November - 1 December 2023

Abstracts, poster and speed oral presentation

5182/A

SZURMAK J., WILGA M., ĆWIEK P., KUBALA S., STACHOWIAK M., SARNOWSKA E., SARNOWSKI T.J.,

The role of the impairment of the chromatin remodeling machinery in clear cell renal cell carcinoma.

The 8th Warsaw Conference on Perspectives of Molecular Oncology, Warsaw, Poland, 7-8 September 2023

Abstracts, poster

5183/A

GIENTKA I., KOMOROWSKA M., WIRKOWSKA-WOJDYŁA M., ANIELSKA-MAZUR A.,

Lipid accumulation by Rhodotorula glutinis.

7th International Symposium Microorganisms and their Metabolites - a Microworld, online, 29-30 November 2023

Abstracts, oral presentation

5184/A

KURYŁEK A., GAWOR J., ŻUCHNIEWICZ K., GROMADKA R., KERN-ZDANOWICZ I.,

Defining the set of essential genes of an invasive *Streptococcus anginosus* strain.

FEMS 2023, Hamburg, Germany, 9-13 July 2023

Abstracts, poster

5185/A

KURYŁEK A., GAWOR J., ŻUCHNIEWICZ K., GROMADKA R., KERN-ZDANOWICZ I.,

Deletion of conjugation genes repressors of the IncM plasmid pCTX-M3 affects global gene expression in the host cell.

FEMS 2023, Hamburg, Germany, 9-13 July 2023

Abstracts, poster

5186/A

GROMADZKA M., OKSIŃSKA P., ĆWIEK P., SACHAROWSKI S., SARNOWSKA E., KUBALA S., SARNOWSKI T.J.,

The role of SWI/SNF chromatin remodeling complex in organ-specific transcription start site choice.

The 8th Warsaw Conference on Perspectives of Molecular Oncology, Warsaw, Poland, 7-8 September 2023

Abstracts, poster

5187/A

KASZTELAN K., CHLEBOWSKI A., KULIŃSKI T.M., AFFEK K., DZIEMBOWSKI A., SZCZĘSNY R.J.,
Identification of proteins involved in the regulation of double-stranded RNA level in the nucleus of human cells.

Polish RNA Biology Meeting 2023, Warsaw, Poland, 28-30 September 2023

Abstracts, poster

5188/A

BIŃKOWSKI R., ĆWIEK P., KUBALA S., STACHOWIAK M., STECIUK J., SARNOWSKA E., SARNOWSKI T.J.,
Validation of the VHHs against SS18-SSX and EZH2 proteins.

The 8th Warsaw Conference on Perspectives of Molecular Oncology, Warsaw, Poland, 7-8 September 2023

Abstracts, poster

5189/A

VAN BELKUM M.J., ALEKSANDRZAK-PIEKARCZYK T., LAMER T., VEDERAS J.C.,
Lactococcus lactis mutants resistant to lactococcin A reveal missense mutations in the man-PTS sugar transport domain.

14th Symposium on Lactic Acid Bacteria, Egmond aan Zee, the Netherlands, 27-31 August 2023

Abstracts, poster

5190/A

SADAF H., KONOPIŃSKI R., ŚWIĆ A., STACHOWIAK M., ŚWIĄTEK M., BIBI A.H., GARBICZ D., PASZKIEWICZ-KOZIK E., SARNOWSKI T.J., WALEWSKI J., MARKOWICZ S., SARNOWSKA E.,

Can the PD-L1 signaling pathway change the epigenetic patterns observed in classical Hodgkin lymphoma?

The 8th Warsaw Conference on Perspectives of Molecular Oncology, Warsaw, Poland, 7-8 September 2023

Abstracts, poster

5191/A

ŚWIĄTEK M., PÖTSCH S., KUBALA S., ĆWIEK P., KONOPIŃSKI R., WALEWSKI J., SARNOWSKI T.J., SARNOWSKA E.,

Advancements in nanobodies purification exploiting FPLC chromatography.

The 8th Warsaw Conference on Perspectives of Molecular Oncology, Warsaw, Poland, 7-8 September 2023

Abstracts, poster

5192/A

SARNOWSKI T.J.,

Impairment of SWI/SNF chromatin remodeling complex in cancer development and progression.

Gliwice Scientific Meetings, Gliwice, Poland, 16-17 November 2023

Abstracts, oral presentation

5193/A

ĆWIEK P., KUBALA S., STECIUK J., STACHOWIAK M., OKSIŃSKA P., DUBIAŃSKI R., ZABOROWSKA M., WILGA M., HUETTEL B., ALSEEKH S., SACHAROWSKI S., SZURMAK J., BIŃKOWSKI R., BALCERAK A., FRANZEN R., KLUEBSOONGNOEN J., JOZGHORBANI M., HAJIREZAEI M-R., SIEDLECKI J.A., FERNIE A.R., DAVIS S.J., SARNOWSKA E., SARNOWSKI T.J.,

How Arabidopsis Thaliana Based Model Can Help To Better Understand Regulatory Processes Impaired In Cancer?

11th Conference Polish Society of Experimental Plant Biology, Poznań, Poland, 19-22 September 2023

Abstracts, poster

5194/A

SZURMAK J., WILGA M., ĆWIEK P., KUBALA S., STACHOWIAK M., SARNOWSKA E., SARNOWSKI T.J.,
The impact of changes in the chromatin remodeling machinery in clear cell renal cell carcinoma.
The 9th Warsaw Oncology Conference, Warsaw, Poland, 24 May 2023

Abstracts, poster

5195/A

STECIUK J., CIEŚLA M., ROLICKA A.T., BIŃKOWSKI R., ĆWIEK P., KUBALA S., STACHOWIAK M., SARNOWSKA E., SARNOWSKI T.J.,
In search of new synthetic lethality interactions among SWI/SNF subunits for cancer treatment – harnessing the Arabidopsis model.

The 8th Warsaw Conference on Perspectives of Molecular Oncology, Warsaw, Poland, 7-8 September 2023

Abstracts, poster

5196/A

JOZGHORBANI M., KLUEBSOONGNOEN J., SAENSUWANNA A., SARNOWSKA E., SARNOWSKI T.J.,
Investigation of the stimulatory effect of brain extract and glucose treatment on salivary gland adenoid cystic carcinoma (SACC) cell line.

The 9th Warsaw Oncology Conference, Warsaw, Poland, 24 May 2023

Abstracts, poster

5197/A

ARMATOWSKA A., MOLESTAK E., TCHÓRZEWSKI M., BRESSON S., SŁUPSKI J., BOGUTA M., CIEŚLA M.,
The linkage between Maf1-mediated control of tRNA transcription and mRNA translation in yeast *Saccharomyces cerevisiae*.

Polish RNA Biology Meeting, Warsaw, Poland, 28-30 September 2023

Abstracts, poster

5198/A

FARHAT M., ŁOPUSIŃSKA A., LEŚNIEWSKA E., CIEŚLA M., BOGUTA M.,
Functional suppression of maf1 deletion mutant of *Saccharomyces cerevisiae* by overdose of N-terminal domains of the largest Pol III subunit, C160.

Polish RNA Biology Meeting, Warsaw, Poland, 28-30 September 2023

Abstracts, poster

5199/A

ŁOPUSIŃSKA A., TYS M., BOGUTA M., CIEŚLA M.,
Regulation of the RNA polymerase III transcription machinery is dependent on the ubiquitin ligase Rsp5.

Polish RNA Biology Meeting, Warsaw, Poland, 28-30 September 2023

Abstracts, poster

5200/A

BRESSON S., SANI E., SPANOS C., DIXON C., ARMATOWSKA A., TOLLERVEY D.,
The transcriptional and translational landscape of coronavirus OC43 infection.
EMBO Workshop: Eukaryotic RNA turnover and viral biology, Brno, Czech Republic

Abstracts, oral presentation

5201/A

ĆWIEK P., KUBALA S., SZARKOWSKA J., STACHOWIAK M., LESZCZYŃSKI M., BALCERAK A., ARAÚJO W.L., TOHGE T., FERNIE A.R., KONCZ C., SIEDLECKI P., SIEDLECKI J.A., SARNOWSKA E., SARNOWSKI T.J.,
Construction of innovative platform based on Arabidopsis, human cell lines, mice, VHH and chemoinformatics modelling for identification of drugs targeting metabolome-related human diseases.
The 9th Warsaw Oncology Conference, Warsaw, Poland, 24 May 2023

Abstracts, poster

5202/A

GROMADZKA M., CHALIMONIUK J., MIERZEJEWSKA M., OKSIŃSKA P., ĆWIEK P., SACHAROWSKI S., SARNOWSKA E., SARNOWSKI T.J., KUBALA S.,
Chromatin remodeling, alternative RNA processing and m6A RNA modification in Arabidopsis.
11th Conference Polish Society of Experimental Plant Biology, Poznań, Poland, 19-22 September 2023

Abstracts, oral presentation

5203/A

BLICHARZ L., BUKOWSKA-OŚKO I., SAMBOROWSKA E., ZAGOŹDŻON R., CZUWARA J., ZYCH M., ROSZCZYK A., PERLEJEWSKI K., MAKOWSKA K., NOWACZYK J., KAZIMIERSKA K., WAŚKIEL-BURNAT A., SAMOCHOCKI Z., OLSZEWSKA M., RUDNICKA L., RADKOWSKI M.,
Gut microbial dysbiosis is associated with intestinal barrier damage and ige-mediated food allergy in adult patients with atopic dermatitis.
13th Georg RAJKA Symposium on Atopic Dermatitis- ISAD, Gdańsk, Poland, 31 August-2 September 2023

Acta Dermato-Venereologica (2023) 103: 40, P8.7

5204/A

ĆWIEK P., KUBALA S., SZARKOWSKA J., STACHOWIAK M., LESZCZYŃSKI M., BALCERAK A., ARAÚJO W.L., TOHGE T., FERNIE A.R., KONCZ C., SIEDLECKI P., SIEDLECKI J.A., SARNOWSKA E., SARNOWSKI T.J.,
Construction of innovative platform based on Arabidopsis, human cell lines, mice and VHH for identification of drugs targeting metabolome-related human diseases.
11th Conference Polish Society of Experimental Plant Biology, Poznań, Poland, 19-22 September 2023

Abstracts, poster

5205/A

ĆWIEK P., KUBALA S., SZARKOWSKA J., STACHOWIAK M., LESZCZYŃSKI M., BALCERAK A., ARAÚJO W.L., TOHGE T., FERNIE A.R., KONCZ C., SIEDLECKI P., SIEDLECKI J.A., SARNOWSKA E., SARNOWSKI T.J.,
Identification of new molecular alterations in clear cell renal cell carcinoma and designing a platform based on VHHs from Alpaca to develop future anticancer therapy.
The 8th Warsaw Conference on Perspectives of Molecular Oncology, Warsaw, Poland, 7-8 September 2023

Abstracts, oral presentation

5206/A

KAMIŃSKA K., ŚWIDERSKA B., MALINOWSKA A., GRZESIAK M.,
Proteomic basis of vitamin D3 and insulin interaction in the porcine granulosa cells of ovarian follicle.
1st European Symposium on Animal Reproduction, Nantes, France, 21-23 September 2023
Reproduction in Domestic Animals (2023) 58(suppl 2): 195 OC6.3

5207/A

SIKORA A., DETMAN A.,

Multi-stage anaerobic digestion of biomass from agri-food processing towards biohydrogen, biogas and bio-fertilizers.

The 3rd 3W Congress, Warsaw, Poland, 27-28 November 2023

Abstracts, digital presentation

5208/A

WILGA M., ĆWIEK P., RUSETSKA N., GAJEWSKA W., MAASSEN A., KUBALA S., SZARKOWSKA J., SIEDLECKI J.A., SARNOWSKA E., SARNOWSKI T.J.,

Altered expression and localisation of subunits of SWI/SNF chromatin remodeling complex and their clinical implications in clear cell renal cell carcinoma.

The 8th Warsaw Conference on Perspectives of Molecular Oncology, Warsaw, Poland, 7-8 September 2023

Abstracts, poster

5209/A

WILGA M., MAASSEN A., GAJEWSKA W., RUSETSKA N., KUBALA S., SZARKOWSKA J., SIEDLECKI J.A., SARNOWSKA E., SARNOWSKI T.J.,

The role of alterations of epigenetic machineries on the development and progression of clear cell renal cell carcinoma.

The 9th Warsaw Oncology Conference, Warsaw, Poland, 24 May 2023

Abstracts, poster

5210/A

WILGA M., MAASSEN A., KOSIOR J., SZARKOWSKA J., SIEDLECKI J.A., SARNOWSKA E., SARNOWSKI T.J.,
Identyfikacja mechanizmów epigenetycznych regulujących ekspresję podjednostek kompleksu SWI/SNF w jasnokomórkowym raku nerki.

14 Ogólnopolska Konferencja Postępy w Badaniach Biomedycznych, Warszawa, Polska, 4 marzec 2023

Abstrakty, poster

5211/A

WILGA M., SARNOWSKI T.J.,

The role of alterations in the functioning of epigenetic machinery on the development and progression of clear cell renal cell carcinoma.

Translational Medicine Explained, Barcelona, Spain, 13-17 February 2023

Abstracts, oral presentation

5212/A

KOLOMIETS L., SZCZERBA P., KORNELYUK A.I., ZHUKOV I., BAL W.,

Evidence structural alterations of Endothelial Monocyte-Activating Polypeptide II (EMAP II) cyto-kine under saturation with silver ions.

57th Congress of the European Societies of Toxicology, Ljubljana, Slovenia, 10-13 September 2023

Toxicology Letters (2023) 384 (supl 1): S303 LP-06

5213/A

ŁOBOCKA M.,

Dlaczego bakteriofagi można włączyć do walki z zakażeniami.

Postępy w Medycynie Zakażeń 2023, Warszawa, 1-2 grudnia 2023

Abstrakty, prezentacja ustna

5214/A

GIERMASIŃSKA-BUCZEK K., GAWOR J., STEFAŃCZYK E., GAŁAŁA U., ŻUCHNIEWICZ K., REKOSZ-BURLAGA H., GROMADKA R., ŁOBOCKA M.,

Plasmid mobilome of an environmental *Pantoea agglomerans* strain - implication for the interaction with bacteriophage P1.

Viruses of Microbes - 2023, Tbilisi, Georgia, 3-7 July 2023

Abstracts, poster

5215/A

GRECH-BARAN M., WITEK K., POZNAŃSKI J., GRUPA-URBAŃSKA A., HENNIG J.,

The architecture of Ry_{sto} immune receptor promotes pathogen recognition at high temperatures.

19th Congress of International Society of Molecular Plant-Microbe Interactions, Rhode Island, 16-20 July 2023

Abstracts, oral presentation

5216/A

ZIEMSKA-LEGIĘCKA J., GRUCA A., GRYNBERG M.,

Co-occurrence of amino acids in low complexity regions in proteins.

The PTBI Symposium, Gliwice, Poland, 13-15 September 2023

Abstracts, oral presentation

5217/A

ZIEMSKA-LEGIĘCKA J., JARNOT P., SZYMAŃSKA S., BŁASZCZYK D., STAŚCZAK A., LANGER H., LUCIŃSKA K., WIDZISZ K., JANAS A., SŁOWIK H., ŚLIWIŃSKA W., GRUCA A., GRYNBERG M.,

A database with annotations of Low Complexity Regions in proteins.

1st ML4NGP Meeting on Machine Learning and Non-Globular Proteins, Bratislava, Slovakia, 5-7 July 2023

Abstracts, poster

5218/A

ZIEMSKA-LEGIĘCKA J., GRUCA A., GRYNBERG M.,

Love and hate relationships in the protein low complexity regions world.

1st Meeting on Non-Globular Proteins in the Era of Machine Learning, Bratislava, Slovakia, 5-7 July 2023

Abstracts, poster

5219/A

DZIKOWSKI M., ZIEMSKA-LEGIĘCKA J., JARNOT P., GRUCA A., GRYNBERG M.,

Development of an amino acid substitution matrix for low complexity fragments.

1st Meeting on Non-Globular Proteins in the Era of Machine Learning, Bratislava, Slovakia, 5-7 July 2023

Abstracts, poster

5220/A

OKOTH T., KOLOMIETS L., RUCIŃSKA K., MAKSYM J., KOZAK M., ZHUKOV I.,

Calcium-binding S100B protein demonstrated unusual molecular dynamic motions in complex with Aβ(1-40) amyloid at the presence of metal nanoparticles.

SINAPSA Neuroscience Conference '23, Ljubljana, Slovenia, 28-30 September 2023

Abstracts, oral presentation

5221/A

KOLOMIETS L., ZHUKOV I.,

The application of ¹⁹F NMR spectroscopy in biomolecular studies as a potent technique for structural analysis of the proteins and protein-protein complexes in solution.

Red Hot Fluorine ¹⁹F MRI & SAMS, Kraków, 4-6 December 2023

Abstracts, oral presentation

5222/A

KUCHARCZYK R.,

ATP synthase proton translocation mechanism: lesson from yeast models of *MT-ATP6* pathogenic variants.

31st International Conference on Yeast Genetics and Molecular Biology ICYGMB31, Florence, Italy, 20-25 August 2023

Abstracts, poster

5223/A

OSEI-YEBOAH R., AMANKWAH S., ADEDZE M., NYANZU F., APPIAH P., BOAKYE ANSAH J., KENMOE S., BEGIER B., GESSNER B., SATO R., CAMPBELL H., NAIR H.,

Burden of Respiratory Syncytial Virus (RSV) infection among adults over 60 years in nursing and care homes: A systematic review.

7th ReSViNET Conference RSVVW'23, Lisbon, Portugal, 22-24 February 2023

Abstracts, poster presentation

5224/A

ONUK M.M., POZNAŃSKI J.,

The Structural Behavior and Partial Molar Volumes of Ions in Aqueous Solution.

25th International Conference on Horizons in Hydrogen Bond Research, Bologna, Italy, 11-15 September 2023

Abstracts p.83, posters

5225/A

CHILIŃSKI M., GADAKH S., SENGUPTA K., JODKOWSKA K., ZAWROTNA N., GAWOR J., PIĘTAL M., PLEWCZYŃSKI D.,

Consensus-Based Identification and Comparative Analysis of Structural Variants and Their Influence on 3D Genome Structure Using Long and Short-Read Sequencing Technologies in Polish Families.

2nd International Conference on Frontiers in Computing and Systems, COMSYS 2021, Shillong, India, 30 September - 1 October 2021

Proceedings of International Conference on Frontiers in Computing and Systems, Lecture Notes in Networks and Systems (2023) 404: 41-49

ROZPRAWY HABILITACYJNE 2023**1104/N**

SZCZEPANKOWSKA AGNIESZKA KATARZYNA

Molekularno-środowiskowe aspekty biologii litycznych fagów *Lactococcus lactis*.

2023-06-20

Awarding of the degree of Doctor Habilitatus - June 20, 2023

Research done in Institute of Biochemistry and Biophysics, Polish Academy of Sciences.

ROZPRAWY DOKTORSKIE 2023

1105/N

PILCH SYLWIA

Funkcja AMPylazy Fmp40 w regulacji odpowiedzi komórki drożdży *Saccharomyces cerevisiae* na stres oksydacyjny.

(Function of Fmp40 AMPylase in the regulation of yeast *Saccharomyces cerevisiae* cell response to oxidative stress.)

Presented March 2, 2023

Research done in Institute of Biochemistry and Biophysics Polish Academy of Sciences.

Ph.D. Thesis Supervisor: dr hab. Róża Kucharczyk

[pol]

1106/N

DAS ANIRUDDHA

Mechanizm i funkcje synergicznej współpracy ligaz ubikwityny CHIP i UFD-2.

(Mechanism and function of synergistic cooperation of CHIP and UFD-2 ubiquitin ligases.)

Presented March 14, 2023

Research done in International Institute of Molecular and Cell Biology and Institute of Biochemistry and Biophysics Polish Academy of Sciences.

Ph.D. Thesis Supervisor: dr hab. Wojciech Pokrzywa

[ang]

1107/N

STROYNOWSKA-CZERWIŃSKA ANNA M.

Udział domen rozpoznających modyfikacje DNA i chromatyny w kierowaniu K-specyficznych metylotransferaz (KMT2/MLL) do regulowanych przez nie genów.

(Contribution of DNA and chromatin reader domains to the targeting of K-specific methyltransferase 2 (KMT2/MLL) proteins.)

Presented March 23, 2023

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]

1108/N

BANASIAK KATARZYNA MARTA

Identyfikacja sygnałów odpowiedzialnych za mięśniową egzoferogenezę u *Caenorhabditis elegans*.

(Identification of signals regulating muscular exopherogenesis in *Caenorhabditis elegans*.)

Presented April 25, 2023

Research done in International Institute of Molecular and Cell Biology and Institute of Biochemistry and Biophysics, Polish Academy of Sciences.

Ph.D. Thesis Supervisor: dr hab. Wojciech Pokrzywa

[ang]

1109/N

NAIR HITHA GOPALAN

Modulacja aktywności polimerazy RNA III i poziomu jej podjednostki POLR1D wpływa na właściwości nowotworowe komórek raka jelita grubego.

(Modulation of RNA polymerase III activity and the level of its subunit, POLR1D, affects the tumorigenic properties of colorectal cancer cells.)

Presented June 6, 2023

Research done in Institute of Biochemistry and Biophysics Polish Academy of Sciences.
Ph.D. Thesis Supervisors: dr hab. Elżbieta Speina, dr Damian Graczyk
[ang]

1110/N

MONTEZ MIGUEL

Rola pauzowania Pol II i spowolnienia transkrypcji w aktywacji ekspresji genu *DOG1* w odpowiedzi nasion *Arabidopsis* na stres solny.

(Role of Pol II pausing and slow transcription in *DOG1* expression boosting in *Arabidopsis* seeds in response to salt stress.)

Presented June 29, 2023

Research done in Institute of Biochemistry and Biophysics Polish Academy of Sciences.

Ph.D. Thesis Supervisor: dr hab. Szymon Świeżewski

[ang]

1111/N

ŻURAWSKA GABRIELA

Identyfikacja mechanizmów regulacji transkrypcji *Bmp6* w odpowiedzi na żelazo w mikrośrodowisku wątroby.

(Identification of mechanisms regulating *Bmp6* transcription in response to iron in the liver microenvironment.)

Presented September 5, 2023

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 Miączyńska, dr Katarzyna Mleczko-Sanecka

[pol]

1112/N

DĄBROWSKA KATARZYNA

Zastosowanie metod spektrometrii mas do badania struktur złożonych kompleksów białkowych.

(Mass-spectrometry based structural analysis of challenging protein complexes.)

Presented September 12, 2023

Research done in Institute of Biochemistry and Biophysics Polish Academy of Sciences.

Ph.D. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Michał Dadlez

[pol]

1113/N

ŁAZOWSKI KRYSTIAN

Analiza wydajności systemów naprawy rybonukleotydów przy użyciu wariantów polimeraz DNA o zwiększonej częstotliwości inkorporacji rybonukleotydów w *E. coli*.

(Analysis of the efficiency of ribonucleotide repair pathways using DNA polymerase mutants with increased ribonucleotide incorporation rate in *E. coli*.)

Presented September 19, 2023

Research done in Institute of Biochemistry and Biophysics Polish Academy of Sciences.

Ph.D. Thesis Supervisors: prof. dr hab. Iwona Fijałkowska, dr Karolina Makiela-Dzbeńska

[ang]

1114/N

RACHOWKA JULIA

Poszukiwanie aktywowanego przez aneksyny mechanizmu molekularnego ochrony chloroplastów przed stresem oksydacyjnym w *Arabidopsis thaliana*.

(In search of the molecular mechanism of annexin-mediated chloroplast protection against oxidative

stress in *Arabidopsis thaliana*.)

Presented September 26, 2023

Research done in Institute of Biochemistry and Biophysics Polish Academy of Sciences.

Ph.D. Thesis Supervisor: dr hab. Dorota Konopka-Postupolska

[ang]

1115/N

JABCZYŃSKA AGATA

Identyfikacja i analiza funkcjonalna nowych białek wiążących RNA w mitochondriach człowieka.

(Identification and functional analysis of novel RNA-binding proteins in human mitochondria.)

Presented September 28, 2023

Research done in Institute of Biochemistry and Biophysics Polish Academy of Sciences.

Ph.D. Thesis Supervisor: dr hab. Roman Józef Szczęsny

[pol]

1116/N

CHAMERA SEBASTIAN

Charakterystyka strukturalna i biochemiczna 3'-5' ligaz tRNA.

(Structural and biochemical characterization of 3'-5' tRNA ligases.)

Presented October 5, 2023

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

[ang]

1117/N

GRABOWSKI ŁUKASZ

Analiza bezpieczeństwa terapii fagowej stosowanej w zwalczaniu zakażeń wywołanych przez serowary *Salmonella enterica*.

(The analysis of the safety of phage therapy administered to combat infections caused by *Salmonella enterica* serovars.)

Presented October 17, 2023

Research done in Institute of Biochemistry and Biophysics Polish Academy of Sciences.

Ph.D. Thesis Supervisors: prof. dr hab. Alicja Węgrzyn, dr Magdalena Podlacha

[pol-ang]

1118/N

KAMIŃSKA KATARZYNA HANNA

Identyfikacja i charakterystyka związków chemicznych znoszących aktywność endonukleazy wirusa grypy w kompleksie wirusowej polimerazy RNA.

(Identification and characteristics of compounds that abolish the activity of influenza virus endonuclease of the viral RNA polymerase complex.)

Presented October 24, 2023

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. Janusz M. Bujnicki

[pol]

1119/N

BEDNAREK AGNIESZKA

Analiza i biologiczne podstawy złożoności funkcji litycznych bakteriofaga P1.

(Analysis and biological basis of the complexity of lytic functions of bacteriophage P1.)

Presented October 26, 2023

Research done in Institute of Biochemistry and Biophysics Polish Academy of Sciences.

Ph.D. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Małgorzata Łobocka

[pol-ang]

1120/N

BIŃKO KRYSTYNA

Biogeneza podjednostek Atp6 i Atp9 syntazy ATP w drożdżach *Saccharomyces cerevisiae*.

(Biogenesis of Atp6 and Atp9 subunits of ATP synthase in yeast *Saccharomyces cerevisiae*.)

Presented November 9, 2023

Research done in Institute of Biochemistry and Biophysics Polish Academy of Sciences.

Ph.D. Thesis Supervisors: dr hab. Róża Kucharczyk, prof. dr hab. Jean Paul di Rago

[ang]

1121/N

BIERNACKA MARTYNA

Analiza funkcjonalna białek NUDIX RppH oraz NudC jako potencjalnych czynników wirulencji bakterii *Pseudomonas aeruginosa*.

(Comprehensive analysis of potential, novel virulence-associated factors - the NudC and RppH proteins from *Pseudomonas aeruginosa*.)

Presented November 16, 2023

Research done in Institute of Biochemistry and Biophysics Polish Academy of Sciences.

Ph.D. Thesis Supervisor: dr hab. Elżbieta Kraszewska

[ang]

1122/N

LIRSKI MACIEJ

Kluczowa rola histonów łącznikowych (H1) w utrzymaniu represji heterochromatyny u *Arabidopsis*.

(The key role of linker histones (H1) in maintenance of heterochromatin repression in *Arabidopsis*.)

Presented November 16, 2023

Research done in Institute of Biochemistry and Biophysics Polish Academy of Sciences.

Ph.D. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Andrzej Jerzmanowski

[pol-ang]

1123/N

FILIPCZUK ELŻBIETA

Biologiczne funkcje i mechanizmy działania unikatowych związków lipidowych, dolicholi w komórkach grzybów strzępkowych.

(Biological functions and mechanisms of action of unique lipid compounds, dolichols in the cells of filamentous fungi.)

Presented November 23, 2023

Research done in Institute of Biochemistry and Biophysics Polish Academy of Sciences.

Ph.D. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Joanna S. Kruszewska

[pol]

1124/N

TAHMAZ ISMAIL

Niekanoniczna funkcja molekularnego białka opiekuńczego prefoldyny w warunkach fizjologicznych i stresowych w *Saccharomyces cerevisiae*.

(Non-canonical function of the molecular co-chaperone prefoldin under physiological and stress conditions in *Saccharomyces cerevisiae*.)

Presented November 23, 2023

Research done in Institute of Biochemistry and Biophysics Polish Academy of Sciences.
Ph.D. Thesis Supervisor: dr hab. Ulrike Topf
[ang]

1125/N

GRACZYK SEBASTIAN

Wykorzystanie szlaku mewalonowego do zwiększenia właściwości biokontrolnych *Trichoderma atroviride*.

(The use of the mevalonate pathway to increase the biocontrol properties of *Trichoderma atroviride*.)

Presented November 28, 2023

Research done in Institute of Biochemistry and Biophysics Polish Academy of Sciences.

Ph.D. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Joanna S. Kruszewska

[pol-ang]

1126/N

ADAMSKA DOROTA ANNA

Badania metagenomów pod kątem poszukiwania nowych enzymów o aktywności lakazowej i potencjale biotechnologicznym.

(Metagenomic analysis for the discovery of new enzymes with laccase-like activity and biotechnological potential.)

Presented November 30, 2023

Research done in Institute of Biochemistry and Biophysics Polish Academy of Sciences.

Ph.D. Thesis Supervisors: prof. dr hab. Andrzej Dziembowski, dr Leszek Lipiński

[ang]

1127/N

KAMIŃSKI MICHAŁ ALAN

Analiza filogenetyczna oraz genomyczna bakteryjnych szczepów środowiskowych wyizolowanych ze środowisk silnie skażonych ksenobiotykami na przykładzie pestycydu γ -HCH.

(Phylogenetic and genomic analysis of bacterial strains isolated from xenobiotically contaminated soils. The gamma-hexachlorocyclohexane case.)

Presented November 30, 2023

Research done in Institute of Biochemistry and Biophysics Polish Academy of Sciences.

Ph.D. Thesis Supervisors: prof. dr hab. Andrzej Dziembowski, dr Leszek Lipiński

[pol-ang]

1128/N

KAUSHAL VANDANA

Weryfikacja teorii endosymbiotycznego pochodzenia apoptozy poprzez heterologiczną ekspresję ortologów czynników apoptotycznych z organizmów odległe spokrewnionych z *Saccharomyces cerevisiae*.

(Evaluation of endosymbiotic theory of apoptosis origin using heterologous expression of remotely related orthologs of *Saccharomyces cerevisiae* apoptotic factors.)

Presented December 5, 2023

Research done in Institute of Biochemistry and Biophysics Polish Academy of Sciences.

Ph.D. Thesis Supervisor: dr hab. Urszula Zielenkiewicz

[ang]

1129/N

PUZIA WERONIKA

Wielolekooporne inwazyjne szczepy *Streptococcus pneumoniae* o serotypie 19A: nowe zagrożenie epidemiologiczne w Polsce.

(Multidrug-resistant invasive *Streptococcus pneumoniae* strains of serotype 19A: a new epidemiological threat in Poland.)

Presented December 7, 2023

Research done in National Medicines Institute and Institute of Biochemistry and Biophysics Polish Academy of Sciences.

Ph.D. Thesis Supervisors: prof. dr hab. Anna Skoczyńska, dr Robert Gromadka

[pol-ang]

1130/N

KOSIOREK KATARZYNA

Charakterystyka plazmidu szczepu *Lactococcus lactis* IL594 oraz jego rola w regulacji ekspresji genów chromosomalnych komórek gospodarza.

(Plasmidome of *Lactococcus lactis* IL594 and its role in chromosomal gene expression.)

Presented December 12, 2023

Research done in Institute of Biochemistry and Biophysics Polish Academy of Sciences.

Ph.D. Thesis Supervisor: dr hab. Tamara Aleksandrak-Piekarczyk

[pol]

1131/N

ZIUZIA-GRACZYK IZABELA

Badania interakcji między dwoma białkami bakteriofagowymi, prymazą T4 (gp61) i polimerazą DNA RB69 (gp43).

(The investigation of the interactions between two bacteriophage proteins, T4 primase (gp61) and RB69 DNA polymerase (gp43).)

Presented December 12, 2023

Research done in Institute of Biochemistry and Biophysics Polish Academy of Sciences.

Ph.D. Thesis Supervisor: dr hab. Anna Bębenek

[pol]

1132/N

MASSANA FERRAN

Analiza zależności pomiędzy spoczynkiem nasion a nabytą odpornością systemiczną.

(Analysis of seed dormancy relationship with systemic acquired resistance.)

Presented December 14, 2023

Research done in Institute of Biochemistry and Biophysics, Polish Academy of Sciences.

Ph.D. Thesis Supervisor: dr hab. Szymon Świeżewski

[ang]

PRACE MAGISTERSKIE 2023

1133/N

RĄPAŁA IWONA WERONIKA

Ekspresja i oczyszczanie podjednostek drożdżowych kompleksów poriny oraz syntazy ATP z bakterii.

(Expression and purification of yeast subunits of porine complexes and ATP synthase from bacteria.)

Presented January 9, 2023

Research done in Faculty of Chemistry Warsaw University of Technology and Institute of Biochemistry and Biophysics Polish Academy of Sciences.

M.Sc.Thesis Supervisor: dr hab. inż. Małgorzata Adamczyk, opiekun: dr hab. Róża Kucharczyk

1134/N

ŁOKIETEK ROKSANA JUSTYNA

Poszukiwanie substancji leczniczej w genetycznie uwarunkowanej polineuropatii ruchowej wywołanej mutacjami genu hnRNPA1 oraz wstępna analiza funkcjonalna genu RHEB1 w modelu drożdżowym.

(Search for a therapeutic substance in genetically determined motor polyneuropathy caused by mutations of the hnRNPA1 gene and preliminary functional analysis of the RHEB1 gene in a yeast model.)

Presented January 12, 2023

Research done in Faculty of Chemistry Warsaw University of Technology and Institute of Biochemistry and Biophysics Polish Academy of Sciences.

M.Sc.Thesis Supervisor: dr hab. Jolanta Mierzejewska, opiekun: dr hab. Joanna Kamińska

1135/N

PAWŁOWSKAJA JANA

Wielopoziomowa weryfikacja zdolności do produkcji kwasu propionowego w procesie kofermentacji z zastosowaniem bakterii kwasu mlekowego.

(Multilevel verification of propionic acid production capacity in co-fermentation using lactic acid bacteria.)

Presented March 15, 2023

Research done in Warsaw University of Life Sciences and Institute of Biochemistry and Biophysics, Polish Academy of Sciences

M.Sc.Thesis Supervisor: dr hab. Tamara Aleksandrak-Piekarczyk

1136/N

PAUL MARTYNA

Badanie wpływu wybranych biowęgli na proces mikrobiologicznej produkcji wodoru z melasy buraczanej.

(The effect of selected biochars on the process of microbial hydrogen production from beet molasses.)

Presented July 5, 2023

Research done in Faculty of Chemistry Warsaw University of Technology and Institute of Biochemistry and Biophysics Polish Academy of Sciences.

M.Sc.Thesis Supervisor: dr inż. Karolina Drężek, opiekun: dr inż. Anna Detman

1137/N

JAKUBOWSKA KINGA

Określenie potencjału metabolicznego mikrobiomu kału pacjentów z określonymi chorobami w kontekście syntezy maślanu w badaniach *in vitro*.

(Determining the metabolic potential of the fecal microbiome of patients with certain diseases in the context of butyrate synthesis in *in vitro* studies.)

Presented July 5, 2023

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. Karolina Drężek, opiekun dr hab. Anna Sikora

1138/N

BURCHIELLARO KATHERINE

Opracowanie metod syntezy i badanie właściwości cytotoksycznych wybranych N6-alkilowych pochodnych adenozyne.

(Development of methods of synthesis and study of cytotoxic properties of selected N6-alkyl adenosine derivatives.)

Presented September 25, 2023

Research done in Faculty of Chemistry University of Warsaw and Institute of Biochemistry and Biophysics Polish Academy of Sciences.

M.Sc.Thesis Supervisors: dr hab. Jan Romański, opiekun: dr hab. Elżbieta Speina

1139/N

SIEDLECKA PAULINA

Antybiotykooporność mikroorganizmów w osadniku ścieków laboratoryjnych - podejście metagenomiczne.

(Antibiotic resistance of microorganisms in a laboratory wastewater settling tank - a metagenomic approach.)

Presented September 11, 2023

Research done in Faculty of Biology and Biotechnology Warsaw University of Life Sciences and Institute of Biochemistry and Biophysics Polish Academy of Sciences.

M.Sc.Thesis Supervisor: dr hab. Urszula Zielenkiewicz

1140/N

ROKICKA JULIA

Wpływ białek transportu pęcherzykowego na lokalizację komórkową Rad51 i Cdc13 w warunkach stresu genotoksycznego.

(The impact of vesicular trafficking proteins on the cellular localization of Rad51 and Cdc13 under genotoxic stress conditions.)

Presented November 8, 2023

Research done in Faculty of Biology and Biotechnology Warsaw University of Life Sciences and Institute of Biochemistry and Biophysics Polish Academy of Sciences.

M.Sc.Thesis Supervisor: dr hab. Adrianna Skoneczna

1141/N

NGWUBE STELLA GINIKACHUKWU

Kompleks TORC1 jako potencjalny cel leków w chorobach neurodegeneracyjnych zależnych od VPS13.

(Exploring TORC1 complex as a potential drug target in VPS13-dependent neurodegenerative disease.)

Presented December 18, 2023

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.inż. Małgorzata Adamczyk, dr hab. Joanna Kamińska

1142/N

GODOWSKA MARTYNA MARIA

Charakterystyka bakteryjnych szczepów *Lactococcus* sp. pod kątem potencjalnych właściwości probiotycznych.

(Characterization of *Lactococcus* sp. strains in terms of potential probiotic properties.)

Presented July 4, 2023

Research done in Faculty of Chemistry Warsaw University of Technology and Institute of Biochemistry and Biophysics Polish Academy of Sciences.

M.Sc.Thesis Supervisor: dr inż. Joanna Żylińska-Urban, opiekun dr hab. Magdalena Kowalczyk

1143/N

SŁOMKA MONIKA MARIA

Charakterystyka bakteryjnych szczepów *Leuconostoc* spp. pod kątem potencjalnych właściwości probiotycznych.

(Characterization of *Leuconostoc* spp. strains in terms of potential probiotic properties.)
Presented July 4, 2023
Research done in Faculty of Chemistry Warsaw University of Technology and Institute of Biochemistry and Biophysics Polish Academy of Sciences.
M.Sc.Thesis Supervisor: dr inż. Joanna Żylińska-Urban, opiekun dr hab. Magdalena Kowalczyk

1144/N

CHALIMONIUK JAKUB

Współdział kompleksów SWI/SNF i NTC w regulacji alternatywnej transkrypcji u *Arabidopsis thaliana*.
(Involvement of SWI/SNF and NTC complexes in the regulation of alternative transcription in *Arabidopsis thaliana*.)

Presented September 18, 2023

Research done in Faculty of Chemistry Warsaw University of Technology and Institute of Biochemistry and Biophysics Polish Academy of Sciences.

M.Sc.Thesis Supervisor: dr hab. inż. Anna Herman, opiekun dr Szymon Kubala

1145/N

KRESA PAWEŁ

Czy grzyby z rodziny *Mucoraceae* wpływają na wzrost bakterii występujących na wołowinie sezonowanej na sucho?

(Do fungi from the *Mucoraceae* family influence the growth of bacteria on dry-aged beef?)

Presented December 22, 2023

Research done in Faculty of Biology University of Warsaw and Institute of Biochemistry and Biophysics Polish Academy of Sciences.

M.Sc.Thesis Supervisors: dr Magdalena Płecha, dr hab. Julia Pawłowska

1146/N

WIŚNIEWSKA ADRIANNA

Charakterystyka genetyczna grzybów z rodziny *Mucoraceae* występujących na mięsie sezonowanym na sucho: mikrobiom i potencjał proteolityczny wybranych szczepów.

(Genetic characteristics of fungi from the *Mucoraceae* family occurring on dry-aged meat: microbiome and proteolytic potential of selected strains.)

Presented December 22, 2023

Research done in Faculty of Biology University of Warsaw and Institute of Biochemistry and Biophysics Polish Academy of Sciences.

M.Sc.Thesis Supervisors: dr Magdalena Płecha, dr hab. Julia Pawłowska

1147/N

PLIŻGA KINGA

Identyfikacja białek uczestniczących w niekonwencjonalnej sekrecji w drożdżach *Saccharomyces cerevisiae*.

(Identification of proteins involved in unconventional secretion in *Saccharomyces cerevisiae*.)

Presented July 11, 2023

Research done in Faculty of Biology and Biotechnology Warsaw University of Life Sciences and Institute of Biochemistry and Biophysics Polish Academy of Sciences.

M.Sc.Thesis Supervisor: dr hab. Marek Skoneczny

1148/N

LEWKOWICZ NORBERT JAKUB

Molekularne mechanizmy działania aneksyny 5 – rola fosforylacji.

(Molecular mechanisms of annexin 5 function - the role of phosphorylation.)

Presented July 12, 2023

Research done in Faculty of Biology and Biotechnology Warsaw University of Life Sciences and Institute of Biochemistry and Biophysics Polish Academy of Sciences.

M.Sc.Thesis Supervisor: dr Małgorzata Lichocka

1149/N

MAROSZEK JULIA

Wykorzystanie systemu BiG Mito-Split-GFP do badania białek zaangażowanych w proces syntezy DNA poprzez uszkodzenia (TLS) w mitochondriach drożdży *Saccharomyces cerevisiae*.

(The use of BiG Mito-Split-GFP assay to examine proteins involved in the process of trans-lesion DNA synthesis (TLS) in mitochondria of yeast *Saccharomyces cerevisiae*.)

Presented October 5, 2023

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

1150/N

OKOTH THOMAS

Wpływ metalicznych nanocząstek na interakcje peptydu A β z ludzkim białkiem S100B. Molekularne podstawy choroby Alzheimera.

(Influence of metallic nanoparticles on interactions of A β peptide with human S100B protein. The molecular basis of Alzheimer's disease.)

Presented October 18, 2023

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. Hanna Krawczyk, dr Igor Żukow

MISCELLANEA 2023

318/M

SWATLER J., LO TARTARO D., BORELLA R., BREWIŃSKA-OLCHOWIK M., PAOLINI A., NERONI A., TUROS-KORGUL L., WIECH M., KOZŁOWSKA E., CYSEWSKI D., GRABOWSKA-PYRZEWICZ W., WOJDA U., BASAK G., ARGÜELLO R.J., COSSARIZZA A., DE BIASI S., PIWOCKA K.,

Dysfunctional subsets of CD39+ T cells, distinct from PD-1+, driven by leukemic extracellular vesicles in myeloid leukemias. (Letter to the editor)

Haematologica (2023) 108(3): 909-916

DOI: 10.3324/haematol.2022.281713

IF 10.1 (2022)

319/M

MALCZEWSKA K., KOPCZYŃSKA J., KOSTIUCHENKO O., ŻYLIŃSKA-URBAN J., KOWALCZYK M.,
Tradycyjne i nowe kierunki wykorzystania probiotyków.

Przemysł Spożywczy (2023) 77(5): 28-33

DOI: 10.15199/65.2023.5.6

320/M

LUO M., SARNOWSKI T.J., LIBAULT M., RIOS G., CHARRON J-B., MANTRI N., ZHANG S.,

Editorial: New insights into mechanisms of epigenetic modifiers in plant growth and development, volume II.

Frontiers in Plant Science (2023) 14: 1213511 (3 p.)

DOI: 10.3389/fpls.2023.1213511

IF 5.6 (2022)

321/M

TUREK M.,
A lesson from failure. (Working life essay)
Science (2023) 382(6669): 482
DOI: 10.1126/science.adl4907
IF 56.9 (2022)

322/M

MODRZEJEWSKA-BALCEREK M., BARTOSIK A.A.,
Rola regulatorów transkrypcji w kontroli ekspresji genów prokariotycznych na przykładzie modelowej bakterii *Pseudomonas aeruginosa*.
Postępy Biochemii (2023) 69(3): 199 - 221
DOI: 10.18388/pb.2021_490

323/M

KORCZAK-ABSHIRE M.,
Badania polarne w dobie kryzysu klimatycznego. Sesja Polskiej Akademii Nauk podczas tygodnia nauki polskiej na EXPO 2020 Dubai.
Biuletyn Polarny (2023) 26-27: 36-38

324/M

BAL W., DETMAN-IGNATOWSKA A.,
Innowacyjność pochodzi z badań naukowych.
Home&Market (2023) 11: 76-79

PUBLIKACJE NIEUWZGLĘDNIONE W LATACH 2020 – 2022

2020 Artykuły

6113/2

BOCHTLER M.,
Arrhenius-law-governed homo- and heteroduplex dissociation.
Physical Review E (2020) 101(3): 032405
DOI: 10.1103/PhysRevE.101.032405
IF 2.529 (2020)

6113/3

GRADOWSKI M., BARANOWSKI B., PAWŁOWSKI K.,
The expanding world of protein kinase-like families in bacteria: forty families and counting.
Biochemical Society Transactions (2020) 48(4): 1337-1352
DOI: 10.1042/BST20190712
IF 5.407 (2020)

6113/4

WIECZOREK G., NIEDZIAŁEK D.,
Molecular dynamics.
eLS (2020) Ed. J. Wiley & Sons, Ltd. (18 p.)
ISBN: 9780470015902
DOI: 10.1002/9780470015902.a0003048.pub3

6113/5

GÓRECKA M., LEWANDOWSKA M., DĄBROWSKA-BRONK J., BIAŁASEK M., BARCZAK-BRZYŻEK A., KULASEK M., MIELECKI J., KOZŁOWSKA-MAKULSKA A., GAWROŃSKI P., KARPIŃSKI S.,
Photosystem II 22kDa protein level - a prerequisite for excess light-inducible memory, cross-tolerance to UV-C and regulation of electrical signalling.

Plant, Cell and Environment (2020) 43(3): 649-66

DOI: 10.1111/pce.13686

IF 7.228 (2020)

2020 Miscellanea**295/M**

CHWEDORZEWSKA K.J., KORCZAK-ABSHIRE M., ZNÓJ A.,
Is Antarctica under threat of alien species invasion?

Global Change Biology(2020) 26:1942–1943

DOI: 10.1111/gcb.15013

IF 10.863 (2020)

296/M

LUO M., RIOS G., SARNOWSKI T.J., ZHANG S., MANTRI N., CHARRON J-B., LIBAULT M.,
Editorial: new insights into mechanisms of epigenetic modifiers in plant growth and development.

Frontiers in Plant Science (2020) 10: 1661

DOI: 10.3389/fpls.2019.01661

IF 5.754 (2020)

297/M

POZNAŃSKI J., FABBRO D.,
IUBMB focused meeting: 10^(th) conference Inhibitors of Protein Kinases. Kinase inhibitors in target biology and disease (IPK2019).

IUBMB Life (2020) 72(6): 1094-1096 (special issue)

DOI: 10.1002/iub.2303

IF 3.885 (2020)

298/M

ŚWIEŻEWSKA E., CHOJNACKA A.,
Obituary: in memory of Professor Tadeusz Chojnacki (1932–2020).

Cellular and Molecular Biology Letters (2020) 25: 46

DOI: 10.1186/s11658-020-00239-4

IF 5.787 (2020)

299/M

FIKUS M.,
Co ty wiesz o nauce?

Pauza Akademicka (2020) 529: 2-3

2020 Abstrakty

4806/1/A

BAKUŁA Z., DECEWICZ P., GAWOR J., JANKOWSKA-KONSUR A., HRYNCEWICZ-GWÓŹDŹ A., DYLAŁG M., GROMADKA R., ISKRA M., JAGIELSKI T.,

The mycobiome of the skin of patients with atopic dermatitis and healthy volunteers.

FEMS Online Conference on Microbiology, 28-31 October 2020

Electronic Abstract Book, p.275

4806/2/A

TYMOSZEWSKA A., ALEKSANDRZAK-PIEKARCZYK T.,

Antilisterial bacteriocin rhamnosin B targets Man-PTS.

FEMS Online Conference on Microbiology, 28-31 October 2020

Electronic Abstract Book, p.287

4806/3/A

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

Deciphering the role of PA2504 protein - structural studies.

FEMS Online Conference on Microbiology, 28-31 October 2020

Electronic Abstract Book, p.298

4806/4/A

TYMOSZEWSKA A., ALEKSANDRZAK-PIEKARCZYK T., DIEP D.B.,

Resistance to aureocin A53- and enterocin L50-like bacteriocins relies on the two-component systems.

14th International Scientific Conference on Probiotics, Prebiotics, Gut Microbiota and Health – IPC2020, online event

Proceedings, Oral Presentation, p.23-24

2020 Prace magisterskie

1026/N

RAMESH VEENA

Charakterystyka molekularna transportu pęcherzykowego w mutantach ścieżki biosyntezy steroli roślinnych.

(Molecular characteristics of vesicular transport in selected mutants from sterol biosynthesis pathway in a model plant *Arabidopsis thaliana*.)

Presented November 8, 2020

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 Patrycja Wińska, dr Małgorzata Gutkowska-Stronkowska

2021 Artykuły

6315/1

BAŁAZY P., KONTNY B., RÓŻYCKI J., SANIEWSKI M., PUCZKO D., PYDYN A.,

Scientific Diving in Poland and Invitation to the Polish Committee on Scientific Diving.

Polish Hyperbaric Research (2021) 76(3): 77 - 83

DOI: 10.2478/phr-2021-0018

IF - (2021)

2021 Abstrakty

4931/A

BOJARSKA J., APOSTOLOPOULOS V., MATSOUKAS J., FEEHAN J., RIDGWAY H., ZIELENKIEWICZ P., WOLF W.M.,

The role of structural biology in pandemic's puzzles: amino acids and short peptides as key players. 25th Congress and General Assembly of the International Union of Crystallography, Prague, Czech Republic, 14-22 August 2021

Acta Crystallographica Section A: Foundations and Advances (2021) 77(supplement S): C794-795, PS-11-5

4932/A

KOŹMIŃSKI P., ŁYCZKO K., BEDNARIKOVA Z., GAZOVA Z., WILHELM I., KRIZBAI I., WIECZOREK G., NIEDZIAŁEK D.,

Photoswitchable dismantlers of biomaterials made of amyloid fibrils.

25th Congress and General Assembly of the International Union of Crystallography, Prague, Czech Republic, 14-22 August 2021

Acta Crystallographica Section A: Foundations and Advances (2021) 77(supplement S): C890, PS-19-14

4932/1/A

TOŁKACZ K., BEDNARSKA M., BAJER A.,

Vertical transmission of *Babesia microti* and the effect of concurrent *Bartonella spp.* infection on its success.

13th European Multicolloquium of Parasitology, Belgrade, Serbia, 12-16 October 2021

Programme & Abstract Book p.97

4932/2/A

TOŁKACZ K., BAJER A., BEDNARSKA M.,

From mummy, with love - impact of *Babesia microti* infection on the initiation and course of pregnancy in BALB/c mice.

13th European Multicolloquium of Parasitology, Belgrade, Serbia, 12-16 October 2021

Abstracts, poster

2021 Prace magisterskie

1051/1/N

JURCZEWSKI KONRAD

Analiza regionów o niskiej złożoności zawierających powtórzenia histydynowe w białkach.

(Analysis of low complexity regions containing histidine repeats in protein.)

Presented December 29, 2021

Research done at The Institute of Genetics and Biotechnology of the University of Warsaw and IBB PAS.

M.Sc.Thesis Supervisors: prof dr hab. Paweł Golik, dr hab. Marcin Grynberg

2022 Abstrakty

5077/1/A

ROGAŁA M.M., GAWOR J., GRZESIAK J.,

New classes of PHA synthases within polar region bacteria.

The 9th International Conference on Polar and Alpine Microbiology, Potsdam, Germany, 9-14 October 2022

Abstracts, poster

5077/2/A

KACZANOWSKI S.,

Yeast as a model of evolution of apoptosis.

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

Abstracts, oral presentation

5077/3/A

GRECH-BARAN M.,

The Ry_{sto} immune receptor recognizes a broadly conserved feature of potyviral coat proteins.

MPMI 2022 Early Career Showcase, international online conference, organizer: Stanford University USA, 8-9 September 2022

Abstracts, oral presentation

5077/4/A

KASZTELAN K., CHLEBOWSKI A., KULIŃSKI T. J., AFFEK K., DZIEMBOWSKI A., SZCZĘSNY R.J.,

Identification of proteins involved in the regulation of double-stranded RNA level in the nucleus of human cells.

The 27th Annual Meeting of the RNA Society, Boulder, United States of America, 31 May - 5 June 2022

Abstracts, poster

2022 Miscellanea**317/M/1**

KLAPRAJAN K., KHAMPRONG P., KLUEBSOONGNOEN J.,

Development of In-House HCG, Protein, and Glucose in Urine Control Material for Quality Assessment in Primary Care Units in the Saraburi Hospital Network.

Journal of the Medical Technologist Association of Thailand (2022) 50(1): 8080-8097

IF - (2022)

2022 Rozprawy doktorskie**1102/N**

CHMIELEWSKA-JEZNACH MAGDALENA

Charakterystyka genomowa i fizjologiczna bakteriofagów *Lactococcus* oraz analiza funkcjonalna elementów związanych z replikacją DNA

(Genomic and physiological characteristic of *Lactococcus* bacteriophages and functional analysis of DNA replication-related elements.)

Presented September 13, 2022

Research done in Institute of Biochemistry and Biophysics, Polish Academy of Sciences.

Ph.D. Thesis Supervisors: prof. dr hab. Jacek Bardowski, dr Agnieszka Szczepankowska

[pol-ang]

2022 Prace magisterskie**1103/N**

ODENIYI ADEOLA MARIAM

Rozwikłanie roli domeny NUDIX w funkcjonowaniu HopAG1 - jednego z efektorów *Pseudomonas syringae*.

(Unravelling the role of NUDIX domain in functioning of HopAG1 - one of the *Pseudomonas syringae*

effectors.)

Presented November 28, 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. Anna Sobiepanek, dr inż. Magdalena Górecka

Informacje o działalności jednostki naukowej PAN w 2023 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 biologiczne Decyzja nr 337/604/2022-2 z dnia 25.10.2023 Kategoria A+ w dyscyplinie nauki chemiczne, Decyzja nr 337/605/2022-1 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 Metaloprotein 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-OPENSREEN – Polska Platforma Infrastruktury Skringowej 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. Obecnie Na 190 pracowników naukowych oraz technicznych obecnie w IBB PAN pracuje 23 obcokrajowców z 16 krajów. Spośród nich 3 osoby są kierownikami pracowni a 9 osób jest kierownikami własnych projektów finansowanych przez NCN, NIH, PASIFIC oraz UE. Z kolei w Szkole Doktorskiej IBB PAN ponad 50% uczestników jest obcokrajowcami (54 doktorantów z 15 krajów).

Od roku 2020 liczba obcokrajowców związanych z Instytutem wzrosła prawie o 250%.

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
152	1	0	148	0	3

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 zwane		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): 105

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	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	
	2	Jak aktywacja szlaku kinaz Mec1/Tel1 (ludzkie ATR/AM) w odpowiedzi na uszkodzenia genomu jądrowego wpływa na stabilność mitochondrialnego genomu: badanie na drożdżowym modelu mutacji w polimerazie POLG.	Dr hab. Aneta Kaniak-Golik	2018	2023	818 000 zł	Narodowe Centrum Nauki	Jak aktywacja szlaku kinaz Mec1/Tel1 (ludzkie ATR/AM) w odpowiedzi na uszkodzenia genomu jądrowego wpływa na stabilność mitochondrialnego genomu: badanie na drożdżowym modelu mutacji w polimerazie POLG.
	3	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
	4	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

5	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
6	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	
7	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	2023	1 457 500 zł	Narodowe Centrum Nauki	The Sainsbury Laboratory, University of East Anglia, Wielka Brytania
8	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	
9	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
10	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	
11	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	2024	1 618 800 zł	Narodowe Centrum Nauki	Max Planck Institute for Plant Breeding Research, Niemcy

12	Nowe mechanizmy molekularne w pozakomórkowym transporcie miedzi.	Prof. dr hab. Wojciech Bal	2019	2023	1 522 000 zł	Narodowe Centrum N złauki	1) University of Strasbourg, Francja 2) Technical University Delft, Holandia 3) St. Mary College, Notre Dame, USA 4) Imperial College, Wielka Brytania
13	Charakterystyka klonów <i>Streptococcus pyogenes</i> opornych na makrolidy.	Dr hab. Izabela Kern-Zdanowicz	2018	2024	1 027 302 zł	Narodowe Centrum Nauki	
14	Ocena funkcji biologicznej podjednostki typu SNF5 kompleksu SWI/SNF u <i>Arabidopsis thaliana</i> z wykorzystaniem nowej linii insercyjnej z inaktywacją genu kodującego tę podjednostkę.	Mgr Jarosław Steciuk	2019	2024	210 000 zł	Narodowe Centrum Nauki	Max Planck Institute for Plant Breeding Research, Niemcy
15	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	
16	Proteomiczna analiza interakcji białek wirusa Zika z jąderkowymi 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
17	"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	
18	Projektowanie fotoprzełączalnych rozbrajaczy biomateriałów zbudowanych z włókien amyloidowych.	Dr Dorota Niedziałek	2019	2024	618 600 zł	Narodowe Centrum Nauki	Cavendish Laboratory in Cambridge, Wielka Brytania

19	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.	Prof. dr hab. Tomasz Sarnowski	2019	2024	1 499 400 zł	Narodowe Centrum Nauki	1) University of Leeds, Wielka Brytania 2) Max-Planck Institute of Molecular Plant Physiology, Niemcy
20	Mechanizmy zachowania metylacji DNA u ssaków: czas, wierność i podstawy kopiowania wzoru metylacji.	Prof. dr hab. Matthias Bochtler	2019	2024	1 737 600 zł	Narodowe Centrum Nauki	East China Normal University, College of Life Science, Chiny
21	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	
22	Regulacja śmierci komórki i aktywności OXPHOS przez AMPylazę Fmp40 u drożdży <i>S. cerevisiae</i> .	Dr hab. Róża Kucharczyk	2019	2024	1 671 600 zł	Narodowe Centrum Nauki	University of Strasburg, Francja, Francja
23	Rola efektora HopAG1 w wirulencji bakteryjnych patogenów roślinnych.	Dr Magdalena Górecka	2019	2023	1 021 800 zł	Narodowe Centrum Nauki	
24	Identyfikacja nieznanych regulatorów wtórnego czasu spoczynkowego nasion u <i>Arabidopsis</i> .	Dr Ruslan Yatusewich	2019	2023	1 456 400 zł	Narodowe Centrum Nauki	
25	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	
26	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
27	Identyfikacja czynników wirulencji <i>Streptococcus anginosus</i> .	Dr hab. Izabela Kern-Zdanowicz	2019	2023	1 005 620 zł	Narodowe Centrum Nauki	
28	Modyfikacja i działanie niekodujących RNA.	Dr Jacek Nowak	2020	2024	2 063 140 zł	Narodowe Centrum Nauki	Institute for Integrative Biology of the Cell (I2BC), CNRS, CEA, Université Paris Sud, Gif-sur-Yvette, Francja

29	Identyfikacja substratów SnRK2 grupy I zaangażowanych w metabolizm RNA i wyjaśnienie roli ich fosforylacji.	Mgr Adrian Kasztelan	2020	2024	210 000 zł	Narodowe Centrum Nauki	
30	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	2024	2 249 194 zł	Narodowe Centrum Nauki	CEB-Centre of Biological Engineering, University of Minho, Braga, Portugal
31	Nowe aspekty negatywnej regulacji polimerazy III RNA u drożdży <i>Saccharomyces cerevisiae</i> .	Dr hab. Małgorzata Cieśla	2020	2024	1 252 200 zł	Narodowe Centrum Nauki	Institute of Cellular Biochemistry and Genetics, CNRS UMR5095, Bordeaux University, Francja
32	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
33	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	
34	Kompleksowa analiza funkcji Rysto receptora typu TIR-NB-LRR w odporności ziemniaka na infekcje.	Dr Marta Grech-Baran	2020	2024	909 000 zł	Narodowe Centrum Nauki	
35	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
36	Identyfikacja i całościowa klasyfikacja peptydaz.	Dr Kamil Steczkiewicz	2020	2024	878 400 zł	Narodowe Centrum Nauki	

37	Zróżnicowana aktywność systemów naprawy rybonukleotydów na nici wiodącej i opóźnionej DNA i jej konsekwencje dla mechanizmu i wierności replikacji obydwu nici DNA w komórkach <i>Escherichia coli</i> .	Mgr Krystian Łazowski	2020	2023	139 920 zł	Narodowe Centrum Nauki	
38	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
39	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
40	Mechanizmy molekularne odpowiedzialne za formowanie się mięśniowych egzosfer oraz ich rola w proteostazie i cyklu życiowym <i>C. elegans</i> .	Dr Michał Turek	2020	2024	1 896 240 zł	Narodowe Centrum Nauki	
41	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
42	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	

43	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
44	Mechanizm molekularny łączący mutacje polimerazy III RNA z rozwojem leukodystrofii typu HLD.	Dr Tomasz Turowski	2021	2024	1 535 600 zł	Narodowe Centrum Nauki	
45	Specyfika funkcjonalna wirusowej RNA-zależnej polimerazy RNA, głównego celu w terapii COVID19.	Dr Tomasz Turowski	2021	2023	198 000 zł	Narodowe Centrum Nauki	
46	Identyfikacja zależności pomiędzy kompleksem remodelującym chromatynę typu SWI/SNF, kontrolą metabolizmu i modyfikacją RNA w raku gruczołowotorbielowatym ślinianki jako podstawa dla nowej terapii celowanej.	Prof. dr hab. Tomasz Sarnowski	2021	2025	2 532 720 zł	Narodowe Centrum Nauki	Max-Planck Institute für Molekulare Pflanzenphysiologie, Niemcy
47	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	
48	Indukowane interferonem czynniki odporności przeciwbakteryjnej w cytozolu komórki gospodarza.	Dr Michał Wandel	2021	2025	2 586 000 zł	Narodowe Centrum Nauki	
49	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	
50	Identyfikacja i charakteryzacja nowych czynników obrony przeciwbakteryjnej.	Dr Michał Wandel	2021	2025	200 000 zł	Narodowe Centrum Nauki	
51	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

52	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	
53	Rola białek NBR1 i LSU w stabilności katalaz w <i>Arabidopsis thaliana</i> .	Dr inż. Anna Niemirow	2022	2024	69 540 zł	Narodowe Centrum Nauki	
54	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
55	Ancestralne cechy oraz innowacje w genomach starych ewolucyjnie linii grzybów- implikacje dla mukormykozy.	Dr hab. Anna Muszewska	2022	2026	1 348 588 zł	Narodowe Centrum Nauki	
56	Wpływ bakterii z rodzaju <i>Lactococcus</i> i <i>Leuconostoc</i> 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
57	Potranskrypcyjne zmiany puli mRNA w nasionach.	Dr Michał Krzysztoń	2022	2026	1 817 800 zł	Narodowe Centrum Nauki	
58	Epigenetyczna regulacja procesu powstawania egofer.	Dr Michał Turek	2022	2027	3 985 200 zł	Narodowe Centrum Nauki	

59	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	
60	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	
61	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
62	Historia zlodowaceń Wyspy Króla Jerzego.	Dr Stephen Jennings	2022	2025	2 376 190 zł	Narodowe Centrum Nauki	
63	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, Francja 2) Karlsruhe Institute of Technology, Institut für Angewandte Biowissenschaften Abteilung für Lebensmittelchemie und Toxikologie, Niemcy

64	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
65	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
66	Identyfikacja i analiza mechanizmów kontrolujących poziom oraz jakość mitochondrialnego mRNA.	Dr hab. Roman Szczęsny	2022	2027	4 165 600 zł	Narodowe Centrum Nauki	
67	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
68	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	
69	Odpornościowe platformy sygnałowe na bakteriami wewnątrzkomórkowych.	Dr Michał Wandel	2022	2025	1 897 000 zł	Narodowe Centrum Nauki	
70	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	

71	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	
72	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
73	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	
74	Termodynamiczny wkład wiązań halogenowych w układach białko - ligand. Projektowanie, synteza i analizy termodynamiczne modelowych systemów.	Mgr inż. Sławomir Kasperowicz	2023	2025	139 780 zł	Narodowe Centrum Nauki	
75	Wykorzystanie rzadkiego Polimorfizmu Pojedynczego Nukleotydu ludzkiego białka WDR61 do identyfikacji nowego kompleksu związanego ze składowymi SF3A/B podjednostki U2 spliceosmu.	Dr Tudek Agnieszka	2023	2027	2 839 460 zł	Narodowe Centrum Nauki	
76	Albumina obciążona przy N-końcu: przyjaciel czy wróg metabolizmu miedzi?	Mgr Marta Wiśniewska	2023	2027	209 840 zł	Narodowe Centrum Nauki	
77	Kinazy SnRK2 jako kluczowe białka w funkcjonowaniu nasion - wyjaśnienie nowych mechanizmów molekularnych kontrolujących zdolność kiełkowania nasion oraz wejścia w stan wtórnego spoczynku.	Dr Anna Kulik	2023	2027	2 577 600 zł	Narodowe Centrum Nauki	
78	Wpływ kontroli transkrypcji tRNA przez białko Maf1 na translację mRNA u drożdży <i>Saccharomyces cerevisiae</i> .	Mgr inż. Alicja Agata Armatowska	2023	2025	140 000 zł	Narodowe Centrum Nauki	

79	Sieć regulacyjna i interakcje transporterów leków/metabolitów błony wewnętrznej bakterii - implikacje dla fizjologii, lekooporności i wirulencji.	Dr hab. Aneta Bartosik	2023	2027	1 662 192 zł	Narodowe Centrum Nauki	
80	Czynniki elongacyjne w syntezie niekodujących RNA związanych z rozwojem.	Dr Jacek Nowak	2023	2027	2 157 570 zł	Narodowe Centrum Nauki	
81	Rola magazynowania cynku w białkach rybosomalnych komórek eukariotycznych.	Dr hab. Ulrike Topf	2023	2027	2 747 440 zł	Narodowe Centrum Nauki	
82	Ocena metabolitów L-tryptofanu w osi kynureninowej w relacji do nasilenia stanu zapalnego w ostrej zatorowości płucnej i w zespole po zatorowości płucnej.	Prof. dr hab. Michał Dadlez	2023	2026	170 800 zł	Narodowe Centrum Nauki	
83	Mały Nośnik Miedzi (SCC), nieuchwytna kluczowa forma w homeostazie miedzi. Badania analityczne i kinetyczne).	Prof. dr hab. Wojciech Bal	2023	2027	687 800 zł	Narodowe Centrum Nauki	
84	Zagospodarowanie w celach nawozowych końcowego pofermentu po dwustopniowym, beztlenowym rozkładzie melasy do biodoboru i biometan- analiza wpływu na właściwości chemiczne gleby, dynamikę mikrobionu glebowego i wybrane wskaźniki wzrostu pszenicy.	Dr Anna Detman	2023	2026	726 620 zł	Narodowe Centrum Nauki	
85	Identyfikacja kluczowych elementów strukturalnych immunomodulacyjnych białek - inhibitorów transportera peptydów antygenowych TAP wybranych alfaherpeswirusów	Dr Igor Żukow	2023	2026	434 320 zł	Narodowe Centrum Nauki	
86	Kotranslacyjne zwijanie się białek w świetle ewolucji rybosomów	Dr Tomasz Włodarski	2023	2025	973 218 zł	Narodowe Centrum Nauki	
87	Systematyczne badania nad wiązaniem jonów Cu(II) przez modelowe peptydy reprezentujące N-końcowy fragment	Dr Iwona Ufnalska	2023	2024	48 400 zł	Narodowe Centrum Nauki	

		ludzkiego transportera jonów miedzi hCTR1 - stała wiązania, kinetyka wiązania, właściwości redoks centrum koordynacji.						
	88	Badanie odpowiedzi komórkowych na utlenianie białek rybosomalnych podczas starzenia	Dr Katarzyna Jonak	2023	2026	1 572 946 zł	Narodowe Centrum Nauki	
	89	Łagodzenie wpływu zmian klimatu na odporność roślin uprawnych poprzez modelowanie termo-stabilności receptorów odpornościowych.	Dr Marta Grech-Baran	2023		2 582 400 zł	Narodowe Centrum Nauki	
II.3.2 Projekty finansowane lub dofinansowane ze środków Narodowego Centrum Badań i Rozwoju	1	Modernizacja i utrzymanie infrastruktury bioinformatycznej IBB PAN.	Prof. dr hab. Piotr Zielenkiewicz	2021	2024	kwota ustalana corocznie	NCBiR	
	2	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	Welcome to IBB Center – drugie dofinansowanie	Dr hab. Roman Szczęsny	2023	2025	271 775 zł	NAWA	
	6	POL-OPENSREEN - Polska Platforma Infrastruktury Skринingowej dla Chemii Biologicznej.	Prof. dr hab. Piotr Zielenkiewicz	2018	2023	11 500 000 zł	MNiSW	
	7	Translation regulation in spore-forming bacterium – Specialized ribosomes in <i>Bacillus subtilis</i> .	Dr hab. Agata Starosta	2020	2023	3 019 579 zł	FNP	
	8	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	2023	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	2023	623 788 zł	Unia Europejska H2020 Marie Skłodowska-Curie Individual Fellowships	

	6	Leveraging host-imposed metal starvation to elucidate the molecular and environmental factors that dictate metal utilization by the iron/manganese superoxide dismutase superfamily.	Waldron Kevin	2023	2024	580 000 zł	NIH	
II.3.5. Inne projekty	1	Development of novel mRNA/VLP-based vaccines against emerging zoonotic viral diseases.	Dr hab. Roman Szczęsny	2021	2023	858 326 zł	Agencja Badań Medycznych	
	2	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).

Strand specificity of ribonucleotide excision repair in *Escherichia coli*

Krystian Łazowski, Mahmood Faraz, Alexandra Vaisman, Nicholas W. Ashton, Piotr Jonczyk, Iwona J. Fijałkowska, Anders R. Clausen, Roger Woodgate, Karolina Makiela-Dzibenska

Nucleic Acids Research, Volume 51, Issue 4, 28 February 2023, Pages 1766–1782, <https://doi.org/10.1093/nar/gkad038>

W pracy pokazano, że w *Escherichia coli* naprawa rybonukleotydów inkorporowanych przez polimerazy DNA w trakcie replikacji oraz syntezy TLS jest różna na obu niciach DNA. Rybonukleotydy na nici wiodącej naprawiane są głównie za pomocą systemu naprawy przez wycięcie rybonukleotydu (ang. Ribonucleotide Excision Repair, RER) zależnego od RNazyHII, natomiast te na nici opóźnionej przy udziale systemu RER zależnego od RNazyHI i naprawy przez wycięcie nukleotydu (ang. Nucleotide Excision Repair, NER).

Promoter-pervasive transcription causes RNAPolymerase II pausing to boost DOG1 expression in response to salt

Miguel Montez, Maria Majchrowska, Michal Krzyszton, Grzegorz Bokota, Sebastian Sacharowski, Magdalena Wrona, Ruslan Yatusevich, Ferran Massana, Dariusz Plewczynski, Szymon Swiezewski
The EMBO Journal (2023) 42: e112443 <https://doi.org/10.15252/embj.2022112443>

Kiełkowanie nasion to nie odwracalny proces przejścia z najbardziej odpornej na czynniki zewnętrzne formy istnienia rośliny do drobnej roślinki. Nasiona, które pobrały wodę, ale trafiły w warunki nie korzystne do kiełkowania mają możliwość opóźnienia. Nasze badania opisują molekularny mechanizm oparty o niekodujący białka RNA nazwany przez nas PUPPIES który w przypadku wysokiego stężenia soli opóźnia kiełkowanie nasion po przez aktywację ekspresji genu DOG1, głównego regulatora spoczynku nasion.

- Najważniejsze w roku sprawozdawczym osiągnięcie działalności naukowej jednostki o znaczeniu ogólnospołecznym lub gospodarczym, jeżeli zjawisko wystąpiło (maks. 500 znaków ze spacjami).

Grupa dr hab. Anny Sikory, Pracownia Białej Biotechnologii

Opracowano *know-how* dla innowacyjnej metody otrzymywania biopaliw gazowych z produktów ubocznych przemysłu cukrowniczego wraz z propozycją wykorzystania końcowego pofermentu jako bionawozu. Prace rozwojowe dążą do wdrożenia technologii produkcji bio-H₂, biogazu i bionawozów w cukrowni zapewniając energię odnawialną i gospodarkę o obiegu zamkniętym. Osiągnięcia doceniono w 2023r. przez MEiN nagrodą za działalność wdrożeniową, Urząd Marszałkowski nagrodą Innowator Mazowsza w kategorii Innowacyjny Naukowiec oraz nominacją przez PAN do Nagrody Earthshort Prize 2024.

- 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 effect of climate change on avian offspring production: A global meta-analysis

Lucyna Halupka, Debora Arlt, Jere Tolvanen, Małgorzata Korczak-Abshire, et al.

Proceedings of the National Academy of Sciences USA (2023) 120(19): e2208389120 (8 p.) DOI:
<https://doi.org/10.1073/pnas.2208389120>

Zbadano wpływ zmian klimatycznych na rozrodczość ptaków w skali globalnej. Metaanaliza danych z 201 populacji dzikich ptaków z sześciu kontynentów, wykazała, że średnia liczba wychowanych rocznie piskląt spadła na całym świecie w ciągu ostatnich 50 lat. Stwierdzono znaczne różnice między gatunkami i populacjami. Gatunki wędrowne, o stosunkowo dużej masie ciała, są najbardziej narażone na spadek rozrodczości. Wyniki wspierają decyzje Komisji ds. Zachowania Żywych Zasobów Morskich Antarktyki.

Projekt p.t. „Rozwój innowacyjnych rozwiązań terapeutycznych z wykorzystaniem technologii RNA”, nr ABM/2021/5 Badania finansowane są przez Agencję Badań Medycznych

Dr hab. Roman Szczęsny

Prowadzone prace mają na celu opracowanie szczepionek przeciwko wirusom odzwierzęcym z wykorzystaniem platformy mRNA. Rolą prac prowadzonych w Instytucie jest weryfikacja zaprojektowanych sekwencji mRNA pod względem ich translacji oraz indukcji nieswoistej odpowiedzi immunologicznej. W dalszym etapie projektu lider projektu – firma ADAMED m.in. zwiększy skalę syntezy mRNA in vitro. Projekt jest realizowany przez konsorcjum trzech podmiotów: Adamed (lider), IBB PAN (partner) oraz Uniwersytet Gdański (partner).

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.	17736762	12.06.2017	3469372	Methods for diagnosis, differentiation and monitoring using urine proteins as markers in IgA nephropathy.	Krzysztof Mucha Leszek Pączek Radosław Zagożdżon Bartosz Foroniewicz Michał Dadlez Magdalena Bakun Jan Piwowarski Tomasz Pilżys Michał Marcinkowski Damian Garbicz Elżbieta Grzesiuk Michał Florczak	WUM IBB PAN	EPO - Europejski Urząd Patentowy
2.	15739689	12.06.2015	3185893	Use of catatonic derivatives of polyprenols PTAI in Production of immunomodulating substances.	Anna Góra-Sochacka Anna Stachyra Agnieszka Sirko Włodzimierz Zagórski-Ostoja Patrycja Redkiewicz Katarzyna Gawarecka Tadeusz Chojnacki Karolina Skorupińska-Tudek	IBB PAN UJ IChO PAN	EPO - Europejski Urząd Patentowy

					Ewa Kula-Świeżewska Monika Rak Zbigniew Madeja Marek Masnyk Marek Chmielewski Anna Ochalek		
3.	P.444765	07.05.2023		Hydrożel chitozanowo-miedziowy, sposoby jego wytwarzania, kompozycje go zawierające sposoby go wykorzystujące, powierzchnia, tkanina, włóknina nim pokryte oraz zastosowania hydrożelu chitozanowo-miedziowego.	Drabikowski Krzysztof Bal Wojciech	IBB PAN	UP RP
4.	P.445172	07.06.2023		Rekombinowane białko enDR3 wiążące hybrydy RNA/DNA, rekombinowane białko enDR3-mEGFP, inżynierowana domena RNazy H3, sposób otrzymywania rekombinowanego białka enDR3, zastosowanie rekombinowanego białka enDR3 do detekcji pętli R ex vivo i/lub in vivo, zastosowanie rekombinowanego białka enDR3 do badania wpływu leków oraz do badania udziału inhibitorów enzymów odpowiedzialnych za metabolizm pętli R, zastosowanie rekombinowanego białka enDR3 do mapowania miejsc wiązania antysensownych DNA (ASO) do mRNA, zastosowanie rekombinowanego białka enDR3 do diagnostyki wirusów, oraz do detekcji hybryd RNA/DNA i do detekcji miRNA, RNA lub DNA.	Damian Graczyk Małgorzata Figiel Roman Szczęsny Marcin Nowotny Marta Jedynak-Slyvka Zuzanna Kaczmarek,	MIBMIK IBB PAN	UP RP

5.	63/513,618	14.07.2023		Methods of improving the Thermostability of plant immune receptors.	Grech-Baran Marta, Poznański Jarosław, Hennig Jacek	IBB PAN, 2Blades, GB	U.S. Patent and Trademark Office
6.	P.443929	28.02.2023		Nowy szczep bakterii Weissella cibaria, kompozycja go zawierająca, kompozycja farmaceutyczna do zastosowania, suplement diety, preparat probiotyczny, bakteryjna kultura starterowa do wyrobu pieczywa, zakwas, pieczywo, sposób wytwarzania pieczywa, sposób mikrobiologicznego wytwarzania dekstranu, preparat bakteryjny oraz zastosowania wykorzystujące ten szczep	Kowalczyk Magdalena, Ayodele Tawakalt, Boreczek Jakub, Radziwiłł-Bieńkowska, Sałański Przemysław, Kostiuchenko Olha, Łobocka Małgorzata, Bardowski Jacek	IBB PAN	UP RP
	EP21863044	28.07.2023		Peptide for use in the treatment or prevention of COVID-19	Odolczyk Norbert, Zielenkiewicz Piotr, Winiewska-Szajewska Maria, Poznanski Jaroslaw Zielenkiewicz Urszula Klim Joanna	Instytut Biochemii i Biofizyki PAN	European Patent Office
	US 18/270,01928	28.06.28		Peptide for use in the treatment or prevention of COVID-19	Odolczyk Norbert, Zielenkiewicz Piotr, Winiewska-Szajewska Maria, Poznanski Jaroslaw Zielenkiewicz Urszula Klim Joanna	Instytut Biochemii i Biofizyki PAN	USA

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 Sałański 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
Agnieszka Szczepankowska	Molekularno-środowiskowe aspekty biologii litycznych fagów <i>Lactococcus lactis</i> .	nauki ścisłe i przyrodnicze dyscyplina nauki biologiczne

- doktora (imię, nazwisko pracownika, tytuł rozprawy doktorskiej, dziedzina i zakres nadanego stopnia naukowego)

I.p.	Imię i nazwisko	Tytuł rozprawy doktorskiej	Dziedzina i zakres nadanego stopnia naukowego
1	Sylwia Pilch	Funkcja AMPylazy Fmp40 w regulacji odpowiedzi komórki <i>drożdży Saccharomyces cerevisiae</i> na stres oksydacyjny.	nauki ścisłe i przyrodnicze dyscyplina nauki biologiczne
2	Hitha Gopalan Nair	Modulacja aktywności polimerazy RNA III i poziomu jej podjednostki POLR1D wpływa na właściwości nowotworowe komórek raka jelita grubego.	nauki ścisłe i przyrodnicze dyscyplina nauki biologiczne
3	Miguel Montez	Rola pauzowania Pol II i spowolnienia transkrypcji w aktywacji ekspresji genu DOG1 w odpowiedzi nasion Arabidopsis na stres.	nauki ścisłe i przyrodnicze dyscyplina nauki biologiczne
4	Katarzyna Dąbrowska	Zastosowanie metod spektrometrii mas do badania struktur złożonych kompleksów białkowych.	nauki ścisłe i przyrodnicze dyscyplina nauki biologiczne
5	Krystian Łazowski	Analiza wydajności systemów naprawy rybonukleotydów przy użyciu wariantów polimeraz DNA o zwiększonej częstotliwości inkorporacji rybonukleotydów w <i>E. coli</i> .	nauki ścisłe i przyrodnicze dyscyplina nauki biologiczne

6	Julia Rachowka	Poszukiwanie aktywowanego przez aneksyny mechanizmu molekularnego ochrony chloroplastów przed stresem oksydacyjnym w <i>Arabidopsis thaliana</i> .	nauki ścisłe i przyrodnicze dyscyplina nauki biologiczne
7	Agata Jabczyńska	Identyfikacja i analiza funkcjonalna nowych białek wiążących RNA w mitochondriach człowieka.	nauki ścisłe i przyrodnicze dyscyplina nauki biologiczne
8	Łukasz Grabowski	Analiza bezpieczeństwa terapii fagowej stosowanej w zwalczaniu zakażeń wywołanych przez serowary <i>Salmonella enterica</i> .	nauki ścisłe i przyrodnicze dyscyplina nauki biologiczne
9	Agnieszka Bednarek	Analiza i biologiczne podstawy złożoności funkcji litycznych bakteriofaga P1.	nauki ścisłe i przyrodnicze dyscyplina nauki biologiczne
10	Krystyna Bińko	Biogeneza podjednostek Atp6 i Atp9 syntazy ATP w drożdżach <i>Saccharomyces cerevisiae</i> .	nauki ścisłe i przyrodnicze dyscyplina nauki biologiczne
11	Martyna Biernacka	Analiza funkcjonalna białek NUDIX RppH oraz NudC jako potencjalnych czynników wirulencji bakterii <i>Pseudomonas aeruginosa</i> .	nauki ścisłe i przyrodnicze dyscyplina nauki biologiczne
12	Maciej Lirski	Kluczowa rola histonów łącznikowych (H1) w utrzymaniu represji heterochromatyny u <i>Arabidopsis</i> .	nauki ścisłe i przyrodnicze dyscyplina nauki biologiczne
13	Elżbieta Filipczuk	Biologiczne funkcje i mechanizmy działania unikatowych związków lipidowych, dolicholi w komórkach grzybów strzępkowych.	nauki ścisłe i przyrodnicze dyscyplina nauki biologiczne
14	Ismail Tahmaz	Niekanoniczna funkcja molekularnego białka opiekuńczego prefoldyny w warunkach fizjologicznych i stresowych w <i>Saccharomyces cerevisiae</i> .	nauki ścisłe i przyrodnicze dyscyplina nauki biologiczne
15	Sebastian Graczyk	Wykorzystanie szlaku mewalonowego do zwiększenia właściwości biokontrolnych <i>Trichoderma atroviride</i> .	nauki ścisłe i przyrodnicze dyscyplina nauki biologiczne
16	Vandana Kaushal	Weryfikacja teorii endosymbiotycznego pochodzenia apoptozy poprzez heterologiczną ekspresję ortologów czynników apoptotycznych z organizmów odlegle spokrewnionych z <i>Saccharomyces cerevisiae</i> .	nauki ścisłe i przyrodnicze dyscyplina nauki biologiczne
17	Katarzyna Kosiorek	Charakterystyka plazmidu szczepu <i>Lactococcus lactis</i> IL594 oraz jego rola w regulacji ekspresji genów chromosomalnych komórek gospodarza.	nauki ścisłe i przyrodnicze dyscyplina nauki biologiczne
18	Izabela Ziuzia-Graczyk	Badania interakcji między dwoma białkami bakteriofagowymi, prymazą T4 (gp61) i polimerazą DNA RB69 (gp43).	nauki ścisłe i przyrodnicze dyscyplina nauki biologiczne
19	Ferran Masana	Analiza zależności pomiędzy spoczynkiem nasion a nabytą odpornością Systemiczną.	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
N/D	N/B	N/D

- doktora

I.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 Avall 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 sprawozda wczym		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		
16	14	0	0	0	0	0	0		
Liczba uczestników studiów doktoranckich ogółem						w tym: przyjęci w roku sprawozda wczym			
30						0		24	24
K		M		K	M				
16		14		0	0				

Bliższe informacje o doktorantach niebędących obywatelami polskimi, zwanymi dalej „cudzoziemcami”

Liczba cudzoziemców ogółem		w tym: przyjęci w roku sprawozdawczym	
12		0	
Kraj pochodzenia	Liczba cudzoziemców	Kraj pochodzenia	Liczba cudzoziemców
1) Chiny	1	nie dotyczy	nie dotyczy
2) Indie	7		
3) Iran	1		
4) Portugalia	1		
5) Włochy	1		
6) Niemcy	1		

II.6.4 Szkoły doktorskie - stan na dzień 31 grudnia - *prośba o podanie danych odrębnie dla każdej szkoły doktorskiej*

W przypadku szkoły doktorskiej prowadzonej wspólnie z innymi podmiotami:

- *instytut naukowy PAN podaje dane dotyczące wyłącznie doktorantów przypisanych instytutowi PAN składającemu sprawozdanie lub*

- *instytut naukowy PAN będący podmiotem odpowiedzialnym za wprowadzanie danych do systemu POL-on podaje dane dotyczące wszystkich doktorantów szkoły doktorskiej, w podziale na poszczególne podmioty prowadzące szkołę.*

Nazwa szkoły doktorskiej prowadzonej przez instytut PAN lub wspólnie prowadzonej z innymi podmiotami		Szkoła Doktorska Medycyny Translacyjnej „Bench to Bedside – B 2 B 4 PhD”			
Podmiot odpowiedzialny za wprowadzanie danych do systemu POL-on i uprawniony do otrzymania środków finansowych na wspólne kształcenie w szkole doktorskiej		Centrum Medyczne Kształcenia Podyplomowego			
Podmioty wspólnie prowadzące szkołę doktorską		Centrum Medyczne Kształcenia Podyplomowego Instytut Medycyny Doświadczalnej i Klinicznej im. Mirosława Mossakowskiego PAN Instytut Hematologii i Transfuzjologii PAN Instytut Fizjologii i Patologii Słuchu Instytut Matki i Dziecka Instytut Biochemii i Biofizyki PAN Instytut Biocybernetyki i Inżynierii Biomedycznej im. Macieja Nałęczu PAN Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego (Centrum Medycyny Translacyjnej, Instytut Medycyny Weterynaryjnej)			
Dyscypliny, w których prowadzone jest kształcenie w szkole doktorskiej		1) Nauki medyczne 2) Nauki biologiczne 3) Inżynieria biomedyczna 4) Weterynaria			
Liczba doktorantów szkoły doktorskiej w instytucie naukowym PAN				Liczba doktorantów pobierających stypendia*	
Liczba doktorantów szkoły doktorskiej - ogółem:		w 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	5
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		Instytut Biochemii i Biofizyki Polskiej Akademii Nauk			
Dyscypliny, w których prowadzone jest kształcenie w szkole doktorskiej		Nauki biologiczne 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	41
25	16	9	7		

Blizsze 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

Kierownictwo Studiów doktoranckich i Szkoły Doktorskiej

Kierownikiem studiów doktoranckich oraz Szkoły Doktorskiej Biologii Molekularnej i Chemii Biologicznej prowadzonych w IBB PAN do 28.09.2023 r. była prof. dr hab. Ewa Kula-Świeżewska.

Z dniem 29.09.2023 na 4-letnią kadencję kierownika studiów doktoranckich oraz Szkoły Doktorskiej Biologii Molekularnej i Chemii Biologicznej prowadzonych w IBB PAN została powołana dr hab. Anna Muszewska.

Rada Szkoły Doktorskiej

W Szkole Doktorskiej od 31.10.2023 r. funkcjonuje Rada Szkoły Doktorskiej (dalej: RSD), powołana na mocy zarządzenia nr 48/2023 Dyrektora IBB PAN z dnia 31.10.2023 r. W skład RSD zostali powołani:

- dr hab. Anna Muszewska - Kierownik Szkoły Doktorskiej;
- prof. dr hab. Agnieszka Sirko - zastępca Dyrektora Instytutu ds. Naukowych (od 15.12.2023 r.);
- dr hab. Roman Szczęsny - zastępca Dyrektora Instytutu ds. Naukowych (od 31.10.2023 r. do 30.11.2023 r.);
- prof. dr hab. Ewa Kula-Świeżewska;
- dr hab. Magdalena Kowalczyk;
- dr hab. Izabela Kern-Zdanowicz;
- dr hab. Joanna Kamińska

RSD sprawuje swoje zadania zgodnie z § 5 Regulaminu Szkoły Doktorskiej „Szkoła Doktorska Biologii Molekularnej i Chemii Biologicznej”. W 2023 r. odbyły się 2 posiedzenia RSD (17.11.2023 r. i 01.12.2023 r.). RSD realizując swoje zadania przyjęła w 2023 r. 17 uchwał.

Obsługa studiów doktoranckich i Szkoły Doktorskiej

Bieżąca obsługa spraw doktorantów sprawowana jest przez Sekretariat Szkoły Doktorskiej obsługiwany przez p. Monikę Wiczuk i p. Adriana Iwaniuk. Sekretariat jest dostępny dla doktorantów codziennie w godzinach 9:00 – 15:00 (od 8:00 do 9:00 i od 15:00 do 15:00 Sekretariat realizuje zadania niebezpośrednio obsługowe). Dodatkowo znaczącego wsparcia

doktorantom zagranicznym udziela prowadzone w IBB Welcome Centre obsługiwane przez p. Aleksandrę Kanię. W Welcome Centre doktoranci mogą uzyskać pomoc związaną m. in. z uzyskiwaniem karty pobytu, uzyskiwaniem nr PESEL, zakwaterowaniem w Polsce oraz zgłaszaniem do dobrowolnego ubezpieczenia zdrowotnego. Welcome Centre organizuje także liczne wydarzenia integracyjne i warsztaty międzykulturowe, w których udział biorą m. in. doktoranci.

Oferta dydaktyczna

W 2023 roku przeprowadzono łącznie 6 kursów dla doktorantów (3 w semestrze letnim roku akademickiego 2022/2023) oraz (3 w semestrze zimowym roku akademickiego 2023/2024).

Oferta dydaktyczna jest konstruowana na podstawie Programu kształcenia Szkoły Doktorskiej i Programu kształcenia studiów doktoranckich, a także w oparciu o bieżące potrzeby zgłaszane przez doktorantów i promotorów. Na koniec każdego semestru wśród doktorantów realizujących dany przedmiot zbierane są anonimowe ankiety nt. jakości prowadzonych przedmiotów. W oparciu o uzyskane opinie podejmowane są w kolejnych latach decyzje odnośnie kontynuacji współpracy z danym wykładawcą oraz zakresie tematycznym przedmiotu. Po zakończeniu przedmiotów w dyscyplinie (kończących się egzaminem) prowadzony jest wywiad z koordynatorem przedmiotu na temat potrzeb, wsparcia i wniosków na przyszłość dotyczących przygotowywania serii wykładów. Zebrane wskazówki przekazywane są nowym koordynatorom.

W przygotowaniu jest już oferta dydaktyczna na rok akademicki 2024/2025. Rada Szkoły Doktorskiej i Kierownik Szkoły Doktorskiej pozyskali już prowadzących dla 3 przedmiotów (Biostatistics, Philosophy of Science oraz Wykłady z dyscypliny nauki biologiczne).

Seminaria doktoranckie i doktorancka sesja sprawozdawcza

W 2023 roku odbyło się łącznie 15 seminariów doktoranckich (9 w roku akademickim 2022/2023 oraz 6 w roku akademickim 2023/2024). Wystąpienia wygłosiło 20 doktorantów i doktorantek.

Seminaria odbywają się średnio co dwa tygodnie w czwartki, w trybie stacjonarnym, przewodniczy im Kierownik Szkoły i studiów. Natomiast sylwetki prelegentów są prezentowane przez ich promotorów. Seminaria dzielą się na część publiczną oraz część dedykowaną wyłącznie doktorantom. W części zamkniętej odbywają się rozmowy na temat przedstawionego seminarium oraz na temat doświadczenia zebranego podczas realizacji projektu przez prelegenta/prelegentkę i jego/jej dalszych planów. Seminaria doktoranckie IBB są również okazją do spotkań i wymiany wiedzy doktorantów oraz rozmów o planach zawodowych. Na koniec każdego seminarium przekazywane są ogłoszenia kierownika Szkoły Doktorskiej i studiów doktoranckich. Kierownik Szkoły i studiów zostaje także po seminarium by doktoranci mogli zadawać indywidualnych pytań po zakończeniu spotkania, z której doktoranci często korzystają.

16 czerwca Rada Samorządu Doktorantów IBB PAN zorganizowała siódme sympozjum doktoranckie – doktorancka sesja sprawozdawcza w Dziekanowie Leśnym pt. „7th IBB Symposium for young Investigators 2023”. W wydarzeniu wzięło udział 47 doktorantów i doktorantek. Przedstawiono 4 prezentacje ustne oraz 31 posterów. Komitet organizacyjny nagrodził jedną prezentację oraz 2 postery. Z inicjatywy jednej doktorantki - p. Drishtee Barua przedstawiona została prezentacja skierowana do doktorantów zagranicznych nt. możliwości turystycznych w Polsce.

Minigranty

W 2023 roku zakończeniu uległo 6 minigrantów, 4 z nich zostało w terminie zakończonych i rozliczonych (rozliczenie jednego zostało zgodnie z regulaminem przedłużone o miesiąc, a realizacja drugiego zgodnie z Regulaminem programu grantów badawczych dla uczestników studiów doktoranckich i doktorantów Szkoły Doktorskiej prowadzonej lub współprowadzonej przez Instytut przedłużona do 31.10.2024 r.). Pięcioro doktorantów złożyło sprawozdania końcowe, które zostały pozytywnie ocenione przez Kierownika Szkoły Doktorskiej (finansowanie na łączną kwotę 79 996,00 zł).

W konkursie ogłoszonym w 2023 roku wpłynęło 9 wniosków o przyznanie minigrantu (suma wnioskowanych środków to 112 869,84 zł). Wnioski o przyznanie minigrantów są obecnie oceniane przez wyznaczonych recenzentów zewnętrznych.

Granty konferencyjne i stażowe

Doktoranci Szkoły doktorskiej oraz uczestnicy studiów doktoranckich mogą zgodnie z zarządzeniem Dyrektora IBB PAN nr 15/2023 korzystać z programu grantów konferencyjnych i stażowych. Program został uruchomiony 11 kwietnia 2023 r. Od tego czasu skorzystało z niego 23 doktorantów i doktorantek. Łączna kwota przyznanych grantów wyniosła: 190 186,43 zł.

Dzięki wdrożonemu programowi doktoranci prowadzonych przez IBB PAN studiów doktoranckich i prowadzonych lub współprowadzonych przez IBB PAN szkół doktorskich uczestniczyli w 2023 roku w 18 Konferencjach Międzynarodowych oraz 2 stażach zagranicznych. Jeden z doktorantów uczestniczył także w Międzynarodowym Kursie w Królestwie Niderlandów. Łącznie doktoranci i doktorantki IBB Pan uczestniczyli w międzynarodowych wydarzeniach badawczych w 8 krajach.

Wsparcie materialne doktorantów

Doktoranci IBB PAN mają możliwość skorzystania z różnych rodzajów wsparcia materialnego:

- zakwaterowanie w Hostelu IBB;
- dofinansowanie do zakupu okularów;
- zwrot kosztów poniesionych w zw. z ubezpieczeniem zdrowotnym dla doktorantów zagranicznych;
- zwrot kosztów zw. z ubieganiem się o kartę pobytu dla doktorantów zagranicznych;
- możliwość korzystania z finansowanych przez IBB konsultacji psychologicznych;
- dofinansowanie udziału w programie MultiSport.

Nagrody doktorantów

W 2023 roku publikacje 14 doktorantów i doktorantek wykonujących prace badawcze w IBB PAN zostały nagrodzone przez Dyrektora IBB PAN (w tym: 5 uczestników studiów doktoranckich; 7 doktorantów Szkoły Doktorskiej Biologii Molekularnej i Chemii Biologicznej” i 2 doktorantki Wspólnej Szkoły Doktorskiej „Diagnostyka, modelowanie i leczenie chorób człowieka od genu do kliniki”).

Pozostałe Aktywności doktorantów

W ramach środków pozyskanych z innych źródeł (środki grantowe, zasoby pracowni) doktoranci wzięli także udział w 18 konferencjach z 4 kursach. Dodatkowo doktoranci realizujący swoje kształcenie w IBB PAN brali udział w 6 wyjazdach innego rodzaju, w celach prowadzenia badań w zaprzyjaźnionych laboratoriach lub w celach organizacji zadań współprowadzonych projektów.

Wszystkie wyjazdy doktorantów związane z kształceniem lub prowadzeniem badań finansowane ze środków grantowych lub pracowni znalazły swoje miejsca docelowe w Austrii, Czechach, Danii, Francji, Gruzji, Hiszpanii, Niemczech, Portugalii, Słowacji, Turcji oraz Wielkiej Brytanii.

II.6.5 Wykaz uzyskanych doktoratów w ramach studiów doktoranckich pod kierunkiem promotora z jednostki PAN:

I.p.	Imię i nazwisko	Tytuł pracy doktorskiej	Dziedzina i dyscyplina naukowa
1	Sylwia Pilch	Funkcja AMPylazy Fmp40 w regulacji odpowiedzi komórki <i>drożdży</i> <i>Saccharomyces cerevisiae</i> na stres oksydacyjny.	nauki ścisłe i przyrodnicze dyscyplina nauki biologiczne
2	Hitha Gopalan Nair	Modulacja aktywności polimerazy RNA III i poziomu jej podjednostki POLR1D wpływa na właściwości nowotworowe komórek raka jelita grubego.	nauki ścisłe i przyrodnicze dyscyplina nauki biologiczne
3	Miguel Montez	Rola pauzowania Pol II i spowolnienia transkrypcji w aktywacji ekspresji genu DOG1 w odpowiedzi nasion Arabidopsis na stres.	nauki ścisłe i przyrodnicze dyscyplina nauki biologiczne
4	Katarzyna Dąbrowska	Zastosowanie metod spektrometrii mas do badania struktur złożonych kompleksów białkowych.	nauki ścisłe i przyrodnicze dyscyplina nauki biologiczne
5	Krystian Łazowski	Analiza wydajności systemów naprawy rybonukleotydów przy użyciu wariantów polimeraz DNA o zwiększonej częstości inkorporacji rybonukleotydów w <i>E. coli</i> .	nauki ścisłe i przyrodnicze dyscyplina nauki biologiczne
6	Julia Rachowka	Poszukiwanie aktywowanego przez aneksyny mechanizmu molekularnego ochrony chloroplastów przed stresem oksydacyjnym w <i>Arabidopsis thaliana</i> .	nauki ścisłe i przyrodnicze dyscyplina nauki biologiczne
7	Agata Jabczyńska	Identyfikacja i analiza funkcjonalna nowych białek wiążących RNA w mitochondriach człowieka.	nauki ścisłe i przyrodnicze dyscyplina nauki biologiczne
8	Łukasz Grabowski	Analiza bezpieczeństwa terapii fagowej stosowanej w zwalczaniu zakażeń wywołanych przez serowary <i>Salmonella enterica</i> .	nauki ścisłe i przyrodnicze dyscyplina nauki biologiczne
9	Agnieszka Bednarek	Analiza i biologiczne podstawy złożoności funkcji litycznych bakteriofaga P1.	nauki ścisłe i przyrodnicze dyscyplina nauki biologiczne

10	Krystyna Bińko	Biogeneza podjednostek Atp6 i Atp9 syntazy ATP w drożdżach <i>Saccharomyces cerevisiae</i> .	nauki ścisłe i przyrodnicze dyscyplina nauki biologiczne
11	Martyna Biernacka	Analiza funkcjonalna białek NUDiX RppH oraz NudC jako potencjalnych czynników wirulencji bakterii <i>Pseudomonas aeruginosa</i> .	nauki ścisłe i przyrodnicze dyscyplina nauki biologiczne
12	Ismail Tahmaz	Niekanoniczna funkcja molekularnego białka opiekuńczego prefoldyny w warunkach fizjologicznych i stresowych w <i>Saccharomyces cerevisiae</i> .	nauki ścisłe i przyrodnicze dyscyplina nauki biologiczne
13	Vandana Kaushal	Weryfikacja teorii endosymbiotycznego pochodzenia apoptozy poprzez heterologiczną ekspresję ortologów czynników apoptotycznych z organizmów odlegle spokrewnionych z <i>Saccharomyces cerevisiae</i> .	nauki ścisłe i przyrodnicze dyscyplina nauki biologiczne
14	Katarzyna Kosiorek	Charakterystyka plazmidu szczepu <i>Lactococcus lactis</i> IL594 oraz jego rola w regulacji ekspresji genów chromosomalnych komórek gospodarza.	nauki ścisłe i przyrodnicze dyscyplina nauki biologiczne
15	Ferran Masana	Analiza zależności pomiędzy spoczynkiem nasion a nabytą odpornością Systemiczną.	nauki ścisłe i przyrodnicze dyscyplina nauki biologiczne
16	Maciej Lirski	Kluczowa rola histonów łącznikowych (H1) w utrzymaniu represji heterochromatyny u <i>Arabidopsis</i> .	nauki ścisłe i przyrodnicze dyscyplina nauki biologiczne
17	Elżbieta Filipczuk	Biologiczne funkcje i mechanizmy działania unikatowych związków lipidowych, dolicholi w komórkach grzybów strzępkowych.	nauki ścisłe i przyrodnicze dyscyplina nauki biologiczne
18	Sebastian Graczyk	Wykorzystanie szlaku mewalonowego do zwiększenia właściwości biokontrolnych <i>Trichoderma atroviride</i> .	nauki ścisłe i przyrodnicze dyscyplina nauki biologiczne
19	Weronika Puzia	Wielolekooporne inwazyjne szczepy <i>Streptococcus pneumoniae</i> o serotypie 19A: nowe zagrożenie epidemiologiczne w Polsce.	nauki ścisłe i przyrodnicze dyscyplina nauki biologiczne
20	Izabela Ziuzia-Graczyk	Badania interakcji między dwoma białkami bakteriofagowymi, prymazą T4 (gp61) i polimerazą DNA RB69 (gp43).	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).

Imię i nazwisko pracownika	Zagraniczny ośrodek naukowy	Forma kształcenia	Okres kształcenia, rok od-do	Wybrane uzyskane najważniejsze rezultaty badawcze (ew. publikacje)
Joanna Klim	Pasteur Institute Paris, France	Wizyta długoterminowa	01.04.2023 01.12.2023	Optymalizacja sekwencjonowania techniką Tn-Seq/TraDIS.
Tamara Aleksandrak-Piekarczyk	University of Alberta Faculty of Science Department of Chemistry Kanada	Staż naukowy	01.07.2022 01.08.2023	<i>Lactococcus lactis</i> mutants resistant to lactococcin A and garvicin Q reveal missense mutations in the sugar transport domain of the mannose phosphotransferase system MJ van Belkum, T Aleksandrak-Piekarczyk, T Lamer, JC Vederas 4 December 2023; Microbiology Spectrum; Ahead of print

Agata Szczepańska	Centre d'Immunologie Marseille-Luminy, Francja	Staż naukowy	01.2023 02.2023	Wykazanie, że obecność patogenów powoduje zwiększenie produkcji egozfer u nicieni <i>C. elegans</i>
Emil Stefańczyk	Centre of Biological Engineering University of Minho, Braga, Portugalia	kurs praktyczny (workshop)	19.06.2023 23.06.2023	Opanowanie wybranych metod pracy z biofilmem bakteryjnym i bakteriofagami.

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
76	26	5	21

II.7. Działalność dydaktyczna pracowników jednostki

wyszczególnienie	Liczba osób prowadzących, ogółem:	
	zajęcia ze studentami (wykłady, ćwiczenia seminaria, itp.)	wykłady (inne, poza zajęciami ze studentami)
1. w kraju	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.

I.p.	Nazwa placówki	Kraj
1	University of Illinois Urbana-Champaign	USA
2	Uniwersytet Warszawski, Wydział Biologii	Polska
3	Uniwersytet Warszawski, Wydział Fizyki	Polska
4	Uniwersytet Medyczny w Lublinie	Polska
5	Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego	Polska
6	Politechnika Warszawska	Polska
7	Instytut Biologii Doświadczalnej PAN	Polska
8	Instytut Oceanologii PAN	Polska
9	Międzynarodowy Instytut Biologii Molekularnej i Komórkowej	Polska
10	Sekcja Mikrobiologii Środowiskowej Polskiego Towarzystwa Mikrobiologów (on-line)	Polska

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	Austria	Mendel Institute (GMI), Austrian Academy of Sciences, Vienna BioCenter (VBC), Vienna dr Yasin Dagdas Gregor	Nie dotyczy	bezterminowo	badania podstawowe w ramach projektów naukowych
2	Belgia	Silicones Europe	Umowa o współpracy naukowej pomiędzy jednostkami z dnia: 27.06.2023 r.	27.06.2023 30.09.2024	badania podstawowe w ramach projektów naukowych
3	Chiny	East China Normal University Shanghai prof. Jiemin Wong	Grant SHENG NCN	01.10.2019 30.09.2024	badania podstawowe w ramach projektu NCN
4	Finlandia	Department of Life Technologies, University of Turku dr Matti Turtola	List intencyjny	bezterminowo	badania podstawowe w ramach projektów naukowych
5	Francja	Institut de Génétique Moléculaire de Montpellier, Francja, prof. Etienne Schwob	Grant NCN Harmonia 2017/26/M/NZ3/01044	18.05.2018 17.05.2023	badania podstawowe w ramach projektu NCN
6	Francja	Toulouse Biotechnology Institute, ex-LISBP	Grant NCN OPUS 2021/41/B/NZ9/02236	01.03.2022 28.02.2026	badania podstawowe w ramach projektu NCN
7	Francja	TOXALIM Research Centre in Food Toxicology	Grant NCN OPUS 2021/41/B/NZ9/02236	01.03.2022 28.02.2026	badania podstawowe w ramach projektu NCN
8	Francja (oraz: Szwajcaria, Niemcy, Holandia, Szwecja)	CNRS	International Research Network (IRN) - Genome Editing in Ciliates (GEiC)	2020-2024	badania podstawowe w ramach projektów naukowych

¹ W przypadku braku podpisanego porozumienia/umowy proszę wpisać „nie dotyczy”

9	Francja	Institute of Molecular Biology of Plants, University of Strasbourg Prof. Philippe Giege	Grant NCN RELUDIUM BIS 2021/43/O/NZ1/02291	01.10. 2022 31.09.2026	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	bezterminowo	badania podstawowe w ramach projektów naukowych
11	Francja	Université Jean Monnet Saint-Etienne, CNRS dr Benoit Boachon	Nie dotyczy	bezterminowo	badania podstawowe w ramach projektów naukowych
12	Hiszpania	Departamento de Ecología Evolutiva, Museo Nacional de Ciencias Naturales, Spanish National Research Council	Grant NCN SONATINA 2022/44/C/NZ6/00142	02.11.2022 01.11.2025	badania podstawowe w ramach projektu NCN
13	Japonia	National Institute of Genetics, Mishima, Japonia prof. Hiroyuki Araki	Grant NCN HARMONIA 2017/26/M/NZ3/01044	18.05.2018 – 17.05.2023	badania podstawowe w ramach projektu NCN
14	Litwa	Life Science Center, Vilnius University	Learning Agreement Student Mobility for Traineeships (Erasmus+)	od 11.04.2023 do 28.04.2023	badania podstawowe w ramach projektów naukowych
15	Niemcy	Max-Planck Institute for Plant Breeding Research, Kolonia prof. Csaba Koncz, prof. George Coupland, dr Franziska Turck	Guest scientist contract	31.12.2024	badania podstawowe w ramach projektów naukowych
16	Niemcy	Max-Planck Institute for Molecular Plant Physiology prof. Alisdair Fernie	Fernie_2018 collaboration	31.07.2024	badania podstawowe w ramach projektów naukowych
17	Niemcy	Deutsches Herzzentrum München Prof. Stefan Holdenrieder	Nie dotyczy	bezterminowo	badania podstawowe w ramach projektów naukowych

18	Niemcy	Institute for Plant Sciences, University of Cologne prof. Stan Kopriva	Grant NCN Beethoven Life 2018/31/F/NZ1/02234	29.01.2020-28.01.2024	badania podstawowe w ramach projektu NCN
19	Niemcy	Max Planck Institute of Molecular Plant Physiology, Potsdam-Golm prof. Rainer Hoefgen	Grant NCN Beethoven Life 2018/31/F/NZ1/02234	29.01.2020-28.01.2024	badania podstawowe w ramach projektu NCN
20	Niemcy	Ruhr-Universität Bochum prof. Ralf Erdmann	List intencyjny	od 2013 bezterminowo	badania podstawowe w ramach projektów naukowych
21	Niemcy	University of Regensburg: Regensburg, Bayern, DE dr Christoph Engel	Nie dotyczy	bezterminowo	badania podstawowe w ramach projektów naukowych
22	Norwegia	Department of Physics, University of Oslo	Umowa o współpracy naukowej pomiędzy jednostkami z dnia: 05.10.2023 r.	01.11.2023 30.04.2026	badania podstawowe w ramach projektów naukowych
23	Tajlandia	Mahidol University prof. Apinunt Udomkit	Nie dotyczy	bezterminowo	badania podstawowe w ramach projektów naukowych
24	Taiwan	Agricultural Biotechnology Research Center, Academia Sinica, Taipei, Taiwan, ROC prof. Yee-yung Charng	Nie dotyczy	bezterminowo	badania podstawowe w ramach projektów naukowych
25	Ukraina	Higher Educational Institution "Podillia State University"	Cooperation Agreement	5 lat od 18.09.2023	badania podstawowe w ramach projektów naukowych
26	Ukraina	Zakład Cytologii Instytutu Fizjologii im. Bohomolca NAN Ukrainy	Umowa dwustronna	25.07.2023 24.07.2028	badania podstawowe w ramach projektów naukowych
27	USA	National Cancer Institute prof. Louis Staudt	Nie dotyczy	bezterminowo	badania podstawowe w ramach projektów naukowych

28	USA	Upstate Medical University prof. Leszek Kotula	Nie dotyczy	bezterminowo	badania podstawowe w ramach projektów naukowych
29	USA	NIH grant with Kehl-Fie la Illinois Urbana-Champaign, USA	NIH R01 AI155611, sub-award 104711-19369	30.04.2026	badania podstawowe w ramach projektu NIH
30	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	bezterminowo	badania podstawowe w ramach projektów naukowych
31	USA	Department of Pharmacology, Yale School of Medicine, New Haven, Connecticut dr Kariona Grabinska	Nie dotyczy	bezterminowo	badania podstawowe w ramach projektów naukowych
32	USA	Department of Biochemistry and Cell Biology, Stony Brook University, Stony Brook, New York dr Aaron Neiman	Nie dotyczy	bezterminowo	badania podstawowe w ramach projektów naukowych
33	USA	Department of Chemistry, New York University dr Tania Lupoli	Nie dotyczy	bezterminowo	badania podstawowe w ramach projektów naukowych
34	Wielka Brytania	Wellcome Centre for Cell Biology, University of Edinburgh prof. David Tollervey	Staż naukowy,	01.05.2023 31.05.2023	badania podstawowe w ramach projektu NCN
35	Wielka Brytania	University of York prof. Seth Davis	Nie dotyczy	bezterminowo	badania podstawowe w ramach projektów naukowych

36	Wielka Brytania	University of Leeds prof. Richard Bayliss	Ramy współpracy międzynarodowej Richard Bayliss	31.07.2024	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)

I.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, 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	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, UHLEMANN A-C, KOSSIACOFF AA, TRENT MS(*), STANSFELD PJ(*), MANCIA F(*) Structural basis of lipopolysaccharide maturation by the O-antigen ligase Nature (2022) 604: 371-376; doi: 10.1038/s41586-022-04555-x	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 metallidurans</i> w wersji apo oraz w kompleksie z karierem lipidowym, difosforanem undekaprenyłu, uzyskaną metodą single particle cryo-electron microscopy. Uzyskane dane opisują strukturalne podstawy dojrzewania LPS.

		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		
--	--	--	--	--

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
Dzień Chorób Rzadkich V konferencja naukowa Choroby, których nie widać, on-line, 28.02.2023 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	

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).

27. Festiwal Nauki w Warszawie - 15-29 września 2023 r. *Gwiazda wśród organizmów modelowych – elegancki nicien Caenorhabditis elegans* dr Aneta Jurkiewicz, mgr Małgorzata Drabko, mgr Klaudia Kołodziejska - 24 IX, godz. 10, 14,

W czasie spotkań opowiadano o *Caenorhabditis elegans*, małym (długość do 1 mm), niepaszożytniczym nicieniu żyjącym w glebie. Wiele cech nicienia przyczyniło się do tego, że został on jednym z najbardziej popularnych organizmów modelowych. Przezroczyste ciało *C. elegans* znacząco ułatwia obserwacje mikroskopowe wszystkich jego 959 komórek somatycznych. Jedną trzecią wszystkich komórek nicienia stanowią neurony. Nicien jest dotychczas jedynym organizmem z kompletną mapą połączeń neuronalnych. Cykl życiowy nicieni jest bardzo szybki – rozwój od jaja do dorosłego organizmu wynosi około 72 godzin. Przez kolejne 3 dni pojedynczy osobnik może złożyć do 400 jaj, co znacząco ułatwia uzyskanie dużych populacji na potrzeby badań. *C. elegans* był pierwszym organizmem wielokomórkowym z całkowicie odczytaną sekwencją nukleotydów w jego DNA. Genom nicieni zawiera wiele genów mających swoje odpowiedniki u człowieka. Ze względu na fakt, że mutacje w wielu z tych genów skutkują rozwojem poważnych schorzeń u ludzi, nicien jest wykorzystywany jako model wielu chorób.

Spotkania składały się z wykładu oraz części praktycznej. Uczestnicy mogli zapoznać się z podstawowymi wiadomościami na temat nicieni: ich budową, cyklem życiowym i fizjologią. Zaprezentowany został przegląd głównych odkryć naukowych dokonanych na nicieniach i najciekawsze kierunki przyszłych badań. W trakcie zajęć praktycznych uczestnicy poznawali podstawowe techniki pracy z nicieniami, przeprowadzali obserwacje nicieni przy użyciu mikroskopii

fluorescencyjnej, zapoznawali się z podstawami genetyki klasycznej (mendelowskiej) i metodą genotypowania za pomocą techniki łańcuchowej reakcji polimerazy PCR.

26. Piknik Naukowy Polskiego Radia i Centrum Nauki Kopernik, 27 maja 2023 r.

Wybitni naukowcy i rewolucyjne osiągnięcia o kluczowym znaczeniu dla rozwoju badań polarnych, mikrobiologii i biologii molekularnej.

Pokaz: Tatuaze tymczasowe

Aneta Jurkiewicz, Aleksandra Łopusińska, Tomasz Turowski

Tatuaze prezentujące słynnych badaczy i ich odkrycia naukowe o kluczowym znaczeniu dla rozwoju badań polarnych, mikrobiologii i biologii molekularnej.

Przygotowane zostały różne wzory tatuazy prezentujące postaci znanych naukowców oraz obiekty ich badań naukowych (mikroorganizmy, wirusy, cząsteczki chemiczne, itp.). Krótkie informacje udzielane odwiedzającym podczas naklejania były zapowiedzią, zachętą do uczestnictwa w pozostałych pokazach związanych z postaciami i symbolami na tatuazach dotyczących badań polarnych, mikrobiologii i biologii molekularnej, w tym badań realizowanych w Instytucie Biochemii i Biofizyki PAN

Pokaz: Henryk Arctowski, patron modernizowanej obecnie polskiej Stacji Antarktycznej

Joanna Plenzler

Postać Henryka Arctowskiego wybitnego polskiego badacza polarnego, uczestnika pierwszej naukowej wyprawy do Antarktyki, patrona polskiej Stacji Antarktycznej. Model głównego budynku Stacji, który ma stanąć w niedalekiej przyszłości na Wyspie Króla Jerzego w archipelagu Szetlandów Południowych.

Odwiedzający mieli okazję zapoznać się z postacią H. Arctowskiego, patrona polskiej Stacji Antarktycznej, zarządzanej przez IBB PAN. Zaprezentowano kilka eksponatów związanych z jego osobą i opowiedziano o najważniejszych osiągnięciach naukowych. Stacja naukowa działa nieprzerwanie już od 46 lat, a obecnie przechodzi gruntowną modernizację. Na stanowisku można było obejrzeć model głównego budynku Stacji, który ma stanąć w niedalekiej przyszłości na Wyspie Króla Jerzego oraz posłuchać ciekawostek dotyczących jego konstrukcji

Pokaz: Badania mikroorganizmów, od mikroskopu po sekwencjonowanie genomów

Olha Kostiuhenko, Anna Detman, Aleksandra Kuryłek, Izabela Kern-Zdanowicz, Julia Kopczyńska, Michał Dmowski, Martyna Jonak, Magdalena Kowalczyk

Mikroskop, drobnoustroje korzystne i chorobotwórcze, szczepionki, antybiotyki, powiązania z biologią molekularną - rewolucyjne odkrycia w mikrobiologii i ich twórcy. Problem narastającej antybiotykooporności i alternatywne wobec antybiotyków środki przeciwdrobnoustrojowe. Możliwości wykorzystania mikroorganizmów oraz zdobywanej na ich temat wiedzy w szeroko rozumianej ochronie planety. Rola mikroorganizmów w kryzysie energetycznym, produkcji żywności nowej generacji i medycynie personalizowanej.

Zaprezentowano odkrycia kluczowe dla mikrobiologii. Uwzględnimy dokonania pierwszego człowieka, który zobaczył bakterie, badacza, który wykazał, że drobnoustroje wywołują fermentację, twórców mikrobiologii lekarskiej i środowiskowej, odkrywcy pierwszego antybiotyku, naukowców, którzy przyczynili się do rozwoju biologii molekularnej. Ponadto opowiadano o współczesnej rewolucji w mikrobiologii dzięki zastosowaniu sekwencjonowania DNA oraz o możliwościach wykorzystania mikroorganizmów w przyszłości.

Pokaz: Sekwencjator DNA

Mariam Esmaeeli, Jan Mikołajczyk, Justyna Piotrowska, Konrad Jurczewski, Mariia Kovalenko, Olga Iwańska, Przemysław Latoch, Rafał Mazgaj, Szymon Kubala

Sekwencjonowanie DNA - efekt badań wielkich odkrywców, m.in. J. Watsona, F. Cricka, R. Franklin, K. Mullisa, F. Sangera, W. Gilberta. Budowa cząsteczki DNA, zasady komplementarności nukleotydów w

cząsteczce DNA, podstawowe pojęcia dotyczące genomiki (np. nukleotyd, fluorofor, kwas nukleinowy, nić komplementarna, sekwenator, itp.).

Podczas spotkania pokazano jak zbudowana jest cząsteczka DNA i na czym polega sekwencjonowanie DNA. Celem warsztatu było przybliżenie zasady komplementarności nukleotydów w cząsteczce DNA, a także omówienie, jakie znaczenie zasada ta ma w sekwencjonowaniu DNA. Uczestnicy warsztatów dowiedzieli się co kryje się pod nazwą sekwencjonowanie DNA i mieli okazję zaznajomić się z podstawowymi pojęciami dotyczącymi genomiki.

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).

KOLEKCJA SZCZEPÓW IBB PAN „COLIBB”

Utworzona w 2000 roku w Instytucie Biochemii i Biofizyki kolekcja plazmidów, bakteriofagów oraz szczepów bakteryjnych i drożdżowych zawiera przede wszystkim szczepy i wektory skonstruowane przez pracowników i studentów IBB w ramach badań prowadzonych w Instytucie. Celem Kolekcji jest udostępnianie szczepów mikroorganizmów na potrzeby badań naukowych i szeroko pojętej edukacji i popularyzacji wiedzy. Szczepy udostępniane są bezpłatnie na podstawie pisemnego porozumienia.

W roku 2012 do zasobów kolekcji włączono podgrupę psychrofilnych szczepów Arktycznych i Antarktycznych.

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

Obecnie przechowujemy: ponad 3000 szczepów bakteryjnych, około 4000 szczepów drożdżowych, ponad 2000 plazmidów, około 300 izolantów środowiskowych, około 3000 szczepów psychrofilnych oraz bakteriofagi w postaci lizogenów.

Gatunki bakterii zdeponowane w kolekcji to m.in:

Escherichia coli

Lactococcus lactis

Lactococcus raffinola

Lactobacillus sp.

Lactobacillus paracasei

Lactobacillus casei

Streptococcus thermophilus

Bacillus subtilis

Lactococcus hordniae

Lactococcus raffinolactis

Lactococcus garvieae

Lactobacillus plantarum

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

Gatunek drożdży zdeponowany w kolekcji:
 Saccharomyces cerevisiae

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 Edukacji i Nauki	Nagrody za znaczące osiągnięcia w zakresie działalności naukowej	Minister Edukacji i Nauki	Róża Kucharczyk
Nagroda zespołowa Ministra Edukacji i Nauki	Nagroda za znaczące osiągnięcia w zakresie działalności wdrożeniowej	Minister Edukacji i Nauki	Anna Sikora

Innowator Mazowska w kategorii Innowacyjny Naukowiec	Nagroda za rozprawę doktorską	Urząd Marszałkowski Województwa Mazowieckiego	Anna Detman-Ignatowska
Wyróżnienie im. prof. Włodzimierza Krzyżosiaka za najlepszą pracę doświadczalną w zakresie badań nad kwasami nukleinowymi wykonaną w polskim laboratorium opublikowaną w 2022 r	Za pracę: „Adar-mediated A-to-I editing is required for embryonic patterning and innate immune response regulation in zebrafish”	Komitet Biologii Molekularnej Komórki PAN	Katarzyna Nieścierowicz, Leszek Pryszcz, Cristina Navarrete, Eugeniusz Tralle, Agata Sulej, Karim Abu Nahia, Marta Elżbieta Kasprzyk, Katarzyna Misztal, Abhishek Pateria, Adrianna Pakuła, Matthias Bochtler i Cecilia Winata
Nagroda im. Prof. Kazimierza Bassalika	Za najlepszą pracę, z zakresu mikrobiologii, wykonaną w polskim laboratorium	Komitet Biologii Molekularnej Komórki PAN	Jacek Hennig, Marta Grech-Baran, Kamil Witek, Jarosław Poznański, Anna Grupa-Urbańska, Tadeusz Malinowski, Małgorzata Lichocka, Jonathan D. G. Jones
Medal im. Leona Marchlewskiego	Za wybitny wkład w rozwój biologii molekularnej, biologii komórki, biochemii i biofizyki.	Komitet Biologii Molekularnej Komórki PAN	Jacek Hennig
Konkurs na najlepszą publikację IBB PAN w roku 2022	I miejsce w kategorii prac eksperymentalnych za pracę: „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	Rada Naukowa IBB PAN	Dawid Owsian, Julita Gruchota, Jacek Nowak
Konkurs na najlepszą publikację IBB PAN w roku 2022	II miejsce w kategorii prac eksperymentalnych za pracę: „Single seeds exhibit transcriptional heterogeneity during secondary dormancy induction.” Plant Physiology (2022) 190(1): 211–225 DOI: 10.1093/plphys/kiac265	Rada Naukowa IBB PAN	Michał Krzysztoń, Rusłan Yatusevich, Magdalena Wrona, Sebastian Sacharowski, Dorota Adamska, Szymon Świeżewski
Konkurs na najlepszą publikację IBB PAN w roku 2022	III miejsce w kategorii prac eksperymentalnych za pracę: „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	Rada Naukowa IBB PAN	Katarzyna Gawarecka, Joanna Siwinska, Jarosław Poznanski, Agnieszka Onysk, Przemysław Surowiecki, Karolina Sztompka, Liliana Surmacz, Ji Hoon Ahn, Arthur Korte, Ewa Swiezewska, Anna Ihnatowicz
Konkurs na najlepszą publikację IBB PAN w roku 2022	III miejsce w kategorii prac eksperymentalnych za pracę: „The SLIM1 transcription factor affects	Rada Naukowa IBB PAN	Anna Wawrzyńska, Justyna Piotrowska, Agnieszka Sirko

	sugar signaling during sulfur deficiency in Arabidopsis.” Journal of Experimental Botany (2022) 73(22): 7362-7379 DOI: https://doi.org/10.1093/jxb/erac371		
Konkurs na najlepszą publikację IBB PAN w roku 2022	Za najlepszą pracę w kategorii prac przeglądowych za pracę: „Virulence factors of Streptococcus anginosus – a molecular perspective.” Frontiers in Microbiology (2022) 13: 1025136 (15 p.) DOI: 10.3389/fmicb.2022.1025136	Rada Naukowa IBB PAN	Aleksandra Kurytek, Izabela Kern-Zdanowicz
Najlepszy wykład postdoka podczas konferencji HEC 2024	Prezentacja pt. “Structural characterisation of CRISPR-associated Rossmann Fold (CARF) family members: Csx15	Komitet organizacyjny HEC	Dominik Rafalski
Nagroda za najlepszą prezentację ustną	Kopczyńska J, M. Słomka, K. K. Malczewska, M. Kowalczyk. „Probiotic characterisation of natural <i>Leuconostoc isolates</i> ”.	7th IBB Symposium for Young Investigators, Dziekanów Leśny	Julia Kopczyńska
1st Award for Student Poster Presentation First Rank	Plakat na konferencji	the 2nd International Molecular Plant Protection Congress, Orhangazi-Bursa, Türkiye, 15-18/05/2023	Martyna Jonak
Nagroda za plakat na konferencji Polish RNA Meeting	Plakat na konferencji	Komitet organizacyjny	Jan Mikołajczyk
Sesja sprawozdawcza IBB PAN	Plakat na sesji sprawozdawczej	Komitet organizacyjny	Jan Mikołajczyk
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 biowodór 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

245,397/104,999

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	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,

			danych o bioróżnorodności	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 31 stycznia, 2024 r.

Imię i nazwisko, telefon do kontaktów osoby sporządzającej informację
Katarzyna Jagiełło-Wilgat, 22-592-21-61