

2024



INSTYTUT  
BIOCHEMII  
I BIOFIZYKI  
POLSKIEJ  
AKADEMII NAUK

# SPRAWOZDANIE Z DZIAŁALNOŚCI IBB PAN ZA ROK 2024

## SPIS TREŚCI

|                                                                                                   |    |
|---------------------------------------------------------------------------------------------------|----|
| Informacje o Instytucie Biochemii i Biofizyki Polskiej Akademii Nauk.....                         | 1  |
| Informacje o pracowniach zamkniętych i otwartych w roku 2024.....                                 | 3  |
| PN-01 - Pracownia Chemii Biologicznej Jonów Metali.....                                           | 4  |
| PN-03 - Zakład Biologii Antarktyki.....                                                           | 5  |
| PN-04 - Pracownia Inżynierii Genomu .....                                                         | 6  |
| PN-05 - Pracownia Genetycznych Podstaw Chorób Człowieka .....                                     | 7  |
| PN-06 - Pracownia Spektrometrii Mas.....                                                          | 8  |
| PN-07 - Pracownia Fosforylacji Białek Roślinnych .....                                            | 9  |
| PN-08 - Pracownia Replikacji DNA i Stabilności Genomu .....                                       | 11 |
| PN-10 - Pracownia Metabolizmu RNA w Procesach Odpowiedzi Immunologicznej (do 13.12.2024 r.) ..... | 12 |
| PN-12 - Pracownia Patogenezy Roślin.....                                                          | 13 |
| PN-13 - Pracownia Segregacji DNA i Cyklu Życiowego Proteobakterii (do 12.11.2024)...              | 13 |
| PN-14 - Pracownia Lekooporności Bakterii .....                                                    | 15 |
| PN-15 - Pracownia Biologii Grzybów .....                                                          | 16 |
| PN-16 - Pracownia Biologii Roślin i Mikroorganizmów .....                                         | 17 |
| PN-17 - Pracownia Bioenergetyki i Mechanizmów Chorób Mitochondrialnych .....                      | 18 |
| PN-18 - Pracownia Biochemii Lipidów .....                                                         | 19 |
| PN-19 - Pracownia Biologii Bakteriofagów .....                                                    | 21 |
| PN-20 - Pracownia Niekodujących RNA i Rearanżacji Genomu .....                                    | 22 |
| PN-21 - Pracownia Molekularnych Podstaw Aktywności Biologicznej .....                             | 23 |
| PN-22 - Pracownia Transkrypcji tRNA .....                                                         | 24 |
| PN-23 - Pracownia Regulacji Ekspresji Genów .....                                                 | 25 |
| PN-24 - Pracownia Białej Biotechnologii .....                                                     | 27 |
| PN-25 - Pracownia Homeostazy Białek Roślinnych.....                                               | 28 |
| PN-26 - Pracownia Mechanizmów Stabilności Genetycznej.....                                        | 29 |
| PN-27 - Pracownia Biologii RNA .....                                                              | 30 |
| PN-28 - Pracownia Mutagenyzy i Tolerancji Uszkodzeń DNA.....                                      | 31 |
| PN-29 - Pracownia Biologii Molekularnej Nasion .....                                              | 32 |
| PN-30 - Laboratory of Molecular Basis of Aging and Rejuvenation.....                              | 33 |
| PN-31 - Pracownia Fizjologii Molekularnej Zwierząt.....                                           | 34 |

|                                                                                                                                                                                                                     |     |
|---------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|-----|
| PN-33 - Zakład Bioinformatyki .....                                                                                                                                                                                 | 35  |
| PN-34 - Pracownia Środowiskowej i Ewolucyjnej Biologii Systemów .....                                                                                                                                               | 37  |
| PN-35 - Pracownia Genetyki i Biologii Molekularnej Drożdży (do 28.06.2024 r.) .....                                                                                                                                 | 38  |
| PN-36 - Pracownia Translatomiki .....                                                                                                                                                                               | 39  |
| PN-37 - Pracownia Mechanizmów Transkrypcji.....                                                                                                                                                                     | 40  |
| PN-38 - Laboratory of Intracellular Immunity .....                                                                                                                                                                  | 41  |
| PN-39 – Pracownia Mikrobiologii Stosowanej .....                                                                                                                                                                    | 43  |
| PN-40 – Pracownia Bioinformatyki Grzybów .....                                                                                                                                                                      | 44  |
| PN-41 – Pracownia Dojrzewania i Degradacji RNA .....                                                                                                                                                                | 45  |
| PN-42 – Pracownia Biotechnologii Bakterii Mlekowych .....                                                                                                                                                           | 47  |
| PN-43 – Pracownia Biologii Metalobiałek .....                                                                                                                                                                       | 48  |
| PN-44 Pracownia Chemoinformatyki i Modelowania Molekularnego (CHEMM) .....                                                                                                                                          | 49  |
| FA-01 - Środowiskowa Pracownia Mikroskopii Fluorescencyjnej .....                                                                                                                                                   | 50  |
| FA-02 - Środowiskowa Pracownia Spektrometrii Mas .....                                                                                                                                                              | 51  |
| FA-03 - Środowiskowa Pracownia Sekwencjonowania i Syntezy DNA .....                                                                                                                                                 | 53  |
| FA-04 - Środowiskowa Pracownia Hodowli Komórkowych i Produkcji Białek.....                                                                                                                                          | 55  |
| FA-05 - Środowiskowa Pracownia Biologicznego NMR.....                                                                                                                                                               | 56  |
| FA-06 - Pracownia Analiz Mikromacierzy .....                                                                                                                                                                        | 57  |
| Sprawozdanie z działalności Szkoły Doktorskiej Biologii Molekularnej i Chemii Biologicznej<br>oraz Studiów Doktoranckich prowadzonych w Instytucie Biochemii i Biofizyki Polskiej<br>Akademii Nauk za rok 2024..... | 59  |
| IBB Welcome Center .....                                                                                                                                                                                            | 67  |
| Lista seminariów wygłoszonych w IBB PAN w roku 2024 – pracownicy oraz zaproszeni<br>wykładowcy.....                                                                                                                 | 69  |
| Lista seminariów doktoranckich wygłoszonych w IBB PAN w roku 2024 .....                                                                                                                                             | 71  |
| ARTYKUŁY 2024 .....                                                                                                                                                                                                 | 73  |
| ABSTRAKTY 2024 .....                                                                                                                                                                                                | 94  |
| ROZPRAWY HABILITACYJNE 2024 .....                                                                                                                                                                                   | 112 |
| ROZPRAWY DOKTORSKIE 2024 .....                                                                                                                                                                                      | 113 |
| PRACE MAGISTERSKIE 2024 .....                                                                                                                                                                                       | 117 |
| MISCELLANEA 2024 .....                                                                                                                                                                                              | 119 |
| PUBLIKACJE NIEUWZGLĘDNIONE W LATACH 2020 – 2022.....                                                                                                                                                                | 119 |
| Abstrakty .....                                                                                                                                                                                                     | 120 |

|                                                                                                       |     |
|-------------------------------------------------------------------------------------------------------|-----|
| Informacje o działalności jednostki naukowej PAN w 2024 r. ....                                       | 121 |
| I.3. Misja, uprawiane dyscypliny naukowe oraz realizowane główne kierunki badawcze. ....              | 122 |
| II.1. Publikacje naukowe jednostki (liczbowo) .....                                                   | 126 |
| II.2. Aktywność wydawnicza jednostki .....                                                            | 127 |
| II.3. Projekty, prace badawcze realizowane w roku sprawozdawczym .....                                | 128 |
| II.4. Działalność jednostki o charakterze innowacyjnym, aplikacyjnym .....                            | 143 |
| II. 5. Działalność jednostki na rzecz terytorialnych struktur samorządowych .....                     | 146 |
| II.6. Kształcenie i rozwój kadry naukowej .....                                                       | 146 |
| II.7. Działalność dydaktyczna pracowników jednostki .....                                             | 156 |
| II.8. Współpraca z zagranicą .....                                                                    | 157 |
| II.9. Międzynarodowe centra naukowe (działające w strukturze jednostki) .....                         | 160 |
| II.10. Upowszechnianie i promocja osiągnięć naukowych .....                                           | 161 |
| II.11. Działalność zaplecza naukowego jednostki, o charakterze ogólnoodrodowiskowym, w tym: .....     | 164 |
| II.12. Nagrody i wyróżnienia naukowe uzyskane przez pracowników jednostki w roku sprawozdawczym ..... | 165 |
| III. Zatrudnienie .....                                                                               | 167 |
| IV. Inne Formy Zrzeszenia Jednostek Naukowych PAN .....                                               | 167 |

## 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 2024 r.:                                                                                                   |                       |
|---------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|-----------------------|
| Przyznane dotacje: wpływy w roku 2024                                                                                                       |                       |
| <b>Działalność statutowa</b>                                                                                                                | <b>69 976 616,45</b>  |
| w tym:                                                                                                                                      |                       |
| Subwencja                                                                                                                                   | 42 288 600,00         |
| Dotacja podmiotowa - SPUB Zintegrowane laboratorium wielkoskalowych analiz genów i białek (ogółem przyznano 9 144 000,00 zł; 2022-2024)     | 3 048 000,00          |
| Dotacja podmiotowa - SPUB Polska Stacja Antarktyczna im. H. Arctowskiego ((ogółem przyznano 28 301 887,50 zł; 2022-2024)                    | 9 819 137,50          |
| ARCTOWSKI - PolarPOL - Polskie Multidyscyplinarne Laboratorium Badań Polarnych w Antarktyce (ogółem przyznano 173 442 000,00 zł; 2018-2024) | 14 820 878,95         |
| <b>Projekty badawcze: NCN, NCBiR, MNIŚW, FNP, i inne</b>                                                                                    | <b>22 643 011,53</b>  |
| w tym:                                                                                                                                      |                       |
| Projekty badawcze NCN                                                                                                                       | 18 682 760,91         |
| Projekty badawcze MNIŚW                                                                                                                     | 98 615,00             |
| Projekty badawcze NCBiR                                                                                                                     | 1 327 057,48          |
| Projekty NAWA                                                                                                                               | 438 000,00            |
| Projektu UE                                                                                                                                 | 1 098 261,52          |
| inne: Naukowa Fundacja Polpharmy, Agencje, Projekty Międzynarodowe                                                                          | 998 316,62            |
| <b>Inne</b>                                                                                                                                 | <b>26 351 720,87</b>  |
| w tym:                                                                                                                                      |                       |
| Wsparcie kosztów utrzymania infrastruktury badawczej: Wpływy ze Stacji                                                                      | 66 000,00             |
| Prawa do wynalazku                                                                                                                          | 23 244,19             |
| Działalność gospodarcza                                                                                                                     | 1 107 856,78          |
| Sprzedaż usług naukowych                                                                                                                    | 4 404 523,02          |
| Konferencje i HORIZON                                                                                                                       | 797 729,29            |
| Przychody finansowe                                                                                                                         | 4 523 672,48          |
| Refundacje z PAN                                                                                                                            | 621 666,85            |
| Pozostałe                                                                                                                                   | 14 807 028,26         |
| <b>ŁĄCZNIE:</b>                                                                                                                             | <b>118 971 348,85</b> |

**Publikacje naukowe jednostki (liczbowo) - za rok 2024**

| 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 |
|---------------|-----------------------------------------------------------------------------------------------|--------------------------------------------------------------------------------------------------|-----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|----------------------------------------------------------------------------------------------|------------------------------|
| 168           | 5                                                                                             | 1                                                                                                | 160                                                                                                                   | 2                                                                                            | 0                            |

## Informacje o pracowniach zamkniętych i otwartych w roku 2024

| Nr Pracowni | Kierownik                           | Nazwa Pracowni                                                   | Data zamknięcia Pracowni |
|-------------|-------------------------------------|------------------------------------------------------------------|--------------------------|
| PN-10       | Dr Damian Graczyk                   | Pracownia Metabolizmu RNA w Procesach Odpowiedzi Immunologicznej | 13.12.2024               |
| PN-13       | Prof. dr hab. Grażyna Jagura-Burdzy | Pracownia Segregacji DNA i Cyklu Życiowego Proteobakterii        | 12.11.2024               |
| PN-35       | Prof. dr hab. Teresa Żołądek        | Pracownia Genetyki i Biologii Molekularnej Drożdży               | 28.06.2024               |

| Nr Pracowni | Kierownik              | Nazwa Pracowni                                           | Data otwarcia Pracowni |
|-------------|------------------------|----------------------------------------------------------|------------------------|
| PN-45       | Dr hab. Aneta Bartosik | Pracownia Mikrobiologii Molekularnej i Genetyki Bakterii | 12.11.2024             |

## PN-01 - Pracownia Chemii Biologicznej Jonów Metali

**Kierownik: prof. dr hab. Wojciech Bal**

Zespół:

dr hab. Adam Mieczkowski, dr hab. Marcin Grynberg, dr Krzysztof Drabikowski, dr Tomasz Frączyk, dr Katerina Makarova, dr Magdalena Sokołowska-Piechocińska, dr inż. Iwona Ufnalska, mgr Maciej Plichta, mgr inż. Dobromiła Sudzik, mgr inż. Paulina Szczerba, mgr Marta Wiśniewska, mgr Joanna Ziemska-Legięcka, mgr Anand Mohan, mgr Anna M. Mazur, Iryna Levkovich.

Cel badań:

Poznanie mechanizmów molekularnych leżących u podłoża procesów fizjologicznych z udziałem jonów metali, szczególnie miedzi i cynku oraz procesów toksycznych z udziałem jonów metali ciężkich i kancerogennych, w tym: niklu, kobaltu, kadmu, srebra i palladu, z uwzględnieniem praktycznego wykorzystania uzyskanych wyników. Projektowanie i synteza związków aktywnych biologicznie, w tym przeciwnowotworowych i przeciwbakteryjnych. Badania teoretyczne i eksperymentalne sekwencji i struktury białek.

Opis realizowanych prac:

Kontynuowano badania struktur, termodynamiki i kinetyki oddziaływań jonów Cu(II) z białkami i peptydami przenoszącymi miedź w płynach ustrojowych i poszukiwania cząsteczek regulujących pobieranie miedzi przez komórki (wraz z I. Ufnalską, T. Frączykiem, D. Sudzik, K. Makarovą, M. Wiśniewską, M. Plichtą, A. Mohanem, M. Sokołowską-Piechocińską, A. M. Mazur i badaczami z Politechniki Warszawskiej, 6679, 6703, 6706, manuskrypty w przygotowaniu). Wraz z P. Szczerbą i badaczami z Uniwersytetów w Pau, Grenoble i Debreczynie kontynuowano badania toksyczności molekularnej jonów i nanocząstek Ag, rozpoczęto badania oddziaływań jonów i nanocząstek Ag z glutationem i białkami tiolowym i (manuskrypty w przygotowaniu) i wykonano badania oddziaływania jonów Ag(I) z pochodnymi selenolowymi (manuskrypt w recenzji). Wzięto udział w pracach badaczy z KAIST i Uniwersytetu Grenoble nad oddziaływaniami jonów Zn(II) z peptydami A $\beta$  (artykuł wydrukowany w r. 2025, manuskrypt w przygotowaniu). Wykonano badania pomocnicze dla grupy bakteriologicznej z Uniwersytetu Warszawskiego (6644). We współpracy z dr. K. Drabikowskim opracowano hydrożel o właściwościach biobójczych, będący przedmiotem zgłoszenia patentowego (również manuskrypt w przygotowaniu, wraz z I. Levkovich). Sfinalizowano dwie rozprawy doktorskie (1184/N, Dawid Płonka; 1167/N, Wojciech Goch). Dr hab. A. Mieczkowski prowadził we współpracy z IBD PAN badania wpływu inhibitorów kinazy ERK3 na funkcje adipocytów (6626), układów supramolekularnych, tworzonych przez wiązania wodorowe w sieci krystalicznej soli organicznych (z Politechniką Łódzką i Instytutem Chemii i Techniki Jądrowej, 6638, 6693, 6727), sporządził też przegląd literaturowy badań cyklonukleozydów (6774). Dr. T. Frączyk kontynuował badania wzajemnej relacji pomiędzy wiązaniem jonów metali a modyfikacjami potranslacyjnymi białek (6768). Dr hab. M. Grynberg wraz z J. Ziemska-Legięcką kontynuował prace nad klasyfikacją regionów białek o niskiej złożoności (6790). Dr K. Drabikowski kontynuował prace nad fizjologią białek komórkowych (6772).

Opis najważniejszych osiągnięć:

Zgłoszenie patentowe PCT/PL2024/050030, zawierające poszerzony opis nowego materiału biobójczego o potencjalnych zastosowaniach przemysłowych.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Poszerzone zgłoszenie patentowe zostało zgłoszone do programu inwestycyjnego firmy Haleon. Wybrane związki zsyntezowane przez dr hab. A. Mieczkowskiego zostały skierowane do badań biologicznych.

Zgłoszenie patentowe PCT/PL2024/050030.

Publikacje:

6626, 6638, 6644, 6679, 6693, 6703, 6706, 6727, 6768, 6772, 6774, 6790, 1167/N, 1184/N

## PN-03 - Zakład Biologii Antarktyki

**Kierownik: dr hab. Robert Bialik, prof. instytutu**

Zespół:

dr Jakub Grzesiak, dr Stephen Jennings, dr Małorzata Korczak-Abshire, dr Joanna Plenzler, dr Katarzyna Tołkacz, dr Kornelia Wójcik-Długoborska, mgr Julia Brzykcy, mgr Stanisław Cukier, mgr Michał Dziembowski, mgr Katarzyna Fudala

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).

Opis realizowanych prac:

Prowadzono badania w ramach dwóch grantów Narodowego Centrum Nauki: SONATA oraz SONATINA oraz obserwacje monitoringowe realizowane na Wyspie Króla Jerzego z wykorzystaniem infrastruktury Polskiej Stacji Antarktycznej im. H. Arctowskiego. Dokonano rekonstrukcji recesji i zachowania pokrywy lodowej od czasu Ostatniego Maksimum Lodowcowego wokół Zatoki Admiralicji. Prowadzono również ocenę prevalencji zarażenia wybranych pasożytów zewnętrznych i przenoszonych przez nie pasożytów krwi u trzech gatunków pingwinów – pingwinów Adeli, pingwinów białobrewych i pingwinów maskowych. Kontynuowano program obrączkarski kormoranów antarktycznych *Leucocarbo Bransfieldensis*. Rozszerzono obszar monitorowania wędrówek ptaków, poprzez rozbudowę telemetrycznego systemu identyfikacji pozycji ptaków. Zainstalowano nowe odbiorniki w Zatoce Króla Jerzego, jak również w rejonie Przylądka Red Hill w pobliżu ASPA 132. Dodatkowym osiągnięciem raportowanego sezonu była wizytacja kolonii tego gatunku na Duthoit Point (Wyspa Nelsona), w której wykonano liczenie gniazd oraz kontrolę naziemną, dokonując obserwacji osobników zaobráczkowanych na Wyspie Króla Jerzego, co dostarcza pionierskich wniosków dotyczących dyspersji tego gatunku. Kontynuowano program oceny wielkości populacji mirung południowych *Mirounga leonina* występujących na Wyspie Króla Jerzego. Wykorzystamy wysokorozdzielcze zdjęcia, satelitarne oraz pochodzące z dronów, rejonów: zatok Admiralicji, Króla Jerzego oraz Sherratt. Skonstruowano mutanty bakterii arktycznych o zmienionym metabolizmie polihydrokwasów (PHA) a następnie poddano je różnym stresom środowiskowym. Ustalono strukturę filogenetyczną mikrobiomów grzybowych dwóch gatunków traw z okolic Stacji „Arctowski”. Zbadano cechy genetyczne i fizjologiczne 10 szczepów *Carnobacterium spp.* z regionów polarnych.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Wykazano udział polihydroksykwasów w ochronie komórek bakterii arktycznych podczas cyklicznego zamarzania/rozmarzania. Zilustrowano istotne różnice pomiędzy zespołami grzybowymi zamieszkującymi strefy korzeniowe śmiecia antarktycznego (*D. antarctica*) oraz inwazyjnej wiechliny rocznej (*P. annua*) w Antarktyce. Udowodniono, iż gleby regionów polarnych są rezerwuarem bakterii kwasu mlekowego (*Carnobacterium spp.*) o potencjale biotechnologicznym. Stworzono model wykrywania gniazd kormoranów antarktycznych i pingwinów maskowych, oparty na architekturze „You Only Look Once” (YOLO) i identyfikowania tych gniazd na ortomozaikach. Nasze wyniki pokazują, że obecne wykorzystanie zdalnie sterowanych bezzałogowych systemów powietrznych (BSP) w połączeniu z algorytmami uczenia maszynowego, zapewnia wiarygodne i szybkie szacunki liczby gniazd w/w ptaków. Proponowane praktyczne zastosowanie otwiera możliwość wykorzystania zdjęć lotniczych do przeprowadzania badań na dużą skalę na wyspach antarktycznych w poszukiwaniu nieodkrytych kolonii ptaków. Kod, dane i wytrenowany model pozwalający na pełną powtarzalność wyników są dostępne pod adresem: <https://github.com/Appsilon/Antarctic-nests>.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Wspólnie z organizacją Silicones Europe reprezentującą wszystkich głównych producentów silikonów w Europie prowadzony był monitoring występowania cyklicznych lotnych metylosiloksanów (CVMS) w powietrzu, glebie, roślinności, faunie i florze Antarktyki.

Publikacje:

6658, 6687, 6700, 6701, 6712, 6716, 6736, 6743, 6775, 6786, 6787, 5264/A, 5282/A, 5283/A, 5284/A, 5285/A, 5309/A, 5310/A, 5311/A, 1189/N, 1171/N, 1174/N

## PN-04 - Pracownia Inżynierii Genomu

**Kierownik: prof. dr hab. Matthias Bochtler**

Zespół:

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

Cel badań:

Celem badań zespołu była charakterystyka naturalnie występujących modyfikacji DNA [1,2]. Grupa zajmowała się ponadto analogami cytozyny będącymi substratami/inhibitorami metylotransferaz o potencjalnym zastosowaniu przeciwnowotworowym [3]. Ponadto zespół kontynuował opracowywanie metod umożliwiających jednoczesne wykrywanie modyfikacji DNA i znaczników metabolicznych przy użyciu sekwencjonowania techniką Nanopore.

Opis zrealizowanych prac:

Zespół we współpracy z dr. Shuang-yong Xu z firmy New England Biolabs wykazał, że prokariotyczne domeny uskrzydłonej helisy (ang. *winged helix*) mogą swoiście wiązać reszty 6-metyloadeniny w DNA [1]. Ponadto grupa wyjaśniła mechanizm rozpoznawania modyfikacji DNA przez niezwykłą rodzinę endonukleaz DNA, której najbardziej znanym przedstawicielem jest białko BslI. Enzymy te nie posiadają domeny dedykowanej do wykrywania modyfikacji, natomiast jej funkcję pełni w ich przypadku domena katalityczna [2].

W ramach badań związków przeciwnowotworowych, zespół wykazał, z użyciem analogów cytozyny, nieznane wcześniej dehalogenujące właściwości metylotransferaz DNA [4].

Opis najważniejszych osiągnięć:

- Identyfikacja prokariotycznych domen uskrzydłonej helisy jako sensorów metylacji adeniny w DNA.
- Wyjaśnienie mechanizmu wykrywania modyfikacji DNA przez rodzinę endonukleaz Bsl.
- Odkrycie nowej reakcji chemicznej katalizowanej przez metylotransferazy DNA.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Niektóre z badanych przez zespół analogów cytozyny są uznawane za potencjalne środki przeciwnowotworowe.

Publikacje:

6680, 6740, 6739, 6668, 6682, 6749

## PN-05 - Pracownia Genetycznych Podstaw Chorób Człowieka

**Kierownik: dr hab. Beata Burzyńska, prof. instytutu**

Zespół:

dr Monika Góra, mgr Karolina Maciak (do 1.10.2024)

Cel badań:

Celem badań była analiza funkcjonalna nowych, dotychczas nie scharakteryzowanych wariantów genetycznych o nieznanym (*VUS - variant of uncertain significance*)

Opis realizowanych prac:

Badania zostały wykonane na próbkach pochodzących od pacjentów z rzadkimi chorobami genetycznymi, u których nie udało się określić patogenności wykrytego wariantu genetycznego. Pacjenci zostali wybrani przez zespoły klinicystów z Ośrodków współpracujących z naszym laboratorium. W badaniach została wykorzystana metoda qPCR do mierzenia poziomu mRNA badanego genu. Ponadto zastosowaliśmy metodę minigene do badania zaburzeń splicingu pre-mRNA. Z genomowego DNA pacjenta VUS wraz z sekwencjami zawierającymi fragmenty otaczających egzonów jest amplifikowany, a następnie klonowany do wektora raportującego splicing. Efekty splicingu są następnie oceniane po transfekcji minigenu w komórkach HeLa, po której następuje izolacja RNA i analiza sekwencji cDNA.

Opis najważniejszych osiągnięć:

1. Warianty NM\_000298.6:c.101-1G>A oraz c.1058delAAG wykryte u pacjentów z niedoborem kinazy pirogronianowej (PK).

Scharakteryzowaliśmy warianty wykryte u pacjentów wykorzystując modelowanie molekularne (c.1058delAAG) i analizę splicingu za pomocą metody minigenu (c.101-1G>A). Pierwszy wariant powoduje powstanie częściowo zdestabilizowanego tetrameru PK, prawdopodobnie o nieoptymalnej aktywności. Natomiast a wariant c.101-1G>A prowadzi do powstania alternatywnego transkryptu, niosącego przedwczesny kodon stop, co powoduje skrócenie łańcucha PK, ulegającego degradacji za pośrednictwem NMD (ang. *NMD- nonsense mediated decay*).

2. Wariant NM\_001199397.3:c.3584-10T>A wykryty w genie *NEK1* (ang. *NIMA-related kinase*). Warianty w genie *NEK1* związane są między innymi z występowaniem dysplazji kostno-szkieletowej (ang. *Short-rib thoracic dysplasia with or without polydactyly*). Metodę minigene wykorzystaliśmy do analizy wpływu wariantu c.3584-10T>A na splicing pre-mRNA. Wykazaliśmy, że badany wariant prowadzi do wytworzenia PTC i w konsekwencji produkcji białka skróconego o 90 aa. Przeprowadzono dodatkowe eksperymenty w celu identyfikacji

białek, które oddziałują z C-końcowym fragmentem NEK1, nieobecnym w zmutowanym białku. Wykazaliśmy, że interakcja między C-końcowym fragmentem NEK1 a kanałem VDAC1 jest niezbędna do fosforylacji VDAC1, której brak może zaburzać ciliogenezę.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Warianty o nieznanym znaczeniu klinicznym, scharakteryzowane za pomocą badań funkcjonalnych, zostały opisane w artykułach naukowych oraz zaraportowane do referencyjnej bazy wariantów ClinVar, która jest publiczną, ogólnodostępną bazą danych. Ma to ogromne znaczenie dla pacjentów z całego świata w interpretacji wyników badań genetycznych.

Publikacje:

6627, 6640, 6666, 6776, 5268A

## PN-06 - Pracownia Spektrometrii Mas

**Kierownik: prof. dr hab. Michał Dadlez**

Zespół:

dr Aleksandra Wystouch-Cieszyńska, Lilia Żukowa, mgr Weronika Puchała

Cel badań:

Celem badań strukturalnych MS jest uzyskiwanie informacji o cechach strukturalnych trudnych systemów białkowych z zastosowaniem MS. Spektrometria mas pozwala często uzyskać unikalny wgląd we własności dynamiki strukturalnej białek i ich kompleksów z zastosowaniem takich technik jak wymiana proton-deuter (HDX). Metody te znajdują zastosowanie w układach białkowych dla których klasyczne metody badań strukturalnych zawodzą lub nie mogą być stosowane, na przykład dla białek natywnie nieustrukturuowanych, oligomeryzujących, strukturalnie niehomogennych. Badamy też rolę modyfikacji potranslacyjnych białek w kształtowaniu ich własności strukturalnych.

Opis realizowanych prac:

Kontynuowano serię analiz HDX wariantów dysmutazy nadtlenkowej ze *Staph. Nucleus* w obecności jonów metali i w ich braku (wsp. z dr hab. Kevinem Waldronem) oraz kompleksu AlkB-AidB (wsp. z dr hab. A. Maciejewską). Wykonano też analizy różnicowe HDX dla kompleksu białka S100B z peptydem Aβ<sub>1-40</sub>, związanym z etiologią choroby Alzheimera, w obecności różnych stężeń jonów metali Ca, Zn, Cu (dr I. Zhoukov, prof. W. Bal). Rezultaty wskazują na metalozależną interkalację peptydu w powierzchnię styku monomerów S100B w dimerze. Kontynuowano współpracę z prof. Borisem Negrutskim z Instytutu Biologii Molekularnej, Ukraińskiej Akademii Nauk z Kijowa dotyczącą badań białek eukariotycznego kompleksu elongacji translacji eEF1A, z zastosowaniem metod spektrometrii mas. Elongacja translacji jest podstawowym procesem biologicznym, a wiedza o własnościach strukturalnych tych czynników jest zaledwie w powijakach, ponieważ nie poddają się one klasycznym metodom analiz strukturalnych. W roku sprawozdawczym wykonano dodatkowe eksperymenty nad własnościami dynamiki strukturalnej 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. Praca przygotowana do wysłania do Nuclei Acids Research. W kontynuacji tego projektu analizujemy modyfikacje potranslacyjne obu form A1 i A2 w ich natywnym i nienatywnym kontekście tkankowym.

Dodano szereg nowych funkcjonalności do opracowywanych narzędzi informatycznych analizy danych HDX (programy HaDex, HRaDeX, compaHRaDeX dostępne dla użytkowników pod adresem <https://hradex.mslab-ibb.pl/>, <https://compahradex.mslab-ibb.pl/>). Nowe programy pozwalają 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. Nowa wersja umożliwia analizy różnicowe i rzutowanie rezultatów na modele strukturalne. Opracowano też nową wersję programu oceniającego stopień poszerzenia obwiedni izotopowych sygnałów MS (HDXspread) podczas wymiany HDX, pozwalającą na określenie regionów heterogenności strukturalnej w badanych układach białkowych.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Wdrożenie rozbudowanej wersji narzędzi analizy danych wymiany proton deuter HRaDeX, compaHRaDeX, HaDex2, HDXspread. Pozwoliło to na dogłębną analizę wzorów dynamiki strukturalnej w opisanych wyżej układach białkowych, na przykład mapowanie z wysoką rozdzielczością konsekwencji strukturalnych wiązania metali i ligandów do dimerów białka S100B, lub wariantów dysmutazy nadtlenkowej.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

**N/D**

Publikacje:

6646, 5357/A, 5358/A

## **PN-07 - Pracownia Fosforylacji Białek Roślinnych**

**Kierownik: prof. dr hab. Grażyna Dobrowolska**

Zespół:

dr Maria Bucholc, dr Anna Kulik, dr Lidia Polkowska-Kowalczyk, dr Olga Sztatelman, dr Paulina Stachula, mgr Dominika Cieślak, mgr Mateusz Olechowski, Dominika Trzmiel, Jolanta Rakowska

Cel badań:

1. Zbadanie znaczenia i funkcji poszczególnych fragmentów białka PMI1. Badanie wiązania wapnia przez domenę NT-C2.
2. Identyfikacja białek *Arabidopsis thaliana*, których fosforylacja w nasionach (lub w korzeniach w odpowiedzi rośliny na stres zasolenia) jest zależna od kinaz SnRK2 grupy 1 (niezależnych od kwasu abscysynowego, ABA).
3. Zbadanie roli fosforylacji białka GRP8 w odpowiedzi na stres zasolenia poprzez analizę fenotypową roślin transgenicznych *A. thaliana* wyrażających zmutowane formy GRP8 (GRP827A oraz GRP827D) pod kontrolą natywnego promotora w tle mutantu *grp8*.
4. Zbadanie mechanizmów regulacji starzenia się liści *A. thaliana* przez kinazy SnRK2.4 i SnRK2.10
5. Określenie roli kinaz SnRK2 z grupy 1 oraz ATAF1 w fizjologii nasion *A. thaliana*.

Opis realizowanych prac:

1. Potwierdzono, że domena NT-C2 PMI1 może wiązać wapń, a także że wiązanie wapnia moduluje powinowactwo do fosfoinozytydów *in vitro*. Przeprowadzono badania wpływu

modulacji sygnałów wapniowych na wewnątrzkomórkową lokalizację PMI1 i jej zmiany pod wpływem światła. Wykazano, że chelatacja wapnia z wykorzystaniem EGTA powoduje dysocjację PMI1 od błony komórkowej, a inhibitory transportu wapnia prowadzą do zahamowania przemieszczeń PMI1 pod wpływem światła.

2. Za pomocą fosfoproteomiki zidentyfikowano w korzeniach *A. thaliana* białka, których fosforylacja w odpowiedzi na stres zasolenia jest obecna w roślinie typu dzikiego, natomiast nie pojawia się w mutancie, *snrk2.1/4/5/10*, w którym brak jest kinaz SnRK2 grupy 1. Wiele z tych białek uczestniczy w metabolizmie RNA. Potwierdzono ich fosforylację przez SnRK2 *in vitro*.
3. Uzyskano rośliny transgeniczne *A. thaliana* wyrażające zmutowane formy GRP8 z wprowadzonymi mutacjami w miejscu fosforylacji (GFP-GRP8<sup>S27D</sup>, GFP-GRP8<sup>S27A</sup>) pod kontrolą natywnego promotora w tle mutantu *grp8*. Tylko warianty GRP8<sup>WT</sup> oraz GRP8<sup>S27D</sup> komplementowały mutację *grp8* w odpowiedzi rośliny na stres solny.
4. Zbadano aktywność kinaz białkowych w starzejących się liściach *A. thaliana*. Wykazano, że kinazy SnRK2.4 i SnRK2.10 są aktywowane i działają w ścieżkach sygnałowych powyżej ścieżek MAPK i SnRK2 z grupy 3 indukując aktywność kinazy MAPKKK18 oraz kinaz SnRK2.2/2.3/2.6. W starzejących się liściach wykryto również wysoką aktywność kinaz zależnych od wapnia aktywowanych niezależnie od ścieżek sygnałowych SnRK2.4 i SnRK2.10.
5. Wykazano, że kinazy SnRK2.4 i SnRK2.10 nie mają wpływu na wrażliwość oraz przekazywanie sygnału egzogennie zaaplikowanego ABA w liściach *A. thaliana*, pomimo że indukują produkcję tego hormonu w starzejących się liściach rośliny.
6. Za pomocą fosfoproteomiki w nasionach suchych i poddanych imbibicji (1 h w 30°C) *A. thaliana* zidentyfikowano szereg potencjalnych substratów kinaz SnRK2, spośród których znajdowało się wiele białek biorących udział w odpowiedzi na stres środowiskowy, rozwój i dojrzewanie nasion.
7. Wykazano, że SnRK2.4 jest negatywnym regulatorem, a ATAF1 oraz SnRK2.10 są pozytywnymi regulatorami żywotności nasion *A. thaliana*. Regulacja żywotności nasion przez ww. białka zachodzi na ścieżkach niezależnych od siebie.

Opis najważniejszych osiągnięć:

1. Wykazano znaczącą rolę kinaz SnRK2.4 i SnRK2.10 w starzeniu się liści oraz zbadano mechanizm tej regulacji na poziomie molekularnym.
2. Zidentyfikowano dotychczas nieznane substraty SnRK2; jest wśród nich szereg białek zaangażowanych w metabolizm RNA.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Uzyskane wyniki mają charakter poznawczy, poszerzają naszą wiedzę na temat mechanizmów regulacji odpowiedzi roślin na stresy abiotyczne oraz molekularne mechanizmy odpowiedzialne za rozwój roślin - regulację starzenia się liści, żywotności oraz wtórnego spoczynku nasion, jak również ruchów chloroplastów w zmiennych warunkach świetlnych.

Publikacje:

6641, 6699, 6697

## PN-08 - Pracownia Replikacji DNA i Stabilności Genomu

**Kierownik: prof. dr hab. Iwona Fijałkowska**

Zespół:

dr hab. Michał Dmowski, dr Karolina Makiela-Dzbeńska, dr Krystian Łazowski (do 30 kwietnia 2024), mgr Deepali Chaudhry, Alina Krasilia

Cel badań:

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

Opis realizowanych prac:

RNaza HI bierze udział w rozwiązywaniu konfliktów replikacji i transkrypcji oraz w replikacji mitochondrialnego i genomowego DNA. W *Escherichia coli* nienaprawione pętle R prowadzą do konstytutywnej, stabilnej replikacji DNA (cSDR) i indukcji SOS, powodując problemy z ciągłością syntezy DNA z powodu licznych bloków replikacji. Kolizje aparatu replikacyjnego z maszyną transkrypcyjną mogą prowadzić do bezpośredniego ponownego, niekontrolowanego uruchomienia syntezy DNA z transkryptu wykorzystanego jako primer. Wykazaliśmy, że brak naprawy pętli R zwiększa poziom mutacji w sposób zależny od polimeraz DNA o niskiej wierności syntezy DNA. W warunkach, w których polimerazy TLS (Pol II i Pol V) są aktywowane niezależnie od uszkodzenia DNA, przy nieaktywnej RNazie HI, uzyskują preferencyjnie dostęp do nici wiodącej. Stanowi to wyraźny kontrast w stosunku do komórek z aktywną RNazą HI, gdzie te pomocnicze polimerazy DNA preferencyjnie uczestniczą w replikacji nici opóźnionej. Obserwowany fenotyp jest niezależny od cSDR i prawdopodobnie związany ze zwiększoną ilością ssDNA na nici wiodącej.

Kontynuowano badania dotyczące udziału Cdc45, niekatalitycznej podjednostki helikazy CMG, w przebiegu procesu replikacji DNA. Wykazano, że prawidłowe funkcjonowanie Cdc45 w replisomie jest ważne dla stabilności genomu. Wniosek ten opiera się na analizie czterech mutantów *cdc45*, które wykazują upośledzoną progresję przez fazę S, podwyższone poziomy błędów replikacji, zwiększone ilości ssDNA i częstszy udział mutatorowej DNA Pol ζ w syntezie DNA.

Rozpoczęto badania konsekwencji nieprawidłowego funkcjonowania POLE2, niekatalitycznej podjednostki polimerazy DNA ε oraz GINS1, podjednostki kompleksu GINS, w ludzkich liniach komórkowych. W tym celu przygotowaliśmy pochodne linii HCT116 ze zmienioną ekspresją genów *POLE2* oraz *GINS*. Będą one przedmiotem dalszych badań obejmujących charakterystykę ich fizjologii, oraz analizy transkryptomiczne.

Opis najważniejszych osiągnięć:

1. Otrzymane wyniki wykazały nową rolę RNazy HI polegającą na uniemożliwieniu aktywacji polimeraz DNA o niskiej wierności i ograniczeniu ich dostępu do nici wiodącej DNA. Wyniki te potwierdzają istotną rolę RNazy HI w kontroli wierności replikacji nici wiodącej w komórkach bakteryjnych.
2. Wykazano, że prawidłowe funkcjonowanie Cdc45, niekatalitycznej podjednostki helikazy CMG, jest ważne dla stabilności genomu.
3. Skonstruowano linie komórkowe ze zmodyfikowaną ekspresją genów *POLE2* i *GINS1*.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Część wyników będzie wykorzystana w rozprawie doktorskiej mgr. Deepali Chaudhry. Wyniki badań dotyczących Cdc45 zostały przygotowane w formie manuskryptu.

Publikacje:

6640, 6710, 6792, 5256/A, 5296/A, 5297/A, 5298/A, 1154/N

## **PN-10 - Pracownia Metabolizmu RNA w Procesach Odpowiedzi Immunologicznej (do 13.12.2024 r.)**

**Kierownik: dr Damian Graczyk**

Zespół:

mgr Neuton Gorjao

Cel badań:

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

W minionym okresie sprawozdawczym kontynuowaliśmy prace nad wpływem manipulacji poziomem jednej z podjednostek polimerazy RNA I i III, na aktywność kinazy mTOR. Dalej eksplorowaliśmy mechanizm tego zjawiska uzyskując bardzo ciekawe obserwacje i wnioski.

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:

- Wykazaliśmy, że modulacja poziomem jednej z podjednostek polimerazy RNA I i III, wpływa na aktywność kinazy mTOR.
- Mechanistycznie, pokazaliśmy, że podjednostka ta bezpośrednio oddziałuje z elementami kinazy mTOR na powierzchni lizosomów na terenie cytoplazmy.
- Nasze badania wskazują, że jedna z podjednostek polimerazy RNA I i III pełni dodatkową, pozatranskrypcyjną rolę w komórkach.

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:

6664

## PN-12 - Pracownia Patogenezy Roślin

**Kierownik: prof. dr hab. Jacek Hennig**

Zespół:

dr Marta Grech-Baran, dr Angelika Fiodor, dr Małgorzata Lichocka, dr Anhelina Kyrychenko, mgr Izabela Barymow-Filoniuk

Cel badań:

1. Pogłębiona analiza funkcjonalna wewnątrzkomórkowych receptorów należących do rodziny TIR-NB-LRR, warunkujących zależną od temperatury odporność roślin na infekcje mikroorganizmów.
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 receptorów Ry<sub>sto</sub>, NRG1, Roq1, należących do rodziny TIR-NB-LRR. Wykazaliśmy, że dla prawidłowego funkcjonowania tych białek, w podwyższonej temperaturze (>28°C), krytyczny jest układ przestrzenny alfa helikalnej struktury w dystalnej części domeny NB-ARC oraz beta-kartek domeny LRR tych receptorów.

Nasze analizy wskazały na zmiany w profilu akumulacji podjednostek rybosomów, w pyłku roślin *A. thaliana* z niedoborem białka aneksyny 5. Stwierdziliśmy znaczną redukcję ilości dużej podjednostki rybosomu (60S) w stosunku do małej podjednostki (40S). Zaobserwowaliśmy, że zmianom tym towarzyszy obniżona wydajność biosyntezy białka w ziarnach pyłku.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Wykazanie, że białko ANN5 jest ważnym elementem 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:

6734, 6789, 6794, 5351/A

## PN-13 - Pracownia Segregacji DNA i Cyklu Życiowego Proteobakterii (do 12.11.2024)

**Kierownik: prof. dr hab. Grażyna Jagura-Burdzy**

Zespół:

dr hab. Aneta Bartosik, dr hab. Elżbieta Kraszewska, dr Adam Kawałek, dr Barbara Domańska, dr Felipe Padilla Martinez, mgr Weronika Czekala, mgr Shweta, mgr Asha Ajithakumari Sobhanakumar, Natalia Bednarek, Filip Pośnik, Natalia Frączek

Cel badań:

Główne cele badawcze w roku sprawozdawczym obejmowały:

1. Kontynuację charakterystyki procesu segregacji chromosomów *P. aeruginosa* (*Pae*) i jego powiązań z innymi procesami w komórce.
2. Wykorzystanie metody interferencji CRISPR (CRISPRi) do analizy funkcjonalnej genów *Pae* w badaniu mechanizmów oporności bakterii na związki przeciwbakteryjne.

3. Kontynuację charakterystyki genów kodujących transportery leków/metabolitów (DMT) oraz towarzyszących im genów kodujących regulatory transkrypcji w *Pae*.
4. Poznanie roli i sieci interakcji regulatorów transkrypcji DdaR i PA2577 w biologii *Pae*.

Opis realizowanych prac:

1. Opracowano wyniki uzyskane z wykorzystaniem metody Tn-seq dla szczepu dzikiego *Pa* oraz mutantów  $\Delta parAB$  oraz  $\Delta mksBEF$ . Przeprowadzono również identyfikację interakcji genetycznych tych systemów przy użyciu drugiej metody: CRISPRi-seq. Umożliwiło to identyfikację białek potencjalnie współpracujących z powyższymi systemami. Trwa weryfikacja zidentyfikowanych interakcji genetycznych poprzez wyciszenie wybranych genów przy użyciu CRISPRi i analizy wzrostu i segregacji DNA. Opracowano wyniki uzyskane z wykorzystaniem metody 3C-seq dla różnych szczepów *Pae* wykazując wielopłaszczyznowy wpływ systemu ParAB-*parS* na interakcje w obrębie chromosomu bakteryjnego.
2. Skonstruowano złączoną bibliotekę CRISPRi dla szczepu PAO1, którą wykorzystano do identyfikacji genów modulujących tolerancję *Pae* na działanie 12 antybiotyków.
3. Przeprowadzono charakterystykę wybranych DMT z *Pae* poprzez analizy efektów nadprodukcji i/lub inaktywacji genów w *Pae* i ich wpływu na wzrost, ruchliwość czy tworzenie biofilmu. Przeprowadzona została analiza ChIP-seq dla wybranych regulatorów transkrypcji kodowanych w pobliżu genów DMT w *Pae*.
4. Badano sieć interakcji regulatora transkrypcji PA2577 i jego wpływ na system sekrecji typu III oraz wirulencję *Pae*. Kontynuowano prace nad określeniem roli białka DdaR w *Pae*.

Opis najważniejszych osiągnięć:

1. Potwierdzono interakcje genetyczne pomiędzy ParAB i MksBEF. Działanie kompleksu MksBEF wiąże się ze współpracą z topoizomerazą IV, gdyż komórki pozbawione MksBEF są nadwrażliwe na jej wyciszenie, a MksE fizycznie oddziałuje z jej podjednostkami. Dodatkowo wykazano również zwiększoną wrażliwość komórek pozbawionych MksBEF na wyciszenie FtsK oraz na nadinicjację replikacji. W badaniach dotyczących struktury chromosomu wykazano wielowymiarowy wpływ systemu ParAB-*parS* na interakcje w obrębie chromosomu bakteryjnego. Oprócz roli ParB-*parS* w załadunku białek SMC-ScpAB, wykazano interakcje wzdłużne 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.
2. Opracowano szereg wektorów i protokołów umożliwiających wyciszenie genów w *Pae* z wykorzystaniem CRISPRi. Przeprowadzono analizy z wykorzystaniem złączonej biblioteki sekwencji kierujących *Pae* w obecności 12 antybiotyków. Zidentyfikowano geny, w tym geny niezbędne, których wyciszenie zmienia tolerancję na poszczególne klasy antybiotyków.
3. Wykazano, że nadprodukcja i/lub brak niektórych transporterów leków/metabolitów w *Pae* wpływa na ruchliwość oraz tworzenie biofilmu, a nadprodukcja jednego z transporterów wpływała na wzmożoną produkcję pigmentu przez bakterie. Zidentyfikowano regulony wybranych regulatorów transkrypcji z *Pae*.
4. Zweryfikowano odkryte oddziaływania PA2577 z jednym z kluczowych białek biorących udział w regulacji ekspresji systemu sekrecji typu III u *Pae*.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Uzyskane wyniki są podstawą kilku manuskryptów, które są obecnie w przygotowaniu. Wyniki prezentowano na seminariach odbywających się w IBB PAN, a także na krajowych i międzynarodowych konferencjach (m. in. Pseudomonas2024, IUMS2024).

Publikacje:

6654, 5260/A, 5299/A, 5302/A, 5303/A, 5304/A 5305/A, 5359/A, 5360/A

## PN-14 - Pracownia Lekooporności Bakterii

**Kierownik: dr hab. Izabela Kern-Zdanowicz**

Zespół:

mgr Aleksandra Kuryłek

Cel badań:

Analiza systemu koniugacyjnego plazmidów z grupy IncM (dawniej IncL/M), odpowiedzialnych za rozprzestrzenianie genów oporności na antybiotyki wśród bakterii, przedstawicieli *Enterobacterales*, na przykładzie plazmidu pCTX-M3. Poszukiwanie czynników wirulencji *Streptococcus anginosus*, bakterii, która uważana była za ludzkiego komensala, ale jest oportunistycznym patogenem, powodującym infekcje, także te zagrażające życiu. Nasze badania prowadzimy na szczepie inwazyjnym wyizolowanym z krwi, *S. anginosus* 980/01.

Opis realizowanych prac:

Analizując różnicową ekspresję genów (RNAseq i DEseq) zidentyfikowano geny chromosomalne laboratoryjnego szczepu *Escherichia coli*, których ekspresja znacznie różniła się w szczepie niosącym plazmid pCTX-M3 typu dzikiego w porównaniu do szczepu bezplazmidowego. Ekspresja jednego z genów jest ponad 19-krotnie wyższa a drugiego ponad 11-krotnie niższa w szczepie z plazmidem w porównaniu do szczepu bezplazmidowego. Trwa analiza tych wyników.

Przygotowaną uprzednio bibliotekę mutantów insercyjnych szczepu *S. anginosus* 980/01, analizowano poprzez sekwencjonowanie miejsc integracji transpozonu (metoda TraDIS – Transposon Directed Insertion Sequencing) w warunkach optymalnych dla wzrostu oraz w warunkach eksperymentalnych – w pełnej krwi. Wytypowano 4 geny niezbędne do przeżywania *S. anginosus* 980/01 we krwi i zbadano właściwości przygotowanych mutantów. Przygotowano także mutantą niewytwarzającego proteazy – zakotwiczonej w ścianie komórkowej karboksypeptydazy cynkowej, która jest dalej analizowana w zespole prof. J. Kozieł (Uniwersytet Jagielloński). Badano również geny istotne w adhezji do nieśmiertelnych komórek ludzkiego śródbłónka i wytypowano 3 takie geny. Obecnie przygotowano mutanty pozbawione każdego z wytypowanych genów. Trwa ich charakteryzowanie. Rozpoczęto analizę wirulencji przygotowanych szczepów w modelu larwy *Galleria mellonella*. Przygotowano także plazmidy umożliwiające komplementację wszystkich wprowadzonych mutacji.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Przygotowanie mutantów *S. anginosus* w genach niezbędnych do przeżywania w pełnej krwi ludzkiej oraz niezbędnych do adhezji do komórek śródbłónka, wytypowanych jako potencjalne czynniki wirulencji tego szczepu.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Przygotowanie publikacji naukowych i pracy doktorskiej.

Publikacje:

5326/A

## PN-15 - Pracownia Biologii Grzybów

**Kierownik: prof. dr hab. Joanna Kruszewska**

Zespół:

dr hab. Sebastian Piśsyk, dr Anna Janik, dr Urszula Perlińska-Lenart, dr Zoja Pustowa, mgr Patrycja Skalmowska

Cel badań:

1. Określenie różnic mikrobiomów grzybowych trawy naturalnej i trawy napływowej zebranych w okolicach Polskiej Stacji Antarktycznej im H. Arctowskiego.
2. Poszukiwanie enzymu katalizującego nasycanie wiązań po stronie ω w cząsteczce oryginalnych dolicholi z grzybów strzępkowych – kontynuacja prac.
3. Określenie roli białka CaRot1 u *Candida albicans*.
4. Powiększanie kolekcji grzybów strzępkowych.
5. Poszukiwanie szczepów grzybowych jako środka skutecznego w modyfikowaniu mikrobiomu gleby w kierunku ochrony konkretnych roślin przed patogenami grzybiczymi i promowaniu rozwoju roślin.
6. Rola fukozy w metabolizmie grzybów – udział dr hab. Sebastiana Piśsyka w badaniach grupy dr hab. Anny Muszewskiej, prof. IBB PAN

Opis realizowanych prac:

Ad 1. Publikacja opublikowana we współpracy z dr A. Znój i dr J. Grzesiakiem z Zakładu Biologii Antarktyki, IBB PAN

Ad 2. Skonstruowano 7 mutantów *Trichoderma* niosących dysrupcje genów *ole1*, *ole2*, *ole3* kodujących desaturazy kw. tłuszczowych oraz mutanty, *dfg10Δ* (saturaza poliprenolowa), *sat2Δ* (steroilo 5 alfa reduktaza), *sat3Δ17* (prawdopodobnie reduktaza dwufosforanu geranylogeranylu), *DolMetΔ13* (prawdopodobnie metylaza dolicholowa). Mutanty zostały wyhodowane na pożywkach PDB lub MML wraz z kontrolami. Ze wszystkich szczepów otrzymano frakcje poliprenolowe (we współpracy z dr Karoliną Skorupińską-Tudek z Pracowni Biochemii Lipidów IBB PAN). Frakcje wstępnie przeanalizowaną metodą TLC a następnie HPLC. Frakcje są wysłane do analizy HPLC MS do dr Józwiaka do Department of Botany and Plant Sciences University of California.

Ad 3. Sklonowano i przeanalizowano funkcję genu *CaROT1* z *C. albicans* w mutancie *Saccharomyces cerevisiae rot1Δ/ROT1*. Ponadto zbadano konsekwencje ograniczonej ekspresji *CaROT1* w *C. albicans*, skupiając się na glikozylacji białek, składzie ściany komórkowej i filamentacji.

Ad 4. Do kolekcji grzybów które mogą być wykorzystane do utylizacji i dezodoryzacji odpadów dołączono następne grzyby wyizolowane ze środowiska naturalnego, najwięcej z rejonów objętych wieloletnią suszą oraz z odchodów zwierząt z tych rejonów.

Ad 5. Prace są realizowane przy współpracy z dr Zoją Pustową z Higher Educational Institution "Podillia State University" (Ukraina) na podstawie umowy dwustronnej z IBB PAN. Dr Pustova otrzymała stypendium PAN NANU i pracowała w naszym zespole przez 2 miesiące realizując powyższy projekt. Nawiazaliśmy także współpracę z Instytutem Nauk Biologicznych Uniwersytetu Marii Curie-Skłodowskiej w Lublinie celem analizy markerów indukowanej przez grzyby odporności roślin.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Przypisanie funkcji genu *orf19.6029* kodującego białko homologiczne do Rot1 z *S. cerevisiae*. Wykazanie związku białka CaRot1 z procesami glikozylacji na etapie transkrypcji

genów *DPM1*, *ALG13* i *OST3* oraz wpływu obniżonej ekspresji *CaROT1* na skład ściany komórkowej i filamentację u *C. albicans*.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Wyniki dotyczące mikrobiomów grzybowych traw Antarktydy są opublikowane w czasopiśmie międzynarodowym. Wyniki dotyczące wpływu *Trichoderma* na ochronę roślin przed patogennymi grzybami zostały zaprezentowane w postaci zaproszonego wykładu na Zjeździe Polskiego Towarzystwa Mykologicznego.

Publikacje:

6716, 5227/A, 5277/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, mgr Martyna Jonak, mgr Chablina Hazarika

Cel badań:

Nasze wcześniejsze badania wykazały, że efektor HopBF1 wydzielany przez różne szczepy patogennych bakterii *Pseudomonas syringae* ma cechy toksyny o szerokim spektrum. Jednak oprócz odpowiedzi lokalnej, efektor ten wywołuje objawy w oddalonych częściach rośliny. Celem prowadzonych badań jest zrozumienie natury tego zjawiska.

Opis realizowanych prac:

Ekspresja bakteryjnego efektora HopBF1 w komórkach roślinnych, ale również w innych komórkach eukariotycznych prowadzi do śmierci komórkowej. Zaproponowaliśmy mechanizm działania tego efektora polegający na inaktywacji w komórce gospodarza białek opiekuńczych z rodziny HSP90 poprzez fosforylację konserwowanej reszty serynowej w miejscu wiązania ATP. Zaobserwowaliśmy jednak, że efekty działania HopBF1 nie są ograniczone tylko do miejsca jego ekspresji, ale widoczne są w oddalonych organach. Wykazaliśmy wcześniej, że liście o zmienionej morfologii mają inny profil transkrypcyjny oraz profil małych RNA, w porównaniu do liści kontrolnych. Wśród grupy transkryptów, które ulegają różnicowej ekspresji, są także te kodujące białka z rodziny Argonaute. Dlatego też w aktualnych badaniach, sklonowaliśmy sekwencje kodujące różne izoformy białek z tej rodziny. Następnie analizowaliśmy ich lokalizację w obecności wariantów HopBF1. Okazało się, że na lokalizację subkomórkową jednego z nich, tj. Ago4 wpływa badany efektor. W obecności HopBF1, drastycznie zmniejsza się pula jądrowa Ago4. Tylko wariant HopBF1 typu dzikiego wywołuje zmiany, podczas gdy warianty nieaktywne katalitycznie nie zaburzają równowagi jądrowo-cytoplazmatycznej Ago4. Wykazaliśmy ponadto, że obserwowane zmiany systemowe przyjmują postać mikronekroz położonych wokół wiązek przewodzących

Opis najważniejszych osiągnięć:

Nasze wyniki układają się w spójny model, w którym bakteryjny efektor HopBF1 wpływa na dystrybucję komórkową Ago4. HopBF1 inhibuje aktywność ATPazy białka opiekuńczego HSP90, podczas gdy ta aktywność wymagana jest do załadowywania małych RNA na białka z rodziny Argonaute.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Otrzymane wyniki nie tylko są kolejnym krokiem w kierunku całościowego zrozumienia mechanizmu działania efektora HopBf1 pochodzącego z fitopatogennych bakterii *Pseudomonas syringae*, ale dostarczają też narzędzi do badania maszynerii komórki roślinnej, w szczególności procesu załadowywania małych cząstek RNA na białka z rodziny Argonaute w kontekście ich dynamiki subkomórkowej.

Publikacje:

6667, 6789, 5241/A, 5254/A, 5294/A, 5295/A, 5351/A

## PN-17 - Pracownia Bioenergetyki i Mechanizmów Chorób Mitochondrialnych

**Kierownik: prof. dr hab. Róża Kucharczyk**

Zespół:

dr hab. Joanna Kamińska, dr Aneta Więsyk, mgr Masanta Suchismita, mgr Marta Sipko, mgr Kierutheile Thou

Cel badań:

Celem prowadzonych badań jest zrozumienie funkcji biologicznej i mechanizmu działania dwóch białek mitochondrialnych: jedynej znanej ampylasy Fmp40 i hipotetycznej depalmitylazy Ynl320w, w regulacji homeostazy redoks w mitochondriach oraz regulacji aktywności systemu fosforylacji oksydacyjnej przez stan redoks w mitochondriach. Hipoteza badawcza zakłada, że oba białka regulują aktywność mitochondrialnych enzymów neutralizujących reaktywne formy tlenu (RFT) poprzez modyfikacje po-translacyjne oraz że mogą mieć wspólne substraty. Równoległym celem jest poznanie podstaw molekularnych chorób rzadkich wywołanych mutacjami w genach *VPS13A* (płasawicy z akantocytozą) oraz *DHCR7* (zespół Smitha-Lemliego-Opitza (SLOS)).

Opis realizowanych prac:

1. Dokonano analizy ampylowanych białek w mitochondriach drożdży metodą spektrometrii mass w natywnych mitochondriach drożdży. Oczyszczono kompleksy syntazy ATP, interaktom Fmp40 i Trx3 w celu identyfikacji ampylowanych reszt aminokwasowych. Analizy danych ze spektrometru masowego wykonano w sposób jakościowy. Uzyskano szczepy z substytucją ampylowanej reszty seryny 29-tej w podjednostce Atp16 syntazy ATP i wykazano znaczenie tej modyfikacji.
2. Kontynuowano badania funkcji biologicznej białka Ynl320w, pokazano lokalizację komórkową nie tylko w mitochondriach, także w siateczce endoplazmatycznej. Wykazano fenotyp komórek pozbawionych Ynl320w wskazujący na funkcję biologiczną w homeostazie redox. Oznaczono poziomy RFT, zmiany poziomów glutationu i NADPH/NADP+. Kontynuowane są eksperymenty w warunkach ekspozycji komórek drożdży na nadtlenek wodoru, mające na celu identyfikację substratów Ynl320w, w tym oznaczenia poziomu redoksyn mitochondrialnych i ich palmitylacji. Produkcja białka Ynl320w w systemie translacji *in vitro* ma na celu wykazanie aktywności depalmitylazy białka Ynl320w *in vitro* przy użyciu fluorescencyjnej sondy DPP2.
3. Kontynuowano badania dotyczące oddziaływań drożdżowego białka Vps13-GFP. Potwierdzono oddziaływanie z ligazą Rsp5, nie potwierdzono oddziaływania z izomerazą Ess1. Otrzymano i scharakteryzowano mutanty vps13-ATG\_C, vps13-PY i vps13-K/R skutkujące odpowiednio brakiem domeny ATG\_C, substytucjami w motywie PY,

substytucją reszty lizyny 1894 do argininy, pod kątem wrażliwości na laurosiarczan, wpływu na poziom i stabilność Rsp5.

4. Przetestowano różne stężenia leków (tolkapon, disulfiram, luteolina, lewocetryzyna, FK506) wytypowanych we wcześniejszych badaniach w modelu drożdżowym płasawicy z akantocytozą. Sprawdzono żywotność komórek HeLa w celu wytypowania stężeń do badań na komórkach z wyciszonym genem VPS13A.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Pokazaliśmy mechanizm w jaki Fmp40 reguluje import/dojrzewanie redoksyny Trx3 poprzez ampylację reszty treoniny w pozycji 66. Zidentyfikowaliśmy 169 ampylowanych białek i wykazaliśmy, że Fmp40 nie jest jedyną ampylazą w komórkach drożdży. AMPylacja/fosforylacja reszty seryny w pozycji 29 podjednostki Atp16 syntazy ATP służy komunikacji pomiędzy syntazą ATP a łańcuchem oddechowym i utrzymaniu właściwego potencjału na błonie wewnętrznej mitochondrium.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Wyniki badań prezentowane były w formie 4 posterów i 2 ustnych prezentacji na konferencjach: Multifaced Mitochondria – Cell Symposium, Sitges, Spain (5307/A) oraz na REDOX BIOLOGY: A Paradigm of the Foundation of Life, The Fifth International Congress of Serbian Society for Mitochondrial and Free Radical Physiology, Belgrade, Serbia (poster 5292/A, oraz prezentacja ustna), Third Annual Meeting of the ProteoCure COST Action, Warszawa, Polska (5328/A) oraz EMBO Workshop The Endoplasmic Reticulum – Guardian of Cellular Homeostasis, Barga, Włochy (5329/A). R. Kucharczyk – prezentacja ustna na EMBO Workshop Molecular Biology of mitochondrial gene maintenance and expression, Józefów, Poland. Stopnie naukowe: dr Emilia Baranowska, mgr Abhipsita De. Mgr Suchismita Masanta złożyła rozprawę doktorską.

Publikacje:

6695, 6728, 6756

## 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, mgr Natalia Piłka, mgr Marta Zajbt-Łuczniowska (do 30.09.2024), 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 rolę podjednostki C8 kompleksu TRAPPIII (Transport Protein Particle III) rzodkiewnika w procesie autofagii i w regulacji poziomu dolicholi u rzodkiewnika (wsp. dr Y. Dagdas, GMIMPB, Wiedeń; dr A. Anielska-Mazur, IBB PAN) [Plant Phys. manuskrypt zaakceptowany].
2. Scharakteryzowano, na poziomie molekularnym i biochemicznym, enzymy zaangażowane w biosyntezę poliizoprenoidów u *Paramecium tetraurelia*, CPT1A i -B oraz ich partnera białkowego, POC1 (wsp. IBB PAN dr J. Nowak i dr K. Steczkiewicz), [manuskrypt wysłany do redakcji].
3. Wykazano, że obecność poliprenoli w liściach rzodkiewnika jest niezbędna do adaptacji młodych roślin do przedłużonej ekspozycji na umiarkowanie wysokie temperatury (stres cieplny TMHT), udowodniono także rolę czynników transkrypcyjnych HSFA1 oraz SWI/SNF ATPazy BRM w regulacji procesu syntezy poliprenoli u rzodkiewnika (wsp. dr hab. Ł. Kowalewska i dr hab. R. Archacki, UW; dr Y-y. Charng, Academia Sinica Taipei [manuskrypt wysłany do redakcji].
4. Badano wpływ poliprenoli zarówno dłuższych jak i krótszych niż natywne, syntetyzowanych w liściach rzodkiewnika przez hybrydowe CPT na parametry fotosyntezy jak i odpowiedź roślin na stres cieplny i (wsp. dr R. Mazur, UW).
5. Badano, na przykładzie CPT7, wpływ fosforylacji przez kinazy SnRK2 na regulację aktywności cis-prenylotransferaz, ich transport oraz na biosyntezę poliizoprenoidów w roślinach (wsp. prof. G. Dobrowolska, IBB PAN).
6. Badano rolę białek z grupy Rubber Elongation Factors (REF) w biosyntezie poliizoprenoidów u rzodkiewnika.
7. Badano wpływ stresu ciepła i stresu chłodu na ekspresję cis-prenylotransferaz *Rosa chinensis* oraz na profil poliizoprenoidowy w liściach i korzeniach róży (wsp. dr B. Boachon, Université Jean Monnet Saint-Etienne) [manuskrypt w przygotowaniu].
8. Scharakteryzowano na poziomie molekularnym reduktazę poliprenolu 1 (PPRD1) rzodkiewnika, badano wpływ braku tego enzymu na cechy morfologiczne i fizjologię roślin.
9. Rozpoczęto badania nad alternatywnym, niezależnym od wcześniej opisanej reduktazy poliprenolu u drożdży Dfg10, szlakiem biosyntezy dolicholi u drożdży *Saccharomyces cerevisiae* (wsp. dr A. Menon, Weill Cornell Medical College, New York).
10. Rozpoczęto badania nad podatnością poliizoprenoidów na procesy biodegradacji mikrobiologicznej (wsp. dr B. Eyheraguibel, Université Clermont Auvergne).
11. Udostępniono preparaty poliizoprenoidowe kilkunastu grupom badawczym w ramach działalności Kolekcji Poliprenoli.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Udowodnienie, że komórkowa rola C8, dużej podjednostki kompleksu TRAPP III jest konserwowana wśród eukariontów. W szczególności wykazano, że białko TRAPPIII C8 jest zaangażowane w komórce roślinnej w wiele procesów związanych z transportem wewnątrzkomórkowym. Po raz pierwszy wskazano na powiązanie odpowiedzi na stres retikulum endoplazmatycznego i poziom dolicholu.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

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

Publikacje:

5355/A

## PN-19 - Pracownia Biologii Bakteriofagów

**Kierownik: prof. dr hab. Małgorzata Łobocka**

Zespół:

mgr Stephen Amankwah, mgr Łukasz Kałuski, Aleksandra Krysiak (do 11. 09. 2024)

Cel badań:

Poznanie biologii wybranych bakteriofagów o szerokim spektrum gospodarzy, analiza interakcji fag-gospodarz oraz mechanizmów fagoodporności bakterii i jej omijania przez bakteriofagi.

Opis realizowanych prac:

1. Analizując infekcyjność faga P1 i jego zmodyfikowanych pochodnych dla środowiskowego szczepu *Pantoea agglomerans* wykazano, że kluczowymi determinantami oporności na faga P1 w tym szczepie są niekompatybilne z P1 replikony i kasety partycyjne zawartych w nim plazmidów, natomiast system antyfagowy MazEF opisany wcześniej jako chroniący przed infekcją P1 nie ma praktycznego znaczenia.
2. W ramach kontynuacji prac nad weryfikacją funkcji potencjalnych determinantów odporności na fagi w szczepach *Staphylococcus aureus* sklonowano cztery wytypowane geny odporności *S. aureus* z rejonami oskrzydłającymi w przygotowanym poprzednio niestabilnym wektorze wahadłowym *E. coli* – *S. aureus*. Wklonowano w nie kasetę antybiotykooporności. Potwierdzono na wybranym plazmidzie, że może on służyć do ukierunkowanej inaktywacji genu chromosomalnego różnych szczepów metodą wymiany rekombinacyjnej.
3. W pracach nad analizą funkcjonalną potencjalnych białek błonowych kaywirusów oraz białek kodowanych przez końcowe powtórzenia genomu ustalono wewnątrzkomórkową lokalizację fuzji wybranych białek z białkiem Egfp lub innymi białkami fluorescencyjnymi z wykorzystaniem mikroskopii konfokalnej. Określono funkcjonalność fizjologiczną wybranych fuzji. Plazmidy kodujące dwa badane białka błonowe wprowadzono do klinicznych izolatów *S. aureus*. Zademonstrowano ich zdolność do uwrażliwiania niektórych, ale nie wszystkich izolatów, na określone fagi niespokrewnionymi z kaywirusami.
4. Analizując sekwencje genomowe panelu zróżnicowanych szczepów *S. aureus* o różnej wrażliwości na łagodnego faga gronkowcowego z rodzaju *Phietavirus* pokazano, że głównymi determinantami fagoodporności na fagi łagodne *S. aureus* są moduły kontrolne tych fagów odpowiedzialne za przełączanie pomiędzy lizogenią, a rozwojem litycznym.
5. Kontynuowano charakterystykę fizjologiczną wyizolowanego poprzednio faga łagodnego infekującego szczepy *Staphylococcus pseudintermedius*.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Wykazanie na przykładzie niezależnych badań nad bakteriofagami *E. coli* i *S. aureus*, że dominujące determinanty fagoodporności tych bakterii są kodowane przez elementy ich mobilomu. Zademonstrowanie udziału wybranych białek kaywirusów w określaniu wrażliwości wybranych izolatów klinicznych *S. aureus* na infekcje fagami niespokrewnionymi z kaywirusami.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Otrzymane wyniki przyczyniły się do zakończenia rozpoczętych wcześniej manuskryptów publikacji lub przygotowania szkiców nowych opracowań. Były też prezentowane w postaci doniesień konferencyjnych.

Publikacje:

5240/A, 5263/A, 5265/A, 5276/A, 5361/A, 6630, 6669, 6704, 6771, 1190/N

## PN-20 - Pracownia Niekodujących RNA i Rearanżacji Genomu

**Kierownik: dr Jacek K. Nowak**

Zespół:

dr Julita Gruchota, mgr inż. Katarzyna Nowak, mgr Seyma Demir (Duran), 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* jest jednokomórkowym eukariontem charakteryzującym się obecnością dwóch rodzajów jąder w obrębie cytoplazmy. Podczas każdego cyklu płciowego matczyne jądro somatyczne – makronukleus jest degradowane, a nowy makronukleus powstaje z jądra generatywnego – mikronukleusa. W zachodzących w tym czasie rearanżacjach genomu uczestniczą różne klasy niekodujących RNA: charakterystyczne dla mejozy skaningowe RNA (scnRNA) pochodzące z jądra generatywnego oraz dłuższe, niekodujące transkrypty syntetyzowane w starym oraz nowym jadrze 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:

Przeprowadzono dalsze badania funkcji genów wyselekcjonowanych uprzednio pod kątem wpływu na rozwój nowego makronukleusa i rolę w metabolizmie niekodujących RNA: *GTSF1* – kodującego białko z podwójnym palcem cynkowym, *SEN1.2c* – kodującego helikazę RNA oraz *TFIIS3* i *TFIIS4* - kodujących czynniki elongacji transkrypcji.

W ubiegłych latach wykazano, że białko Gtsf1 jest odpowiedzialne za selektywną degradację niekodujących scnRNA. W raportowanym okresie zbadano rolę ubikwitynacji białka Ptiwi09 w procesie płciowym *Paramecium*, wykorzystując między innymi inhibitor proteasomu MG-132. Wykazano, że ubikwitynacja białka Ptiwi09 oraz jego degradacja jest zależna od czynnika Gtsf1. Przeprowadzono ponadto szereg eksperymentów polegających na badaniu wpływu wyciszenia genów *PTIW01/09* i *EMA1* na lokalizację białka Gtsf1 oraz wyciszenia *GTSF1* i *EMA1* na lokalizację Ptiwi09. Wykazano wpływ obecności Ptiwi01/09 i Ema1 na wiązanie Gtsf1 z chromatyną. Udowodniono ponadto rolę Ema1 w selekcji scnRNA oraz rearanżacji genomu.

Homolog Sen1.2c u drożdży *Saccharomyces cerevisiae* jest istotnym czynnikiem transkrypcyjnym niekodujących RNA, których synteza jest zależna od polimerazy II RNA. W *Paramecium* jednym z kluczowych białek odpowiedzialnym za mejotyczną transkrypcję genomu generatywnego jest czynnik elongacyjny Spt5m. Wyciszenie *SEN1.2c* wraz z *SPT5m* okazało się prowadzić do prawie całkowitego zniesienia jednego z fenotypów zależnych od Sen1.2c – nie wykształcania się nowych makronukleusów. Wyciszenie *SPT5m* nie komplementuje natomiast tego samego fenotypu uzyskiwanego w przypadku *MRE11* odpowiedzialnego za naprawę DSB. Taki wynik sugeruje, że aktywność Sen1.2c jest zależna od transkrypcji genomu generatywnego, a aktywność Mre11 nie.

We wcześniejszych badaniach wykazaliśmy że białko TFIIIS4 jest odpowiedzialne za produkcję długich niekodujących RNA. Nasze obecne badania mają na celu porównanie

działania TFIS4 z pozostałymi pięcioma czynnikami TFIS i zweryfikowanie hipotezy, że obecność TFIS4 zmienia działanie polimerazy II RNA. Poszukiwanie partnerów TFIS4 poprzez immunoprecypitację związanych z nim białek oraz analizy spektrometrii mas wykazało wiązanie nie tylko podjednostek polimerazy II RNA ale także szeregu czynników wiążących chromatynę.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Zaproponowano nowy model selekcji niekodujących scnRNA, w którym jego degradacja jest powiązana z degradacją wiążącego go białka Ptiwi przy udziale czynników Gtsf1 i Ema1. Badania nad helikazą Sen1.2c dowiodły, że jej aktywność jest zależna od transkrypcji, pomimo, że nie wpływa na szlak niekodujących RNA.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Wyniki badań zostaną wykorzystane w publikacjach naukowych oraz w dwóch przygotowywanych rozprawach doktorskich.

Publikacje:

brak

## PN-21 - Pracownia Molekularnych Podstaw Aktywności Biologicznej

**Kierownik: prof. dr hab. Jarosław Poznański**

Zespół:

dr hab. Agnieszka Maciejewska, dr Maria Winiewska-Szajewska, dr Sławomir Kasperowicz, dr Marta Onuk, mgr Pratyaksha Singh, mgr Jakub Janiec

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: dookreślenie 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 (6638, 5365/A, 5366/A, 5367/A, 5368/A, 1177/N kolejne w przygotowaniu)
2. Kontynuowano badania nad mechanizmami solwatacji związków niskocząsteczkowych za pomocą pomiarów gęstości rozcieńczonych roztworów wodnych. Zostały ukończone pomiary dla szesnastu rozcieńczonych roztworów soli w zakresie temperatur (20-45°C).

Interpretacja uzyskanych wyników została dodatkowo potwierdzona za pomocą symulacji *in silico*. Publikacja w przygotowaniu.

3. Mechanizmy działania białek odpowiedzi adaptacyjnej *Escherichia coli*. Zbudowany *in silico* na podstawie danych  $^{19}\text{F}$  NMR i spektrometrii HDX-MS trójwymiarowy model kompleksu AlkB-AidB został udokładniony. Białka oddziałują ze sobą poprzez N-końcowe fragmenty, a organizacja kompleksu umożliwia swobodny dostęp RNA/DNA do centrum aktywnego AlkB, przy czym możliwe jest równoczesne oddziaływanie AidB z tą samą cząsteczką kwasu nukleinowego. Wiadomo, że oba białka oddziałują z DNA (pdb 2FDH, 3DJL). W kompleksie oddziałujących ze sobą w ten sposób, że możliwe byłoby bezpośrednie „odbieranie” ubocznych produktów reakcji AlkB przez AidB. Próbuje taki efekt wykazać eksperymentalnie (5324/A, 1168/N, 1192/N).
4. Interpretacja danych medycznych, biochemicznych lub biofizycznych w kontekście danych strukturalnych – współpraca z różnymi grupami (6666, 6718, 6766, 6782, 6789, 5294/A)

Opis najważniejszych osiągnięć:

Udało się oszacować wkład termodynamiczny pojedynczego wiązania halogenowego do stabilizacji kompleksu białko-ligand (1177/N).

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

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

Publikacje:

6637, 6666, 6718, 6766, 6782, 6789, 5249/A, 5255/A, 5324/A, 5365/A, 5366/A, 5367/A, 5368/A, 1168/N, 1177/N, 1192/N

## PN-22 - Pracownia Transkrypcji tRNA

**Kierownik: prof. dr hab. Magdalena Rakowska-Boguta**

Zespół:

dr. hab. Małgorzata Cieśla, mgr Alicja Armatowska, mgr Malak Farhat, mgr Aleksandra Łopusińska

Cel badań:

Wyjaśnienie mechanizmu molekularnego odpowiedzialnego za obniżenie efektywności translacji w mutancie *maf1Δ* drożdży *Saccharomyces cerevisiae*.

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. Fenotyp mutantu *maf1Δ* (brak wzrostu na pożywce z niefermentowalnym źródłem węgla w podwyższonej temperaturze) wykorzystano do genetycznej selekcji supresorów, wśród których zidentyfikowano homologiczne geny *TEF1* i *TEF2* kodujące czynnik elongacji translacji eEF1-A. Sugerowany, przez to oddziaływanie genetyczne wpływ, Maf1 na translację potwierdzono metodą znakowania nowo syntetyzowanych białek drożdży hodowanych na pożywce minimalnej. Obserwowano także korelację zmian w translacji ze zmianami tempa wzrostu drożdży. Stwierdzono zmiany wrażliwości mutantu *maf1Δ* na antybiotyki; zwiększoną wrażliwość na cykloheksimid, który hamuje elongację, oraz oporność na lakcidomycynę, która hamuje inicjację translacji.

W celu wyjaśnienia mechanizmu molekularnego odpowiedzialnego za wpływ Maf1 na translację przeprowadzono wielkoskalowe analizy RNAseq, RIBOseq oraz tRNAseq dla szczepów: *maf1Δ*, *maf1Δ* zawierającego plazmid kodujący eEF1A oraz kontrolnego szczepu dzikiego. Analiza globalna sygnałów RIBOseq w mutancie *maf1Δ* wskazywała na zwiększenie obsadzenia rybosomów wzdłuż mRNA w stosunku do obsadzenia przez rybosomy kodonów stop. Efekt ten był mniejszy w mutancie *maf1Δ* zawierającym plazmid kodujący eEF1A. Wynik ten interpretujemy jako spowolnienie elongacji translacji w mutancie *maf1Δ*. Poparciem tej hipotezy jest wynik analizy.

Po raz pierwszy dla mutantu *maf1Δ* wykonano globalne sekwencjonowanie dojrzałych tRNA i okazało się, że poziom większości tRNA jest obniżony; jest to zapewne przyczyną obniżenia tempa elongacji translacji.

Aby określić wpływ Maf1 na efektywność translacji poszczególnych mRNA porównano intensywności sygnałów RNAseq i RIBOseq. Analiza ta ujawniła nieznaczne zmiany ekspresji na poziomie transkrypcji w stosunku do zmian na poziomie translacji. Wyłoniono grupę 103 mRNA, dla których obsadzenie rybosomów było co najmniej dwukrotnie zmienione w *maf1Δ*.

Spośród genów, których translacja jest zwiększona w mutancie *maf1Δ* główną kategorią są geny związane z biosyntezą aminokwasów, szczególnie metioniny. Analiza kodonów i ilościowe porównanie poziomów poszczególnych tRNA wskazują, że różnice w poziomie translacji określonych białek mają związek z częstością używania kodonów odczytywanych przez tRNA, których poziom jest istotnie zmieniony w mutancie *maf1Δ*.

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 stanowią treść pracy doktorskiej mgr Alicji Armatowskiej oraz przygotowanej do druku publikacji.

Publikacje:

6729, 6805

## PN-23 - Pracownia Regulacji Ekspresji Genów

**Kierownik: prof. dr hab. Tomasz Sarnowski**

Zespół:

dr Szymon Kubala, dr Jakkapong Kluebsoongneon (do września 2024 r.), dr Paweł Ćwiek, dr Jarosław Steciuk (do marca 2024 r.), mgr Magdalena Wilga, mgr Magdalena Gromadzka (Zaborowska), mgr Robert Bińkowski, mgr Jakub Szurmak, mgr Maryam Jozghorbani, mgr Jakub Chalimoniuk, Małgorzata Mierzejewska (do listopada 2024 r.)

Cel badań:

Celem badań prowadzonych w Pracowni w 2024 roku było rozszerzenie wiedzy na temat zachowanych w ewolucji i unikalnych funkcji kompleksów remodelujących chromatynę, udziału ich zaburzeń w procesie nowotworzenia, ustalenie funkcji białek partnerskich dla kompleksów remodelujących chromatynę oraz ocena efektu inaktywacji podjednostek tych kompleksów ze szczególnym uwzględnieniem wielopoziomowej regulacji.

#### Opis realizowanych prac:

W prowadzonych badaniach wykorzystane zostały różne układy modelowe tj. ludzkie linie komórkowe, linie Arabidopsis niosące mutacje a także krewetki. Określono i scharakteryzowano efekty zaburzeń kompleksów remodelujących chromatynę w różnych typach nowotworów, m.in. zaawansowanego raka gruczołowo-torbielowatego ślinianki, jasnokomórkowego raka nerki, mięsaka maziówkowego. Kontynuowano badania nad rozwojem platformy opartej o VHH a także nad zagadnieniem syntetycznej letalności i wykorzystaniem jej jako potencjalnej terapii przeciwnowotworowej w połączeniu z użyciem specyficznych VHH. Rozpoczęto badania mające na celu identyfikację mechanizmu wyczerpania CAR-T przez chłoniaka rozlanego z dużych komórek B DLBCL. W naszych badaniach wykorzystaliśmy najnowocześniejsze techniki biologii molekularnej, inżynierii genetycznej oraz genetyki klasycznej a także transkryptomikę przestrzenną. Wykorzystaliśmy również rozwiniętą przez nas technologię nanoprzeciwciał i techniki wykorzystujące bakteriofagi do opracowania czynników skierowanych przeciwko nowym wariantom koronawirusa SARS-CoV-2 a także zidentyfikowaliśmy VHH skierowane przeciwko innym celom molekularnym.

#### Opis najważniejszych osiągnięć:

1. Zmodyfikowano i ulepszono platformę opartą o VHH i bakteriofagi, i wykorzystano ją do identyfikacji szeregu VHH skierowanych przeciwko różnym białkom m.in. atrakcyjnym celem terapeutycznym.
2. Opracowano i złożono zgłoszenie patentowe dotyczące wykorzystania nanoprzeciwciał i bakteriofagów przeciwko koronawirusowi SARS-CoV-2.
3. Zaproponowano nową klasyfikację kompleksów remodelujących chromatynę.
4. Wskazano model Arabidopsis jako wartościowe narzędzie do badania zachowanych w ewolucji procesów wliczając w to procesy regulacyjne zaburzone podczas nowotworzenia.
5. Zidentyfikowano nierozpoznane dotąd zaburzenia w gruczołowo-torbielowatym raku ślinianki związane z uszkodzeniem mechanizmów epigenetycznych.
6. Oceniono zaburzenia funkcji kompleksów SWI/SNF w jasnokomórkowym raku nerki.
7. Opracowano nową metodologię wykorzystującą nanoprzeciwciała oraz hybrydę nanoprzeciwciała: bakteriofag.
8. Określono organospecyficzną rolę wybranych podklas kompleksów SWI/SNF w kontroli ekspresji genów.

#### Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Uzyskane wyniki ujęte zostały 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 a także zostały ujęte w zgłoszeniu patentowym i pracy magisterskiej.

#### Publikacje:

5242/A, 5244/A, 5251/A, 5259/A, 5316/A, 5317/A, 5325/A, 5327/A, 5340/A, 5341/A, 5342/A, 5343/A, 5344/A, 5346/A, 5347/A, 5348/A, 1191/N

## PN-24 - Pracownia Białej Biotechnologii

**Kierownik: dr hab. Anna Sikora, prof. instytutu**

Zespół:

dr inż. Anna Detman-Ignatowska, mgr Martyna Paul, prof. dr hab. Elżbieta Grzesiuk

Cel badań:

1. Zastosowanie końcowego pofermentu z jedno- i dwustopniowego beztlenowego rozkładu melasy buraczanej jako nawozu.
2. Ocena możliwości immobilizacji wspólnot bakterii ciemnej fermentacji w alginianach oraz jej wpływu na wydajność produkcji biowodoru.
3. Analiza wpływu sekrecyjnych metabolitów szczepu *Kazachstania humilis* MAW1 na wzrost wybranych bakterii patogennych roślin i człowieka.
4. Opracowanie koncepcji innowacyjnego podejścia do identyfikacji dysbiozy jelitowej poprzez analizę wzorców fermentacji mikrobioty kałowej.

Opis realizowanych prac:

Ad 1. Analiza chemiczna pofermentów z układów jedno- i dwustopniowego wykazała obecność ponad 70 związków organicznych, ich ilość była trzykrotnie wyższa w pofermencie dwustopniowym. Zidentyfikowano związki o działaniu przeciwgrzybicznym (pochodne kwasu heptadekanowego), herbicydowym (pochodne indoli) oraz fitohormonalnym (pochodne indolu i pirydyny). Analiza bioróżnorodności metodą dPCR wykazała podobny udział bakterii i archeonów w obu pofermentach, natomiast grzyby występowały jedynie w pofermencie jednostopniowym. Trwa analiza metagenomiczna.

W ubiegłym roku sprawozdawczym porównywano efekty nawożenia pszenicy (*Triticum aestivum* L.) pofermentami i nawozami sztucznymi w eksperymentach doniczkowych w szklarni. Obecnie analizowane są metagenomy gleby z tych eksperymentów. Wyizolowano również RNA do syntezy cDNA w celu analizy dPCR genów obiegu azotu: *nifH* (wiążanie azotu), *B-amoA/A-amoA* (nitrifikacja), *nirS/nirK* (denitryfikacja). Najwięcej kopii *nifH* wykryto w glebie nawożonej pofermentem dwustopniowym, co sugeruje stymulujący wpływ na bakterie wiążące azot. Najwięcej kopii genu *A-amoA* odnotowano dla nawożenia syntetycznego, a *B-amoA* pofermentem jednostopniowym. Geny *nirS* i *nirK* występowały najliczniej odpowiednio w glebie nienawożonej oraz nawożonej syntetycznie. Dla gleb nawożonych jedno- i dwustopniowym pofermentem obserwowano istotne różnice dla wszystkich genów.

W bieżącym roku efekty nawożenia sprawdzano w polowych eksperymentach wazonowych. Plony różniły się istotnie od nienawożonej kontroli, ale nie między pofermentami. Nawożenie pofermentami było mniej efektywne niż syntetyczne. Trwają analizy mikrobiologiczne i chemiczne gleb. Prace wykonywane we współpracy ze SGGW w Warszawie.

Ad 2. Proces ciemnej fermentacji prowadzono w bioreaktorach, gdzie zamiast złoża stałego zastosowano bakterie immobilizowane w alginianie sodu. W porównaniu do złóż w postaci kamieni granitowych i pakietów ceramicznych, wariant z alginianem charakteryzował się niestabilnością i niską wydajnością produkcji biowodoru z melasy buraczanej.

Ad 3. Pokazano, że metabolity sekrecyjne szczepu *K. humilis* MAW1 hodowanego w warunkach kwaśnych hamują wzrost fitopatogenów roślinnych: *Pseudomonas syringae*, *Pectobacterium carotovorum* oraz ludzkiego patogenu *Pseudomonas aeruginosa*. Komórki bakteryjne tworzą filamenty wskazujące na zaburzenia ich podziału.

Ad 4. Zaproponowano metodę badania mikrobioty kałowej odzwierciedlającą dysbiozy jelitowe towarzyszące różnym chorobom. Polega ona na hodowli mikrobioty w kontrolowanych warunkach i analizie produktów fermentacji, bez konieczności symulacji środowiska jelitowego. Pomysł pod akronimem DYSBIOSIScope zaprezentowano na Brokerage Event for IHI's2025 Calls.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Rodzaj nawożenia ma kluczowe znaczenie dla aktywności bakterii glebowych związanej z obiegiem azotu. Poferment z dwustopniowego beztlenowego rozkładu melasy buraczanej stymulował bakterie wiążące azot, co zostało potwierdzone najwyższą liczbą kopii genu *nifH*. Sugeruje to pozytywny wpływ na żyzność gleby poprzez wspomaganie procesów wiązania azotu. Lista gatunków bakterii, których wzrost jest hamowany przez szczep drożdży *K. humilis* MAW1, została rozszerzona o *P. syringae*, *P. carotovorum* i *P. aeruginosa*. Potwierdza to szerokie spektrum jego działania antybakteryjnego.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Artykuły naukowe, prezentacje ustne i plakatowe na konferencjach naukowych, materiał do powstających i recenzowanych manuskryptów. Badania wstępne do wniosku grantowego NCN Opus-28 (w trakcie oceny) oraz planowanych projektów grantowych.

Publikacje:

6671, 6674, 6689, 6758, 5239/A, 5266/A, 5300/A, 5301/A, 5312/A, 5313/A, 5314/A, 5315/A, 329/M

## PN-25 - Pracownia Homeostazy Białek Roślinnych

**Kierownik: prof. dr hab. Agnieszka Sirko**

Zespół:

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

Cel badań:

Główne cele badawcze w roku sprawozdawczym obejmowały:

1. Poznanie molekularnych podstaw regulacji metabolizmu roślin w odpowiedzi na stresy środowiskowe, zwłaszcza niedoboru związków mineralnych;
2. Identyfikacja nowych białek uczestniczących w tych ścieżkach oraz określenie ich funkcji;
3. Wykazanie udziału selektywnej autofagii w dostosowaniu odpowiedzi fitohormonalnej;
4. Uzyskanie aktywnego rekombinowanego enzymu GULO (L-Gulonolactone oxidase).

Opis realizowanych prac:

Ad 1. Przeprowadzono eksperyment ChIP-seq dla czynnika SLIM1 (główny czynnik transkrypcyjny regulujący metabolizm siarkowy roślin) dla roślin hodowanych w warunkach siarki optymalnej lub deficytowej. Analizy bioinformatyczne są w trakcie.

Ad 2. Dla białek LSU znaleziono nowe białka partnerskie związane z metabolizmem siarkowym, co wskazuje na dodatkowe funkcje regulacyjne tych białek. Wykazano także, że LSU wiążą się głównie z N-terminalną częścią katalazy, co może wpływać na formowanie funkcjonalnego tetrameru katalazy. Białka LSU oraz receptor selektywnej autofagii NBR1 wpływają również na tempo usuwania peroksyzomów uszkodzonych przez stres oksydacyjny.

Ad 3. Prowadzone są dalsze badania mające na celu wyjaśnienie roli NBR1 w degradacji czynników transkrypcyjnych regulujących równowagę hormonów roślinnych zarówno w warunkach stresowych, jak i optymalnych. Uzyskano transgeniczne linie Arabidopsis z reporterami dla cytokinin, kwasu abscysynowego i auksyn w różnych tłach genetycznych (nadprodukcja/brak NBR1), które są obecnie analizowane. Uzyskano również linie transgeniczne z indukowalną ekspresją czynników transkrypcyjnych ze szlaku sygnałowego kwasu abscysynowego (ABI4, ABI5) w różnych tłach genetycznych (nadprodukcja/brak NBR1), które posłużą do eksperymentu ChiP-seq w celu wykazania udziału selektywnej autofagii w tej ścieżce sygnałowej. Uprzednio wykazano, że ABI4 i ABI5 są białkami partnerskimi NBR1.

Ad 4. Przygotowano plazmidy ekspresyjne do uzyskania dwóch wariantów białka GULO (pełnej długości i C-terminalnej) w formie białek fuzyjnych z HELP (Human Elastin-Like Polypeptide) oraz etykiety His. Wykazano aktywność enzymatyczną obu wariantów białek rekombinowanych.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Ustalono, że białka z rodziny LSU, choć nie odgrywają kluczowej roli we wzroście i rozwoju roślin, mają pozytywny wpływ na aktywności enzymów szlaku asymilacji siarczanu, co przekłada się na szybszą adaptację roślin do zmiennych warunków środowiskowych, takich jak dostępność siarki. Dodatkowo wykazano, że białka LSU oraz receptor NBR1 wpływają na homeostazę katalaz i peroksyzomów.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Część otrzymanych wyników została opublikowana lub przygotowana do publikacji w kolejnym roku oraz prezentowana podczas międzynarodowych konferencji naukowych. Wyniki były też częściowo podstawą obronionego doktoratu (mgr Anna Niemirowa). Część nowych wyników wstępnych posłużyła do napisania aplikacji grantowej (dr Marcin Olszak).

Publikacje:

6656, 6663, 6737, 6760, 6766, 6784, 5267/A, 5269/A, 5278/A, 5279/A, 5281/A, 5286/A

## **PN-26 - Pracownia Mechanizmów Stabilności Genetycznej**

**Kierownik: dr hab. Adrianna Skoneczna, prof. instytutu**

Zespół:

mgr Tuguldur Enkhbaator

Cel badań:

Poznanie mechanizmów komórkowych gwarantujących niezmienną genomu oraz właściwą odpowiedź na warunki stresu. Poszerzenie naszej wiedzy na temat mechanizmów starzenia komórek.

Opis realizowanych prac:

Analizując fenotypy komórek diploidalnych drożdży o obniżonej zawartości białek zaangażowanych w inicjację replikacji (podjednostki kompleksu helikazy CMG) oraz w regulację tego procesu (Cdc6, Dbf4, Sld3, Sld7, Sld2 i Mcm10) wykazaliśmy, że nawet efekt dawki genu prowadzi do zmian długości faz cyklu komórkowego, zmienionej odpowiedzi na uszkodzenia DNA, zmian czasu generacji i wydłużenia czasu życia komórek post-mitotycznych. Zatem, spowolnienie replikacji poprzez ograniczony dostęp czynników umożliwiających start

nowej rundy replikacji spowalnia proces starzenia chronologicznego, wydłużając życie komórek.

Aby zrozumieć mechanizmy molekularne zabezpieczające genom komórkowy przed uszkodzeniami DNA oraz niestabilnością genetyczną w warunkach stresu oksydacyjnego, zastosowaliśmy wobec komórek pozbawionych sprawnych systemów protekcyjnych (szczep *fmp40Δ*) stres tego rodzaju (m.in. traktowanie komórek  $H_2O_2$ ). Stwierdziliśmy, że traktowany proapoptotyczną dawką  $H_2O_2$  szczep *fmp40Δ* wykazuje niższy poziom ROS (mierzony DHFCDA), niższą częstość przemieszczania się nukleazy Nuc1 do jądra (mierzona kolokalizacją sygnałów Nuc1-GFP i markera jądrowego Nup49-CFP) oraz niższy poziom apoptozy (w teście z użyciem aneksyny V). Oznacza to, że Fmp40 jest kluczowe do przeprowadzenia apoptozy w warunkach proapoptotycznych, kiedy komórki z wysokim poziomem uszkodzeń DNA, prowadzących do niestabilności genetycznej powinny zostać usunięte z populacji.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Wykazanie, że poziom białek zaangażowanych w regulację inicjacji replikacji determinuje również długość życia komórek.

Wykazanie, że pozbawienie drożdży ampylasy Fmp40 prowadzi do obniżenia częstości zachodzenia apoptozy w ich komórkach, nawet w warunkach proapoptotycznych.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Uzyskane wyniki badań zostały wykorzystane w publikacjach naukowych, rozpowszechnione w formie prezentacji konferencyjnych, stanowią podstawę przygotowywanej rozprawy doktorskiej, posłużyły również do napisania aplikacji grantowej.

Publikacje:

5249/A, 5250/A, 5292/A, 6624, 6695, 6741

## PN-27 - Pracownia Biologii RNA

**Kierownik: dr hab. Roman Szczęsny, prof. instytutu**

Zespół:

dr hab. Elżbieta Speina, dr Łukasz Borowski, dr Przemysław Surowiecki, dr Anna Paszek (od września 2024), mgr Giulia Santonoceto, mgr Sakhshi Lakhwani (do listopada 2024), Marcelina Kurowska, Samantha Pinkas (od grudnia 2024)

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 opracowano metodę przygotowania sond do wykrywania transkryptów mitochondrialnych za pomocą techniki FISH i rozpoczęto przeszukiwanie wysokoprzepustowe mające na celu identyfikację nowych białek zaangażowanych w regulację poziomu mRNA kodowanych w genomie mitochondrialnym, w tym białek zaangażowanych w degradację mitochondrialnego RNA. We współpracy z dr Joanną Rorbach (Instytut Karolinska, Szwecja) wykonano przeszukiwanie typu utraty funkcji, które pozwoliło zidentyfikować czynniki zaangażowane w degradację mitochondrialnego RNA zależne do terminacji translacji. Prowadzono również prace we współpracy z dr. hab. Michałem Szymańskim (Uniwersytet

Gdański) nad nowym mechanizmem regulującym aktywność egzo/endonukleazy EXOG w mitochondriach człowieka. 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 sprawozdawanym roku prowadzono prace mające na celu wyjaśnienie zagadnień wskazanych przez recenzentów (Jedynak-Slyvka i wsp., w trakcie przygotowania).

Opis najważniejszych osiągnięć:

Aktywność ludzkiej mitochondrialnej nukleazy EXOG podlega ścisłej, dwustopniowej kontroli.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Wyniki badań zostały wykorzystane w publikacjach naukowych, zgłoszeniu patentowym (1031638), prezentacji podczas konferencji oraz jednej pracy magisterskiej.

Publikacje:

6655, 6694

## PN-28 - Pracownia Mutagenety i Tolerancji Uszkodzeń DNA

**Kierownik: prof. dr hab. Ewa Śledziewska-Gójska**

Zespół:

dr hab. Aneta Kaniak-Golik, dr hab. Justyna McIntyre, dr Agnieszka Hałas, dr Ebru Turhal, mgr Shadi Setayeshi, mgr Bilal Ahmad Seh

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:

W poprzednim roku sprawozdawczym powadziliśmy szereg badań dotyczących mechanizmów regulacji poziomu polimerazy iota. Pokazaliśmy, że zależna od aktywności ligazy ubikwitynowej RNF2, kontrola poziomu komórkowego polimerazy iota nie jest związana z regulacją na poziomie transkrypcji, jak również nie zależy od oddziaływania pomiędzy tymi dwoma białkami. Ponadto wykazaliśmy, że inhibicja proteasomu wpływa na obniżenie poziomu polimerazy iota w komórce, podczas gdy inhibicja autofagii ten poziom zwiększa.

Ponadto, analizowaliśmy wpływ warunków hipoksji, charakterystycznych m. in. dla guzów litych, na regulację polimerazy iota na poziomie mRNA i na poziomie białka. Nasze wyniki wskazują, że w warunkach hipoksji dochodzi do kilkukrotnego zwiększenia poziomu ekspresji genu kodującego polimerazę iota na poziomie transkrypcji, jak również do zwiększenia komórkowego poziomu białka polimerazy iota.

W komórkach *S. cerevisiae* rozpoczęliśmy badania mutagenety związanej z limitowaną aktywnością głównej polimerazy replikującej DNA, polimerazy delta. W badaniach tych wykorzystaliśmy promutageny efekt Mms2, który jak stwierdziliśmy uprzednio jest związany z udziałem tego białka w obniżeniu komórkowego poziomu Pol3, enzymatycznej podjednostki polimerazy delta. Zmniejszenie poziomu Pol3 skutkuje zwiększonym udziałem mutagennej polimerazy zeta w replikacji DNA. Mechanizm zstępowania polimeraz wobec obniżonego poziomu polimerazy replikacyjnej nie jest do końca wyjaśniony. Nasze wyniki sugerują udział Srs2 w tym procesie, jako że mutagenesa zależna od Mms2 i polimerazy zeta wymaga też

obecności tego wielofunkcyjnego białka. Stwierdziliśmy, że w badanym procesie mutagenyzy nie jest istotna ani pro-rekombinacyjna funkcja Srs2 (wiązaną z Rad51), ani jego antyrekombinacyjna aktywność w fazie S (oddziaływanie z sumoliowanym PCNA). Pokazaliśmy natomiast, że zmutowana forma Srs2, niezdolna do bezpośredniego oddziaływania z PCNA, blokuje powstawanie mutacji Mms2-zależnych. Wyniki te sugerują nową funkcję Srs2 w kontroli udziału mutagennej polimerazy zeta w replikacji DNA.

W badaniach mechanizmów utrzymania stabilności mitochondrialnego (mt) DNA w komórkach drożdży potwierdziliśmy znaczenie mitochondrialnej lokalizacji PCNA w bezbłędnej replikacji mtDNA przez polimerazy TLS (eta i zeta). W procesie tym istotną rolę pełnią modyfikacje K164 w PCNA. Nasze wstępne badania z użyciem skonstruowanych przez nas plazmidów kodujących znakowane formy ubikwityny lub sumo z dołączonym sygnałem transportu do mitochondriów (MTS) wykazały, że PCNA jest sumoliowane w mitochondriach, natomiast ubikwityna jest dołączana do K164 w PCNA zanim ubikwitynowane PCNA wejdzie do tych organellów. Te wstępne wyniki sugerują, że uszkodzenia jądrowego DNA, prowadzące do ubikwitynacji PCNA, pośrednio aktywizują antymutatorowy TLS mitochondrialny.

Ubikwitynacja lizyny 164 w PCNA wymaga aktywności ligazy Rad18. Pokazaliśmy, że brak tej ligazy powoduje silny efekt mutatorowy w mtDNA, znacznie silniejszy niż efekt wywołany brakiem lizyny 164 w PCNA. Wynik ten sugeruje, że oprócz aktywności inicjującej TLS, Rad18 pełni inne funkcje w kontroli stabilności genetycznej mitochondriów. Zgodnie z tą sugestią stwierdziliśmy znacznie zwiększoną częstość rekombinacji mtDNA, prowadzącej do powstawania fenotypu petite w komórkach pozbawionych Rad18.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Pokazaliśmy, po raz pierwszy, że w normalnych warunkach polimeraza iota jest białkiem stabilnym, a stabilność ta zależy od aktywności enzymatycznej ligazy ubikwitynowej RNF2. Dodatkowo wykazaliśmy, że proteasom, w sposób pośredni, a autofagia bezpośredni wpływają na komórkowy poziom polimerazy iota.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Uzyskane wyniki były przedmiotem dwóch publikacji i będą wykorzystane w dalszych badaniach funkcjonowania procesów tolerancji uszkodzeń DNA w jądrze komórkowym i mechanizmów odpowiedzialnych za stabilność mitochondrialnego DNA

Publikacje:

6686, 6788, 5290/A, 5320/A, 5321/A, 5322/A, 5231/A, 5232/A, 5288/A, 5289/A, 5291/A

## **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, dr Saad Rehmani, mgr Veena Halale Manjunath, mgr Sargam Bharti, mgr Atalay Nallidere, dr Krzysztof Kokoszka, dr Małgorzata Marczak

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* i rolę kompleksu SWI/SNF w regulacji tego procesu. Opisałiśmy także wpływ zmienności wielkości nasion na heterogenność spoczynku nasion.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Opis mechanizmu regulacji spoczynku nasion przez kompleks SWI/SNF podczas indukcji wtórnego spoczynku.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Publikacje i aplikacje grantowe

Publikacje:

6645

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

**Head of Laboratory: dr hab. Ulrike Topf**

Team:

dr Kamila Liput, dr Katarzyna Jonak, dr Arun Kumar, dr Somayeh Shahmoradi Ghahe, mgr Monika Stasiak, mgr Spoorthy Gowda, mgr Ramin Zadalimomen, mgr Hrudya Mohan

Research objective:

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

Description of the works carried out:

(i) Characterisation of the role of the co-chaperone prefoldin during protein homeostasis. We established a novel function of prefoldin during proteasome assembly. We propose that this non-canonical function of prefoldin is necessary for efficient removal of polyubiquitinated proteins, which are targets of proteasomal degradation. The project was completed.

(ii) Identification of changes in the translation apparatus during aging using proteomics approach. Ribosomal proteins are among the proteins that undergo early oxidation during aging. Cysteine residues that are post-translationally modified are conserved in higher eukaryotes. In order to study the role of post-translational oxidative modification yeast mutants of cysteine residues were generated. Their analysis is subject of ongoing research. To investigate thiol oxidation in higher eukaryotes we established methodology that will enable the quantification of protein oxidation in *C. elegans* using a biochemical approach and mass spectrometry.

(iii) Investigation of compounds and micronutrients to improve protein homeostasis during aging of *C. elegans*. We have identified compounds and the micronutrient zinc to be beneficial for healthspan in aged worms.

Description of the most important achievements:

1. Identification of prefoldin as a novel assembly chaperone of the proteasome.
2. Development of tools to investigate the role of ribosomal protein oxidation during aging.
3. Identified pharmacological interventions that improve healthspan during ageing in *C. elegans*.

Use of the obtained results:

Obtained results related to point (i) were published as experimental paper in *Journal of Molecular Biology* and related to point (ii) published in *Life Science Alliance*. Results were

presented at international conferences (GRC, EMBO, EMBL, FEBS) as poster and oral presentations.

Publications:

6650, 6772, 5319/A, 5247/A, 5246/A, 5243/A, 5237/A, 5234/A, 5233/A, 5230/A

## PN-31 - Pracownia Fizjologii Molekularnej Zwierząt

**Kierownik: dr Michał Turek**

Zespół:

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

Cel badań:

Określenie mechanizmów molekularnych odpowiedzialnych za formowanie się pęcherzyków zewnątrzkomórkowych w nicieniu *Caenorhabditis elegans*.

Opis realizowanych prac:

W 2024 roku realizowano badania dotyczące mechanizmów molekularnych i epigenetycznych regulujących produkcję egzofer (pęcherzyków zewnątrzkomórkowych) w *C. elegans* w odpowiedzi na obecność patogenów. Celem przeprowadzonych eksperymentów było zidentyfikowanie kluczowych szlaków sygnalizacyjnych, niekodujących RNA oraz zmian epigenetycznych odpowiedzialnych za ten proces.

W ramach pierwszego zadania badawczego udało się scharakteryzować mechanizmy molekularne odpowiedzialne za zwiększoną produkcję egzofer w tkance mięśniowej w odpowiedzi na obecność patogenów w środowisku. W toku eksperymentów zidentyfikowano kluczowe szlaki sygnalizacyjne oraz białka należące do rodziny receptorów sprzężonych z białkami G (GPCR), które odgrywają istotną rolę w regulacji egzoferogenezy. Badania wykazały, że produkcja egzofer jest indukowana przez specyficzne metabolity wydzielane przez patogeny, co sugeruje istnienie mechanizmu umożliwiającego nicieniom wczesne rozpoznanie zagrożenia i adaptację do stresu środowiskowego. Wyniki te stanowią istotny wkład w zrozumienie roli egzofer w odpowiedzi na stres infekcyjny i zostały uwzględnione w manuskrypcie naukowym opublikowanym na portalu bioRxiv (Kołodziejska et al. 2024).

Drugie zadanie koncentrowało się na analizie transkryptomicznej nicieni produkujących znaczne ilości egzofer, aby określić, które niekodujące RNA wpływają na biogenezę tych struktur. W ramach badań przeprowadzono sekwencjonowanie RNA (RNA-seq) na próbkach pochodzących od nicieni o wysokim poziomie produkcji egzofer oraz grupy kontrolnej. Analiza danych pozwoliła na identyfikację zestawu miRNA, których ekspresja wykazuje istotną korelację z procesem egzoferogenezy. W celu potwierdzenia funkcjonalnej roli wybranych miRNA przeprowadzono eksperymenty walidacyjne. Odkrycia te pozwalają na lepsze zrozumienie funkcji miRNA w regulacji powstawania pęcherzyków zewnątrzkomórkowych na przykładzie egzofer.

W ramach trzeciego zadania badawczego przeprowadzono analizę mechanizmów epigenetycznych odpowiedzialnych za regulację produkcji egzofer. W toku badań udało się zidentyfikować białka regulujące metylację histonów jako kluczowych regulatorów produkcji egzofer. Ponadto, przeprowadzone eksperymenty wielopokoleniowe dowiodły, że poziomy produkcji egzofer są dziedziczone do pokolenia F1, co sugeruje istnienie mechanizmów pamięci epigenetycznej związanych z modyfikacjami histonów. Obserwacje te wskazują,

że nicienie mogą przekazywać informacje o poziomie produkcji egzofer potomstwu, co może stanowić istotny element adaptacyjny w odpowiedzi na stres środowiskowy.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Za najważniejsze osiągnięcie z omawianego okresu sprawozdawczego uważam odkrycie dotyczące wpływu metabolitów patogenów na produkcję pęcherzyków zewnątrzkomórkowych (EV). Wykazano, że już sama obecność metabolitów patogenów, nawet przed faktycznym zakażeniem, indukuje zwiększoną produkcję EV w *C. elegans*, co sugeruje ich rolę we wczesnej odpowiedzi obronnej. Odkrycie to znacząco poszerza nasze rozumienie roli EV w odpowiedzi immunologicznej i może mieć istotne implikacje dla badań nad interakcjami gospodarz-patogen.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Niektóre z opisanych powyżej wyników zostały wykorzystane do przygotowania wstępnej wersji publikacji naukowej (preprint) zamieszczonej na portalu bioRxiv (Kołodziejska et al. 2024). Część wyników została zaprezentowana w postaci plakatów na międzynarodowych konferencjach naukowych: „The 2024 European *C. elegans* meeting” (mgr Klaudia Kołodziejska, Utrecht, Holandia) oraz „*C. elegans* Topic Meeting: Neuronal Development, Synaptic Function & Behaviour” (Dr Agata Szczepańska, Madison, USA). Pozostałe wyniki są przygotowywane do publikacji.

Publikacje:

6659

## PN-33 - Zakład Bioinformatyki

**Kierownik: prof. dr hab. Piotr Zielenkiewicz**

Zespół:

dr hab. Szymon Kaczanowski, dr hab. Piotr Pawłowski, prof. dr hab. n. med. Krzysztof Mucha, prof. dr hab. n. med. Leszek Pączek, dr n. med. Radosław Zagożdżon, dr Kamil Steczkiewicz, dr Dariusz Ekonomiuk, dr Aizhan Rakhmetullina, dr Kinga Mieczkowska, dr Piotr Włodzimierz, mgr Hubert Salamaga, mgr Mehmet Özhelvaci, mgr Damian Sztuczka, mgr Kinga Szyman, mgr Tomasz Włodarski

Cel badań:

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

Opis realizowanych prac:

Zbadano istniejące rozwiązania, wykorzystujące uczenie maszynowe do pracy z obrazami komórek oraz z małymi cząsteczkami, celem przygotowania do projektu IMPULS. Przeprowadzono testy funkcjonalności serwisu <https://sildrug.ibb.waw.pl/> w celu wykrycia i naprawy błędów.

Opracowano metodę cryoENSEMBLE, która wykorzystując dane z mikroskopii krioelektronowej i metody Bayesowskie pomaga w udokładnianiu struktur z symulacji dynamiki molekularnej. Przeprowadzono analizę struktur kanałów rybosomowych pochodzących z 68 różnych bakteryjnych, archaea i eukariotycznych struktur jak również z mitochondrialnych i chloroplastowych rybosomów – publikacja jest w trakcie

opracowywania. Rozpoczęto analizę zmienności sekwencyjnej i strukturalnej białek budujących kanał rybosomalny.

W roku sprawozdawczym kontynuowano badania nad szybkim adaptowaniem się drożdży w procesach ewolucyjnych. W ramach tych badań wykazano, że mutacje prowadzące do utraty funkcji genu są niemal zawsze korzystne w krótkoterminowych eksperymentach ewolucyjnych. Prowadzono również badania nad pochodzeniem apoptozy. Zidentyfikowano dowody sugerujące, że istniał starożytny ewolucyjny wyścig zbrojeń między pramitochondrium a praeukariontem.

Opisano istotną rolę ładunku elektrycznego w infekcjach typu wirusowego (SARS-CoV-2, dengue, Ebola, grypa A, RSV). Analizowano przy tym wnikanie wirusa do komórki, replikację jego materiału genetycznego oraz odpowiedź immunologiczną gospodarza pod kątem zastosowań prewencyjnych i terapeutycznych.

Opracowano metodę wykorzystującą algorytm uczenia maszynowego do wyznaczania energii Gibbsa wiązania tRNA z odpowiadającą mu aminoacyl-tRNA syntetazą. Pozwala ona na wskazanie tzw. nukleotydów „identyfikacji”, istotnych w procesie rozpoznawania się tRNA z enzymem.

Zbudowano model pełnego kompleksu TRAPPIII z *Arabidopsis thaliana*.

Opisano zmienność sekwencyjno-strukturalną oraz zidentyfikowano nowe rodziny należące do nadrodziny  $\alpha/\beta$  hydrolaz, publikacja „ $\alpha/\beta$  Hydrolases: Toward Unraveling Entangled Classification”.

Przeprowadzono bioinformatyczną analizę centromerów 192 genomów eukariotycznych, w ramach której wytworzono nowe oprogramowanie do analizy *de novo* oraz scharakteryzowano nieznane dotąd sekwencje centromerowe. Rozpoczęto nowy projekt analizy genomów z holocentrycznego gatunku *Rhynchospora*, w którym zmapowano i opisano równomierną dystrybucję powtórzeń centromerowych.

Zidentyfikowano potencjalne cele dla miRNA mogącego różnicować pacjentów pod względem formy migotania przedsionków.

Aby zbadać potencjalne interakcje między roślinnymi miRNA i ludzkim mRNA LPA, zastosowano programy obliczeniowe w celu zidentyfikowania kandydatów na miRNA. Przeprowadzono kompleksowe badanie przesiewowe w celu zbadania potencjalnych miejsc wiązania dla 10 414 roślinnych miRNA w sekwencji mRNA LPA. To podejście miało na celu odkrycie miRNA, które potencjalnie mogłyby regulować ekspresję LPA i przyczyniać się do mechanizmów chorób sercowo-naczyniowych. Wyniki badania przesiewowego dostarczają cennych informacji na temat interakcji roślinnych miRNA z ludzkim mRNA.

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

Publikacje:

6640, 6656, 6675, 6692, 6661, 6711, 6722, 6752, 6753, 5229/A, 5236/A, 5335/A, 5336/A, 5337/A, 5338/A, 5356/A

## PN-34 - Pracownia Środowiskowej i Ewolucyjnej Biologii Systemów

**Kierownik: dr hab. Urszula Zielenkiewicz**

Zespół:

dr Vandana Kaushal, mgr Ajay Raj Singh

Cel badań:

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

Opis realizowanych prac:

1. Zakończono eksperymentalne testowanie hipotezy „mniej-to-więcej”, według której utrata genów może być ważnym mechanizmem zmian ewolucyjnych. Udowodniliśmy, że w krótkoterminowej ewolucji większość mutacji inaktywacji genów jest korzystna adaptacyjnie.
2. W zakresie badań naturalnych systemów biologicznych w nawiązaniu do realizacji projektu wewnętrznego (Nr DEC-MG-3/22-01), w którym dokonano oceny mikrobiomu osadnika ścieków laboratoryjnych IBB, przeprowadzono dodatkowo takie same analizy wody kranowej doprowadzanej do Instytutu. Z dużych objętości (3x5l) wody wyizolowano i zsekwencjonowano metagenomowy DNA, przeprowadzono ocenę potencjału metabolicznego oraz oznaczono pierwiastkowy skład chemiczny wody. Przeprowadzono porównawczą analizę sekwencji obu metagenomów względem bioróżnorodności oraz zawartości genów oporności na antybiotyki i inne czynniki szkodliwe. Dodatkowo zsekwencjonowano 4 genomy bakterii wyizolowanych z osadnika, wykazujących liczne antybiotykooporności. Obecnie trwają prace nad manuskrypcją publikacji przedstawiającej metabiom osadnika.
3. Kontynuowano badania roślinnych miRNA jako cząsteczek wpływających na inne organizmy, w tym mogące oddziaływać na grzyby patogenne dla roślin (np.: csi-MIR 3953) czy ludzki gen LPA (aof-MIR12173).
4. We współpracy z Zakładem Bioinformatyki IBB rozpoczęto badania nad skutecznością blokowania oddziaływań białko-białko w dimerach bakteryjnego represora TetR wymodelowanych krótkich peptydów celem zniesienia oporności na tetracyklinę bakterii Gram-ujemnych.

Opis najważniejszych osiągnięć:

- Mikrobiom osadnika IBB to wysoce zróżnicowane środowisko mikroorganizmów posiadających bardzo liczne geny oporności na antybiotyki (ARGs) i metale (MGRs), odzwierciedlające bioróżnorodność wody wodociągowej.
- Mikrobiota komory beztlenowej oczyszczalni ścieków Cukrowni Dobrzelin jest bardzo stabilna, zachowując niemal identyczną strukturę przed i po modernizacji oczyszczalni.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Wyniki testów hipotezy „mniej-to-więcej” zawarto w publikacji (Scientific Reports). Rezultaty badań były prezentowane na 1 międzynarodowej konferencji naukowej.

Wyniki analizy metagenomów komory beztlenowej oczyszczalni ścieków Cukrowni Dobrzelin przed i po jej modernizacji opisano w pracy pt.: „Extremely effective self-sufficient sugar factory wastewater treatment plant and its methanogenic microbial consortium” złożonej do czasopisma iScience (w recenzji)

Publikacje:

6661, 5245/A

## PN-35 - Pracownia Genetyki i Biologii Molekularnej Drożdży (do 28.06.2024 r.)

**Kierownik: prof. dr hab. Teresa Żołądek**

Zespół:

dr hab. Joanna Kamińska, dr hab. Marek Skoneczny, mgr Zuzanna Frydzińska (do 31.08.2024), mgr Kierutheile Thou

Cel badań:

1. Badanie podstaw molekularnych chorób rzadkich wywołanych mutacjami w genach *VPS13A* (płasawica z akantocytozą) oraz *DHCR7* (zespół Smitha-Lemliego-Opitza, SLOS).
2. Identyfikacja reszt aminokwasowych w białku Hsp31 istotnych dla jego sekrecji.
3. Identyfikacja białek uczestniczących w niekonwencjonalnej sekrecji w drożdżach *Saccharomyces cerevisiae* z wykorzystaniem Hsp31 jako markera.

Opis realizowanych prac:

Ad 1. Kontynuowano badania dotyczące oddziaływań drożdżowego Vps13-GFP. Potwierdzono oddziaływanie z ligazą Rsp5 ale nie potwierdziło się oddziaływanie z izomerazą Ess1. Otrzymano i scharakteryzowano mutanty *vps13-ATG\_C*, *vps13-PY* i *vps13-K/R* powodujące, odpowiednio, brak domeny ATG\_C, substytucje w motywie PY, substytucję reszty lizyny 1894 do argininy, pod kątem wrażliwości na laurosiarczan oraz poziomu i stabilności Rsp5. Przetestowano różne stężenia leków (tolkapon, disulfiram, luteolina, lewocetryzyna, FK506) wytypowanych w modelu drożdżowym płasawicy na żywotność komórek HeLa w celu wybrania warunków odpowiednich do badań na komórkach z wyciszonym *VPS13A*.

Utworzono model SLOS (szczep *erg24* z cDNA *DHCR7* lub *dhcr7-R352W*) ale okazał się on nieodpowiedni do dalszych badań. Prowadzono prace nad innym modelem SLOS.

Ad 2. Podstawienia aminokwasowe F17→S i S209→P w Hsp31 znacznie osłabiają sekrecję tego białka. We współpracy z Tomaszem Frączykiem z Pracowni Chemii Biologicznej Jonów Metali IBB PAN ustalono przy pomocy spektrometrii mas, że reszty te nie podlegają żadnym modyfikacjom post-translacyjnym. Ich podstawienie nie miało wpływu na zmianę masy cząsteczkowej białka, poza zmianą wynikającą z różnicy mas zamienionych reszt aminokwasowych. Jak wskazują nasze wyniki, zarówno natywne białko Hsp31 jak i zmodyfikowane F17→S, lub S209→P są fosforylowane. Ponadto, podstawienie S231→A nieznacznie osłabia sekrecję Hsp31.

Ad 3. Kontynuowano badania nad białkiem Ssd1, jednym z kilku wytypowanych przez nas w całogenomowym teście przesiewowym, którego brak zaburza niekonwencjonalną sekrecję Hsp31. Ssd1 jest represorem translacji. Wśród procesów, w których uczestniczy są wzrost polarny czy integralność ściany komórki. Ssd1 wiąże się do 5'UTR mRNA kodujących białka ściany komórkowej rozpoznając motyw CNYUCNYU. Jego aktywność jest regulowana przez RAM (Regulator of Ace2 and polarized Morphogenesis) network. Jedną z funkcji RAM jest kontrola asymetrii lokalizacji i translacji specyficznych mRNA między komórką macierzystą, a potomnym pączkiem. Ssd1 przemieszcza się wahadłowo między jądrem a cytoplazmą, co jest kluczowe dla jego funkcji. Wykazano, że brak Ssd1 zaburza sekrecję nie tylko Hsp31, ale również kinazy 3-fosfoglicerynianu, enzymu szlaku glikolizy i glukoneogenezy, zlokalizowanego, podobnie jak Hsp31, w cytoplazmie i perioplazmie i wydzielanego niekonwencjonalnie. Co znamienne, brak Ssd1 nie miał wpływu na lokalizację β-1,3-glukanozylotransferazy uczestniczącej w budowie ściany chitynowej komórki i wydzielanej konwencjonalnym szlakiem poprzez Aparat Golgi'ego. Na podstawie

opublikowanych przez innych danych wytypowano kilkanaście genów, do których 5'UTR mRNA wiąże się Ssd1 i sprawdzono, czy ich brak wpływa na sekrecję Hsp31. Tylko brak kinazy Kcc4 miał wpływ na sekrecję Hsp31.

Opis najważniejszych osiągnięć:

1. Ustalenie, że jedyną modyfikacją post-translacyjną wydzielanego do periplazmy białka drożdżowego Hsp31 jest fosforylacja oraz, że fosforylacja może sprzyjać sekrecji tego białka.
2. Uzyskanie dowodów na zależność wydajnej niekonwencjonalnej sekrecji od obecności Ssd1, regulatora asymetrycznej dystrybucji mRNA między komórką macierzystą a pączkiem i represora translacji białek uczestniczących w biogenezie ściany komórkowej.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Wyniki będą wykorzystane do przygotowania publikacji i pracy doktorskiej.

Publikacje:

5249/A, 5250/A, 5328/A, 5353/A

## PN-36 - Pracownia Translatomiki

**Kierownik: dr hab. Agata Starosta, prof. instytutu**

Zespół:

dr Olga Iwańska, dr 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. Opisanie translatomu bakterii *B. subtilis* w czasie sporulacji.
2. Zobrazowanie lokalizacji rybosomów oraz aktywnej translacji w czasie sporulacji.
3. Zobrazowanie niesprzężonej transkrypcji-translacji w czasie sporulacji.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

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

Publikacje:  
6777, 6734

## PN-37 - Pracownia Mechanizmów Transkrypcji

**Kierownik: dr Tomasz Turowski**

Zespół:

dr Ahmed Eisa Elhag, dr Ameen Kollaran, mgr Katarzyna Grelewska-Nowotko, mgr Jan Mikołajczyk, mgr Raymi Edgar Goitia Camacho

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.

- a. Opracowano metodę pomiaru aktywności transkrypcyjnej wirusa MHV1 za pomocą ddPCR. Zastosowanie ddPCR i dedykowanych starterów pozwoliło na pomiary genomowych i subgenomowych RNA.
- b. We współpracy z zespołem dr Marii Górnej z Uniwersytetu Warszawskiego, opracowaliśmy metodę charakteryzacji PPP-RNA z wykorzystaniem białka IFIT5.

2. Mutacje RNAPIII prowadzące do leukodystrofii.

- a. Przeprowadzono analizy biochemiczne kinetyki ludzkiej polimerazy III RNA. Białko zostało uzyskane we współpracy z Prof. Chritophem Mullerem (EMBL, Heidelberg, Niemcy).
- b. Wyprowadzono model myszy z wprowadzonymi mutacjami w polimerazie III RNA. Pierwsze badania w celu charakteryzacji modelu, wskazują na nieznane dotąd mechanizmy leżące u podstaw leukodystrofii.
- c. We współpracy z Prof. Nick'iem Gilbert'em (University of Edinburgh), scharakteryzowano różnice w niestabilnym transkryptomie wykorzystując metody znakowania metabolicznego (TT-seq). W tym celu doktorant Jan Mikołajczyk odbył staż w ramach stypendium EMBO i przeprowadził badania w zespole Prof. Gilberta.

Opis najważniejszych osiągnięć:

1. Opracowanie metody pomiaru aktywności transkrypcyjnej wirusa MHV1 za pomocą ddPCR.
2. Opracowanie metody charakteryzacji PPP-RNA.
3. Analizy biochemiczne kinetyki transkrypcji ludzkiej polimerazy III RNA.
4. Opracowanie i wstępne scharakteryzowanie modelu mysiego z mutantami polimerazy III RNA.
5. Zmapowanie aktywnej transkrypcyjnie polimerazy II RNA w komórkach z mutacjami polimerazy III RNA z wykorzystaniem metody TT-seq.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

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

Publikacje:

6779

## **PN-38 - Laboratory of Intracellular Immunity**

**Head of laboratory: dr Michał Wandel**

Team:

dr Ammarah Shabbir, 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 three research projects initiated in previous years.

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 screen, and subsequent molecular analysis of identified factors. In 2024 Aleksandra identified two proteins, which are recruited to cytosolic bacteria, and which depletions impairs IFN-gamma induced cell death. Moreover, Aleksandra obtained preliminary data indicating at which level of the GBP-CASP4 signaling platform novel proteins act.

2nd PhD student in the lab, Vartika, made significant progress in her project during 2024. Vartika investigates *Shigella flexneri* evasion mechanism from the innate immune defenses mediated by GTPases from the guanylate-binding proteins (GBPs) family. Vartika discovered an unknown host multiprotein complex, which is hijacked by the bacteria to remove the GBP coat from the bacterial surface and allows *Shigella* intracellular infection to progress.

In a final project, postdoctoral researcher Ammarah aims to provide molecular analysis of an enzyme with phospholipase A1/2 and acyltransferase activities, retinoic acid receptor responder 3, RARRES3. Previously, she discovered recruitment of RARRES3 to membrane remnants of *Shigella flexneri* and sterically damaged endosomes and lysosomes. Therefore, Ammarah's results indicated that RARRES3 is likely a putative danger receptor, which executes its catalytic activity on damaged endomembranes upon bacterial invasion into the host cell cytosol. In 2024 Ammarah preliminarily identified RARRES3 ligand on damaged host membranes. Moreover, Ammarah expanded the analysis on other PLAAT family members and identified two other host proteins recruited to damaged endomembranes.

Description of the most important achievements:

1. identification of two human IFN-inducible factors involved in induction and execution of pyroptotic cell death in response to bacterial infection (Aleksandra)
2. discovery of host multiprotein complex, which is hijacked by the bacteria to remove the GBP coat from the bacterial surface and allows *Shigella* intracellular infection (Vartika)
3. preliminary identification of RARRES3 ligand on damaged host membranes and identification of two other host proteins recruited to damaged endomembranes (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, mgr Anna Santo, mgr Anastasiya Vasileuskaya

Cel badań:

1. Analiza roli białek modułu replikacyjnego fagów litycznych infekujących *Lactococcus lactis*.
2. Identyfikacja szczepów *L. lactis* oraz ich metabolitów wykazujących działanie cytotoksyczne wobec ludzkich komórek gruczołakoraka jelita grubego (CRC).
3. Analiza genomowa i charakterystyka fizjologiczna szczepów o działaniu cytotoksycznym wobec komórek skóry.
4. Identyfikacja szczepów bakterii kwasu mlekowego (LAB) wspomagających regenerację naskórka.
5. Charakterystyka działania oraz mechanizmów oporności na peptydy przeciwdrobnoustrojowe (bakteriocyny).
6. Badanie roli genu z klastra biosyntezy otoczki polisacharydowej *L. lactis* w kontekście oporności na bakteriofagi i bakteriocyny.
7. Badanie zdolności produkcji kwasu propionowego przez LAB z zastosowaniem metodologii „non-GMO”.
8. Charakterystyka molekularna i funkcjonalna rodziny bakteriocyn o powinowactwie do systemu receptora Man-PTS.

Opis realizowanych prac:

1. Analiza funkcjonalna białek modułu replikacyjnego faga litycznego *L. lactis*, obejmująca helikazę DNA oraz dwa białka o nieznanym działaniu.
2. Badanie wpływu pochodzących supernatantów szczepów *L. lactis* na proliferację i żywotność CRC. Charakterystyka szczepu *L. lactis* o najsilniejszym efekcie cytotoksycznym w celu identyfikacji czynników odpowiedzialnych za obserwowany efekt.
3. Analiza wpływu szczepów *L. lactis* oraz ich zewnątrzkomórkowych metabolitów na myszy z indukowanym stanem zapalnym skóry.
4. Badania przesiewowe i selekcja szczepów wzmacniających integralność bariery komórkowej *in vitro*
5. Analiza spektrum aktywności przeciwdrobnoustrojowej szczepu *L. lactis* i produkowanych bakteriocyn, obejmująca identyfikację receptorów i mechanizmów oporności u bakterii.
6. Analiza spektrum litycznego fagów wobec szczepów *L. lactis* oraz ich mutantów w genach związanych z funkcjonowaniem błony komórkowej i opornością na bakteriocyny.
7. Analiza genetyczna i metabolomiczna szczepów bakterii kwasu mlekowego o potencjale do produkcji kwasu propionowego na drodze kofermentacji.
8. Opracowywanie modeli 3D niehomologicznych bakteriocyn wykazujących powinowactwo do systemu receptora Man-PTS, z wykorzystaniem metod *in silico* oraz NMR.

Opis najważniejszych osiągnięć:

1. Wykazanie interakcji i wspomagającej roli dwóch białek modułu replikacyjnego faga *L. lactis* w mechanizmie rozplatania DNA przez fagową helikazę.
2. Wyselekcjonowanie szczepu *L. lactis* oraz postbiotyków, wykazujących efekt hamujący proliferację i żywotność komórek Caco-2 oraz indukujących apoptozę.
3. Potwierdzenie *in vivo* roli trzech szczepów *L. lactis* w łagodzeniu stanu zapalnego skóry.

4. Identyfikacja szczepu *L. lactis* istotnie wzmacniającego integralność bariery komórkowej w porównaniu z innymi szczepami tego gatunku.
5. Wykazanie działania przeciwdrobnoustrojowego nowej Man-PTS-niezależnej bakteriocyny *L. lactis* wobec szczepów *L. lactis* oraz bakterii patogennych i identyfikacja nowego receptora białkowego.
6. Identyfikacja genu warunkującego oporność na bakteriofagi w *L. lactis* poprzez analizę mutantów i eksperymentalne delecje genowe.
7. Wytypowanie zestawów LAB o potencjale do produkcji kwasu propionowego w układach donor-akceptor glikolu propylenowego.
8. Określenie struktury 3D garwicy C na podstawie modelowania *in silico* oraz wyznaczenie struktury 3D garwicy Q z zastosowaniem NMR.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

1. Część uzyskanych wyników stanowi podstawę rozpraw doktorskich członków Pracowni.
2. Wyniki badań nad szczepami łagodzącymi stany zapalne skóry zostaną wykorzystane w przygotowywanym zgłoszeniu patentowym.
3. Wyniki typowania szczepów o potencjale do produkcji kwasu propionowego zostały wykorzystane w projekcie NCBR i posłużą do opracowania funkcjonalnych dodatków do żywności o właściwościach prozdrowotnych i konserwujących.

Publikacje:

6629, 6633, 6647, 6660, 6664, 6671, 6704, 6705, 6730, 6731, 6732, 6733, 6733, 6736, 6742, 6751, 6751, 6763, 6769, 6778, 5301/A

## PN-40 – Pracownia Bioinformatyki Grzybów

**Kierownik: dr hab. Anna Muszewska**

Zespół:

dr Magdalena Płecha, mgr Drishtee Barua, mgr Aleksander Kossakowski, mgr Marianna Krysińska, Zofia Pasterny, Norbert Szala, Patryk Sankiewicz, dr Eugenio Mancera Ramos

Cel badań:

Osiągnięto większość celów planowanych na bieżący rok, część planów została przesunięta na rok 2025. Uzyskano wyniki wstępne dla kolejnych cech o nieoczekiwanej dystrybucji taksonomicznej (m.in. utratę polimerazy epsilon u Glomeromycota).

Opis realizowanych prac:

1. Rewizja i klasyfikacja superrodziny NUDIX u grzybów, projekt ten rozpoczął się od zidentyfikowania nowych podrodziny NUDIX u Glomeromycota w 2022 i został rozwinięty w pracę magisterską. Nowe podrodziny NUDIX wykazują preferencję do substratów z grupy ApX, co może wpływać na zdolność do regulowania poziomów fosforanów adeniny.
2. Zawieszono prace nad domenami o nieznannej funkcji (DUF) charakterystycznymi dla starych ewolucyjnie grzybów skupiając się na ewolucji białek związanych z wicią. Okazuje się, że wśród grzybów uwicionych obserwuje się różnice w zachowaniu poszczególnych kompleksów budujących wicę np. między Chytridiomycota a Blastocladiomycota.
3. Przeprowadziliśmy analizy porównawcze składu, liczebności i położenia obszarów o niskiej złożoności w białkach pochodzących z różnorodnych linii ewolucyjnych grzybów. Uzyskane wyniki wskazują na preferencje LCRów do występowania na krańcach białek,

nadrepreszacje niektórych aminokwasów i pojawianie się w białkach związanych z metabolizmem polimerów takich jak RNA czy celuloza.

4. Kontynuowane były prace nad transpozonomami występującymi w potencjalnie aktywnej formie wyłącznie w genomach Glomeromycotina. Okazuje się, że  $\frac{3}{4}$  kopii posiada introny, więc potencjał do mobilności posiada niewiele z tysięcy zidentyfikowanych kopii. Położenie niektórych kopii jest zmienne między szczepami jednego gatunku.
5. Dokończenie opracowania mapy metabolizmu ceramidów na podstawie wyników poprzednich lat. W roku sprawozdawczym napotkaliśmy trudności związane z datowaniem zdarzeń ewolucyjnych.
6. Zaproponowaliśmy kilka wersji modelu represji TOR dla różnych linii ewolucyjnych grzybów a uzyskane wyniki odnieśliśmy do znanych mechanizmów u zwierząt i drożdży.
7. Uczestniczyliśmy w badaniu ewolucji metylaz adeniny u grzybów we współpracy z grupą eksperymentalną.
8. Kontynuowaliśmy budowanie listy cech wyróżniających Mortierellomycota. Lista tych cech została rozszerzona m.in. o enzymy związane z wytwarzaniem cholesterolu.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Zaobserwowanie szeregu ekspansji genów u Mortierellomycota mogących wyjaśniać ich plastyczność ekologiczną.

Wykazanie, że mechanizmy represji TOR u poszczególnych grup ewolucyjnych grzybów znacząco odbiega od powszechnie przyjmowanego modelu z *Saccharomyces cerevisiae*.

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:

6677, 6713, 6720, 6757

## PN-41 – Pracownia Dojrzewania i Degradacji RNA

**Kierownik: dr Agnieszka Tudek**

Zespół:

dr hab. Rafał Tomecki, dr Agnieszka Jabłońska, mgr Małgorzata Drabko, mgr Małgorzata Siek, Miłosz Ludwinek (do końca sierpnia 2024), Maria Matykiewicz (od października 2024)

Cel badań:

1. Mechanizm deadenyacji poliadenozynowych ogonów końców 3' mRNA.
2. Charakterystyka nowego kompleksu TANC (ang. TTC33-associated complex core) oraz jego interaktorów.
3. Zdefiniowanie potencjału chorobotwórczego polimorfizmów pojedynczych nukleotydów.
4. Opis sieci interakcji tworzonych przez kolekcję nieopisanych dotąd ludzkich białek zawierających motywy strukturalne TPR lub coiled-coil.

Opis realizowanych prac:

Opublikowano pracę (Czarnocka-Cieciura, Poznański i wsp., 2024; EMBO J.), która na podstawie danych doświadczalnych proponuje dwie metody obliczania tempa deadenyacji ogonów poliadenozynowych końców 3' mRNA, a także opisuje model numeryczny tego

procesu. Praca ta jest główną publikacją ukończoną w ramach realizacji grantu SONATA-16 przyznanego dr hab. Agnieszce Tudek.

W ramach realizacji projektu OPUS-23 z końcem grudnia 2024 ukończono pracę nad publikacją, która jest obecnie w recenzji, opisującą sieć oddziaływań tworzoną przez białko TTC33 oraz jego rolę w komórce (praca Drabko, Tomecki i wsp. stanowi trzon doktoratu Pani M. Drabko). W celu identyfikacji sieci oddziaływań TTC33 przeprowadzono analizę z zastosowaniem spektrometrii mas interaktorów tego białka oczyszczonych z dwóch linii komórkowych. Listę interaktorów TTC33 potwierdzono poprzez odwrotne analizy spektrometrii mas oraz western blot interaktorów wybranych białek oddziałujących z TTC33. Następnie pogłębiona analiza biochemiczna (oczyszczanie kompleksu połączone z sączeniem molekularnym) pokazała, że TTC33 tworzy trimeryczny kompleks, o nazwie TANC, z WDR61 oraz PHF5A, który stanowi platformę do oddziaływania z sub-kompleksem SF3B wchodzącym w skład podjednostki U2 spliceosomu, fosfatazą PP2A-B55alpha, glikozylazą uracylową UNG1/2 oraz CCDC97. Przeprowadzono modelowanie *in silico* struktury TANC oraz zweryfikowano istotne elementy modelu doświadczalnie. W pracy zaproponowano, że funkcja białka TTC33 łączy się z rolą jego partnera, UNG1/2, w naprawie DNA. Deplecja TTC33, podobnie jak UNG1/2, prowadziła do podwyższenia poziomu podwójnych pęknięć w DNA, co uwidoczniło za pomocą testu kometkowego. Ponadto zarówno deplecja jak i nadekspresja TTC33 obniżały tolerancję komórek na wodę utlenioną oraz wiązały się z komórkową redystrybucją p53 fosforylowanego w serynie 15 (marker uszkodzeń DNA). Wykazano także, że poziom białka TTC33 jest regulowany *in vivo*, co tłumaczy występowanie fenotypów zarówno w warunkach deplecji, jak i nadekspresji.

W ramach realizacji grantu OPUS-23 eksplorowano także możliwości oznaczania biochemicznych i funkcjonalnych konsekwencji Polimorfizmów Pojedynczych Nukleotydów przypuszczalnie zasocjowanych z różnymi jednostkami chorobowymi. Z uwagi na uzyskanie negatywnych wyników lub technicznych trudności zawieszono prace nad, odpowiednio, mutacjami w genach kodujących białka CSTF3 oraz SP3. Równocześnie trwają zaawansowane prace nad funkcją kilku mutacji w białku RIG-I (DDX58), który jest receptorem dla egzogenego RNA oraz czynnikiem inicjującym proces zapalny.

Białko TTC33 jest białkiem do tej pory nieopisanym w literaturze. Szacuje się, że podobnych białek jest około 1800, co stanowi 9% proteomu ludzkiego. Zatem jest to bogate źródło tematów badawczych. W ramach realizacji projektu doktorskiego Pani Małgorzaty Siek podjęto próbę skatalogowania takich białek zawierających motywy strukturalne TPR lub coiled-coil. Przygotowano listę kandydatów do identyfikacji interaktorów z wykorzystaniem spektrometrii mas, a także kolekcję konstruktów oraz linii komórkowych do analiz biochemicznych i funkcjonalnych.

W pracowni zgłębiano także aplikacyjne aspekty enzymu CutA (Tomecki i wsp., 2024).

Opis najważniejszych osiągnięć:

Najważniejszym osiągnięciem roku 2024 było opublikowanie pracy opisującej model deadenylacji u drożdży (Czarnocka-Cieciura, Poznański et al., 2024; EMBO J.). Ukończono także pracę nad publikacją dotyczącą TTC33.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Badania podstawowe.

Publikacje:

6625, 6664, 6721, 6782

## PN-42 – Pracownia Biotechnologii Bakterii Mlekowych

**Kierownik: dr hab. Magdalena Kowalczyk**

Zespół:

mgr Julia Kopczyńska, mgr Olha Kostiuhenko, Aleksandra Antoniuk

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.

Prace obejmowały:

- analizę probiogenomiczną 8 zsekwencjonowanych szczepów bakterii mlekowych;
- badanie oddziaływań pomiędzy szczepami bakterii z rodzaju *Lactococcus* i *Leuconostoc*, a linią komórkową HT29-MTX-E12;
- badanie właściwości antyproliferacyjnych względem linii komórkowej Caco-2 (gruczolakoraka jelita grubego) szczepów z rodzaju *Lactococcus* i *Leuconostoc*;
- badanie właściwości przeciwdrobnoustrojowych względem *Staphylococcus aureus*, *Salmonella typhimurium* i *Escherichia coli*;
- optymalizację metody lizy bakterii w celu przeprowadzenia analizy proteomicznej;
- optymalizację transformacji komórek bakterii;
- uzyskiwanie bezplazmidowych pochodnych badanych szczepów;
- charakterystykę egzopolisacharydów (EPS) wytwarzanych przez szczepy z rodzaju *Leuconostoc*;
- badanie roli EPS w adhezji, oporności na stres, działaniu przeciwdrobnoustrojowym i antyoksydacyjnym.

Opis najważniejszych osiągnięć:

1. Selekcja szczepów LAB o korzystnych cechach probiotycznych (dobra adhezja do linii komórkowej wytwarzającej śluz, właściwości antyproliferacyjne, właściwości przeciwbakteryjne), które mogą być wykorzystane w opracowywaniu preparatów probiotycznych.
2. Scharakteryzowanie egzopolisacharydów (EPS) wytwarzanych przez szczepy bakterii z rodzaju *Leuconostoc*.
3. Wykazanie wpływu EPS na adhezję i oporność bakterii na stres związany z niskim pH i obecnością soli żółciowych oraz dla niektórych EPS wysokiej aktywności wychwytywającej rodniki tlenowe.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

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:

6662, 6754, 6763, 6765, 5240/A, 5339/A, 1188/N

## PN-43 – Pracownia Biologii Metalobiałek

**Kierownik:** dr Kevin Waldron

Team:

Rafał Mazgaj, dr Mariam Esmaeeli Moghaddam Tabalvandani, Lorna Nikolić, Natalia Kwiatos, Swati Das

Research objective:

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

Description of the works carried out:

We aim to study the Fe/Mn dependent superoxide dismutase (SodFM) enzyme family in unprecedented biochemical and structural detail. In 2024, we have: (i) made progress in our mutagenesis studies, identifying new amino acid residues that control metal-preference of SodFMs (Kwiatos), and demonstrating that these residues have differential effects on structural stability (Das); (ii) explored the conformational flexibility of multiple SodFMs and their mutated forms by hydrogen-deuterium exchange experiments (HDX-MS) (Esmaeeli), in collaboration with the mass spectrometry (MS) facility; and (iii) begun experiments studying the function of dimerisation, and the effect of activity of one monomer on the other monomer in homo- and heterodimers (Nikolić). Additionally, an undergraduate student (Agnieszka Czech, Faculty of Chemistry) performed proteomic experiments which, along with *in vitro* data (Mazgaj), is being prepared for publication.

Main achievements:

The most important achievements in 2024 have been (a) the full inter-conversion of metal-preferences of the pair of staphylococcal SodFMs through complex mutagenesis, and (b) the production of apo forms of staphylococcal SodFMs, which has enabled analysis of their conformational flexibility by HDX-MS. The first of these achievements was a key goal of our work, which relates directly to objectives from the NIH R01 and NCN Maestro grants. The second represents the first assessment of the dynamics of SodFM structures. We observed the presence of two conformations in apo-SodFMs, which we hypothesise represent an open structure (primed to receive its metal cofactor) and a closed structure (representing the metal-loaded form). Conformational gating of metal-loading had been indicated in previous publications. We now hope to resolve these distinct structural forms, giving insight into the cellular mechanisms by which enzymes from this widely distributed protein family acquire their metal cofactor *in vivo*.

Use of the obtained results:

The group leader was an invited speaker at a conference in Munich, Germany, in November 2024, the joint 38th Annual Meeting of the German Society for Minerals and Trace Elements and the Society for Magnesium Research. He also was a co-organiser of the 9<sup>th</sup> International Symposium on Metallomics (ISM9), held in London, UK, in June, in which he also participated in a round-table discussion session on the future of the field. Three members of the team attended and presented data from their studies at international conferences in 2024: Kwiatos at the 11th International Congress on Biocatalysis in Hamburg, Germany; Mazgaj at the 17th European Biological Inorganic Chemistry Conference in Münster, Germany; and Nikolić at the 48th FEBS Congress in Milan, Italy.

Several manuscripts are to be published in 2025 that will describe the results obtained in 2024. One manuscript from (ii) will be submitted in Spring. One manuscript from (i) will be

submitted in March 2025, and a second will begin preparation over summer 2025. Our collaborations with groups in Iowa, USA and Strasbourg, France have generated a manuscript currently under consideration at mBio. A new collaboration with a group from Boston, USA to study bacterial copper storage proteins also led to a manuscript to be submitted in March 2025 (Mazgaj, Esmaeeli)

Publications:

none

## PN-44 Pracownia Chemoinformatyki i Modelowania Molekularnego (CHEMM)

Kierownik: dr hab. Paweł Siedlecki

Zespół:

Rafał Jastrząb, Łukasz Milewski, Jakub Poziemski

Cel badań:

Badanie prowadzone w nowo utworzonej Pracowni skupiają się wokół dwóch tematów badawczych związanych z analizą danych i modelowaniem molekularnych. W szczególności:

1. Badania związane z wpływem mikrobiomu na zdrowie na człowieka, konkretnie nad sposobami analizy danych omicznych i tworzeniem multimodalnych modeli predykcyjnych.
2. Prace związane z predykcją oddziaływań molekularnych, w szczególności w ujęciu układów ligand receptor oraz białko-białko.

Celem prowadzonych prac jest zrozumienie zjawisk związanych z powyższymi zagadnieniami badawczymi oraz badanie dokładności i ograniczeń modeli teoretycznych trenowanych na podstawie dostępnych danych

Opis realizowanych prac:

Realizowane prace mają charakter podstawowy, a rezultatem badań są przede wszystkim publikacje w czasopismach naukowych.

1. Dalsza realizacja grantu OPUS G-282, analiza krótkich, masowych dynamik molekularnych białek oraz badanie możliwości ich wykorzystania takich danych w kontekście problemu dokowania molekularnego, predykcji powinowactwa oraz kampanii przesiewowych *in silico*.
2. Rozpoczęcie realizacji grantu G-315 związanego z modulacją interfejsu białko-białko w układzie MIA40-APE1.
3. Analiza danych związanych z bakteriami mlekowymi oraz danymi mikrobiomowymi. Przygotowanie raportu oceny technologii dla firmy Olimp Lab.
4. Rozpoczęto współpracę z Wydziałem Informatyki UJ. Analiza danych związanych z toksycznością związków chemicznych stosowanych jako pestycydy.
5. Zakończenie realizacji doktoratu wdrożeniowego – R. Jastrząb, obrona doktoratu.

Opis najważniejszych osiągnięć:

1. Zbudowano zasób związany z związkami chemicznymi wykorzystywanymi w rolnictwie.
2. Opracowano sposoby reprezentacji danych z symulacji dynamik molekularnych wykorzystujący szeregi czasowe i możliwy do wykorzystania w modelach opartych o uczenie głębokie.
3. Zaprojektowano serię peptydowych modulatorów oddziaływania Mia40-APE1.

4. Zaproponowano 3 związki chemiczne oddziaływać Pol III , działanie potwierdzone eksperymentalnie w Pracowni Mechanizmów Transkrypcji

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Uzyskane wyniki w badaniach związanych z mikrobiomem zostały wykorzystane do przygotowania grantu TEAM-NET-FENG (złożony w konsorcjum z UW, nie przyznano finansowania). Wyniki pozwoliły kontynuować współpracę z partnerem komercyjnym, firmą OLIMP Labs (zaplanowanie złożenia wniosków grantowych). Posłużyły też do przygotowania propozycji plakatu oraz wystąpienia na HE IHI Call 9 oraz budowy konsorcjum z partnerami zagranicznymi.

Wyniki uzyskane w ramach prac nad pestycydami, oprócz przygotowania publikacji, posłużyły do nawiązania kontaktów z Prof. Kathy Lewis, University of Hertfordshire.

Publikacje:

6763, 6754, 6664

## FA-01 - Środowiskowa Pracownia Mikroskopii Fluorescencyjnej

**Kierownik: dr Anna Anielska-Mazur**

Cel badań:

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

Opis realizowanych prac:

W 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 2024 roku z infrastruktury ŚPMF korzystali pracownicy, doktoranci oraz magistranci IBB PAN z następujących Pracowni: *Fosforylacji Białek Roślinnych; Patogenezy Roślin; Biologii Roślin i Mikroorganizmów; Homeostazy Białek Roślinnych; Biochemii Lipidów; Translatomiki; Niekodujących RNA i Rearanżacji Genomu; Odporności Wewnątrzkomórkowej; Bioenergetyki i Mechanizmów Chorób Mitochondrialnych; Biologii Bakteriofagów; Regulacji Ekspresji Genów; Biologii Molekularnej Nasion; Metabolizmu RNA w Procesach Odpowiedzi Immunologicznej; Podstaw Molekularnych Starzenia i Odmładzania*. Z infrastruktury korzystały również osoby z Zakładu Biologii Systemów i Instytutu Genetyki i Biotechnologii UW oraz SGGW. Kontynuowano współpracę z poprzednich lat.

W roku 2024 mikroskop konfokalny Nikon EZ-C1 wykorzystano w wymiarze 1122 godzin, mikroskop fluorescencyjny Nikon E-800 w wymiarze 409 godzin, a Olympus IX70 30 godzin. Prowadzono nadzór nad stanem technicznym sprzętu oraz bieżące konserwacje w celu nieprzerwanej funkcjonalności pracowni.

ŚPMF przeprowadziła (V i XI/2024) dwa 4-dniowe praktyczne warsztaty w celu rozeznania potrzeb użytkowników z różnych grup badawczych IBB oraz możliwości pomiarowych testowanego sprzętu w ramach zapotrzebowania przedłożonego we wniosku aparaturowym (IA/SP/597955/2024 Nr id. 597955), a także specyfikację do późniejszej dokumentacji

przetargowej. Ostatecznie zakup został sfinansowany ze środków IBB (pomimo pozytywnej oceny wniosku nie został on dofinansowany przez MNiSW) wzbogacając z końcem roku pracownię w jednostki o podniesionej rozdzielczości obrazownia: Leica Stellaris 8 z modułem Falcon, superrozdzielczy STEDYCON oraz oprogramowanie do analizy obrazu.

ŚPMF brała udział w promocji Instytutu Biochemii i Biofizyki w formie wykładów (on line) dla studentów WBiNoZ UJ i praktycznych warsztatów mikroskopowych dla uczniów szkół podstawowych.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Obserwacje lokalizacji i oddziaływań wielu białek z kinazami z grupy SnRK2 w warunkach zasolenia i stresu oksydacyjnego. Pomiary FRAP w biokondensatach roślinnych. Obrazowanie i pomiary ilościowe m.in. kropli lipidowych, różnic potencjału błon mitochondrialnych w komórkach drożdży, autofagosomów w siewkach rzodkiewnika. Obrazowanie do pomiarów ilościowych sygnału FLAG w matczyńskich somatycznych poliploidalnych makrojądrach w orzęskach *Paramecium*.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

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

Publikacje:

brak

## FA-02 - Środowiskowa Pracownia Spektrometrii Mas

**Kierownik: prof. Michał Dadlez**

Zespół:

dr inż. Ewa Sitkiewicz, dr Agata Malinowska, dr Jakub Karczmarski, mgr Magdalena Bakun, mgr Jacek Olędzki, mgr inż. Agnieszka Stewart, mgr Bianka Świdorska, 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 zrealizowała 4200 oznaczeń proteomicznych dla grup badawczych i przemysłu, obejmujących zarówno badania podstawowe, jak i aplikacyjne. We współpracy z prof. Piotrem Laudańskim (WUM, Uniwersytet Kaliski) kontynuowano badania nad endometriozą, przeprowadzając wstępne testy panelu białkowego. Przeprowadzono porównawcze analizy proteomiczne płynu owodniowego w ciążyach z płodami z rozszczepem kręgosłupa w celu identyfikacji biomarkerów (prof. Katarzyna Kosińska-Kaczyńska, Szpital Bielański). W ramach współpracy z dr. Rafałem Szelenbergerem (Uniwersytet Łódzki) analizowano białka płytek krwi jako potencjalne markery ryzyka udaru niedokrwiennego mózgu, a z dr hab. Grażyną Mosieniak (Instytut Biologii Doświadczalnej PAN) badano pęcherzyki zewnątrzkomórkowe komórek mięśni gładkich w procesie starzenia. Analizowano proteom osocza koni w kontekście adaptacji do wysiłku (dr Olga Witkowska-Piłaszewicz, SGGW) oraz układ rozrodczy świń w modelach in vivo i in vitro (dr hab. Beenu Moza-Jalali, IRZiBŻ PAN).

Wykonano analizy w ramach projektu BioProMare dotyczące hodowli komórek serca łososiowatych do diagnostyki orthoreovirus (dr Mikołaj Adamek, University of Veterinary Medicine Hannover) oraz inne badania nad zakażeniami ryb. Zrealizowano globalne i celowane analizy proteomiczne dla próbek pochodzenia bakteryjnego, roślinnego, zwierzęcego i ludzkiego we współpracy z ośrodkami naukowymi z Polski (m.in. WUM, NIO, Centrum Medyczne Kształcenia Podyplomowego, CM w Białymstoku, Uniwersytet Gdański, UW, Uniwersytet Warmińsko-Mazurski, Uniwersytet im. Adama Mickiewicza, UJ, SGGW, Uniwersytet Wrocławski, Uniwersytet Rolniczy w Krakowie, Politechnika Warszawska, Politechnika Wrocławska, Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin, Instytut Chemii Bioorganicznej, IRZiBŻ, Instytut Biologii Doświadczalnej PAN) oraz zagranicy (University of North Carolina, Ospedale San Raffaele, Imperial College London, University of Veterinary Medicine Hannover, Lithuanian University of Health Sciences). Współpraca z przemysłem obejmowała analizy dla BGW, Ryvu Therapeutics, Masdiag, Oleofarm, Molecure, Cellis, Adamed i ChromoTek.

Część laboratorium zajmująca się analizą substancji niskocząsteczkowych, prowadząca również działalność jako medyczne laboratorium diagnostyczne, kontynuowała oznaczenia w zakresie monitorowania terapii ewerolimusu (Synevo, IPCZD, UCK WUM, UCK Gdańsk, Szpital Uniwersytecki w Bydgoszczy, Szpital Uniwersytecki we Wrocławiu), kwasu mykofenolowego i rapamycyny (Śląski Uniwersytet Medyczny), teriflunomidu (Sandoz). W ramach działalności niediagnostycznej kontynuowaliśmy współpracę z firmami: FiLeClo (stworzenie substancji bakteriobójczych będących pochodnymi salinomycyny), Captor Therapeutics (oznaczanie związków-potencjalnych leków wywołujących degradację białek), Agrobiotics (globalne analizy metaboliczne). Wykonywano oznaczenia: metabolitów bakterii jelitowych w osoczu oraz krótkołańcuchowych kwasów tłuszczowych w próbkach biologicznych we współpracy z zespołami prof. Marcina Ufnala (WUM) oraz dr hab. Agnieszki Paziewskiej (Uniwersytet w Siedlcach); witamin z grupy B (dr hab. Magdalena Kowalczyk, IBB PAN); prenoli, dolicholi oraz ich ufosforylowanych pochodnych (prof. Ewa Kula-Świeżewska, IBB); nukleotydo-cukrów (dr Mariusz Olczak, Uniwersytet Wrocławski); S-adenozylometioniny i S-adenozylhomocysteiny (Krzysztof Brzeziński, IBCH PAN); panelu monoamin i poliamin (prof. Michał Węgrzynowicz, IMDiK); metabolitów bakteryjnych z wykorzystaniem chromatografii gazowej sprzężonej ze spektrometrią mas: cukry i etanol, oraz SCFA (dr Anna Detman, IBB PAN); analizy globalne metabolomiczne i lipidomiczne (Regeneris; prof. Chacińska, IMoI; dr Pajewska-Szmyt, Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu); panelu oligosacharydów w próbkach mleka kobiecego (dr hab. Wesołowska, WUM); panelu ponad 600 związków w próbkach z wymazówek odbytniczych u chorych z nowotworami piersi (dr hab. Katarzyna Stadnicka, CM w Bydgoszczy). Opracowano metodę oznaczania oksykodonu, oxymorfonu i piperyny (Aslab, prof. Arkadiusz Szterk) oraz metodę oznaczania ketaminy i jej metabolitów (CelonPharma). Łącznie wykonano 4300 analiz, z czego blisko 2400 to analizy medycznego laboratorium diagnostycznego.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Opublikowano wyniki badań zrealizowanych w latach ubiegłych wykonanych we współpracy z innymi ośrodkami naukowymi. Uzyskano finansowanie dwóch projektów PRELUDIUM. Przygotowano i złożono wnioski o wpisanie laboratorium na Polską Mapę Infrastruktury Badawczej. Ponadto doskonalono metody przygotowania próbek, analizy LC-MS i analizy statystycznej wyników, tak aby nadążyć za zapotrzebowaniem nauki i rozwojem metod analitycznych.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:  
publikacje, patenty

Publikacje:

6631, 6635, 6643, 6646, 6651, 6653, 6657, 6670, 6681, 6683, 6684, 6688, 6690, 6696, 6708, 6709, 6723, 6761, 6762, 6770, 6781

## FA-03 - Środowiskowa Pracownia Sekwencjonowania i Syntezy DNA

**Kierownik: dr Robert Gromadka**

Zespół:

dr Jarosław Cieśla, dr Piotr Dzierzbicki, mgr Beata Babińska, 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 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”.
2. 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.
3. Sekwencjonowanie i analiza genomów mitochondrialnych psów (*Canis lupus familiaris*) w celu identyfikacji mutacji jak i zmetylowanych zasad odpowiedzialnych za procesy nowotworowe w ramach współpracy z Uniwersytetem Przyrodniczym w Lublinie.
4. Sekwencjonowanie i analiza puli DNA mutantów *Streptococcus anginosus* w ramach realizacji projektu „Identyfikacja czynników wirulencji *Streptococcus anginosus*”.
5. Sekwencjonowanie prób z filtrów ładowarek pochodzących z zakładów oczyszczania odpadów w ramach współpracy z Instytutem Medycyny Pracy w Łodzi. Analizy metagenomowe mają na celu identyfikację bakterii groźnych dla człowieka oraz identyfikację potencjalnych genów niosących oporność na antybiotyki.
6. Badanie zmian ekspresji genów w odpowiedzi na zmieniające się warunki hodowli w drożdżach *Saccharomyces cerevisiae*.

Opis realizowanych prac:

Zakończono prace nad sekwencjonowaniem i analizą genomów bakterii *Streptococcus pyogenes* o serotypie M77. Kontynuowano analizy dla izolatów *S. pyogenes* serotypu M28. Zidentyfikowano 4 typy sekwencyjne dla których skonstruowano drzewa pokrewieństwa filogenetycznego oparte o analizę SNPs. Identyfikowano i charakteryzowano sekwencje mobilnych elementów genetycznych oraz bakteriofagi niosące czynniki wirulencji w badanych izolatach.

Zoptymalizowano procedurę izolacji DNA, sekwencjonowania oraz analizy danych dla prób środowiskowych z filtrów z ładowarek w zakładach oczyszczania odpadów.

Z wykorzystaniem aparatów MiSeq, NextSeq oraz NovaSeq, wykonano sekwencjonowania: 23 genomów bakterii z kolekcji IBB PAN; 12 genomów mitochondrialnych

z leukocytów psów, 18 próbek środowiskowych z filtrów ładowarek; 8 bibliotek TnSeq w ramach badań nad *Streptococcus anginosus*; 28 amplikonów próbek środowiskowych; 8 bibliotek RNASeq z *Pseudomonas*, 50 bibliotek ChipSeq oraz 73 biblioteki CRISPRi. 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. Próby TnSeq, ChipSeq, RNASeq oraz CRISPRi sekwencjonowano z pokryciem min. 10 milionów odczytów na próbkę. Dla wszystkich projektów opartych o wykorzystanie NGS uzyskano łącznie ponad 690 miliardów par zasad na sekwencjonatorach Illumina. Podczas badania zmian ekspresji genów w drożdżach *Saccharomyces cerevisiae* wykonano łącznie 1 854 oznaczenia dla 38 genów.

Opis najważniejszych osiągnięć:

W badanych izolatach *S. pyogenes* o serotypie M77 zidentyfikowano nowy typ elementu ICE nazwanego ICESp1109 niosący geny oporności na tetracyklinę oraz erytromycynę, który charakteryzuje się hybrydową strukturą. Uzyskane wyniki opublikowano w uznanym czasopiśmie o międzynarodowym zasięgu.

Określono skład gatunkowy oraz zidentyfikowano geny oporności na antybiotyki w próbach uzyskanych z filtrów pochodzących z ładowarek w zakładach oczyszczania odpadów.

Zoptymalizowano procedurę detekcji metylacji za pomocą NGS (Illumina) w wyspach CpG w sekwencjach genomów mitochondrialnych psów.

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

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Wyniki analizy sekwencji genomów izolatów *S. pyogenes* sugerują, że w okresie 15 lat (2003-2017) nastąpiło rozprzestrzenianie się klonu opornego na antybiotyki. Badania dostarczają brakujących wcześniej danych epidemiologicznych i genomowych dotyczących *S. pyogenes*, unikalnych dla Europy Środkowej.

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

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

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

Wyniki analiz metagenomowych prób z filtrów ładowarek pozwolą na identyfikację bakterii groźnych dla człowieka oraz przenoszonych przez nie potencjalnych genów niosących oporność na antybiotyki w zakładach oczyszczania odpadów na terenie kraju.

Publikacje:

6636, 6648, 6658, 6669, 6672, 6698, 6702, 6716, 6724, 6735, 6736, 6738, 6785

## 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 hab. 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 (w warunkach standardowych i hipoksji) oraz analizy metodą cytometrii przepływowej. Działalność Pracowni obejmuje również produkcję rekombinowanych białek w systemie ekspresyjnym bakulowirusa oraz ich oczyszczanie.

Opis realizowanych prac:

Z infrastruktury Środowiskowej Pracowni Hodowli Komórkowych w 2024 roku korzystali pracownicy Instytutu, doktoranci oraz magistranci z następujących Pracowni: Chemii Biologicznej Jonów Metali; Mechanizmów Transkrypcji; Mutagenezy i Tolerancji Uszkodzeń DNA; Regulacji Ekspresji Genów oraz Replikacji DNA i Stabilności Genomu. 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; Mutagenezy i Tolerancji Uszkodzeń DNA; Replikacji DNA i Stabilności Genomu oraz Środowiskowej i Ewolucyjnej Biologii Systemów.

W 2024 roku kontynuowano współpracę z francuską firmą biotechnologiczną Covalab. Badania dotyczyły wykorzystania nanocząstki wirusopodobnej (VLP) – dodekahedronu adenowirusowego jako nośnika krótkich sekwencji peptydowych, które nie są w stanie wywołać odpowiedzi immunologicznej. Badania wykazały, że koniugaty z VLP wzbudzają wydajną odpowiedź humoralną przeciw peptydom przyłączonym do powierzchni cząstki. Poziom indukcji specyficznych przeciwciał w wyniku immunizacji myszy i szczurów wybranymi peptydami przyłączonymi do VLP, przewyższał uzyskany dla koniugatów z hemocyjaniną (KLH - Keyhole Limpet Hemocyanin), wykorzystywaną standardowo jako nośnik krótkich sekwencji aminokwasowych.

We współpracy z Pracownią Bioenergetyki i Mechanizmów Chorób Mitochondrialnych otrzymywano w komórkach owadzych mitochondrialną depalmitylazę Ynl320w, białko typu dzikiego oraz zmutowane. Zoptymalizowano warunki nadprodukcji oraz oczyszczania rekombinowanego białka Ynl320w otrzymywanego w celu zbadania jego aktywności enzymatycznej.

Współpraca z Pracownią Spektrometrii Mas dotyczyła analizy interakcji białek wirusa Zika z białkami komórek gospodarza. Badania prowadzono w modelu ludzkich komórek neuroprekursorowych wyrażających białko C kapsydu wirusa Zika (ZIKV-C). Białka oddziałujące z ZIKV-C wyizolowane z zastosowaniem immunoprecypitacji, przekazano do analiz metodami spektrometrii mas.

Równolegle przygotowano wraz z Zespołem z Wielkopolskiego Centrum Zaawansowanych Technologii pracę metodyczną dotyczącą hodowli komórek owadzych wykorzystywanych podczas nadprodukcji rekombinowanych białek w systemie ekspresyjnym

bakulowirusa. Manuskrypt wysłany do *Scientific Reports* jest w trakcie oceny przez recenzentów.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Wykazanie możliwości wykorzystania dodekahedronu adenowirusowego do wzbudzenia wydajnej produkcji przeciwciał swoistych dla przyłączonych do powierzchni VLP peptydów, które nie są w stanie samodzielnie wywołać odpowiedzi immunologicznej.

Wyizolowanie białek komórki gospodarza oddziałujących z białkiem C wirusa Zika.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Uzyskane wyniki wejdą w skład publikacji w czasopismach naukowych.

Publikacje:

5261/A

## FA-05 - Środowiskowa Pracownia Biologicznego NMR

**Kierownik: dr Igor Żukow**

Zespół:

prof. dr hab. Andrzej Ejchart, dr Lesia Kolomiets, Julia Podsiedlik, Behnaz Mirzaei Behbahani

Cel badań:

Za pomocą wielowymiarowej spektroskopii NMR wykonujemy analizę strukturalną peptydów zawierających fragmenty białka UL49.5, kodującego wirus HCV w różnych organizmach: koński (EHV), bydłęcy (BHV), krowi (CXP) i innych. Otrzymanie struktury przestrzennej UL49.5 pozwoli na precyzyjne określenie mechanizmów oddziaływania z kompleksem procesowania antygeny TAP. Pomiar są wykonywane w micelach dodecylphosphocholine (DPC) używane jako model membrany komórkowej (5330A).

Opis realizowanych prac:

Wspólnie z grupą prof. A. Szymańskiej (Wydział Chemii Uniwersytetu Gdańskiego) przeprowadzone badania strukturalne oraz dynamiki molekularnej dla białka Cystatyna C przy oddziaływaniach z błoną komórkową w postaci fosfolipidu DPPA (6642, 6726) oraz procesu oligomeryzacji pod wpływem wiązania jonów Cu(II) (6679). W ramach współpracy z Akademią Medyczną (prof. P. Kleczkowska) przeprowadzili badania strukturalne peptydu LENART01 co pozwoliło na otrzymanie modelu oddziaływań z receptorem błonowym (6632). Wspólnie z Wydziałem Chemii Uniwersytetu Warszawskiego (dr. M. Nowakowski) zostały prowadzone badania cyklicznych oligomerów z różnymi komponentami biorąc pod uwagę efekt chiralności (6665, 6673).

Opis najważniejszych osiągnięć:

1. Badania wpływu nanocząstek srebra (AgNP) na oddziaływanie syntetazy EMAP II z tRNA. Dodatkowo, oznaczenie efektu wpływu poszczególnych cystein na strukturę i stabilność białka EMAP II.
2. Badania mechanizmu oddziaływania białka S100B w formie holo (wysyczonej jonami wapnia) z peptydami A $\beta$ (1-40) oraz A $\beta$ (4-16) za pomocą wielowymiarowej spektroskopii NMR (5220/A).
3. otrzymanie kilka białek rekombinowanych zawierających fluorowane aminokwasy aromatyczne 19F-Trp, 19F-Phe, oraz 19F-Tyr. Przypisanie sygnałów pochodzących od 19F-Trp na podstawie zamiany Trp na Phe wykonanej za pomocą mutagenyzy (5221/A).

4. wprowadzenie pomiarów relaksacji R1, R2 na jądрах 19F. Wstępne wyniki pomiarów dyfuzji translacyjnej metodą PFG NMR na jądрах 19F.

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:

6632, 6642, 6665, 6673, 6679, 6726, 5333/A, 5331/A, 5330/A

## FA-06 - Pracownia Analiz Mikromacierzy

**Kierownik: dr hab. Marta Kobłowska**

Zespół:

dr hab. Iwanicka-Nowicka Roksana

Cel badań:

Analizy transkryptomiczne i genomiczne

Opis realizowanych prac:

W 2024 roku Środowiskowa Pracownia Analiz Mikromacierzy kontynuowała dotychczasowe współprace naukowe, realizując szereg badań we współpracy z czołowymi ośrodkami akademickimi i medycznymi:

- Centrum Medycznym Kształcenia Podyplomowego (CMKP) – prowadzone badania dotyczyły jasnokomórkowego raka nerki (Clear cell renal cell carcinoma, ccRCC). Analizowano skład egzosomalnych sncRNA wydzielanych przez komórki RCC w celu identyfikacji cząsteczek wpływających na mezenchymalne komórki macierzyste (MSC) (6798).
- Wydział Biologii – współpraca obejmowała analizę danych dotyczących roli wybranych miRNA w procesie różnicowania komórek mysich.
- Uniwersytet Medyczny w Lublinie – przeprowadzono analizy bioinformatyczne wcześniej uzyskanych danych z mikromacierzy DNA oraz kontynuowano prace nad manuskrytem publikacji dotyczącej ostrych białaczek limfoblastycznych.
- Centrum Onkologii – Instytut im. Marii Skłodowskiej-Curie – badano zmiany wzoru metylacji DNA w nowotworach jajnika i endometrium. Wyniki tych badań zostały opublikowane w czasopiśmie (6764).

Dodatkowo, nawiązano nową współpracę z zespołem z Wydziału Biologii Uniwersytetu Warszawskiego, w ramach której przeprowadzono analizy transkryptomiczne wybranych mutantów *Arabidopsis thaliana* przy użyciu mikromacierzy DNA. Uzyskane wyniki poddano analizie bioinformatycznej oraz analizie wzbogaceń.

Podobnie jak w poprzednich latach, obok badań eksperymentalnych obejmujących analizy transkryptomiczne oraz ocenę metylacji DNA w komórkach ludzkich, przeprowadzono również kompleksowe analizy bioinformatyczne uzyskanych danych. W tym celu wykorzystano zarówno ogólnodostępne narzędzia, takie jak Transcriptome Analysis Console, gProfiler, ToppGene oraz GSEA, jak i komercyjne oprogramowanie QIAGEN Ingenuity Pathway Analysis (QIAGEN IPA). Dla potwierdzenia wyników uzyskanych z analiz wysokoprzepustowych,

w Pracowni wykonano dodatkowe badania poziomów mRNA wybranych genów oraz określonych izoform mRNA, wykorzystując technikę RT-qPCR.

Naukowcy, z którymi współpracowała Środowiskowa Pracownia Analiz Mikromacierzy w 2024 r.:

1. Prof. dr hab. Agnieszka Piekietko-Witkowska, Centrum Medycznego Kształcenia Podyplomowego,
2. Dr hab. Joanna Bogusławska, prof. CMKP, Centrum Medycznego Kształcenia Podyplomowego,
3. Prof. dr hab. Maria Anna Ciemerych-Litwinienko, Wydział Biologii, Uniwersytetu Warszawskiego,
4. Dr hab. Bożena Szal, prof. ucz., Wydział Biologii, Uniwersytetu Warszawskiego,
5. Dr n. med. Łukasz Szafron, Centrum Onkologii – Instytut im. Marii Skłodowskiej-Curie,
6. Dr hab. Jan Konrad Siwicki, profesor instytutu, Centrum Onkologii – Instytut im. Marii Skłodowskiej-Curie,
7. Dr hab. Monika Lejman, prof. UML, Uniwersytet Medyczny w Lublinie,
8. Dr n. med. Katarzyna Wojciechowska, Uniwersytet Medyczny w Lublinie,
9. Dr hab. Anna Bielak-Żmijewska prof. instytutu, Instytut Biologii Doświadczalnej im. Marcelego Nenckiego Polskiej Akademii Nauk.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Globalna hipometylacja identyfikowana w obszarze całego genomu pozytywnie koreluje z rosnącą agresywnością guzów jajnika. Wyniki sugerują dodatkowo, że układ odpornościowy może odgrywać kluczową rolę w przejściu od granicznych guzów jajnika (BOTS) do raka jajnika o niskim stopniu złośliwości (IgOvCa). Ustalane w pracy wzory metylacji DNA mogą ułatwić właściwe przypisywanie próbek do wybranych kategorii nowotworów jajnika (6764).

Wykonane w pracowni analizy trasryptomiczne pomogły wykazać, że nowotworowe komórki RCC wydzielają liczne małe niekodujące RNA (sncRNA), w tym piR\_004153, który oddziałuje na mezenchymalne komórki macierzyste (MSC) MSC. Częsteczką piR\_004153 stymuluje przeprogramowanie transkrypcji, zmienia ekspresję genów **FGF2**, **SLC7A5** i **WISP1** istotnych w biologii nowotworów i regulacji mikrośrodowiska komórkowego oraz powoduje migrację komórek MSC w kierunku komórek RCC. To badanie wykazujące, że pochodzący z nowotworu piRNA może zwiększać migrację MSC (6798).

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Otrzymane wyniki prac są publikowane w międzynarodowych czasopismach.

Publikacje:

6798, 6764

## Sprawozdanie z działalności Szkoły Doktorskiej Biologii Molekularnej i Chemii Biologicznej oraz Studiów Doktoranckich prowadzonych w Instytucie Biochemii i Biofizyki Polskiej Akademii Nauk za rok 2024

### Kierownictwo Studiów doktoranckich i Szkoły Doktorskiej

Kierownikiem Szkoły Doktorskiej Biologii Molekularnej i Chemii Biologicznej (dalej: Szkoła Doktorska lub SD) prowadzonej w Instytucie Biochemii i Biofizyki Polskiej Akademii Nauk (dalej: Instytut lub IBB PAN) jest dr hab. Anna Muszewska, prof. IBB (powołana na 4-letnią kadencję tj. 29.09.2023 – 28.09.2027).

Do 31.12.2024 dr hab. Anna Muszewska, prof. IBB pełniła także funkcję kierownika studiów doktoranckich. Kształcenie w trybie studiów doktoranckich po tym dniu zostało zakończone<sup>1</sup>.

W IBB PAN działa obecnie wyłącznie Szkoła Doktorska Biologii Molekularnej i Chemii Biologicznej. Instytut jest także partnerem we Wspólnej Szkole Doktorskiej o profilu „Diagnostyka, modelowanie i leczenie chorób człowieka od genu do kliniki”<sup>2</sup>. Jednostką Koordynującą w tej szkole doktorskiej jest Centrum Medyczne Kształcenia Podyplomowego (dalej: CMKP).

Przy Jednostce Koordynującej z ramienia Instytutu działa Rada ds. doktorantów. Rada ta została powołana uchwałą Rady Naukowej IBB PAN nr 180/2023, w składzie:

1. Dr hab. Anna Muszewska, prof. IBB - przewodnicząca;
2. Prof. dr hab. Agnieszka Sirko;
3. Prof. dr hab. Ewa Kula-Świeżewska;
4. Dr hab. Izabela Kern-Zdanowicz;
5. Dr hab. Joanna Kamińska;
6. Dr hab. Magdalena Kowalczyk;
7. Dr hab. Adam Mieczkowski.
8. Dr Szymon Kubala (od 21.05.2024 r. – Zarządzenie Rady Naukowej IBB PAN Nr 66/2024)

Rada ds. doktorantów przy CMKP realizuje swoje zadania zgodnie z par. 10 Regulaminu Wspólnej Szkoły Doktorskiej (m. in. opiniuje dokumenty zw. z kształceniem we Wspólnej Szkole Doktorskiej, uczestniczy we wstępnym etapie rekrutacji do Wspólnej Szkoły Doktorskiej i in.).

### 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. Obecnie RSD liczy 7 osób.

Lista osób stanowiących Radę Szkoły Doktorskiej.

- dr hab. Anna Muszewska - Kierownik Szkoły Doktorskiej;
- prof. dr hab. Agnieszka Sirko - zastępca Dyrektora IBB PAN ds. Naukowych (od 15.12.2023 r.);
- prof. dr hab. Ewa Kula-Świeżewska; (od 31.10.2023 r. do 10.10.2024 r.)

<sup>1</sup> Zgodnie z art. 279 ust. 1 Ustawy z dnia 3 lipca 2018 r. - Przepisy wprowadzające ustawę - Prawo o szkolnictwie wyższym i nauce (Dz. U. poz. 1669 z późn. zm.).

<sup>2</sup> Umowa O utworzeniu Wspólnej Szkoły Doktorskiej o profilu „diagnostyka, modelowanie i leczenie chorób człowieka od genu do kliniki” pod nazwą Szkoła Doktorska Medycyny Translacyjnej z dnia 3 lipca 2019 r.

- dr hab. Magdalena Kowalczyk;
- dr hab. Izabela Kern-Zdanowicz;
- dr hab. Joanna Kamińska
- dr hab. Maria Magdalena Konarska, prof. IMol (od 12.03.2024 r.)
- dr Szymon Kubala (od 12.03.2024 r.)

RSD wykonuje swoje zadania zgodnie z § 5 Regulaminu Szkoły Doktorskiej „Szkoła Doktorska Biologii Molekularnej i Chemii Biologicznej”. W 2024 r. odbyły się 3 posiedzenia RSD (22.04.2024 r., 19.06.2024 r. i 27.11.2024 r.). RSD realizując swoje zadania przyjęła w 2024 r. 75 uchwał.

W listopadzie 2024 r. Rada Szkoły Doktorskiej aktywnie uczestniczyła i wspierała Kierownika Szkoły Doktorskiej oraz Zastępcę Dyrektora IBB PAN ds. Naukowych w przygotowaniu projektu zmian w Regulaminie Szkoły Doktorskiej. Projekt został przedłożony Radzie Naukowej IBB PAN i zaakceptowany w dniu 17 grudnia 2024 (Uchwała RN IBB PAN Nr 126/2024). Potrzeba zmian w Regulaminie Szkoły Doktorskiej wynikała z nowelizacji Ustawy Prawo o Szkolnictwie Wyższym oraz potrzeby uszczegółowienia procesów prowadzonych w Szkole Doktorskiej. Główne zmiany spajają Regulamin z obecnie obowiązującymi przepisami prawa krajowego, usprawniają procedurę aktualizacji Indywidualnego Planu Badawczego i przeprowadzenia Oceny Śródokresowej. W odpowiedzi na zgłaszane przez doktorantów różne przypadki losowe wprowadzona została możliwość zawieszenia kształcenia w Szkole Doktorskiej Biologii Molekularnej i Chemii Biologicznej. Pomniejsze zmiany służyły technicznej poprawie tekstu Regulaminu i usprawnieniu innych procesów związanych z kształceniem w Szkole Doktorskiej.

#### Obsługa studiów doktoranckich i Szkoły Doktorskiej

Bieżąca obsługa spraw doktorantów sprawowana jest przez Biuro ds. doktoranckich obsługiwane przez p. Monikę Wiczuk i p. Adriana Iwaniuk. Biuro jest dostępne dla doktorantów w każdy dzień roboczy, w godzinach 9:00 – 15:00 (od 8:00 do 9:00 i od 15:00 do 16:00 Biuro 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.

W roku sprawozdawczym pracownicy Biura ds. doktoranckich wraz z czwórką doktorantów i doktorantek prezentowali ofertę rekrutacyjną i dydaktyczną Szkoły Doktorskiej podczas V Edycji Targów Pracy „Spotkaj Swojego Pracodawcę!”. Doktorantów reprezentowali: Kierutheile Thou, Satya Vadlamani, Konrad Jurczewski, Martyna Paul. Udział reprezentantów Szkoły Doktorskiej w tych Targach został bardzo pozytywnie odebrany, planowany jest ponowny udział w tych targach w 2025 roku.

#### Oferta dydaktyczna

W 2024 roku przeprowadzono łącznie 8 kursów dla doktorantów (4 w semestrze letnim roku akademickiego 2023/2024) oraz (4 w semestrze zimowym roku akademickiego 2024/2025, w tym dwa kursy fakultatywne „Open Science” oraz „Research Data Management”).

Oferta dydaktyczna jest konstruowana na podstawie Programu kształcenia Szkoły Doktorskiej, 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 wykładowcą 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 razie zmiany koordynatora przedmiotu.

W wyniku rekomendacji Komisji ds. wewnętrznej ewaluacji Szkoły Doktorskiej od 01.10.2025 wdrożono nowe zasady weryfikowania efektów kształcenia w przedmiotach wykładanych w Szkole Doktorskiej (niższy próg wymaganej obecności przy podniesionym i dookreślonym progu zaliczenia końcowego).

Liczba i struktura doktorantów

**W IBB PAN wg stanu na dzień 31.12.2024 r. kształciło się 100 doktorantów i doktorantek.** Liczba osób kształcących się w IBB PAN na studiach trzeciego stopnia oraz struktura wg płci zaprezentowana została w Tabeli nr 1. Należy zwrócić uwagę, że liczba doktorantów i doktorantek w IBB PAN **na dzień 01.01.2025 r. wynosiła 88 osób** w związku z zamknięciem kształcenia w trybie studiów doktoranckich.

*Tabela 1. Struktura osób kształcących się na studiach trzeciego stopnia w IBB PAN wg płci (na dzień 31.12.2024).*

| Płeć      | Studia Doktoranckie | Wspólna Szkoła Doktorska o profilu „Diagnostyka, modelowanie i leczenie chorób człowieka od genu do kliniki” | Szkoła Doktorska „Szkoła Doktorska Biologii Molekularnej i Chemii Biologicznej”. | Ogółem |
|-----------|---------------------|--------------------------------------------------------------------------------------------------------------|----------------------------------------------------------------------------------|--------|
| Kobiety   | 7                   | 3                                                                                                            | 53                                                                               | 63     |
| Mężczyźni | 5                   | 1                                                                                                            | 31                                                                               | 37     |
| Ogółem    | 12                  | 4                                                                                                            | 84                                                                               | 100    |

W celu weryfikacji umiędzynarodowienia szkół doktorskich i studiów doktoranckich sprawdzana jest także struktura doktorantów wg obywatelstwa, przedstawia ją Tabela Nr 2. Widoczny jest wyraźny trend wzrostowy w liczbie doktorantów IBB PAN, którzy posiadają obywatelstwo inne niż polskie.

*Tabela 2. Struktura osób kształcących się na studiach trzeciego stopnia w IBB PAN wg obywatelstwa (na dzień 31.12.2024).*

| Obywatelstwo         | Studia Doktoranckie | Wspólna Szkoła Doktorska o profilu „Diagnostyka, modelowanie i leczenie chorób człowieka od genu do kliniki” | Szkoła Doktorska „Szkoła Doktorska Biologii Molekularnej i Chemii Biologicznej” | Ogółem |
|----------------------|---------------------|--------------------------------------------------------------------------------------------------------------|---------------------------------------------------------------------------------|--------|
| banglijskie          |                     |                                                                                                              | 1                                                                               | 1      |
| boliwijskie          |                     |                                                                                                              | 1                                                                               | 1      |
| białoruskie          |                     | 1                                                                                                            |                                                                                 | 1      |
| brytyjskie           |                     |                                                                                                              | 1                                                                               | 1      |
| chorwackie           |                     |                                                                                                              | 1                                                                               | 1      |
| ghańskie             |                     |                                                                                                              | 1                                                                               | 1      |
| indonezyjskie        |                     |                                                                                                              | 2                                                                               | 2      |
| indyjskie            | 2                   |                                                                                                              | 23                                                                              | 25     |
| irakijskie           |                     |                                                                                                              | 1                                                                               | 1      |
| irańskie             | 1                   |                                                                                                              | 4                                                                               | 5      |
| kolumbijskie         |                     |                                                                                                              | 1                                                                               | 1      |
| libańskie            |                     |                                                                                                              | 3                                                                               | 3      |
| mongolskie           |                     | 1                                                                                                            |                                                                                 | 1      |
| polskie              | 8                   | 2                                                                                                            | 34                                                                              | 44     |
| północno-macedońskie |                     |                                                                                                              | 1                                                                               | 1      |
| portugalskie         |                     |                                                                                                              | 1                                                                               | 1      |
| tureckie             |                     |                                                                                                              | 4                                                                               | 4      |
| ukraińskie           |                     |                                                                                                              | 3                                                                               | 3      |
| wietnamskie          |                     |                                                                                                              | 1                                                                               | 1      |
| włoskie              | 1                   |                                                                                                              | 1                                                                               | 2      |
| ogółem               | 12                  | 4                                                                                                            | 84                                                                              | 100    |

## Wyniki Oceny Śródkresowej

W 2024 r. do oceny śródkresowej przystąpiło 15 doktorantów i doktorantek. Wszystkie osoby uzyskały pozytywny wynik oceny. Dokładna lista osób, które przystąpiły do oceny śródkresowej zaprezentowana jest w Tabeli Nr 3.

*Tabela 3. Lista osób, które w 2024 r. przystąpiły do oceny śródkresowej.*

| LP | Nazwisko                | Imię             | Promotor                                | Promotor pomocniczy       | Miesiąc oceny    | Wynik     |
|----|-------------------------|------------------|-----------------------------------------|---------------------------|------------------|-----------|
| 1  | Trương                  | Vi Nguyen Phuong | dr hab. Anna Marusiak                   |                           | październik 2024 | pozytywny |
| 2  | Mudarth                 | Deepti           | prof. dr hab. Agnieszka Chacińska       | dr Karolina Szczepanowska | grudzień 2024    | pozytywny |
| 3  | Mahdi                   | Mahdi Salah      | prof. dr hab. Agnieszka Chacińska       | dr Karolina Szczepanowska | listopad 2024    | pozytywny |
| 4  | Kostiuchenko            | Olha             | dr hab. Magdalena Kowalczyk             |                           | październik 2024 | pozytywny |
| 5  | Jurczewski              | Konrad           | prof. dr hab. Agnieszka Sirko           | dr Marcin Olszak          | październik 2024 | pozytywny |
| 6  | Amankwah                | Stephen          | prof. dr hab. Małgorzata Łobocka        |                           | październik 2024 | pozytywny |
| 7  | Gurdaswani Khubchandani | Vartika          | dr hab. Agata Starosta, prof. IBB       | dr Michał Wandel          | październik 2024 | pozytywny |
| 8  | Szczerba                | Paulina          | prof. dr hab. Wojciech Bał              |                           | wrzesień 2024    | pozytywny |
| 9  | Farhat                  | Malak            | prof. dr hab. Magdalena Rakowska-Boguta |                           | wrzesień 2024    | pozytywny |
| 10 | Kopczyńska              | Julia            | dr hab. Magdalena Kowalczyk             |                           | październik 2024 | pozytywny |
| 11 | Halale Manjunath        | Veena            | dr hab. Szymon Świeżewski, prof. IBB    | dr Michał Krzysztoń       | październik 2024 | pozytywny |
| 12 | Bechler                 | Zuzanna          | dr hab. Liliana Surmacz                 |                           | październik 2024 | pozytywny |
| 13 | Kossakowski             | Aleksander       | dr hab. Anna Muszewska, prof. IBB       |                           | październik 2024 | pozytywny |

|    |        |            |                                   |                     |                  |           |
|----|--------|------------|-----------------------------------|---------------------|------------------|-----------|
| 14 | Drabko | Małgorzata | dr hab. Agnieszka Tudek           |                     | październik 2024 | pozytywny |
| 15 | Barua  | Drishtee   | dr hab. Anna Muszewska, prof. IBB | Dr Magdalena Płecha | marzec 2024      | pozytywny |

#### Seminaria doktoranckie i doktorancka sesja sprawozdawcza

W 2024 roku odbyło się łącznie 14 seminariów doktoranckich (11 w roku akademickim 2023/2024 oraz 3 w roku akademickim 2024/2025). Wystąpienia wygłosiło 18 doktorantów i doktorantek.

Seminaria odbywają się średnio co dwa tygodnie w czwartki, w trybie stacjonarnym, przewodniczy im Kierownik Szkoły Doktorskiej. Sylwetki prelegentów są prezentowane przez ich promotorów. Seminaria dzielą się na część publiczną oraz część dedykowaną wyłącznie doktorantom. W części przeznaczanej tylko dla doktorantów odbywają się rozmowy na temat przedstawionego seminarium oraz na temat doświadczenia zebranego podczas realizacji projektu przez prelegenta/prelegentkę i jego/jej dalszych planów. Z części wyłączani są promotorzy i pracownicy IBB, by doktoranci mogli wypowiadać się swobodnie. 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. Kierownik zostaje także po seminarium by doktoranci mogli zadawać indywidualnych pytań po zakończeniu spotkania. Z możliwości tej doktoranci często korzystają.

27 czerwca 2024 r. Rada Samorządu Doktorantów IBB PAN zorganizowała ósme sympozjum doktoranckie – doktorancka sesja sprawozdawcza w Dziekanowie Leśnym pt. „8th IBB Symposium for young Investigators 2024”. W wydarzeniu wzięło udział 44 doktorantów i doktorantek. Przedstawiono 10 prezentacji ustnych oraz 26 posterów.

#### Doktoranci szkół doktorskich którzy złożyli rozprawę doktorską w 2024 roku

W 2024 r. rozprawę doktorską w trybie kształcenia doktorantów złożyły 2 osoby:

1. Suchismita Masanta, promotor: prof. dr hab. Róża Kucharczyk, Wspólna Szkoła Doktorska;
2. Mehmet Fatih Ozhelvaci, promotor: prof. dr hab. Piotr Zielenkiewicz, promotor pomocniczy: dr Kamil Steczkiewicz, Szkoła Doktorska IBB PAN.

Są to pierwsze osoby, które złożyły rozprawę doktorską w trybie szkół doktorskich, z racji na uruchomienie kształcenia w tym trybie od 2019 r. W 2025 r. spodziewana jest znacznie większa liczba złożonych rozpraw doktorskich. Sprawozdanie nt. rozpraw doktorskich złożonych i obronionych w 2024 r. w trybie studiów doktoranckich przedstawione zostanie przez Komisję ds. doktoratów IBB PAN.

#### Granty i stypendia pozyskane przez doktorantów

Doktorantki IBB w 2024 roku pozyskały 2 granty finansowane ze środków NCN:

1. p. Veena Halale Manjunath – „Ukryte przesłanie – jądrowa retencja mRNA w biologii nasion” (PRELUDIUM 23);
2. p. Olha Kostiuhenko – „Potencjał probiotyczny szczepów *Lactococcus* w przeciwdziałaniu uszkodzeniu bariery jelitowej wywołanemu stanem zapalnym: badanie *in vitro*” (PRELUDIUM 23).

Ponadto p. Klaudia Kołodziejska pozyskała EMBO Scientific Exchange Grant, dzięki któremu odbyła 90-dniowy wyjazd badawczy do Université libre de Bruxelles (pracownia „The Neurophy lab” prowadzona przez: Patrick’a Laurent’a, PhD)

Stypendystką programu Fulbright została doktorantka p. Katarzyna Nowak (wyjazd na zaproszenie Oklahoma Medical Research Foundation, USA na okres od 01.07.2024 do 30.06.2025)

#### Nagrody doktorantów

W 2024 roku Rada Naukowa IBB PAN nagrodziła 3 prace badawcze z udziałem doktorantów lub absolwentów IBB PAN:

- Pierwsza nagroda w kategorii prac badawczych za pracę:

Montez M, Majchrowska M, Krzysztoń M, Bokota G, Sacharowski S, **Wrona Magdalena**, Yatusevich R, Massana F, Plewczyński D, Świeżewski S. Promoter-pervasive transcription causes RNA polymerase II pausing to boost DOG1 expression in response to salt, opublikowaną w EMBO J.

- Druga nagroda w kategorii prac badawczych za pracę:

**Łazowski Krystian**, Faraz M, Vaisman A, Ashton NW, Jończyk P, Fijałkowska IJ, Clausen AR, Woodgate R, Makieła-Dzbeńska K. Strand specificity of ribonucleotide excision repair in Escherichia coli, opublikowaną w Nucleic Acids Research;

- Trzecia nagroda w kategorii prac badawczych za pracę:

**Tahmaz Ismail**, Shahmoradi Ghahe S., Stasiak M., Liput K., Jonak K., Topf U. Prefoldin 2 contributes to mitochondrial morphology and biogenesis, opublikowaną w BMC Biology.

#### Wewnętrzna ewaluacja Szkoły Doktorskiej

W odpowiedzi na zapisy Rozporządzenia Ministra Edukacji i Nauki z dnia 27 września 2021 r. ws. ewaluacji jakości kształcenia w szkole doktorskiej Rada Szkoły Doktorskiej<sup>1</sup> powołała Komisję do przeprowadzenia wewnętrznej ewaluacji działania Szkoły Doktorskiej. Komisja została powołana podczas posiedzenia RSD w dniu 19.06.2023 r., w składzie:

- dr hab. Magdalena Kowalczyk;
- dr hab. Joanna Kamińska;
- dr Szymon Kubala;
- mgr Jan Mikołajczyk (przedstawiciel doktorantów).

Komisja opracowała Arkusz Ewaluacji Szkoły Doktorskiej Biologii Molekularnej i Chemii Biologicznej, w którym zawarła wyniki swoich analiz. Głównymi postulatami zawartymi w ww. arkuszu były: wprowadzenie bardziej szczegółowych kryteriów weryfikacji efektów uczenia się doktorantów, wprowadzenie monitorowania losów absolwentów Szkoły Doktorskiej i zwiększenie rozpoznawalności Szkoły Doktorskiej w Polsce oraz za granicą (w celu prowadzenia skuteczniejszej rekrutacji).

Komisja przedstawiła wyniki swojej ewaluacji Kierownikowi SD oraz pracownikom Biura ds. doktoranckich podczas spotkania w dniu 18.12.2024 r. W trakcie spotkania ustalono, w jaki sposób zostaną rozwiązane kwestie poruszone przez Komisję tj.: wprowadzono zmiany

---

<sup>1</sup> Rozporządzenie Ministra Edukacji i Nauki z dnia 27 września 2021 r. w sprawie ewaluacji jakości kształcenia w szkole doktorskiej (Dz. U. poz. 1847), dalej: Rozporządzenie ws. ewaluacji.

w sposobie zaliczania przedmiotów zawartych w programie kształcenia przez doktorantów, przygotowano ankiety monitorujące losy absolwentów Szkoły Doktorskiej i rozpoczęto prace nad zbudowaniem marki Szkoły Doktorskiej IBB PAN.

Poza działaniami wynikającymi z rekomendacji ww. Komisji jakość kształcenia w perspektywie doktorantów jest sprawdzana w cosemestralnych ankietach, w których doktoranci mogą wypowiedzieć się na temat sposobu prowadzenia każdego przedmiotu. Ponadto od 2023 r. prowadzone są coroczne ankiety ogólnej satysfakcji z działania Szkoły Doktorskiej i współpracy z promotorami oraz zespołami badawczymi doktorantów. W I kwartale 2024 r. Kierownik Szkoły Doktorskiej otrzymała wyniki badania ankietowego przygotowanego dla IBB i przeprowadzonego dla Instytutu przez dr Agatę Jastrzębowską-Tyczkowską – specjalistkę z zakresu: dopasowania kompetencyjnego człowieka do pracy, dobrostanu pracowników, zaawansowanych analiz statystycznych i nieformalnego kapitału ludzkiego. Najważniejszym wnioskiem z tego badania było dostrzeżenie wyraźnych rozbieżności w postrzeganiu roli promotora przez samych promotorów i doktorantów. Promotorzy postrzegają swoją rolę bardziej jako eksperta, konsultującego wyniki samodzielnej pracy doktoranta. Doktoranci zaś chcieliby by promotorzy byli dla nich mentorami wyznaczającymi zadania i stopniowo zwiększającymi zakres odpowiedzialności podopiecznego. Te rozbieżności w postrzeganiu promotora uznano za istotny obszar do działań, gdyż różne postrzeganie tych samych ról w zespole badawczym może powodować konflikty i tarcia. W celu przeciwdziałania tej sytuacji Kierownik Szkoły Doktorskiej omówiła wyniki badania podczas spotkania z Dyrektorem oraz Zastępcą Dyrektora IBB PAN ds. naukowych. Następnie zaprezentowała je promotorom i doktorantom podczas seminarium doktoranckiego inaugurującego rok akademicki 2024/2025 wraz ze stosownym wyjaśnieniem tego stanu rzeczy i możliwych konsekwencji. Zaplanowano także szkolenia ze współpracy i przywództwa w zespole badawczym ramach wniosku IBB PAN o środki z Programu *Welcome to Poland* ([NAWA](#)).

Wydatkowanie środków finansowych pozostających w dyspozycji Szkoły Doktorskiej<sup>1</sup>

Wsparcie materialne i niematerialne 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;
- dofinansowanie udziału w programie MultiSport.

Wsparcie niematerialne to w szczególności:

- możliwość korzystania z finansowanych przez IBB konsultacji psychologicznych;
- dostęp do podstawowych zabiegów stomatologicznych na terenie Instytutu;
- dostęp do porad lekarza specjalisty (kardiolog) na terenie Instytutu;

---

<sup>1</sup> Pełne sprawozdanie finansowe kosztów działania Szkoły Doktorskiej w 2024 roku zostanie przedstawione w rozliczeniu przygotowanym przez Dział Finansowo-Księgowy IBB PAN.

- dostęp do kursów fakultatywnych kursów językowych (poza kursami wymaganymi programem kształcenia).

#### Minigranty

W 2024 roku zakończeniu ulegało 7 minigrantów (1 minigrant został przedłużony w sesji ubiegłorocznej), 6 z nich zostało w terminie zakończonych i rozliczonych. Rozliczenie dwóch grantów zostało zgodnie z Regulaminem programu grantów badawczych (...) przedłużone. Jeden z przedłużonych grantów został rozliczony w 2024 r., drugiemu wnioskodawcy wyznaczono termin na złożenie sprawozdania do 10.03.2025 r. Sprawozdania końcowe opiewały na łączną kwotę **115 113,44** zł. W konkursie ogłoszonym w 2024 roku wpłynęło 9 wniosków o przyznanie minigrantu (suma wnioskowanych środków to **162 523,00** zł). W konkursie Minigrantów na rok 2024/2025 przewidziano maksymalnie **110 000, 00** zł dla wnioskodawców. 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. W 2024 roku skorzystało z niego 27 doktorantów i doktorantek. Łączna kwota przyznanych grantów wyniosła: 163 289,13 zł. (łącznie: 31 przyznanych grantów). Dzięki wdrożonemu programowi doktoranci IBB PAN w 2024 roku uczestniczyli w 19 Konferencjach Międzynarodowych oraz 5 stażach krajowych i zagranicznych. 5 doktorantów wzięło udział w kurach lub warsztatach.. Łącznie doktoranci i doktorantki IBB Pan uczestniczyli w międzynarodowych wydarzeniach badawczych w 10 krajach.

### IBB Welcome Center

W 2024 r. IBB PAN kontynuował realizację projektu „Welcome to IBB Center 2”, finansowanego przez Narodową Agencję Wymiany Akademickiej w ramach programu „Welcome to Poland”. Głównym celem przedsięwzięcia jest zwiększenie umiędzynarodowienia Instytutu oraz usprawnienie obsługi zagranicznej kadry naukowej i studentów, co sprzyja budowaniu otwartego i przyjaznego środowiska akademickiego.

Kluczowym elementem projektu jest prowadzenie i rozwijanie punktu Welcome Center, który pełni funkcję centrum wsparcia dla obcokrajowców oraz polskich pracowników współpracujących z międzynarodową kadrą. Welcome Center oferuje pomoc w procesie relokacji, onboardingu, legalizacji pobytu oraz adaptacji w Polsce. Działa także jako łącznik między cudzoziemcami a poszczególnymi działami administracyjnymi i naukowymi Instytutu, zapewniając sprawny przepływ informacji i ułatwiając funkcjonowanie w nowym środowisku. Oprócz wsparcia administracyjnego i konsultacyjnego w ramach projektu realizowane są także działania integracyjne, szkoleniowe oraz promocyjne, które wzmacniają międzynarodowy charakter Instytutu.

W 2024 r. w ramach projektu zrealizowano m.in. następujące inicjatywy:

- 4 spotkania integracyjne dla całej społeczności IBB PAN: obchody Perskiego Nowego Roku „Nowruz”, międzykulturowy wieczór śpiewu, wycieczka krajoznawcza do Lasu Kabackiego oraz obchody hinduskiego święta świąteł Diwali, które sprzyjały budowaniu relacji i wzajemnemu poznawaniu kultur;

- 3 warsztaty międzykulturowe skierowane do pracowników i doktorantów, mające na celu podniesienie kompetencji w zakresie pracy w międzynarodowym środowisku;
- 2 szkolenia specjalistyczne dla pracowników Instytutu, obejmujące zagadnienia związane z komunikacją międzykulturową (dla pracowników administracyjnych) oraz legalizacją pobytu cudzoziemców (dla koordynatorki projektu), co usprawniło procesy administracyjne i współpracę z zagraniczną kadrą;
- Zaprojektowanie i realizacja oznaczeń dwujęzycznych w Instytucie – mapy budynków IBB PAN oraz tabliczek przydrzwiowych w części administracyjnej, co ułatwiło orientację w budynkach Instytutu zagranicznym pracownikom, doktorantom oraz gościom;
- Bieżące tłumaczenia dokumentów administracyjnych na język angielski, umożliwiające obcokrajowcom łatwy dostęp do niezbędnych informacji regulujących ich pracę i studia w Instytucie;
- Wdrożenie dwujęzycznej platformy rekrutacyjnej (e-Recruiter), która zwiększyła dostępność ofert pracy oraz uprościła proces aplikacyjny dla kandydatów z Polski i zagranicy;
- Promocja Instytutu podczas targów Spotkaj Swojego Pracodawcę, co pozwoliło dotrzeć z ofertą edukacyjną i zawodową IBB PAN do kolejnych grup odbiorców.

Wszystkie te działania spotkały się z bardzo pozytywnym odbiorem zarówno wśród pracowników Instytutu, jak i zagranicznych doktorantów oraz naukowców. Projekt znacząco wpłynął na jakość współpracy międzynarodowej, podnosząc świadomość międzykulturową i kompetencje komunikacyjne personelu. Jednocześnie ułatwił integrację cudzoziemców w społeczności IBB PAN, wspierając ich adaptację i rozwój zawodowy. Dzięki funkcjonowaniu wyspecjalizowanej jednostki ds. obsługi obcokrajowców Instytut umocnił swoją pozycję jako otwartego i przyjaznego ośrodka badawczo-edukacyjnego, sprzyjającego międzynarodowej współpracy.

## Lista seminariów wygłoszonych w IBB PAN w roku 2024 – pracownicy oraz zaproszeni wykładowcy

| Date       | Name                     | Title                                                                                                                        | Affiliation                                                                                               |
|------------|--------------------------|------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|-----------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| 24.01.2024 | Prof. Krzysztof Liberek  | FNP PRIZE LECTURE: Chaperones in protein disaggregation and refolding                                                        | Intercollegiate Faculty of Biotechnology of University of Gdańsk and Medical University of Gdańsk, Poland |
| 30.01.2024 | Dr hab. Łukasz Opaliński | NCN AWARD LECTURE: Multivalency in biomedicine. Career Development Series                                                    | Faculty of Biotechnology, University of Wrocław, Poland                                                   |
| 06.02.2024 | Dr Said El Alaoui        | Building the Pipeline of Novel Therapeutic Antibodies: From the Bench to the clinic                                          | COVALAB S.A.S., Biotechnology company in Bron, France                                                     |
| 13.02.2024 | Dr Michał Koliński       | Development of multi-scale molecular modeling methods and their application to study complex protein systems                 | Mossakowski Medical Research Institute, Polish Academy of Sciences, Poland                                |
| 20.02.2024 | Prof. Dr Jörg Rademann   | Fragment-based drug discovery in academia: targeting the bacterial toxin pneumolysin and the cancer-related phosphatase SHP2 | Pharmaceutical and Medicinal Chemistry, Institute of Pharmacy, Freie Universität Berlin                   |
| 27.02.2024 | Prof. Matthias Bochtler  | Novel nucleobase chemistry in momylation                                                                                     | Laboratory of Genome Engineering, IBB PAS                                                                 |
| 05.03.2024 | Prof. Victor Zarsky      | Exocyst complex – a logistic hub in land plant secretory pathways                                                            | Department of Experimental Plant Biology, Charles University in Prague, Czech Republic                    |
| 12.03.2024 | Prof. Wojciech Bal       | Time as hypothesis selector in metallomics                                                                                   | Laboratory of Biological Chemistry of Metal Ions, IBB PAS                                                 |
| 19.03.2024 | Dr Mikołaj Ogrodnik      | Spatiotemporal controls over healing and senescent cells in wounds, Career Development Series                                | Ludwig Boltzmann Institute for Experimental and Clinical Traumatology, Vienna, Austria                    |
| 09.04.2024 | Prof. David Tollervey    | Lighting Up RNA-protein Interactions                                                                                         | University of Edinburgh                                                                                   |
| 16.04.2024 | Prof. Tomasz Sarnowski   | Professor Nomination                                                                                                         | Laboratory of Gene Expression Regulation, IBB PAS                                                         |

|                          |                                         |                                                                                                                                                 |                                                                                                                                                                                                                                       |
|--------------------------|-----------------------------------------|-------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|---------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| 23.04.2024               | Prof. Pierre M. Durand                  | The evolution of cell mortality                                                                                                                 | University of the Witwatersrand, Johannesburg, South Africa                                                                                                                                                                           |
| 07.05.2024               | Dr hab. Rafał Mostowy                   | How viruses employ a LEGO-based approach in coevolution with bacterial hosts                                                                    | Małoposka Center of Biotechnology of the Jagiellonian University, Kraków, Poland                                                                                                                                                      |
| 14.05.2024               | Dr Anna Kotrys                          | Large-scale, single-cell analysis of mtDNA heteroplasmy dynamics reveals key role of environment-dependent selection, Career Development Series | Broad Institute of MIT and Harvard, Cambridge, USA                                                                                                                                                                                    |
| 21.05.2024               | Dr Gabriela Pruś                        | Ubiquitylation stoichiometry and dynamics: understanding ubiquitin signaling using MS-based proteomics                                          | Novo Nordisk Foundation Center for Protein Research, Denmark                                                                                                                                                                          |
| 18.06.2024               | Prof. Mazdak Khajehpour                 | The Streptococcus phage protein paratox is an intrinsically disordered protein                                                                  | Department of Chemistry, Univeristy of Manitoba                                                                                                                                                                                       |
| 08.10.2024               | Dr hab. Wojciech Pokrzywa               | Exploring the Ubiquitin-Proteasome System through multidimensional studies of degrons and E3 ligases                                            | International Institute of Molecular and Cell Biology in Warsaw                                                                                                                                                                       |
| 10.10.2024<br>11.10.2024 | 70th Anniversary of IBB PAS and IBB DAY |                                                                                                                                                 |                                                                                                                                                                                                                                       |
| 15.10.2024               | Dr Eugenio Mancera Ramos                | Transcriptional and genomic evolution in yeasts: from biofilms to hybridization                                                                 | Department of Genetic Engineering, Center for Research and Advanced Studies of the National Polytechnic Institute                                                                                                                     |
| 22.10.2024               | Dr Ireneusz Stolarek                    | Genetic history of East-Central Europe in the first millennium CE                                                                               | Institute of Bioorganic Chemistry PAS                                                                                                                                                                                                 |
| 05.11.2024               | Dr Marta Winiarska                      | Synergy despite challenges – cooperation between academic and industrial science in medical biotechnology                                       | BioInMed                                                                                                                                                                                                                              |
| 19.11.2024               | Dr Maria Górna                          | A multitasking biochemist: from RNA binding proteins in innate immunity to antimicrobial drug discovery                                         | Biological and Chemical Research Centre, University of Warsaw                                                                                                                                                                         |
| 26.11.2024               | Dr Karolina Łabędzka-Dmoch              | Nucleo-mitochondrial interactions in unconventional yeast model Candida albicans                                                                | Institute of Genetics and Biotechnology, Faculty of Biology, University of Warsaw                                                                                                                                                     |
| 03.12.2024               | Mgr Mariusz Radkiewicz                  | Untargeted metabolomics and lipidomics – powerful tool for biological sample screening                                                          | Laboratory of Mass Spectrometry IBB PAS                                                                                                                                                                                               |
| 10.12.2024               | Prof. Piotr Laudański                   | Diagnosis of endometriosis – past, present, future                                                                                              | Chair and Department of Obstetrics, Gynecology and Gynecological Oncology, Medical University of Warsaw, Poland; OVIklinika Infertility Center, Warsaw, Poland; Women's Health Research Institute, Calisia University, Kalisz, Poland |
| 17.12.2024               | Prof. Małgorzata Łobocka                | Bacteriophage-plasmid P1 – mechanisms of successful spread and influence on antibiotic-resistance dissemination                                 | Laboratory of Bacteriophage Biology, IBB PAS                                                                                                                                                                                          |

## Lista seminariów doktoranckich wygłoszonych w IBB PAN w roku 2024

| Date       | Speaker                       | Title                                                                                                                                                                        | Supervisor(s)                                              |
|------------|-------------------------------|------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|------------------------------------------------------------|
| 11.01.2024 | Marta Wiśniewska              | N-terminally truncated albumin: friend or foe of copper metabolism?                                                                                                          | Prof. dr hab. Wojciech Bał                                 |
| 01.02.2024 | Masoud Amiri Farsani          | Dynamics of Ion RNA interaction                                                                                                                                              | Prof. dr hab. Janusz Bujnicki                              |
|            | Magdalena Wrona               | POLR1D, a common subunit of RNA polymerases I and III, interferes with TOR signalling                                                                                        | Dr hab. Szymon Świeżewski<br>Dr Ruslan Yatusevich          |
| 15.02.2024 | Justyna Piotrowska            | Role of LSU proteins in sulfur metabolism in <i>Arabidopsis thaliana</i>                                                                                                     | Dr hab. Anna Wawrzyńska<br>Dr Marcin Olszak                |
|            | Tuguldur Enkhbaatar           | Different modes of regulation of Srs2 and Rad51, proteins involved in homologous recombination                                                                               | Dr hab. Adrianna Skoneczna                                 |
| 29.02.2024 | Martyna Latoszek (Wiśniewska) | Role of Pol30 in UV-induced mitochondrial mutagenesis in <i>S. cerevisiae</i>                                                                                                | Dr hab. Aneta Kaniak-Golik                                 |
|            | Fatih Ozhelvaci               | Identification and Comprehensive Classification of Peptidases                                                                                                                | Prof. dr hab. Piotr Zielenkiewicz<br>Dr Kamil Steczkiewicz |
| 14.03.2024 | Łukasz Kałuski                | A convenient genetic manipulation system to target various <i>Staphylococcus aureus</i> strains                                                                              | Prof. dr hab. Małgorzata Łobocka                           |
| 11.04.2024 | Alicja Armatowska             | The linkage between Maf1-mediated control of tRNA transcription and mRNA translation in yeast                                                                                | Dr hab. Małgorzata Cieśla                                  |
| 25.04.2024 | Katarzyna Nowak               | Helicase Sen1- an important factor for meiosis and progression of genome rearrangements in <i>Paramecium tetraurelia</i>                                                     | Dr hab. Roman Szczesny<br>Dr Jacek Nowak                   |
| 09.05.2024 | Robert Bińkowski              | Identification and validation of nanobodies (VHH) against the pathological subunit of the SS18-SSX complex and EZH2 protein as a basis for an innovative therapy of synovial | Prof. dr hab. Tomasz Sarnowski                             |
| 23.05.2024 | Klaudia Kołodziejaska         | Molecular analysis of exophore formation in <i>Caenorhabditis elegans</i>                                                                                                    | Dr hab. Roman Szczesny<br>Dr Michał Turek                  |
|            | Marta Sipko                   | The role of Ynl320w in regulating mitochondrial function in <i>S. cerevisiae</i>                                                                                             | Prof. dr hab. Róża Kucharczyk<br>Dr Aneta Więsyk           |
| 06.06.2024 | Suchismita Masanta            | The Fmp40 ampylase regulates mitochondrial redoxin cycle in <i>Saccharomyces cerevisiae</i>                                                                                  | Prof. dr hab. Róża Kucharczyk                              |
|            | Ramin Zadalimomen             | The role of Rps29 in ribosome biogenesis                                                                                                                                     | Dr hab. Ulrike Topf                                        |
| 20.06.2024 | Karolina Sztompka             | New mechanisms regulating cis-prenyltransferases activity in plants                                                                                                          | Dr hab. Liliana Surmacz                                    |
|            | Jakub Szurmak                 | Identification of the role of impairment of chromatin remodeling-related machinery in metastasis of clear cell renal cell carcinoma                                          | Prof. dr hab. Tomasz Sarnowski                             |

|            |                    |                                                       |                                                            |
|------------|--------------------|-------------------------------------------------------|------------------------------------------------------------|
| 17.10.2024 | Bartłomiej Tomasik | If you torture your data long enough, it will confess |                                                            |
| 05.12.2024 | Ahmet Sadik Gülgeç | SARS-CoV-2 M protein in association with mitochondria | Prof. dr hab. Agnieszka Chacińska,<br>Dr Michał Wasilewski |

## ARTYKUŁY 2024

**6624**

STĘPIEŃ K., SKONECZNA A., KULA-MAXIMENKO M., JURCZYK Ł., MOŁOŃ M.,  
Disorders in the CMG helicase complex increase the proliferative capacity and delay chronological aging of budding yeast.

Biochimica et Biophysica Acta-Molecular Cell Research (2024) 1871(1): 119621 (14 p.) DOI: 10.1016/j.bbamcr.2023.119621

IF 4.6 (2023)

**6625**

KRAWCZYK P.S., TUDEK A., MROCZEK S., DZIEMBOWSKI A.,

Transcriptome-Wide Analysis of mRNA Adenylation Status in Yeast Using Nanopore Sequencing.

Chapter 12 in: Deadenylation. Methods in Molecular Biology, vol 2723. Humana, New York 2024. Ed. E.Valkov, A.C.Goldstrohm. ISBN 978-1-0716-3480-6, 2024, p.193-214 DOI: 10.1007/978-1-0716-3481-3\_12

**6626**

BELYKH A., HAWRO I., KOLCZYŃSKA-MATYSIAK K., LOZA-VALDES A., MIECZKOWSKI A., SUMARA G.,

Triazolo[4,5-d]pyrimidin-5-amines based ERK3 inhibitors fail to demonstrate selective effects on adipocyte function.

Archives of Biochemistry and Biophysics (2024) 751: 109825 (13 p.) DOI: 10.1016/j.abb.2023.109825

IF 3.8 (2023)

**6627**

JAKUBOWSKA M., WIŚNIEWSKA M.J., WENCEL A., WOJCIECHOWSKI C., GÓRA M., DUDEK K., CHWOJNOWSKI A., BURZYŃSKA B., PIJANOWSKA D.G., PLUTA K.D.,

Hollow fiber bioreactor with genetically modified hepatic cells as a model of biologically active function block of the bioartificial liver.

Biocybernetics and Biomedical Engineering (2024) 44(1): 9-19 DOI: 10.1016/j.bbe.2023.11.003

IF 5.3 (2023)

**6628**

GOLIK P.,

RNA processing and degradation mechanisms shaping the mitochondrial transcriptome of budding yeasts.

IUBMB Life (2024) 76(1): 38-52 DOI: 10.1002/iub.2779

IF 3.7 (2023)

**6629**

CISEK A.A., SZYMAŃSKA E., WIERZBICKA-RUCIŃSKA A., ALEKSANDRZAK-PIEKARCZYK T., CUKROWSKA B.,

Methanogenic Archaea in the Pediatric Inflammatory Bowel Disease in Relation to Disease Type and Activity.

International Journal of Molecular Sciences (2024) 25(1): 673 (14 p.) DOI: 10.3390/ijms25010673

IF 4.9 (2023)

**6630**

NAKONIECZNA A., TOPOLSKA-WOŚ A., ŁOBOCKA M.,

New bacteriophage-derived lysins, LysJ and LysF, with the potential to control Bacillus anthracis.

Applied Microbiology and Biotechnology (2024) 108(1): 1-14 DOI: 10.1007/s00253-023-12839-z

IF 3.9 (2023)

**6631**

MOGILNICKA I., JAWORSKA K., KOPER M., MAKSYMIAK K., SZUDZIK M., RADKIEWICZ M., CHABOWSKI D., UFNAL M.,

Hypertensive rats show increased renal excretion and decreased tissue concentrations of glycine betaine, a protective osmolyte with diuretic properties.

PLOS ONE (2024) 19(1): e0294926 (14 p.) DOI: 10.1371/journal.pone.0294926

IF 2.9 (2023)

**6632**

SERAFIN P., SZELESZCZUK Ł., ZHUKOV I., SZŰCS E., GOMBOS D., STEFANUCCI A., MOLLIKA A., PISKLAK D.M., KLECZKOWSKA P.,  
Opioid/Dopamine Receptor Binding Studies, NMR and Molecular Dynamics Simulation of LENART01 Chimera, an Opioid-Bombesin-like Peptide.  
Molecules (2024) 29(1): 272 (16 p.) DOI: 10.3390/molecules29010272  
IF 4.2 (2023)

**6633**

VAN BELKUM M.J., ALEKSANDRZAK-PIEKARCZYK T., LAMER T., VEDERAS J.C.,  
Lactococcus lactis mutants resistant to lactococcin A and garvicin Q reveal missense mutations in the sugar transport domain of the mannose phosphotransferase system.  
Microbiology Spectrum (2024) 12(1): e03130-23 (13 p.) DOI: 10.1128/spectrum.03130-23  
IF 3.7 (2023)

**6634**

CHMIEL P., KROTEWICZ M., SZUMERA-CIEŃKIEWICZ A., BARTNIK E., CZARNECKA A.M., RUTKOWSKI P.,  
Review on Lymph Node Metastases, Sentinel Lymph Node Biopsy, and Lymphadenectomy in Sarcoma.  
Current Oncology (2024) 31(1): 307-323 DOI: 10.3390/curroncol31010020  
IF 2.8 (2023)

**6635**

OSTROWSKA J., SAMBOROWSKA E., JAWORSKI M., TOCZYŁOWSKA K., SZOSTAK-WĘGIEREK D.,  
The Potential Role of SCFAs in Modulating Cardiometabolic Risk by Interacting with Adiposity Parameters and Diet.  
Nutrients (2024) 16(2): 266 (13 p.) DOI: 10.3390/nu16020266  
IF 4.8 (2023)

**6636**

KOWAL K., TKACZYK-WLIZŁO A., GAWOR J., ŚLASKA B.,  
Molecular differences in mitochondrial genomes (mitogenomes) of dogs with recurrent and multiple tumours and their reference to the human mitochondrial genome.  
Annals of Animal Science (2024) 24(1): 89-97 DOI: 10.2478/aoas-2023-0067  
IF 1.8 (2023)

**6637**

WINIEWSKA-SZAJEWSKA M., PAPROCKI D., MARZEC E., POZNAŃSKI J.,  
Effect of histidine protonation state on ligand binding at the ATP-binding site of human protein kinase CK2.  
Scientific Reports (2024) 14(1): 1463 (14 p.) DOI: 10.1038/s41598-024-51905-y  
IF 3.8 (2023)

**6638**

BOJARSKA J., ŁYCZKO K., MIECZKOWSKI A.,  
Synthesis, Crystal Structure and Supramolecular Features of Novel 2,4-Diaminopyrimidine Salts.  
Crystals (2024) 14(2): 133 (13 p.) DOI: 10.3390/cryst14020133  
IF 2.4 (2023)

**6639**

GODWIN J., GOVINDASAMY M., NEDOUNSEJIAN K., MARCH E., HALTON R., BOURBOUSSE C., WOLFF L., FORT A., KRZYSZTOŃ M., LÓPEZ CORRALES J., ŚWIEŻEWSKI S., BARNECHE F., SCHUBERT D., FARRONA S.,  
The UBP5 histone H2A deubiquitinase counteracts PRCs-mediated repression to regulate Arabidopsis development.  
Nature Communications (2024) 15(1): 667 ( 14 p.) DOI: 10.1038/s41467-023-44546-8  
IF 14.7 (2023)

**6640**

GÓRA M., KILISZEK M., MACIAK K., SALAMAGA H., ŁAZOWSKI K., BURZYŃSKA B.,  
A novel microRNA differentially expressed in patients with persistent and paroxysmal atrial fibrillation.  
Polish Archives of Internal Medicine (2024) 134(1): 16650 (3 p.) DOI: 10.20452/pamw.16650  
IF 3.8 (2023)

**6641**

ŁABUZ J., BANAŚ A.K., ZGŁOBICKI P., BAŻANT A., SZTATELMAN O., GIZA A., LASOK H., PROCHWICZ A.,  
KOZŁOWSKA-MROCZEK A., JANKOWSKA U., HERMANOWICZ P.,  
Phototropin2 3'UTR overlaps with the AT5G58150 gene encoding an inactive RLK kinase.  
BMC Plant Biology (2024) 24(1): 55 (19 p.) DOI: 10.1186/s12870-024-04732-2  
IF 4.3 (2023)

**6642**

JURCZAK P., ZHUKOV I., ORLIKOWSKA M., CZAPLEWSKA P., SIKORSKA E.,  
Monitoring the interactions between POPG phospholipid bilayer and amyloid-forming protein human cystatin C.  
Does the bilayer influence the oligomeric state and structure of the protein?  
Biochimica et Biophysica Acta-Biomembranes (2024) 1866(3): 184285 (11 p.) DOI:  
10.1016/j.bbmem.2024.184285  
IF 2.8 (2023)

**6643**

MAKSYMIOUK K., SZUDZIK M., SAMBOROWSKA E., CHABOWSKI D., KONOP M., UFNAL M.,  
Mice, rats, and guinea pigs differ in FMOs expression and tissue concentration of TMAO, a gut bacteria-derived  
biomarker of cardiovascular and metabolic diseases.  
PLOS ONE (2024) 19(1): e0297474 (21 p.) DOI: 10.1371/journal.pone.0297474  
IF 2.9 (2023)

**6644**

ROSZCZENKO-JASIŃSKA P., GIEŁDOŃ A., MAZUR D., SPODZIEJA M., PLICHTA M., CZAPLEWSKI C., BAL W.,  
JAGUSZTYN-KRYNICKA E.K., BARTOSIK D.,  
Exploring the inhibitory potential of in silico-designed small peptides on *Helicobacter pylori* Hp0231 (DsbK), a  
periplasmic oxidoreductase involved in disulfide bond formation.  
Frontiers in Molecular Biosciences (2024) 10: 1335704 (11 p.) DOI: 10.3389/fmolb.2023.1335704  
IF 3.9 (2023)

**6645**

KRZYSZTOŃ M., SACHAROWSKI S.P., MANJUNATH V.H., MUTER K., BOKOTA G., WANG C., PLEWCZYŃSKI D.,  
DOBISOVA T., ŚWIEŻEWSKI S.,  
Dormancy heterogeneity among *Arabidopsis thaliana* seeds is linked to individual seed size.  
Plant Communications (2024) 5(2): 100732 (13 p.) DOI: 10.1016/j.xplc.2023.100732  
IF 9.4 (2023)

**6646**

NEGRUTSKII B.S., PORUBLEVA L.V., MALINOWSKA A., NOVOSYLNIA O.V., DADLEZ M., KNUDSEN CH.R.,  
Understanding functions of eEF1 translation elongation factors beyond translation. A proteomic approach.  
Chapter 3 in: *Advances in Protein Chemistry and Structural Biology*, vol 138. Elsevier, 2024. Ed. R.Donev. ISBN  
978-044319342-2, p. 67-99 DOI: 10.1016/bs.apcsb.2023.10.001

**6647**

CISEK A.A., SZYMAŃSKA E., ALEKSANDRZAK-PIEKARCYK T., CUKROWSKA B.,  
The Role of Methanogenic Archaea in Inflammatory Bowel Disease—A Review.  
Journal of Personalized Medicine (2024) 14(2): 196 (12 p.) DOI: 10.3390/jpm14020196  
IF 3.0 (2023)

**6648**

JONČA J., PIRHONEN M., WALERON M.M., GAWOR J., MROZIK A., SMOKTUNOWICZ M., WALERON K., WALERON M.,  
Comprehensive phenomic and genomic studies of the species, *Pectobacterium cacticida* and proposal for reclassification as *Alcorniella cacticida* comb. nov.  
Frontiers in Plant Science (2024) 15: 1323790 (16 p.) DOI: 10.3389/fpls.2024.1323790  
IF 4.1 (2023)

**6649**

KOSZNIK-KWAŚNICKA K., TOPKA G., MANTEJ J., GRABOWSKI Ł., NECEL A., WĘGRZYN G., WĘGRZYN A.,  
Propagation, Purification, and Characterization of Bacteriophages for Phage Therapy.  
Chapter 22 in: Bacteriophages. Methods in Molecular Biology, vol 2738. Humana, New York 2024. Ed. E. Tumban.  
ISBN 978-1-0716-3548-3, p. 357-400 DOI: 10.1007/978-1-0716-3549-0\_22

**6650**

JONAK K., SUPPANZ I., BENDER J., CHACIŃSKA A., WARSCHIED B., TOPF U.,  
Ageing-dependent thiol oxidation reveals early oxidation of proteins with core proteostasis functions.  
Life Science Alliance (2024) 7(5): e202302300 (28 p.) DOI: 10.26508/lsa.202302300  
IF 3.3 (2023)

**6651**

JURGA J., SAMBOROWSKA E., ZIELIŃSKI J., OLEK R.A.,  
Effects of Acute Beetroot Juice and Sodium Nitrate on Selected Blood Metabolites and Response to Transient Ischemia: A Crossover Randomized Clinical Trial.  
Journal of Nutrition (2024) 154(2): 491-497 DOI: 10.1016/j.tjnut.2023.12.018  
IF 3.7 (2023)

**6652**

BARANOWSKI B., KRYSIŃSKA M., GRADOWSKI M.,  
KINTaro: protein kinase-like database.  
BMC Research Notes (2024) 17(1): 50 (5 p.) DOI: 10.1186/s13104-024-06713-y  
IF 1.6 (2023)

**6653**

GREGORCZYK-MAGA I., KANIA M., DĄBROWSKA M., SAMBOROWSKA E., ŻEBER-LUBECKA N., KULECKA M., KLUPA T.,  
The interplay between gingival crevicular fluid microbiome and metabolomic profile in intensively treated people with type 1 diabetes - a combined metagenomic/metabolomic approach cross-sectional study.  
Frontiers in Endocrinology (2024) 14: 1332406 (14 p.) DOI: 10.3389/fendo.2023.1332406  
IF 3.9 (2023)

**6654**

ABDULLAH S., MUKHERJEE S., SHWETA., DEBNATH B.,  
The prevention of multi-drug resistance in cancers through the application of nanotechnology-based targeted delivery systems for combination therapies involving traditional Chinese medicine.  
Pharmacological Research - Modern Chinese Medicine (2024) 10: 100386 (15 p.) DOI: 10.1016/j.prmcm.2024.100386 IF- (2023)

**6655**

WĄCHALSKA M., RIEPE C., ŚLUSARZ M.J., GRAUL M., BOROWSKI Ł.S., QIAO W., FOLTYŃSKA M., CARETTE J.E., BIEŃKOWSKA-SZEWczyk K., SZCZĘŚNY R.J., KOPITO R.R., LIPIŃSKA A.D.,  
The herpesvirus UL49.5 protein hijacks a cellular C-degron pathway to drive TAP transporter degradation.  
Proceedings of the National Academy of Sciences USA (2024) 121(11): e2309841121 (11 p.) DOI: 10.1073/pnas.2309841121  
IF 9.4 (2023)

**6656**

PIOTROWSKA J., NIEMIRO A., SIEŃKO M., OLSZAK M., SALAMAGA H., WAWRZYŃSKA A., SIRKO A.,  
Generation and characterization of single and multigene *Arabidopsis thaliana* mutants in LSU1-4 (RESPONSE TO LOW SULFUR) genes.

Plant Science (2024) 343: 112063 (10 p.) DOI: 10.1016/j.plantsci.2024.112063

IF 4.2 (2023)

**6657**

BUGARA B., DURBAS M., KUDRYCKA M., MALINOWSKA A., HORWACIK I., ROKITA H.,  
Silencing of the PHLDA1 leads to global proteome changes and differentiation pathways of human neuroblastoma cells.

Frontiers in Pharmacology (2024) 15: 1351536 (16 p.) DOI: 10.3389/fphar.2024.1351536

IF 4.4 (2023)

**6658**

GRZESIAK J., ROGALA M.M., GAWOR J., KOUŘILOVÁ X., OBRUČA S.,  
Polyhydroxyalkanoate involvement in stress-survival of two psychrophilic bacterial strains from the High Arctic.

Applied Microbiology and Biotechnology (2024) 108(1): 273 (14 p.) DOI: 10.1007/s00253-024-13092-8

IF 3.9 (2023)

**6659**

SZCZEPAŃSKA A., OLEK K., KOŁODZIEJSKA K., YU J., IBRAHIM A.T., ADAMKIEWICZ L., SCHROEDER F.C., POKRZYWA W., TUREK M.,

Pheromone-based communication influences the production of somatic extracellular vesicles in *C. elegans*.

Nature Communications (2024) 15(1): 2715 (19 p.) DOI: 10.1038/s41467-024-47016-x (2023)

IF 14.7 (2023)

**6660**

LESZCZYŃSKA J., SZCZEPANKOWSKA A.K., MAJAK I., MAŃKOWSKA D., SMOLIŃSKA B., ŚCIESZKA S., DIOWSZ A., CUKROWSKA B., ALEKSANDRZAK-PIEKARCZYK T.,

Reducing Immunoreactivity of Gluten Peptides by Probiotic Lactic Acid Bacteria for Dietary Management of Gluten-Related Diseases.

Nutrients (2024) 16(7): 976 (14 p.) DOI: 10.3390/nu16070976

IF 4.8 (2023)

**6661**

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

Loss-of-function mutations are main drivers of adaptations during short-term evolution.

Scientific Reports (2024) 14(1): 7128 (8 p.) DOI: 10.1038/s41598-024-57694-8

IF 3.8 (2023)

**6662**

KOPCZYŃSKA J., KOWALCZYK M.,

The potential of short-chain fatty acid epigenetic regulation in chronic low-grade inflammation and obesity.

Frontiers in Immunology (2024) 15: 1380476 (20 p.) DOI: 10.3389/fimmu.2024.1380476

IF 5.7 (2023)

**6663**

WAWRZYŃSKA A., SIRKO A.,

Sulfate Availability and Hormonal Signaling in the Coordination of Plant Growth and Development.

International Journal of Molecular Sciences (2024) 25(7): 3978 (21 p.) DOI: 10.3390/ijms25073978

IF 4.9 (2023)

**6664**

JASTRZĄB R., TOMECKI R., JURKIEWICZ A., GRACZYK D., SZCZEPANKOWSKA A.K., MYTYCH J., WOLMAN D., SIEDLECKI P.,

The strain-dependent cytostatic activity of *Lactococcus lactis* on CRC cell lines is mediated through the release of arginine deiminase.

Microbial Cell Factories (2024) 23(1): 82 (20 p.) DOI: 10.1186/s12934-024-02345-w

IF 4.3 (2023)

**6665**

SZCZUPAJ G., WÓJCIK J., EJCHART A., NOWAKOWSKI M.,

NMR studies of complex formation between natural cyclodextrins and benzene.

Journal of Inclusion Phenomena and Macrocyclic Chemistry (2024) 104: 129–136 DOI: 10.1007/s10847-024-01222-8

IF 1.7 (2023)

**6666**

MACIAK K., JURKIEWICZ A., STROJNY W., ADAMOWICZ-SALACH A., ROMISZEWSKA M., JACKOWSKA T., KWIECIŃSKA K., POZNAŃSKI J., GÓRA M., BURZYŃSKA B.,

PKLR mutations in pyruvate kinase deficient Polish patients: Functional characteristics of c.101-1G > A and c.1058delAAG variants.

Blood Cells Molecules and Diseases (2024) 107: 102841 (6 p.) DOI: 10.1016/j.bcmd.2024.102841

IF 2.1 (2023)

**6667**

RYMASZEWSKI W., GISKA F., PIECHOCKI M.A., ZEMBEK P.B., KRZYMOWSKA M.,

Formation of HopQ1:14-3-3 complex in the host cytoplasm modulates nuclear import rate of *Pseudomonas syringae* effector in *Nicotiana benthamiana* cells.

Frontiers in Plant Science (2024) 15: 1335830 (8 p.) DOI: 10.3389/fpls.2024.1335830

IF 4.1 (2023)

**6668**

ZHANG D., CZAPIŃSKA H., BOCHTLER M., WŁODAWER A., LUBKOWSKI J.,

RrA, an enzyme from *Rhodospirillum rubrum*, is a prototype of a new family of short-chain L-asparaginases.

Protein Science (2024) 33(4): e4920 (19 p.) DOI: 10.1002/pro.4920

IF 4.5 (2023)

**6669**

GIERMASIŃSKA-BUCZEK K., GAWOR J., STEFAŃCZYK E., GAĞAŁA U., ŻUCHNIEWICZ K., REKOSZ-BURLAGA H., GROMADKA R., ŁOBOCKA M.,

Interaction of bacteriophage P1 with an epiphytic *Pantoea agglomerans* strain-the role of the interplay between various mobilome elements.

Frontiers in Microbiology (2024) 15: 1356206 (18 p.) DOI: 10.3389/fmicb.2024.1356206

IF 4.0 (2023)

**6670**

DZIEDZIC A., MICHLEWSKA S., JÓŹWIĄK P., DĘBSKI J., KARBOWNIK M.S., ŁACZMAŃSKI Ł., KUJAWA D., GLIŃSKA S., MILLER E., NIWALD M., KLOC M., BALCERZAK Ł., SALUK J.,

Quantitative and structural changes of blood platelet cytoskeleton proteins in multiple sclerosis (MS).

Journal of Autoimmunity (2024) 145: 103204 (22 p.) DOI: 10.1016/j.jaut.2024.103204

IF 7.9 (2023)

**6671**

MIELECKI D., DETMAN A., ALEKSANDRZAK-PIEKARCZYK T., WIDOMSKA M., CHOJNACKA A., STACHURSKA-SKRODZKA A., WALCZAK P., GRZESIUK E., SIKORA A.,

Unlocking the genome of the non-sourdough *Kazachstania humilis* MAW1: insights into inhibitory factors and phenotypic properties.

Microbial Cell Factories (2024) 23(1): 111 (24 p.) DOI: 10.1186/s12934-024-02380-7

IF 4.3 (2023)

**6672**

BOROWSKA-BESZTA M., SMOKTUNOWICZ M., HOROSZKIEWICZ D., JOŃCA J., WALERON M.M., GAWOR J., MIKA A., ŚLEDZIŃSKI T., WALERON K., WALERON M.,  
Comparative genomics, pangenomics, and phenomic studies of *Pectobacterium betavascularum* strains isolated from sugar beet, potato, sunflower, and artichoke: insights into pathogenicity, virulence determinants, and adaptation to the host plant.  
Frontiers in Plant Science (2024) 15: 1352318 (30 p.) DOI: 10.3389/fpls.2024.1352318  
IF 4.1 (2023)

**6673**

MAZGAJ R., LIPIŃSKI P., STARZYŃSKI R.,  
Iron Supplementation of Pregnant Sows to Prevent Iron Deficiency Anemia in Piglets: A Procedure of Questionable Effectiveness.  
International Journal of Molecular Sciences (2024) 25(7): 4106 (14 p.) DOI: 10.3390/ijms25074106  
IF 4.9 (2023)

**6674**

GHIOTTO G., DETMAN-IGNATOWSKA A., CHOJNACKA A., ORELLANA E., DE BERNARDINI N., FRAULINI S., TREU L., SIKORA A., CAMPANARO S.,  
Decipher syntrophies within C2-C4 organic acids-degrading anaerobic microbiomes: A multi-omic exploration.  
Chemical Engineering Journal (2024) 489: 151390 (12 p.) DOI: 10.1016/j.cej.2024.151390  
IF 13.3 (2023)

**6675**

HABICH M., ZIELENKIEWICZ P., PĄCZEK L., SZCZĘSNY P.,  
Correlation of gestational age and age at death in sudden infant death syndrome: another pointer to the role of critical developmental period?  
BMC Pediatrics (2024) 24(1): 259 (7 p.) DOI: 10.1186/s12887-024-04712-3  
IF 2.0 (2023)

**6676**

WIELKOPOLAN B., SZABELSKA-BERĘSEWICZ A., GAWOR J., OBRĘPALSKA-STĘPŁOWSKA A.,  
Cereal leaf beetle-associated bacteria enhance the survival of their host upon insecticide treatments and respond differently to insecticides with different modes of action.  
Environmental Microbiology Reports (2024) 16(2): e13247 (15 p.) DOI: 10.1111/1758-2229.13247  
IF 3.6 (2023)

**6677**

BARUA D., PŁECHA M., MUSZEWSKA A.,  
A minimal Fanconi Anemia complex in early diverging fungi.  
Scientific Reports (2024) 14(1): 9922 ( 15 p.) DOI: 10.1038/s41598-024-60318-w  
IF 3.8 (2023)

**6678**

BŁASZCZYK M., LUKS B., PĘTLICKI M., PUCZKO D., IGNATIUK D., LASKA M., JANIA J., GŁOWACKI P.,  
High temporal resolution records of the velocity of Hansbreen, a tidewater glacier in Svalbard.  
Earth System Science Data (2024) 16(4): 1847-1860 DOI: 10.5194/essd-16-1847-2024  
IF 11.2 (2023)

**6679**

ŻYGOWSKA J., ORLIKOWSKA M., ZHUKOV I., BAL W., SZYMAŃSKA A.,  
Copper interaction with cystatin C: effects on protein structure and oligomerization.  
FEBS Journal (2024) 291(9): 1974-1991 DOI: 10.1111/febs.17092  
IF 5.5 (2023)

**6680**

HELBRECHT I., HEITER D., YANG W., VINCZE T., HANNEMAN A., LUTZ T., ETTWILLER L., BOCHTLER M., XU S-Y.,  
Characterization of winged helix domain fusion endonucleases as N6-methyladenine-dependent type IV  
restriction systems.

Frontiers in Microbiology (2024) 15: 1286822 (19 p.) DOI: 10.3389/fmicb.2024.1286822

IF 4.0 (2023)

**6681**

FERENC K., MARCINKOWSKI M., OLSZEWSKI J., KOWALCZYK P., PILŹYS T., GARBICZ D., DIB N., ŚWIDERSKA B.,  
MATYBA P., GAJEWSKI Z., GRZESIUK E., ZABIELSKI R.,

The proteomic profile is altered but not repaired after bariatric surgery in type 2 diabetes pigs.

Scientific Reports (2024) 14(1): 10235 (18 p.) DOI: 10.1038/s41598-024-60022-9

IF 3.8 (2023)

**6682**

BOCHTLER M.,

X-rays, electrons, and neutrons as probes of atomic matter.

Structure (2024) 32(5): 630-643.e6 DOI: 10.1016/j.str.2024.01.015

IF 4.4 (2023)

**6683**

GAWRYŚ-KOPCZYŃSKA M., SZUDZIK M., SAMBOROWSKA E., KONOP M., CHABOWSKI D., ONYSZKIEWICZ M.,  
UFNAŁ M.,

Spontaneously hypertensive rats exhibit increased liver flavin monooxygenase expression and elevated plasma  
TMAO levels compared to normotensive and Ang II-dependent hypertensive rats.

Frontiers in Physiology (2024) 15: 1340166 (9 p.) DOI: 10.3389/fphys.2024.1340166

IF 3.2 (2023)

**6684**

BALCERAK A., SZAFRON L.A., RUBEL T., ŚWIDERSKA B., BONNA A.M., KONARZEWSKA M., SOŁTYSZEWSKI I.,  
KUPRYJAŃCZYK J., SZAFRON Ł.M.,

A Multi-Faceted Analysis Showing CRNDE Transcripts and a Recently Confirmed Micropeptide as Important  
Players in Ovarian Carcinogenesis.

International Journal of Molecular Sciences (2024) 25(8): 4381 (28 p.) DOI: 10.3390/ijms25084381

IF 4.9 (2023)

**6685**

PERYCZ M., DĄBROWSKI M.J., JARDANOWSKA-KOTUNIAK M., ROURA A-J., GIELNIEWSKI B., STĘPNIAK K.,  
DRAMINIŃSKI M., CIECHOMSKA I.A., KAMIŃSKA B., WOJTAS B.,

Comprehensive analysis of the REST transcription factor regulatory networks in IDH mutant and IDH wild-type  
glioma cell lines and tumors.

Acta Neuropathologica Communications (2024) 12(1): 72 (29 p.) DOI: 10.1186/s40478-024-01779-y

IF 6.2 (2023)

**6686**

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

E3 ubiquitin ligase RNF2 protects polymerase iota from destabilization.

Biochimica et Biophysica Acta-Molecular Cell Research (2024) 1871(5): 119743 (14 p.) DOI:  
10.1016/j.bbamcr.2024.119743

IF 4.6 (2023)

**6687**

ROMAN M., PÍŠKOVÁ A., SANDERSON D.C.W., CRESSWELL A.J., BULÍNOVÁ M., POKORNÝ M., KAVAN J., JENNINGS  
S.J.A., LIRIO J.M., NEDBALOVÁ L., SACHEROVÁ V., KOPALOVÁ K., GLASSER N.F., NÝVLT D.,

The Late Holocene deglaciation of James Ross Island, Antarctic Peninsula: OSL and <sup>14</sup>C-dated multi-proxy  
sedimentary record from Monolith Lake.

Quaternary Science Reviews (2024) 333: 108693 (17 p.) DOI: 10.1016/j.quascirev.2024.108693

IF 3.2 (2023)

**6688**

KODZIK N., CIERESZKO A., SZCZEPKOWSKA B., MALINOWSKA A., DIETRICH M.A.,  
Comparative proteomic analysis of the ovarian fluid and eggs of Siberian sturgeon.  
BMC Genomics (2024) 25(1): 451(18 p.) DOI: 10.1186/s12864-024-10309-y  
IF 3.5 (2023)

**6689**

CHOJNACKA A., SUT-LOHMANN M., JONCZAK J., BANASIEWICZ J., DETMAN-IGNATOWSKA A., SIKORA A.,  
An Evaluation of Long-Term Contaminated Soil from a Manufactured Gas Plant for in Situ Biodegradation  
Potential and as a Source of Ferrocyanide-Degrading Bacteria.  
Water Air and Soil Pollution (2024) 235: 342 (13 p.) DOI: 10.1007/s11270-024-07157-7  
IF 3.8 (2023)

**6690**

TEMPES A., BOGUSZ K., BRZOZOWSKA A., WĘŚLAWSKI J., MACIAS M., TKACZYK O., ORZOŁ K., LEW A., CAŁKA-  
KRESA M., BERNAS T., SZCZEPANKIEWICZ A.A., MŁOSTEK M., KUMARI S., LISZEWSKA E., MACHNICKA K., BAKUN  
M., RUBEL T., MALIK A.R., JAWORSKI J.,  
Autophagy initiation triggers p150Glued-AP-2beta interaction on the lysosomes and facilitates their transport.  
Cellular and Molecular Life Sciences (2024) 81(1): 218 (25 p.) DOI: 10.1007/s00018-024-05256-6  
IF 6.2 (2023)

**6691**

ROSZCZYK A., ZYCH M., SOŁDACKI D., ZAGOŹDŻON R., KNIOTEK M.J.,  
Reference values of lymphocyte subsets from healthy Polish adults.  
Central European Journal of Immunology (2024) 49(1): 26 - 36 DOI: 10.5114/ceji.2024.136371  
IF 1.5 (2023)

**6692**

PAWŁOWSKI P.H., ZIELENKIEWICZ P.,  
The role of electric charge in SARS-CoV-2 and other viral infections.  
AIMS Biophysics (2024) 11(2): 166-188 DOI: 10.3934/biophy.2024011  
IF 1.1 (2023)

**6693**

BOJARSKA J., ŁYCZKO K., MIECZKOWSKI A.,  
Novel Salts of Heterocyclic Polyamines and 5-Sulfosalicylic Acid: Synthesis, Crystal Structure, and Hierarchical  
Supramolecular Interactions.  
Crystals (2024) 14(6): 497 (23 p.) DOI: 10.3390/cryst14060497  
IF 2.4 (2023)

**6694**

SANTONOCETO G., JURKIEWICZ A., SZCZĘSNY R.J.,  
RNA degradation in human mitochondria: the journey is not finished.  
Human Molecular Genetics (2024) 33(R1): R26-R33 DOI: 10.1093/hmg/ddae043  
IF 3.1 (2023)

**6695**

MASANTA S., WIĘSYK A., PANJA CH., PILCH S., CIEŚLA J., SIPKO M., DE A., ENKHBAATAR T., MAŚLANKA R.,  
SKONECZNA A., KUCHARCZYK R.,  
Fmp40 ampylase regulates cell survival upon oxidative stress by controlling Prx1 and Trx3 oxidation.  
Redox Biology (2024) 73: 103201 (19 p.) DOI: 10.1016/j.redox.2024.103201  
IF 10.7 (2023)

**6696**

LEND A R., ZHUKOVA L., OŻYHAR A., BYSTRANOWSKA D.,  
Deciphering the dual nature of nesfatin-1: a tale of zinc ion's Janus-faced influence.  
Cell Communication and Signaling (2024) 22(1): 298 (25 p.) DOI: 10.1186/s12964-024-01675-x  
IF 8.2 (2023)

**6697**

KRYSIK M., WĘGRZYN A., KOWALEWSKA Ł., KULIK A., OSTASZEWSKA-BUGAJSKA M., MAZUR J., GARSTKA M.,  
MAZUR R.,  
Light-independent pathway of STN7 kinase activation under low temperature stress in runner bean (*Phaseolus  
coccineus* L.).  
BMC Plant Biology (2024) 24(1): 513 (17 p.) DOI: 10.1186/s12870-024-05169-3  
IF 4.3 (2023)

**6698**

WÓDZ K., PIECHOWICZ L., TOKARSKA-PIETRZAK E., GAWOR J., GROMADKA R., BEŁKOT Z., STRZAŁKOWSKA Z.,  
WIŚNIEWSKI J., NOWAK T., BOGDAN J., ANUSZ K., PŁAWIŃSKA-CZARNAK J.,  
Does *Salmonella diarizonae* 58:r:z53 Isolated from a Mallard Duck Pose a Threat to Human Health?  
International Journal of Molecular Sciences (2024) 25(11): 5664 (16 p.) DOI: 10.3390/ijms25115664  
IF 4.9 (2023)

**6699**

AHSAN N., KATAYA A.R.A., RAO R.S.P., SWATEK K.N., WILSON R.S., MEYER L.J., TOVAR-MENDEZ A., STEVENSON  
S., MASZKOWSKA J., DOBROWOLSKA G., YAO Q., XU D., THELEN J.J.,  
Decoding Arabidopsis thaliana CPK/SnRK Superfamily Kinase Client Signaling Networks Using Peptide Library and  
Mass Spectrometry.  
Plants-Basel (2024) 13(11): 1481 (17 p.) DOI: 10.3390/plants13111481  
IF 4.0 (2023)

**6700**

ROMAN M., NÝVLT D., DAVIES B.J., BRAUCHER R., JENNINGS S.J.A., BRÉŽNÝ M., GLASSER N.F., HAMBREY M.J.,  
LIRIO J.M., RODÉS A., ASTER TEAM  
Accelerated retreat of northern James Ross Island ice streams (Antarctic Peninsula) in the Early-Middle Holocene  
induced by buoyancy response to postglacial sea level rise.  
Earth and Planetary Science Letters (2024) 641: 118803 (18 p.) DOI: 10.1016/j.epsl.2024.118803  
IF 4.8 (2023)

**6701**

BOŹEK D., PLENZLER J., GREŃ K.,  
History of female Polish pioneers and expeditioners in polar regions.  
Polish Polar Research (2024) 45(2): 151–165 DOI: 10.24425/ppr.2024.150022  
IF 0.9 (2023)

**6702**

SZEWCZUK W., SZEWCZUK O., CZAJKOWSKI K., GROMADKA R., MAN Y-G., WAŁĘDZIAK M., SEMCZUK A.,  
Methylation of the Selected TP53 Introns in Advanced-Stage Ovarian Carcinomas.  
Journal of Cancer (2024) 15(13): 4040-4046 DOI: 10.7150/jca.94945  
IF 3.3 (2023)

**6703**

WEZYNFELD N.E., SUDZIK D., TOBOLSKA A., MAKAROVA K., STEFANIAK E., FRĄCZYK T., WAWRZYŃIAK U.E., BAL  
W.,  
The angiotensin metabolite his-leu is a strong copper chelator forming highly redox active species.  
Inorganic Chemistry (2024) 63: 12268–12280 DOI: 10.1021/acs.inorgchem.4c01640  
IF 4.3 (2023)

**6704**

SZCZEPANKOWSKA A.K., ŁOBOCKA M.,

Exploring the role of phage plasmids in gene transfers.

Trends in Genetics (2024) 40(7): 555-557 DOI: 10.1016/j.tig.2024.04.011

IF 13.7 (2023)

**6705**

TYMOSZEWSKA A., ALEKSANDRZAK-PIEKARCZYK T.,

Badania nad mechanizmami działania i rozwoju oporności na bakteriocyny klasy II u bakterii Gram-dodatnich.

Postępy Biochemii (2024) 70(2): 266-278 DOI: 10.18388/pb.2021\_517 IF - (2023)

**6706**

KOTUNIAK R., SUDZIK D.Z., UFNALSKA I.M., BAL W.,

Nobody's Perfect: Choice of the Buffer and the Rate of Cu<sup>2+</sup> Ion-Peptide Interaction.

Inorganic Chemistry (2024) 63(26): 12323-12332 DOI:10.1021/acs.inorgchem.4c01797

IF 4.3 (2023)

**6707**

BROUZE M., CZARNOCKA-CIECIURA A., GEWARTOWSKA O., KUSIO-KOBIĄŁKA M., JACHACY K., SZPILA M., TARKOWSKI B., GRUCHOTA J., KRAWCZYK P., MROCZEK S., BORSUK E., DZIEMBOWSKI A.,

TENT5-mediated polyadenylation of mRNAs encoding secreted proteins is essential for gametogenesis in mice.

Nature Communications (2024) 15(1): 5331 (20 p.) DOI: 10.1038/s41467-024-49479-4

IF 14.7 (2023)

**6708**

KOPIJ G., KIEŻUN M., GUDELSKA M., DOBRZYŃ K., ZARZECKA B., RYTELEWSKA E., ZAOBIDNA E., ŚWIDERSKA B., MALINOWSKA A., RAK A., KAMIŃSKI T., SMOLIŃSKA N.,

Visfatin impact on the proteome of porcine luteal cells during implantation.

Scientific Reports (2024) 14(1): 14625 (16 p.) DOI: 10.1038/s41598-024-65577-1

IF 3.8 (2023)

**6709**

NYNCA J., BOBE J., KRÓL J., LJUBOBRATOVIĆ U., PALIŃSKA-ŻARSKA K., MALINOWSKA A., ŚWIDERSKA B., ŻARSKI D.,

Early postovulatory aging reveals the first proteomic markers of egg quality in pikeperch.

Aquaculture (2024) 593: 741270 (11 p.) DOI: 10.1016/j.aquaculture.2024.741270

IF 3.9 (2023)

**6710**

ŁAZOWSKI K., WOODGATE R., FIJAŁKOWSKA I.J.,

Escherichia coli DNA replication: the old model organism still holds many surprises.

FEMS Microbiology Reviews (2024) 48(4): fuae018 (28 p.) DOI: 10.1093/femsre/fuae018

IF 10.1 (2023)

**6711**

NOWAK MARCIN M., NIEMCZYK M., GOŁĘBIEWSKI S., PĄCZEK L.,

Influence of xanthine oxidase inhibitors on all-cause mortality in adults: A systematic review and meta-analysis.

Cardiology Journal (2024) 31(3): 479-487 DOI: 10.5603/cj.97807

IF 2.5 (2023)

**6712**

CUSICK A., FUDALA K., STOROŻENKO P.P., ŚWIEŻEWSKI J., KALETA J., OOSTHUIZEN W.CH., PFEIFER CH., BIALIK R.J.,  
Using machine learning to count Antarctic shag (*Leucocarbo bransfieldensis*) nests on images captured by remotely piloted aircraft systems.

Ecological Informatics (2024) 82: 102707 (9 p.) DOI: 10.1016/j.ecoinf.2024.102707

IF 5.9 (2023)

**6713**

LAX C., MONDO S.J., OSORIO-CONCEPCIÓN M., MUSZEWSKA A., CORROCHANO-LUQUE M., GUTIÉRREZ G., RILEY R., LIPZEN A., GUO J., HUNDLEY H., AMIREBRAHIMI M., NG V., LORENZO-GUTIÉRREZ D., BINDER U., YANG J., SONG Y., CÁNOVAS D., NAVARRO E., FREITAG M., GABALDÓN T., GRIGORIEV I.V., CORROCHANO L.M., NICOLÁS F.E., GARRE V.,

Symmetric and asymmetric DNA N6-adenine methylation regulates different biological responses in Mucorales. *Nature Communications* (2024) 15(1): 6066 (21 p.) DOI: 10.1038/s41467-024-50365-2

IF 14.7 (2023)

**6714**

GRABOWSKI Ł., CHOSZCZ M., WIŚNIEWSKA K., GAFFKE L., NAMIOTKO D., PODLACHA M., WĘGRZYN A., WĘGRZYN G., PIERZYNOWSKA K.,

Induction of the mitochondrial pathway of apoptosis by enrofloxacin in the context of the safety issue of its use in poultry.

*Apoptosis* (2024) 29(7-8): 1260-1270 DOI: 10.1007/s10495-024-01937-6

IF 6.1 (2023)

**6715**

CIEŚLAK D., KABELKA I., BARTUZI D.,

Molecular dynamics simulations in protein-protein docking.

Chapter 6 in: *Protein-Protein Docking, Methods in Molecular Biology*, Humana Press. Ed. Agnieszka A. Kaczor. ISBN 978-1-0716-3984-9, 2024, vol. 2780 p.91-106 DOI: 10.1007/978-1-0716-3985-6

**6716**

PIŁSYK S., PERLIŃSKA-LENART U., JANIK A., SKALMOWSKA P., ZNÓJ A., GAWOR J., GRZESIAK J., KRUSZEWSKA J.S.,

Native and alien antarctic grasses as a habitat for fungi.

*International Journal of Molecular Sciences* (2024) 25(15): 8475 (19 p.) DOI: 10.3390/ijms25158475

IF 4.9 (2023)

**6717**

SZAFRON L.A., IWANICKA-NOWICKA R., PODGÓRSKA A., BONNA A., SOBICZEWSKI P., KUPRYJAŃCZYK J., SZAFRON Ł.,

The clinical significance of CRNDE gene methylation, polymorphisms, and CRNDEP micropeptide expression in ovarian tumors.

*International Journal of Molecular Sciences* (2024) 25(14): 7531 (23 p.) DOI: 10.3390/ijms25147531

IF 4.9 (2023)

**6718**

MIŠKOVIĆ M.Z., WOJTYŚ M., WINIEWSKA-SZAJEWSKA M., WIELGUS-KUTROWSKA B., MATKOVIĆ M., JURAŠIN D.D., ŠTEFANIĆ Z., BZOWSKA A., AŠLER L.I.,

Location is everything: influence of his-tag fusion site on properties of adenylosuccinate synthetase from *Helicobacter pylori*.

*International Journal of Molecular Sciences* (2024) 25(14): 7613 (20 p.) DOI: 10.3390/ijms25147613

IF 4.9 (2023)

**6719**

STOLARSKI J., CORONADO I., POTOCKA M., JANISZEWSKA K., MAZUR M., BARONNET A., CRUZ A. J., GRAUBY O., MEIBOM A.,

Post-mortem recrystallization of biogenic amorphous calcium carbonate guided by the inherited macromolecular framework.

*Scientific Reports* (2024) 14: 17304 (10 p.) DOI: 10.1038/s41598-024-68037-y

IF 3.8 (2023)

**6720**

CIACH M.A., PAWŁOWSKA J., GÓRECKI P., MUSZEWSKA A.,

The interkingdom horizontal gene transfer in 44 early diverging fungi boosted their metabolic, adaptive, and immune capabilities.

Evolution Letters (2024) 8(4): 526–538 DOI: 10.1093/evlett/qrae009

IF 3.8 (2023)

**6721**

TOMECKI R., DRAŻKOWSKA K., MADAJ R., MAMOT A., DUNIN-HORKAWICZ S., SIKORSKI P.J.,

Expanding the available RNA labeling toolbox with CutA nucleotidyltransferase for efficient transcript labeling with purine and pyrimidine nucleotide analogs.

ChemBioChem (2024) 25(15): e202400202 (9 p.) DOI: 10.1002/cbic.202400202

IF 2.6 (2023)

**6722**

WŁODARSKI T., STREIT J.O., MITROPOULOU A., CABRITA L.D., VENDRUSCOLO M., CHRISTODOULOU J.,

Bayesian reweighting of biomolecular structural ensembles using heterogeneous cryo-EM maps with the cryoENsemble method.

Scientific Reports (2024) 14(1): 18149 (16 p.) DOI: 10.1038/s41598-024-68468-7

IF 3.8 (2023)

**6723**

KODZIK N., CIERESZKO A., JUDYCKA S., SŁOWIŃSKA M., SZCZEPKOWSKA B., ŚWIDERSKA B., DIETRICH M.A.,

Cryoprotectant-specific alterations in the proteome of Siberian sturgeon permatzoa induced by cryopreservation.

Scientific Reports (2024) 14(1): 17707 (24 p.) DOI: 10.1038/s41598-024-68395-7

IF 3.8 (2023)

**6724**

ZAŁEWSKA M., BŁAŻEJEWSKA A., GAWOR J., ADAMSKA D., GORYCA K., SZELĄG M., KALINOWSKI P., POPOWSKA M.,

The IncC and IncX1 resistance plasmids present in multi-drug resistant Escherichia coli strains isolated from poultry manure in Poland.

Environmental Science and Pollution Research (2024) 31(35) : 47727–47741 DOI: 10.1007/s11356-024-34283-w

IF - (2023)

**6725**

SITKIEWICZ I., BOREK A., GRYKO M., KARPIŃSKA A., KOZIŃSKA A., OBSZAŃSKA K., WILEMSKA-DZIADUSZYCKA J., WALORY J., BAŃSKA A., BELKIEWICZ K., FORYŚ M., GOŁĘBIEWSKA A., HRYNIEWICZ W., KADŁUBOWSKI M., KIEDROWSKA M., KLAROWICZ A., MATYNIA B., RONKIEWICZ P., SZCZYPA K., WAŚKO I., WAWSZCZAK M., WRÓBEL-PAWELCZYK I., ZIENIUK B.,

Epidemiology of Streptococcus pyogenes upper respiratory tract infections in Poland (2003–2017).

Journal of Applied Genetics (2024) 65: 635–644 DOI: 10.1007/s13353-024-00875-y

IF 2.0 (2023)

**6726**

ZHUKOV I., SIKORSKA E., ORLIKOWSKA M., GÓRNIOWICZ-LORENS M., KĘPCZYŃSKI M., JURCZAK P.,

DPPA as a potential cell membrane component responsible for binding amyloidogenic protein human cystatin C.

Molecules (2024) 29(15): 3446 (18 p.) DOI: 10.3390/molecules29153446

IF 4.2 (2023)

**6727**

BOJARSKA J., ŁYCZKO K., BREZA M., MIECZKOWSKI A.,

Recurrent supramolecular patterns in a series of salts of heterocyclic polyamines and heterocyclic dicarboxylic acids: synthesis, single-crystal X-ray structure, Hirshfeld surface analysis, energy framework, and quantum chemical calculations.

Crystals (2024) 14(8): 733 (20 p.) DOI: 10.3390/cryst14080733

IF 2.4 (2023)

**6728**

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

The molecular mechanisms that underlie IGHMBP2-related diseases.

Neuropathology and Applied Neurobiology (2024) 50(4): e13005 (13 p.) DOI: 10.1111/nan.13005

IF 4.0 (2023)

**6729**

ŁOPUSIŃSKA A., FARHAT M., CIEŚLA M.,

Functional suppression of a yeast *maf1* deletion mutant by overdose of the N-terminal fragment of the largest RNA polymerase III subunit, C160.

Gene (2024) 930: 148839 (7 p.) DOI: 10.1016/j.gene.2024.148839

IF 2.6 (2023)

**6730**

STASIAK-RÓŻAŃSKA L., BERTHOLD-PLUTA A., ALEKSANDRZAK-PIEKARCZYK T., KORYSZEWSKA-BAGIŃSKA A., GARBOWSKA M.,

Antimicrobial activity against *Cronobacter* of plant extracts and essential oils in a matrix of bacterial cellulose.

Polymers (2024) 16(16): 2316 (15 p.) DOI: 10.3390/polym16162316

IF 4.7 (2023)

**6731**

BERTHOLD-PLUTA A., STEFAŃSKA I., FORSYTHE S., ALEKSANDRZAK-PIEKARCZYK T., STASIAK-RÓŻAŃSKA L., GRABOWSKA M.,

Genomic analysis of *Cronobacter condimenti* s37: identification of resistance and virulence genes and comparison with other *Cronobacter* and closely related species.

International Journal of Molecular Sciences (2024) 25(16): 8622 (17 p.) DOI: 10.3390/ijms25168622

IF 4.9 (2023)

**6732**

SZCZEPANKOWSKA A.K., CUKROWSKA B., ALEKSANDRZAK-PIEKARCZYK T.,

Whole-genome sequencing and characterization of human fecal isolate *Lactocaseibacillus casei* LC130 from NORDBIOTIC collection.

Microbiology Resource Announcements (2024) 13(8): e00507-24 (3 p.) DOI: 10.1128/mra.00507-24

IF 0.7 (2023)

**6733**

SZCZEPANKOWSKA A.K., CUKROWSKA B., ALEKSANDRZAK-PIEKARCZYK T.,

Complete genome sequence of the probiotic *Lactocaseibacillus paracasei* LPC100 strain from the NORDBIOTIC collection isolated from a human fecal sample.

Microbiology Resource Announcements (2024) 13(8): e00344-24 (3 p.) DOI: 10.1128/mra.00344-24

IF 0.7 (2023)

**6734**

IWAŃSKA O., LATOCH P., KOPIK N., KOVALENKO M., LICHOCKA M., SERWA R., STAROSTA A.L.,

Translation in *Bacillus subtilis* is spatially and temporally coordinated during sporulation.

Nature Communications (2024) 15(1): 7188 (13 p.) DOI: 10.1038/s41467-024-51654-6

IF 14.7 (2023)

**6735**

ZAŁEWSKA M., BŁAŻEJEWSKA A., GAWOR J., ADAMSKA D., GORYCA K., SZELĄG M., KALINOWSKI P., POPOWSKA M.,

A newly identified *IncY* plasmid from multi-drug-resistant *Escherichia coli* isolated from dairy cattle feces in Poland.

Microbiology Spectrum (2024) 12(8): e00877-24 (14 p.) DOI: 10.1128/spectrum.00877-24

IF 3.7 (2023)

**6736**

KOSIOREK K., GRZESIAK J., GAWOR J., SAŁAŃSKA A., ALEKSANDRZAK-PIEKARCZYK T.,  
Polar-region soils as novel reservoir of lactic acid bacteria from the genus *Carnobacterium*.  
International Journal of Molecular Sciences (2024) 25: 9444 (22 p.) DOI: 10.3390/ijms25179444  
IF 4.9 (2023)

**6737**

GAD A.A.M., GÓRA-SOCHACKA A., SIRKO A.,  
Recombinant c-terminal catalytic domain of rat L-gulonolactone oxidase produced in bacterial cells is  
enzymatically active.  
Current Issues in Molecular Biology (2024) 46(8): 8958-8968 DOI: 10.3390/cimb46080529  
IF 2.8 (2023)

**6738**

GRABSKI M., GAWOR J., CEGŁOWSKA M., GROMADKA R., MAZUR-MARZEC H., WĘGRZYN G.,  
Genome mining of *Pseudanabaena galeata* CCNP1313 indicates a new scope in the search for antiproliferative  
and antiviral agents.  
Microorganisms (2024) 12(8): 1628 (17 p.) DOI: 10.3390/microorganisms12081628  
IF 4.1 (2023)

**6739**

WOJCIECHOWSKI M., CZAPIŃSKA H., KRZAWICZ J., RAFALSKI D., BOCHTLER M.,  
Cytosine analogues as DNA methyltransferase substrates.  
Nucleic Acids Research (2024) 52(15): 9267–9281 DOI: 10.1093/nar/gkae568  
IF 16.7 (2023)

**6740**

SZAFRAN K., RAFALSKI D., SKOWRONEK K., WOJCIECHOWSKI M., KAZRANI A.A., GILSKI M., XU S.-Y., BOCHTLER M.,  
Structural analysis of the Bsl family of modification dependent restriction endonucleases.  
Nucleic Acids Research (2024) 52(15): 9103–9118 DOI: 10.1093/nar/gkae634  
IF 16.7 (2023)

**6741**

STĘPIEŃ K., ENKHBAATAR T., KULA-MAXIMENKO M., JURCZYK Ł., SKONECZNA A., MOŁOŃ M.,  
Restricting the level of the proteins essential for the regulation of the initiation step of replication extends the  
chronological lifespan and reproductive potential in budding yeast.  
Biogerontology (2024) 25: 859–881 DOI: 10.1007/s10522-024-10113-x  
IF 4.4 (2023)

**6742**

TYMOSZEWSKA A., ALEKSANDRZAK-PIEKARCZYK T.,  
Subclass IId bacteriocins targeting mannose phosphotransferase system - Structural diversity and implications  
for receptor interaction and antimicrobial activity.  
PNAS Nexus (2024) 3(9): pgae381 (13 p.) DOI: 10.1093/pnasnexus/pgae381  
IF 3.0 (2023)

**6743**

PANASIUK A., GIC-GRUSZA G., KORCZAK-ABSHIRE M.,  
Availability to predators and a size structure of the Antarctic krill *Euphausia superba* in the 48.1 CCAMLR subarea.  
Scientific Reports (2024) 14(1): 21538 (14 p.) DOI: 10.1038/s41598-024-72895-x  
IF 3.8 (2023)

**6744**

ZIELNIOK K., RUSINEK K., SŁYSZ A., LACHOTA M., BĄCZYŃSKA E., WIEWIÓRSKA-KRATA N., SZPAKOWSKA A., CIEPIELAK M., FORONCEWICZ B., MUCHA K., ZAGOŹDŻON R., POJDA Z.,  
3D-bioprinted co-cultures of glioblastoma multiforme and mesenchymal stromal cells indicate a role for perivascular niche cells in shaping glioma chemokine microenvironment.  
Cells (2024) 13(17): 1404 (25 p.) DOI:10.3390/cells13171404  
IF 5.1 (2023)

**6745**

OSEI-YEBOAH R., AMANKWAH S., BEGIER E., ADEDZE M., NYANZU F., APPIAH P., BOAKYE ANSAH J., CAMPBELL H., SATO R., JODAR L., GESSNER B.D., NAIR H.,  
Burden of respiratory syncytial virus (RSV) infection among adults in nursing and care homes: a systematic review.  
Influenza and Other Respiratory Viruses (2024) 18(9): e70008 (14 p.) DOI: 10.1111/irv.70008  
IF 4.3 (2023)

**6746**

PIĄTKOWSKI J., KOŹLUK K., GOLIK P.,  
Mitochondrial transcriptome of *Candida albicans* in flagranti - direct RNA sequencing reveals a new layer of information.  
BMC Genomics (2024) 25(1): 860 (20 p.) DOI: 10.1186/s12864-024-10791-4  
IF 3.5 (2023)

**6747**

GROCHOWSKI M., LIPIŃSKA-ZUBRYCKA L., TOWNSEND StJ., GOLISZ-MOCYDLARZ A., ZAKRZEWSKA-PŁACZEK M., BRZYŻEK G., JURKOVIĆ B., ŚWIEŻEWSKI S., RALSER M., MAŁECKI M.,  
Uridylation regulates mRNA decay directionality in fission yeast.  
Nature Communications (2024) 15(1): 8359 (12 p.) DOI: 10.1038/s41467-024-50824-w  
IF 14.7 (2023)

**6748**

LIPUT K.P., LEPCZYŃSKI A., POŁAWSKA E., OGŁUSZKA M., STARZYŃSKI R., URBAŃSKI P., NAWROCKA A., JOŃCZY A., PIERZCHAŁA D., PAREEK C.S., GOŁYŃSKI M., WOŹNIAKOWSKI G., CZARNIK U., PIERZCHAŁA M.,  
Murine hepatic proteome adaptation to high-fat diets with different contents of saturated fatty acids and linoleic acid :  $\alpha$ -linolenic acid polyunsaturated fatty acid ratios.  
Journal of Veterinary Research (2024) 68(3): 427-441 DOI: 10.2478/jvetres-2024-0041  
IF 1.3 (2023)

**6749**

BOCHTLER M.,  
Protein memory?  
Bioessays (2024) 46(9): 2400162 (2 p.) DOI: 10.1002/bies.202400162  
IF 3.2 (2023)

**6750**

AJIJAH N., FIODOR A., KAZIMIERCZUK K., URBANIAK M., ENOW E., STASIUK R., STĘPIEŃ Ł., DZIEWIT Ł., PRANAW K.,  
Pseudomonas protegens ML15 and Trichoderma koningiopsis Tr21 co-culture: A potent strategy for suppressing Fusarium cerealis infections in wheat through augmented antifungal metabolite production.  
Biological Control (2024) 198: 105621 (11 p.) DOI: 10.1016/j.biocontrol.2024.105621  
IF 3.7 (2023)

**6751**

GŁOGOWSKA-SZELAĞ J., PALKA-KISIELOWSKA I., PORAWSKA W., BIERŁA J.B., SZCZEPANKOWSKA A.K., ALEKSANDRZAK-PIEKARCZYK T., CUKROWSKA B.,  
The effect of *Lactocaseibacillus paracasei* LPC100 and *Lactiplantibacillus plantarum* LP140 on bone mineral density in postmenopausal women: a multicenter, randomized, placebo-controlled study.  
*Journal of Clinical Medicine* (2024) 13(19): 5977 (14 p.) DOI: 10.3390/jcm13195977  
IF 3.0 (2023)

**6752**

PAWŁOWSKI P.H., ZIELENKIEWICZ P.,  
Determining the identity nucleotides and the energy of binding of tRNAs to their aminoacyl-tRNA synthetases using a simple logistic model.  
*Life-Basel* (2024) 14(10): 1328 (36 p.) DOI: 10.3390/life14101328  
IF 3.2 (2023)

**6753**

RAKHMETULLINA A., ZIELENKIEWICZ P., ODOLCZYK N.,  
Peptide-based inhibitors of protein - protein interactions (PPIs): a case study on the interaction between SARS-CoV-2 spike protein and human angiotensin-converting enzyme (hACE2).  
*Biomedicines* (2024) 12(10): 2361 (13 p.) DOI: 10.3390/biomedicines12102361  
IF 3.9 (2023)

**6754**

SLAVINSKA A., KOWALCZYK M., KIRKLIAUSKIENĖ A., VIZUJE G., SIEDLECKI P., BIKULČIENE J., TAMOŠIŪNIENE K., PETRUTIENĖ A., KUISIENE N.,  
Genetic characterization of *Neisseria meningitidis* isolates recovered from patients with invasive meningococcal disease in Lithuania.  
*Frontiers in Cellular and Infection Microbiology* (2024) 14: 1432197 (17 p.) DOI: 10.3389/fcimb.2024.1432197  
IF 4.6 (2023)

**6755**

WENDA J.M., DRZEWICKA K., MULICA P., TETAUD E., DI RAGO J.-P., GOLIK P., ŁABĘDZKA-DMOCH K.,  
*Candida albicans* PPR proteins are required for the expression of respiratory Complex I subunits.  
*Genetics* (2024) 228(2): iyae124 (16 p.) DOI: 10.1093/genetics/iyae124  
IF 3.4 (2023)

**6756**

ZUTTON S., SENGER B., PANJA CH., FRIANT S., KUCHARCZYK R., BECKER H.D.,  
Monitoring mitochondrial localization of dual localized proteins using a Bi-Genomic Mitochondrial-Split-GFP.  
Chapter 5 in: *Methods in Enzymology. Mitochondrial Translocases. Part A*, Ed. by Nils Wiedemann, ISBN 978-0-443-29330-6, Elsevier (2024) 706: 75-95, DOI: 10.1016/bs.mie.2024.07.028  
IF - (2023)

**6757**

PRZYBYLSKI W., JAWORSKA D., KRESA P., OSTROWSKI G., PŁECHA M., KORSAK D., DEREWIĄKA D., ADAMCZAK L., SIEKIERKO U., PAWŁOWSKA J.,  
Fungal biostarter and bacterial occurrence of dry-aged beef: the sensory quality and volatile aroma compounds after 21 days of aging.  
*Applied Sciences-Basel* (2024) 14(19): 9053 (14 p.) DOI: 10.3390/app14199053  
IF 2.5 (2023)

**6758**

KURZYNA J.M., KOPIASZ R.J., PAUL M., FLONT M., BARANOWSKA P., MIERZEJEWSKA J., DRĘŻEK K., TOMASZEWSKI W., JASTRZĘBSKA E., JAŃCZEWSKI D.,  
Unlocking the potential: PEGylation and molecular weight reduction of ionenes for enhanced antifungal activity and biocompatibility.  
*Macromolecular Bioscience* (2024) 24(9): 2400032 (11 p.) DOI: 10.1002/mabi.202400032  
IF 4.4 (2023)

**6759**

CZARNECKA A., CHMIEL P., SOBCZUK P., SPAŁEK M.J., SZUMERA-CIEĆKIEWICZ A., BARTNIK E., ZDZIENICKI M., ŚWITAJ T., DUDZISZ-ŚLEDŹ M., RUTKOWSKI P.,  
Clear cell sarcoma from diagnosis and multidisciplinary treatment to clinical trials.  
Oncology in Clinical Practice (2024) 20(5): 327-342 DOI: 10.5603/ocp.98279  
IF 0.3 (2023)

**6760**

GAD A.A.M., SIRKO A.,  
L-gulon- $\gamma$ -lactone oxidase, the key enzyme for L-ascorbic acid biosynthesis.  
Current Issues in Molecular Biology(2024) 46(10): 11057–11074 DOI: 10.3390/cimb46100657  
IF 2.8 (2023)

**6761**

DROHOMIRECKA A., WAŚ J., SITKIEWICZ E., ŚWIDERSKA B., LUTYŃSKA A., RYWIK T., ZIELIŃSKI T.,  
Exercise-induced proteomic profile changes in patients with advanced heart failure.  
Biomedicines (2024) 12(10): 2267 (14 p.) DOI: 10.3390/biomedicines12102267  
IF 3.9 (2023)

**6762**

GRZESIUŁ M., GRABSKA M., MALINOWSKA A., ŚWIDERSKA B., GRZESIUŁ E., GARBICZ D., GÓRECKI A.,  
Daphnia stress response to environmental concentrations of chloramphenicol - multi-omics approach.  
Environmental Science and Pollution Research (2024) 31: 58876–58888 DOI: 10.1007/s11356-024-35045-4  
IF - (2023)

**6763**

KOWALCZYK M., RADZIWIŁŁ-BIEŃKOWSKA J.M., MARĆ M.A., JASTRZĄB R., MYTYCH J., SIEDLECKI P., SZCZEPANKOWSKA A.K.,  
Screening for probiotic properties and potential immunogenic effects of lactobacilli strains isolated from various food products.  
Frontiers in Microbiology (2024) 15: 140582 (12 p.) DOI: 10.3389/fmicb.2024.1430582  
IF 4.0 (2023)

**6764**

SZAFRON L.A., IWANICKA-NOWICKA R., SOBICZEWSKI P., KOBŁOWSKA M., DANSONKA-MIESZKOWSKA A., KUPRYJAŃCZYK J., SZAFRON Ł.,  
The diversity of methylation patterns in serous borderline ovarian tumors and serous ovarian carcinomas.  
Cancers (2024) 16(20): 3524 (27 p.) DOI: 10.3390/cancers16203524  
IF 4.5 (2023)

**6765**

KOSTIUCHENKO O., LUSHNIKOVA I., SKIBO G.,  
The role of gut microbiota metabolites in the regeneration and protection of nervous tissue: a narrative review.  
Regenerative Medicine Reports (2024) 1(1): 12-30 DOI: 10.4103/REGENMED.REGENMED-D-24-00004  
IF - (2023)

**6766**

NIEMIRO A., JURCZEWSKI K., SIENKO M., WAWRZYŃSKA A., OLSZAK M., POZNAŃSKI J., SIRKO A.,  
LSU family members and NBR1 are novel factors that contribute to homeostasis of catalases and peroxisomes in Arabidopsis thaliana.  
Scientific Reports (2024) 14: 25412 (16 p.) DOI: 10.1038/s41598-024-76862-4  
IF 3.8 (2023)

**6767**

HAJNÝ J., TRÁVNÍČKOVÁ T., ŠPUNDOVÁ M., ROENSPIES M., RONY K.I.R.M., SACHAROWSKI S., KRZYSZTOŃ M., ZALABÁK D., HARDTKE CH.S., PEČINKA A., PUCHTA H., ŚWIEŻEWSKI S., NORMAN van J.M. , NOVÁK O.,  
Sucrose-responsive osmoregulation of plant cell size by a long non-coding RNA.  
Molecular Plant (2024) 17(11): 1719–1732 DOI: 10.1016/j.molp.2024.09.011  
IF 17.1 (2023)

**6768**

PEANA M., FRĄCZYK T., ZORODDU A.,  
Interplay of metal ions and posttranslational modifications in proteins.  
European Journal of Inorganic Chemistry (2024) 27(31): e202400175 (15 p.) DOI: 10.1002/ejic.202400175  
IF 2.2 (2023)

**6769**

SZCZEPANKOWSKA A.K., CUKROWSKA B., ALEKSANDRZAK-PIEKARCZYK T.,  
Complete genome sequence of a potentially probiotic cheese isolate *Lactiplantibacillus plantarum* LP140 from the Nordbiotic collection.  
Microbiology Resource Announcements (2024) 13(11): e00606-24 (3 p.) DOI: 10.1128/mra.00606-24  
IF 0.7 (2023)

**6770**

WERTHEIM-TYSAROWSKA K., OSIPOWICZ K., WOŹNIAK KATARZYNA, SAWICKA J., MIKA A., KUTKOWSKA-KAŻMIERCZAK A., NIEPOKÓJ K., SOBCZYŃSKA-TOMASZEWSKA A., DOMAŃSKI D., ET AL.  
Molecular analysis of inherited disorders of cornification in polish patients show novel variants and functional data and provokes questions on the significance of secondary findings.  
Orphanet Journal of Rare Diseases (2024) 19(1): 413 (14 p.) DOI: 10.1186/s13023-024-03395-4  
IF 3.4 (2023)

**6771**

SIMMONDS P., ADRIAENSSENS E.M., LEFKOWITZ E.J., OKSANEN H.M., SIDDELL S.G., ZERBINI F.M., ALFENAS-ZERBINI P., ŁOBOCKA M., ET AL.  
Changes to virus taxonomy and the ICTV Statutes ratified by the International Committee on Taxonomy of Viruses (2024).  
Archives of Virology (2024) 169(11): 236 (12 p.) DOI: 10.1007/s00705-024-06143-y  
IF 2.5 (2023)

**6772**

SHAHMORADI GHAHE S., DRABIKOWSKI K., STASIAK M., TOPF U.,  
Identification of a non-canonical function of prefoldin subunit 5 in proteasome assembly.  
Journal of Molecular Biology (2024) 436(23): 168838 (16 p.) DOI: 10.1016/j.jmb.2024.168838  
IF 4.7 (2023)

**6773**

JOPA S., WÓJCIK J., EJCHART A., NOWAKOWSKI M.,  
NMR methods for studying inclusion complexes focused on chiral hosts.  
Journal of Inclusion Phenomena and Macrocyclic Chemistry (2024) 104(11-12): 547–568 DOI: 10.1007/s10847-024-01251-3  
IF 1.7 (2023)

**6774**

BURCHIELLARO K., MIECZKOWSKI A.,  
Synthesis and applications of cyclonucleosides: an update (2010–2023).  
Molecular Diversity (2024) 28: 3427–3443 DOI: 10.1007/s11030-023-10740-5  
IF 3.9 (2023)

**6775**

NOWAK S., TOMCZAK P., KRAŚKIEWICZ A., WIĘCKOWSKI J., TOŁKACZ K., BARANOWSKA W., KASPRZAK A., MYSŁAJEK R.W.,

Wolf diet in the Notecka Forest, western Poland.

Wildlife Biology (2024) 6: e0112224 (9 p.) DOI: 10.1002/wlb3.01224

IF 1.7 (2023)

**6776**

BARTNIK M., PAWLIK W., BURZYŃSKA B., WASILEWSKI K., KAMIEŃSKA E., URASIŃSKI T.,

A novel pathogenic sense variant in exon 7 of the HK1 gene in a patient with hexokinase deficiency and Gilbert Syndrome.

Genes (2024) 15(12): 1576 (10 p.) DOI: 10.3390/genes15121576

IF 2.8 (2023)

**6777**

FILIPEK K., BLANCHET S., MOLESTAK E., ZACIURA M., CHIH-CHIEN WU C., HORBOWICZ-DROŻDŻAL P., GRELA P., ZALEWSKI M., KMIĘCIK S., GONZÁLEZ-IBARRA A., KROKOWSKI D., LATOCH P., STAROSTA A.L., ET AL.

Phosphorylation of P-stalk proteins defines the ribosomal state for interaction with auxiliary protein factors.

EMBO Reports (2024) 25: 5478 – 5506 DOI: 10.1038/s44319-024-00297-1

IF 6.5 (2023)

**6778**

SZCZEPANKOWSKA A.K., CUKROWSKA B., ALEKSANDRZAK-PIEKARCZYK T.,

Complete genome sequence of *Limosilactobacillus reuteri* LU150, a potential vitamin B12 producer from the NORDBIOTIC collection.

Microbiology Resource Announcements (2024) 13(12): e0080024 (3 p.) DOI: 10.1128/mra.00800-24

IF 0.7 (2023)

**6779**

HELWAK A., TUROWSKI T., SPANOS C., TOLLERVEY D.,

Roles of SNORD115 and SNORD116 ncRNA clusters during neuronal differentiation.

Nature Communications (2024) 15(1): 10427 (16 p.) DOI: 10.1038/s41467-024-54573-8

IF 14.7 (2023)

**6780**

MOSZCZUK B., ŻYCIŃSKA K., MUCHA K.,

Asymptomatic hyperuricemia: a nephro-rheumatological perspective.

Archivum Immunologiae et Therapiae Experimentalis (2024) 72(1): (13 p.) DOI: 10.2478/aite-2024-0024

IF 2.9 (2023)

**6781**

KOWALSKA P., MIERZEJEWSKA J., SKRZESZEWSKA P., WITKOWSKA A., OKSEJUK K., SITKIEWICZ E., KRAWCZYK M., ŚWIADEK M., GŁUCHOWSKA A., MARLICKA K., SOBIEPANIEK A., MILNER-KRAWCZYK M.,

Extracellular vesicles of *Janthinobacterium lividum* as violacein carriers in melanoma cell treatment.

Applied Microbiology and Biotechnology (2024) 108(1): 529 (18 p.) DOI: 10.1007/s00253-024-13358-1

IF 3.9 (2023)

**6782**

CZARNOCKA-CIECIURA A., POZNAŃSKI J., TURTOLA M., TOMECKI R., KRAWCZYK P.S., MROCZEK S., ORZEŁ W., SAHA U., JENSEN T.H., DZIEMBOWSKI A., TUDEK A.,

Modeling of mRNA deadenylation rates reveal a complex relationship between mRNA deadenylation and decay.

EMBO Journal (2024) 43(24): 6525-6554 DOI: 10.1038/s44318-024-00258-3

IF 9.5 (2023)

**6783**

AJIJAH N., FIODOR A., DZIEWIT Ł., PRANAW K.,

Biological amelioration of water stress in rapeseed (*Brassica napus* L.) by exopolysaccharides-producing *Pseudomonas protegens* ML15.

Physiologia Plantarum (2024) 176(6): e70012 (14 p.) DOI: 10.1111/ppl.70012

IF 5.4 (2023)

**6784**

PIOTROWSKA J., WAWRZYŃSKA A., OLSZAK M., KRZYSZTOŃ M., APODIAKOU A., ALSEEKH S., LOPEZ RAMOS J.M., HOEFGEN R., KOPRIVA S., SIRKO A.,

Analysis of the quadruple *lsu* mutant reveals molecular determinants of the role of LSU proteins in sulfur assimilation in *Arabidopsis*.

Plant Journal (2024) 120 (6): 2919–2936 DOI: 10.1111/tpj.17155

IF 6.2 (2023)

**6785**

MACISZEWSKI K., WILGA G., JAGIELSKI T., BAKUŁA Z., GAWOR J., GROMADKA R., KARNKOWSKA A.,

Reduced plastid genomes of colorless facultative pathogens *Prototheca* (Chlorophyta) are retained for membrane transport genes.

BMC Biology (2024) 22: 294 (13 p.) DOI: 10.1186/s12915-024-02089-4

IF 4.4 (2023)

**6786**

KUREK K., JĘDRZEJEWSKA B., GEWARTOWSKA O., TOŁKACZ K., MYSŁAJEK R.W.,

Factors Affecting Activity Patterns of the Whiskered Bat *Myotis mystacinus* (Kuhl, 1817) (Chiroptera: Vespertilionidae) in the Western Carpathians, Poland.

Acta Zoologica Bulgarica (2024) 76(4): 491–497 <http://www.acta-zoologica-bulgarica.eu/2024/002797>

IF 0.4 (2023)

**6787**

XAVIER J.C., MATEEV D., WILMOTTE A., PEÑA-AGUIRRE A., JUPE J., RAMOS-GARCÍA S., ABREU J., ALFONSO J.A., BADHE R., BECK I., BIALIK R., ET AL.

Education and outreach activities by the Antarctic Treaty Parties: topics and target audiences.

Antarctic Science (2024) 36(6): 514–523 DOI: 10.1017/S0954102024000257

IF 1.8 (2023)

**6788**

LATOSZEK M., BAGIŃSKA-DRABIUK K., ŚLEDZIEWSKA-GÓJSKA E., KANIAK-GOLIK A.,

PCNA and Rnh1 independently participate in the protection of mitochondrial genome against UV-induced mutagenesis in yeast cells.

Scientific Reports (2024) 14: 31017 (17 p.) DOI: 10.1038/s41598-024-82104-4

IF 3.8 (2023)

**6789**

GISKA F., RYMASZEWSKI W., LICHOCKA M., PIECHOCKI M., KWIATKOWSKI J., POZNAŃSKI J., GÓRECKA M., KRZYMOWSKA M.,

Noncanonical calcium binding motif controls folding of HopQ1, a *Pseudomonas syringae* type III secretion effector, in a pH-dependent manner.

Scientific Reports (2024) 14: 31796 (10 p.) DOI: 10.1038/s41598-024-82848-z

IF 3.8 (2023)

**6790**

ZIEMSKA-LEGIEĆKA J., JARNOT P., SZYMAŃSKA S., BŁASZCZYK D., STAŚCZAK A., LANGER-MACIOŁ H., LUCIŃSKA K., WIDZISZ K., JANAS A., SŁOWIK H., ŚLIWIŃSKA W., GRUCA A., GRYNBERG M.,

LCRAnnotationsDB: a database of low complexity regions functional and structural annotations.

BMC Genomics (2024) 25: 1251 (14 p.) DOI: 10.1186/s12864-024-10960-5

IF 3.5 (2023)

## ABSTRAKTY 2024

### 5227/A

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

Fucose - an overlooked sugar in fungal metabolism.

Fungal Genetics Conference FG32, Asilomar, United States of America, 12-17 March 2024

**Abstracts, oral presentation**

### 5228/A

KOSSAKOWSKI A., STECZKIEWICZ K., JANIK S., MUSZEWSKA A.,

LCR differ among fungal phyla and from proteome background.

2nd Symposium on the Basal Fungal Kingdom (part of Fungal Genetics Conference FG32), Asilomar, United States of America, 12 March 2024

**Abstracts, oral presentation**

### 5229/A

KOSSAKOWSKI A., STECZKIEWICZ K., JANIK S., MUSZEWSKA A.,

LCR differ among fungal phyla and from proteome background.

Fungal Genetics Conference FG32, Asilomar, United States of America, 12-17 March 2024

**Abstracts, poster**

### 5230/A

JONAK K., TOPF U.,

Age-dependent oxidation targets safeguarding proteostasis and lifespan.

EMBO Workshop: Developmental Circuits in aging, Nice, France, 9-12 April 2024

**Abstracts, poster**

### 5231/A

SETAYESHI S., MCINTYRE J.,

Towards identifying deacetylases affecting DNA polymerase  $\epsilon$ .

Third Annual Meeting of the ProteoCure COST Action, Warsaw, Poland, 7-10 May 2024

**Abstracts, poster**

### 5232/A

TURHAL E., MCINTYRE J.,

Uncovering the role of p300 acetyltransferase in the regulation of the cellular level of polymerase  $\epsilon$ .

Third Annual Meeting of the ProteoCure COST Action, Warsaw, Poland, 7-10 May 2024

**Abstracts, poster**

### 5233/A

SHAHMORADI GHAHE S., TOPF U.,

Pfd5, a subunit of the co-chaperone prefoldin, supports the biogenesis of 26S proteasome.

Ubiquitin & Friends Symposium 2024, Vienna, Austria, 2-3 May 2024

**Abstracts, flash talk and poster**

### 5234/A

SHAHMORADI GHAHE S., TOPF U.,

Pfd5, a subunit of the co-chaperone prefoldin, supports the biogenesis of 26S proteasome

Third Annual Meeting of the ProteoCure COST Action, Warsaw, Poland, 7-10 May 2024

**Abstracts, flash talk and poster**

### 5235/A

BARUA D., PŁECHA M., MUSZEWSKA A.,

Non-Dikarya fungi have mTOR instead of ScTOR pathway.

Mycorise Up! Youth in Mycology, 5th edition, Kraków, Poland, 25-26 May 2024

**Abstracts, oral presentation**

**5236/A**

KOSSAKOWSKI A., STECZKIEWICZ K., JANIK S., MUSZEWSKA A.,  
LCR in fungi display functional groups and are depleted in positively charged amino acids.  
Mycorise Up! Youth in Mycology, 5th edition, Kraków, Poland, 25-26 May 2024

**Abstracts, oral presentation**

**5237/A**

LIPUT K.P., GOŚCIŃSKA K., SHAHMORADI GHAHE S., STASIAK M., TOPF U.,  
The cytosolic ribosomal protein eL40 supports mitochondrial function.  
EMBO Workshop "Molecular biology of mitochondrial gene maintenance and expression", Józefów, Poland, 19-23 May 2024

**Abstracts, poster**

**5238/A**

MIKOŁAJCZYK J., TUROWSKI T.W.,  
Mapping of actively transcribing human RNA polymerase III reveals new regulatory elements in tRNA transcription.  
RNA Meeting 2024, Edinburgh, Great Britain, 28 May - 2 June 2024

**Abstracts, oral presentation**

**5239/A**

SIKORA A., DETMAN-IGNATOWSKA A., LAUBITZ D., CHOJNACKA A.,  
Dynamics and complexity of biohydrogen-producing microbial communities in static batch tests and continuously operating packed bed reactors.  
9th International Weigl Conference, Rzeszów, Poland, 27-29 June 2024

**Abstracts, oral presentation**

**5240/A**

AYODELE TAWAKALT A., KOSTIUCHENKO O., SAŁAŃSKI P., RADZIWIŁŁ-BIEŃKOWSKA J.M., ŁOBOCKA M., KOWALCZYK M.,  
Charakterystyka fenotypowa i probiogenomiczna szczepu Weissella cibaria IBB3394 wykazującego działanie potencjalnie prozdrowotne.  
Krokusowe XIV Sympozjum Naukowe "Probiotyki i Prebiotyki w Żywności", Kiry, Polska, 17-19 kwietnia 2024

**Abstrakty, prezentacja ustna**

**5241/A**

ZEMBEK P., OCHOA J.C., KRĘPSKI T., NOWAK D., KRZYMOWSKA M.,  
The butterfly effect: How Pseudomonas syringae HopBF1 effector evokes systemic changes in the host.  
10th International Conference on Pseudomonas syringae, Porto, Portugal, 4-7 June 2024

**Abstracts, oral presentation**

**5242/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?  
The 48th FEBS Congress, Milan, Italy, 29 June - 3 July 2024

**Abstracts, poster**

**5243/A**

GOWDA S., TOPF U.,  
Modulation of health span with repurposed drugs in aging nematodes.  
FEBS Open Bio (2024) 14 (supplement 2): 415-416 P-34-005 poster  
The 48th FEBS Congress, Milan, Italy, 29 June - 3 July 2024

**5244/A**

SZURMAK J., WILGA M., ĆWIEK P., STACHOWIAK M., SARNOWSKA E., SARNOWSKI T.J.,  
The significance of the malfunction of the chromatin remodeling machinery in clear cell renal cell carcinoma.  
FEBS Open Bio (2024) 14 (supplement 2): 250 P-25-007 poster  
The 48th FEBS Congress, Milan, Italy, 29 June - 3 July 2024

**5245/A**

ZIELENKIEWICZ U.,  
IBB laboratory sewage sedimentation tank metabiome.  
VIII Ogólnopolskie Sympozjum Mikrobiologiczne „Metagenomy Różnych Środowisk”, Lublin, Polska, 17-18 June 2024

**Abstracts, oral presentation**

**5246/A**

JONAK K., TOPF U.,  
Age-dependent oxidation targets safeguarding proteostasis and lifespan.  
Gordon Research Seminar on Systems Aging: Integrative Omic Methods to Measure Stochastic and Programmed Aspects of Aging, Barcelona, Spain, 1-2 June 2024

**Abstracts, poster**

**5247/A**

JONAK K., TOPF U.,  
Age-dependent oxidation targets safeguarding proteostasis and lifespan.  
Gordon Research Conference on Systems Aging: Systems Modeling, Aging Biomarkers and Longevity Interventions, Barcelona, Spain, 2-7 June 2024

**Abstracts, poster**

**5248/A**

NIKOLIĆ L., ESMAEELI MOGHADDAM TABALVANDANI M., MAZGAJ R., KWIATOS N., KEHLFIE T., WALDRON K.  
Does the activity of one metalloenzyme monomer influence the reactivity of the other monomer within a superoxide dismutase dimer?  
The 48th FEBS Congress, Milan, Italy, 29 June - 3 July 2024

**Abstracts, poster**

**5249/A**

SKONECZNA A., ENKHBAATAR T., SKONECZNY M., KOTER M., POZNAŃSKI J.,  
Posttranslational modification of Rad51 recombinase modulates its molecular function during DNA repair.  
Third Annual Meeting of the ProteoCure COST Action, Warsaw, Poland, 7-10 May 2024

**Abstracts, poster**

**5250/A**

SKONECZNA A., ENKHBAATAR T., SKONECZNY M.,  
The network of E3 ligases modulates yeast Rad51 recombinase's functions in recombinational repair of DNA damage.  
2nd Severo Ochoa Conference: Ligating the Ubiquitin Family: Physiology, Disease, and Future Directions, Bilbao, Spain, 24-25 June 2024

**Abstracts, poster**

**5251/A**

KLUEBSOONGNOEN J., JOZGHORBANI M., SAENSUWANNA A., SARNOWSKA E., SARNOWSKI T.J.,  
Potential inhibitory growth effect and BRM suppression via epidrugs in salivary gland adenoid cystic carcinoma (SACC).  
FEBS Open Bio (2024) 14 (supplement 2): 313 P-27-066 poster  
The 48th FEBS Congress, Milan, Italy, 29 June - 3 July 2024

**5252/A**

ŚWIDERSKA B., SAMBOROWSKA E.,

Spektrometria mas jako uniwersalne narzędzie w badaniu, diagnostyce i terapii chorób człowieka.

CePT platformą rozwoju innowacyjnej biomedycyny 2024, Warszawa, 8 marca 2024

**Abstrakty, prezentacja ustna**

**5253/A**

GRZESIAK M., KAMIŃSKA K., ŚWIDERSKA B., MALINOWSKA A.,

Insight into proteome of follicular fluid-derived extracellular vesicles following vitamin D3 and insulin treatment – an in vitro study on a pig model.

5th Jagiellonian Symposium on Advances in Particle Physics and Medicine, Kraków, Poland, 29 June - 7 July 2024

**Abstracts, oral presentation**

**5254/A**

JONAK M., GÓRECKA M., PAWŁOWSKI K., KRZYMOWSKA M.,

Does NAD<sup>+</sup> contribute to the function of HopAG1 effector?

10th International Conference on Pseudomonas syringae, Porto, Portugal, 4-7 June 2024

**Abstracts, poster presentation**

**5255/A**

PAPROCKI D., WINIEWSKA-SZAJEWSKA M., SPEINA E., KUCHARCZYK R., POZNAŃSKI J.,

Mitochondrial activity is affected by a new TBBt analogue, 5,6 diiodo 1H benzotriazole.

EMBO Workshop "Molecular biology of mitochondrial gene maintenance and expression", Józefów, Poland, 19-23 May 2024

**Abstracts, poster and oral presentation**

**5256/A**

DMOWSKI M.,

Impact of defective non-catalytic subunits of the replisome on genetic stability in yeast.

Gordon Research Conference - Mutagenesis, Waterville Valley, United States, 16-21 June 2024

**Abstracts, oral presentation**

**5257/A**

KOŁODZIEJSKA K., SZCZEPAŃSKA A., PUJOL N., TUREK M.,

Regulation of exopher formation in pathogen response.

European Worm Meeting 2024, Utrecht, the Netherlands, 1-3 July 2024

**Abstracts, poster**

**5258/A**

SALMONOWICZ H., GÓRECKI I., JASTRZĘBSKA A., SERWA R., STADNIK D., JONAK K., SZCZEPANKOWSKA K.,

Dynamics of the OXPHOS system in cellular senescence.

EMBO Workshop "Molecular biology of mitochondrial gene maintenance and expression", Józefów, Poland, 19-23 May 2024

**Abstracts, poster**

**5259/A**

JOZGHORBANI M., KLUEBSOONGNOEN J., SARNOWSKA E., SARNOWSKI T.J.,

The influence of metabolic substances treatment of salivary gland adenoid cystic carcinoma (SACC) cell line: to understand tumor development.

FEBS Open Bio (2024) 14 (supplement 2): 314 P-27-067 poster

The 48th FEBS Congress, Milan, Italy, 29 June - 3 July 2024

**5260/A**

KAWAŁEK A., DOMAŃSKA B., PADILLA-MARTINEZ L.F., CZEKAŁA W., POŚNIK F., ŻUCHNIEWICZ K., GAWOR J.,

Towards CRISPR interference based identification of Pseudomonas aeruginosa vulnerabilities to antibiotics.

New Approaches to Combat Antibiotic-Resistant Bacteria, Ascona, Switzerland, 9-13 June 2024

**Abstracts, poster**

**5261/A**

STEIN E., KWIATKOWSKA J., SZOŁAJSKA E., KÜHN U., KAMIENIARZ-GDULA K.,  
Optimization of insect cells culturing for purification of mammalian factors required for the pre-mRNA 3'-end maturation.

The 29th Annual Meeting of the RNA Society, Edinburgh, Scotland, 28 May - 2 June 2024

**Abstracts, poster**

**5262/A**

ŁABĘDZKA-DMOCH K., WENDA J.M., DRZEWICKA K., BUI T.H.D., MULICA P., GROCHOWSKA J., GROCHOWSKI M., KUŚ J., GOLIK P.,  
PPR proteins of *Candida albicans*.

EMBO Workshop "Molecular biology of mitochondrial gene maintenance and expression", Józefów, Poland, 19-23 May 2024

**Abstracts, poster**

**5263/A**

KAŁUSKI Ł., STEFAŃCZYK E., GŁOWACKA-RUTKOWSKA A., ULATOWSKA M., EMPEL J., ANIELSKA-MAZUR A., ORCZYKOWSKA-KOTYNA M., ŁOBOCKA M.,

Towards understanding phage-host interactions with the use of three different types of phages.

Viruses of Microbes 2024, Cairns, Australia, 15-19 July 2024

**Abstracts, poster**

**5264/A**

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

Bacterial metabolism of nitrogen in Arctic soils (Hornsund region, Svalbard) as a potential source of high nitrous oxide emission.

12th International Conference on Permafrost, Whitehorse (Yukon), Canada, 16-20 June 2024

**Abstracts, poster**

**5265/A**

AMANKWAH S., GŁOWACKA-RUTKOWSKA A., GAWOR J., ŁOBOCKA M.,

Long terminal repeat genes of Staphylococcal Twortvirinae – Comparative and functional analysis.

Viruses of Microbes 2024, Cairns, Australia, 15-19 July 2024

**Abstracts, poster**

**5266/A**

PAUL M., DETMAN A., CHOJNACKA A., LAUBITZ D., SCHIRO G., SAMBOROWSKA E., KARCZMARSKI J., JONCZAK J., SIKORA A.,

Analysis of the biochar impact on hydrogen production via dark fermentation.

IV Kongres Młodej Nauki, Gdańsk, Poland, 11-13 July 2024

**Abstracts, poster**

**5267/A**

JURCZEWSKI K., NIEMIRO A., SIEŃKO M., OLSZAK M., WAWRZYŃSKA A., SIRKO A.,

Role of selective autophagy in plant response to sulfur deficiency and constant light stress: insights into catalase regulation and peroxisome homeostasis.

34th International Conference on Arabidopsis Research (ICAR 2024), San Diego, USA, 15-19 July 2024

**Abstracts, poster**

**5268/A**

PAWLIK W., BARTNIK M., BURZYŃSKA B., WASILEWSKI K., KAMIENSKA E., URASIŃSKI T.,

Nowy patogenny wariant zmiany sensu w egzonie 7 w genie HK1 u pacjentki z zespołem Gilberta.

XII Zjazd Polskiego Towarzystwa Onkologii i Hematologii Dziecięcej, Crakow, Poland, 6-8 July 2024

**Abstracts, poster**

**5269/A**

PIOTROWSKA J., SIENKO M., OLSZAK M., WAWRZYŃSKA A., KRZYSZTOŃ M., SIRKO A.,  
Characterization of single and multiple Arabidopsis thaliana mutants in LSU (RESPONSE TO LOW SULFUR) genes.

34th International Conference on Arabidopsis Research (ICAR 2024), San Diego, USA, 15-19 July 2024

**Abstracts, poster**

**5270/A**

SUDZIK D., KOTUNIAK R., UFNALSKA I., BAL W.,

Effects of buffers on the rate of Cu<sup>2+</sup> coordination to GGH, and resulting guidelines for their usage in kinetic studies of Cu(II) complexes.

2nd Metal-Binding Peptides, Toulouse, France, 10-12 July 2024

**Abstracts, poster**

**5271/A**

UFNALSKA I., SZYMAŃSKA A., BAL W.,

Kinetic studies of Cu(II) binding by prion octarepeats.

Chemistry Towards Biology 2024 (CtB11), Kraków, Poland, 1-4 July 2024

**Abstracts, poster**

**5272/A**

UFNALSKA I., FRĄCZYK T., BAL W.,

Kinetics of Cu(II) interactions with hCtr1 model peptides.

2nd Metal-Binding Peptides, Toulouse, France, 10-12 July 2024

**Abstracts, oral presentation**

**5273/A**

MOHAN A., FRĄCZYK T., BAL W.,

Copper binding capacity of growth media and reliability of cell culture studies.

2nd Metal-Binding Peptides, Toulouse, France, 10-12 July 2024

**Abstracts, poster**

**5274/A**

KRATA N., TAŃSKA J., MOSZCZUK B., KNIOŁA E., FORONCEWICZ B., MUCHA K.,

Peroxisomal disorders, the potential predictor of eGFR decline in patients with IgA nephropathy.

Nephrology Dialysis Transplantation (2024) 39: 1992-1992, Supplement 1 Meeting Abstract 2809

61st Congress of European-Renal-Association (ERA), Stockholm, Sweden, 23-26 May 2024

**5275/A**

MUCHA K., STAROS R., FORONCEWICZ B., KAMIŃSKA D., RASZEJA-WYSZOMIRSKA J., DĘBSKA-ŚLIZIEŃ A.,

NAZARUK P., ZAŁUSKA W., OCHMAN M., KOSIERADZKI M., GRĄT M., DURLIK M.,

Risk and prognostic factors for post-transplantation lymphoproliferative disease in solid organ transplant recipients—a multicenter analysis.

Nephrology Dialysis Transplantation (2024) 39: 12694-12695, Supplement 1 Meeting Abstract 2992

61st Congress of European-Renal-Association (ERA), Stockholm, Sweden, 23-26 May 2024

**5276/A**

KAŁUSKI Ł., STEFAŃCZYK E., GŁOWACKA-RUTKOWSKA A., ULATOWSKA M., EMPEL J., ANIELSKA-MAZUR A.,

ORCZYKOWSKA-KOTYNA M., ŁOBOCKA M.,

Dwa nowe białka zwalczające systemy odporności Staphylococcus aureus wykorzystywane przez różne typy fagów.

III Sympozjum Bakteriofagowe, Gdańsk, Poland, 5-7 September 2024

**Abstracts, poster**

**5277/A**

KRUSZEWSKA J.S., PERLIŃSKA-LENART U., PIŁSYK S., JANIK A.,

Grzyby, złoty środek na problemy zielonego środowiska.

IV Ogólnopolska Konferencja Polskiego Towarzystwa Mykologicznego, Lublin, Poland, 20-22 September 2024

**Abstracts, invited lecture**

**5278/A**

PIOTROWSKA J., SIEŃKO M., OLSZAK M., WAWRZYŃSKA A., KRZYSZTOŃ M., SIRKO A.,

Characterization of single and multiple *Arabidopsis thaliana* mutants in LSU (RESPONSE TO LOW SULFUR) genes.

SBIO24. 3rd Plant and Human Sulfur Biology Meeting, Pont-a-Mousson, France, 8-12 September 2024

**Abstracts, poster**

**5279/A**

PIOTROWSKA J., WAWRZYŃSKA A., KRZYSZTOŃ M., OLSZAK K., APODIAKOU A., HOEFGEN R., LOPEZ RAMOS J.M., KOPRIVA S., SIRKO A.,

LSU proteins enhance sulfate assimilatory pathway flux in *arabidopsis thaliana*.

SBIO24. 3rd Plant and Human Sulfur Biology Meeting, Pont-a-Mousson, France, 8-12 September 2024

**Abstracts, oral presentation**

**5280/A**

RADKIEWICZ M., SAMBOROWSKA E., BZIKOWSKA-JURA A., MOŁAS A., VAN GOUDOEVER 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.,

Mleko kobiece - niemowlęcy super food i jego nieodkryty potencjał badawczy.

Jubileuszowa Konferencja Wyzwania Medycyny Laboratoryjnej - Współczesność, Spojrzenie w Przyszłość, Kraków, Polska, 20-21 September 2024

**Abstracts, oral presentation**

**5281/A**

OLSZAK M., WAWRZYŃSKA A., PIOTROWSKA J., JURCZEWSKI K., TARNOWSKI L., BRZYWCZY J., SIEŃKO M., KRČKOVA Z., MARTINEC J., SIRKO A.,

NBR1 modulates ABA-cytokinin crosstalk by targeting ABA-responsive transcription factors to autophagic degradation.

International Plant Proteostasis Conference, Vienna, Austria, 17-20 September 2024

**Abstracts, poster**

**5282/A**

FUDALA K., BIALIK R.,

Monitoring brown skua (*Stercorarius antarcticus*) foraging behaviour with tracking loggers during the breeding period at ASPA 128, King George Island.

11th SCAR Open Science Conference, Pucón, Chile, 19-23 August 2024

**Abstracts, poster**

**5283/A**

FUDALA K., CUSICK A., STOROŽENKO P.P., ŚWIEŻEWSKI J., KALETA J., OOSTHUIZEN W.CH., PFEIFER CH., BIALIK R.,

Application of the YOLOv6 model to automatically count Antarctic shag nests on aerial images.

11th SCAR Open Science Conference, Pucón, Chile, 19-23 August 2024

**Abstracts, oral presentation**

**5284/A**

WÓJCIK-DŁUGOBORSKA K.A., BIALIK R.,

Spectral and physical insights into glacial meltwater plumes near Zalewski Glacier: Unoccupied aerial vehicles revealed heterogeneous sediment dynamics.

11th SCAR Open Science Conference, Pucón, Chile, 19-23 August 2024

**Abstracts, poster**

**5285/A**

XAVIER J.C., MATEEV D., WILMOTTE A., AGUIRRE A.P., JUPE J., RAMOS-GARCÍA S., ABREU J., ALFONSO J.A., BADHE R., BECK I., BIALIK R., ET AL.

The role of education and outreach at the Antarctic Treaty Consultative Meetings: is science being used enough?

11th SCAR Open Science Conference, Pucón, Chile, 19-23 August 2024

**Abstracts, oral presentation**

**5286/A**

JURCZEWSKI K., OLSZAK M., NIEMIRO A., SIRKO A.,

LSU1, NBR1 and autophagy fine-tune catalase and peroxisome homeostasis in plant.

International Plant Proteostasis Conference 2024 Vienna (IPPC 2024), Vienna, Austria, 17-20 September 2024

**Abstracts, poster**

**5287/A**

WEZYNFELD N.E., BIEŃKOWSKA W., SUDZIK D., TOBOLSKA A., MAKAROVA K., STEFANIAK E., FRĄCZYK T., WAWRZYŃIAK U.E., BAL W.,

Small but mighty? Cu(II) complexes of the peptides with His-1, His-2, and His-3 motifs and their redox-related activity.

17th European Biological Inorganic Chemistry Conference, Münster, Germany, 25-29 August 2024

**Abstracts, poster**

**5288/A**

HAŁAS A., SZAFRANIEC M., FEDOROWICZ M., TURHAL E., SETAYESHI S., McINTYRE J.,

Regulation of polymerase iota - the most error prone human DNA polymerase.

The 9th Warsaw Conference On Perspectives of Molecular Oncology, Warsaw, Poland, 12-13 August 2024

**Abstracts, oral presentation**

**5289/A**

TURHAL E., McINTYRE J., SIEDLECKI P.,

p300-dependent regulation of polymerase iota cellular protein level.

7th DNA Polymerases Meeting, Warsaw, Poland, 28-31 August 2024

**Abstracts, poster**

**5290/A**

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

Regulation of the cellular level of polymerase iota.

7th DNA Polymerases Meeting, Warsaw, Poland, 28-31 August 2024

**Abstracts, oral presentation**

**5291/A**

SETAYESHI S., McINTYRE J.,

The identification of enzymes that deacetylate the DNA polymerase iota.

7th DNA Polymerases Meeting, Warsaw, Poland, 28-31 August 2024

**Abstracts, poster**

**5292/A**

MASANTA S., WIĘSYK A., PANJA CH., PILCH S., CIEŚLA J., SIPKO M., DE A., ENKHBAATAR T., MAŚLANKA R., SKONECZNA A., KUCHARCZYK R.,

Fmp40 ampylase regulates cell survival upon oxidative stress by controlling Prx1 and Trx3 oxidation.

REDOX BIOLOGY: A Paradigm of the Foundation of Life, The Fifth International Congress of Serbian Society for Mitochondrial and Free Radical Physiology, Belgrade, Serbia, 27-29 September 2024

**Abstracts, poster, oral presentation**

**5293/A**

KACZANOWSKI S.,

Testing the mitochondrial prey hypothesis of apoptosis origin.

10th Polish Evolutionary Conference, Białystok, Poland, 11-13 September 2024

**Abstracts, oral/selected presentation**

**5294/A**

OCHOA J.C., KRĘPSKI T., NOWAK D., ZEMBEK P., SOBCZAK M., KRZYMOWSKA M.,

Type three effector HopBF1 of *Pseudomonas syringae* induces systemic micronecroses in *Nicotiana benthamiana*.

EMBO Workshop. Cell death: Friend or foe in animal and plant immunity, Sant Feliu de Guíxols, Spain, 11 – 15 October 2024

**Abstracts, oral presentation**

**5295/A**

OCHOA J.C., KRĘPSKI T., NOWAK D., ZEMBEK P., SOBCZAK M., KRZYMOWSKA M.,

Type three effector HopBF1 of *Pseudomonas syringae* induces systemic micronecroses in *Nicotiana benthamiana*.

Plant Pathology 2024 (PPATH2024) and Early Careers Plant Pathology 2024, Oxford, United Kingdom, 10 - 13 September 2024

**Abstracts, poster**

**5296/A**

DMOWSKI M., KRASILIA A., CHAUDHRY D., FIJAŁKOWSKA I.J.,

Non-catalytic subunits of the replisome - genetic stability and cell cycle control.

9th Warsaw Conference on Perspectives of Molecular Oncology, Warsaw, Poland, 12-13 September 2024

**Abstracts, oral presentation**

**5297/A**

KRASILIA A., CHAUDHRY D., FIJAŁKOWSKA I.J., DMOWSKI M.,

Defective Dpb2 and Psf1 subunits of the replicative machinery influence the coordination of the cell cycle and DNA replication.

7th DNA Polymerases Meeting, Warsaw, Poland, 28-31 August 2024

**Abstracts, poster**

**5298/A**

DMOWSKI M., KRASILIA A., CHAUDHRY D., FIJAŁKOWSKA I.J.,

The CMGE helicase-polymerase complex is involved in coordinating DNA replication with the cell cycle and shaping genome stability in *Saccharomyces cerevisiae*.

7th DNA Polymerases Meeting, Warsaw, Poland, 28-31 August 2024

**Abstracts, oral presentation**

**5299/A**

DOMAŃSKA B., CZEKAŁA W., PADILLA-MARTINEZ L.F., POŚNIK F., ŻUCHNIEWICZ K., GAWOR J., KAWAŁEK A.,

Optimised CRISPR-interference system for analysis of *pseudomonas aeruginosa* essential gene functions.

The 18th Congress of the International Union of Microbiological Societies (IUMS), Florence, Italy, 23-25 October 2024

**Abstracts, eposter short presentation**

**5300/A**

SIKORA A., DETMAN-IGNATOWSKA A., SCHIRO G., LAUBITZ D., JARMAKIEWICZ S., FILIP R.,

Dynamics and metabolic activity of fecal microbiota from the patients with inflammatory bowel diseases in batch experiments.

IUMS 2024 - International Microbiological Societies Congress, Florence, Italy, 23-25 October 2024

**Abstracts, oral presentation**

**5301/A**

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

Unlocking the genome of the non-sourdough *Kazachstania humilis* maw1: insights into inhibitory factors and phenotypic properties.

IUMS 2024 - International Microbiological Societies Congress, Florence, Italy, 23-25 October 2024

**Abstracts, poster presentation**

**5302/A**

BARTOSIK A.A., SOBHANAKUMAR A.A., MODRZEJEWSKA-BALCEREK M.,

A novel factor involved in the control of a type III secretion system in *Pseudomonas aeruginosa*.

18th Congress of the International Union of Microbiological Societies, Florence, Italy, 23-25 October 2024

**Abstracts, poster**

**5303/A**

SOBHANAKUMAR A.A., SHWETA., BARTOSIK A.A.,

Studies on drug/metabolite transporters of *Pseudomonas aeruginosa*, an opportunistic human pathogen.

18th Congress of the International Union of Microbiological Societies, Florence, Italy, 23-25 October 2024

**Abstracts, poster**

**5304/A**

SHWETA., BARTOSIK A.A.,

Into deciphering the role of drug/metabolite transporters in *Pseudomonas aeruginosa*.

VIII Conference of Doctoral Students of the PAS KonDokPAN 2024, Warsaw, Poland, 11-13 October 2024

**Abstracts, oral presentation**

**5305/A**

SOBHANAKUMAR A.A., BARTOSIK A.A.,

Studies on drug/metabolite transporters of *Pseudomonas aeruginosa*, an opportunistic human pathogen.

VIII Conference of Doctoral Students of the PAS KonDokPAN 2024, Warsaw, Poland, 11-13 October 2024

**Abstracts, oral presentation**

**5306/A**

DROHOMIRECKA A., WAS JAKUB, SITKIEWICZ E., ŚWIDERSKA B., RYWIK T., LUTYŃSKA A., ZIELIŃSKI T.,

Exercise-induced proteomic profile changes in patients with advanced heart failure - a pilot study.

European Journal of Heart Failure (2024) 26 (supplement 2): 43-44 poster

Heart Failure 2024, Lisbon, Portugal, 11-14 May 2024

**5307/A**

PANJA CH., MASANTA S., WIĘSYK A., NIEDŹWIECKA K., CYSEWSKI D., MALINOWSKA A., KUCHARCZYK R.,

Fmp40 ampylase role in oxidative stress signaling in *S. cerevisiae*, mitochondrial ampylome.

Multifaced Mitochondria – Cell Symposium, Sitges, Spain, 27-29 October 2024

**Abstracts, poster**

**5308/A**

KRZYSZTOŃ M., MANJUNATH V.H., BRZEŹNIAK L., ŚWIEŻEWSKI S.,

Untangling transcriptional and posttranscriptional regulation during early seed germination.

Post-transcriptional Gene Regulation in Plants 2024, Banuyls-sur-mer, France, 3-5 September 2024

**Abstracts, oral presentation**

**5309/A**

ROGAŁA M.M., GRZESIAK J., GAWOR J., KOUŘILOVÁ X., OBRUČA S.,

Biotechnological potential of polyhydroxyacids produced by psychrophilic bacteria.

6th Scientific Meeting of the Polish Society of Medical Biology, Warsaw, Poland, 18 September 2024

**Abstracts, poster**

**5310/A**

TOŁKACZ K., KRETSCHMER M., NOWAK S., MYSŁAJEK R.W., AL-SARRAF M., WĘŻYK D., BAJER A.,  
The first report on *Hepatozoon canis* in dogs and wolves in Poland: clinical and epidemiological features.  
14th European Multicolloquium of Parasitology, Wrocław, Poland, 26-30 August 2024

**Abstracts, oral presentation**

**5311/A**

TOŁKACZ K., MIERZEJEWSKA E.J., JENNINGS S.J.A.,  
Spatial distribution and population structure of the seabird tick *Ixodes uriae* among Antarctic penguin colonies.  
Abstracts, oral presentation  
14th European Multicolloquium of Parasitology, Wrocław, Poland, 26-30 August 2024

**Abstracts, oral presentation**

**5312/A**

CHOJNACKA A., DETMAN-IGNATOWSKA A., SIKORA A., PAUL M., JONCZAK J.,  
Towards circular economy - fertilizing value of digestate from anaerobic digestion of molasses.  
Soil Science Days 2024 - Soil sustainability in the context of national and European initiatives, Liptovský Ján,  
Slovakia, 18-20 September 2024

**Abstracts, poster**

**5313/A**

CHOJNACKA A., DETMAN-IGNATOWSKA A., SIKORA A., PAUL M., JONCZAK J.,  
Effect of digestate after two-stage, H<sub>2</sub>, and CH<sub>4</sub> yielding anaerobic digestion on wheat germination.  
1st International Conference of Soil and Agriculture (ICSA), Nałęczów, Poland, 11-13 June 2024

**Abstracts, poster**

**5314/A**

CHOJNACKA A., DETMAN-IGNATOWSKA A., SIKORA A., PAUL M., JONCZAK J.,  
Fertilizer application of the digestate after a two-stage, hydrogen, and methane-yielding AD process - influence  
on activity of nitrogen-fixing bacteria.  
9th International symposium on the interactions of soil minerals with organic matter and microbes (ISMOM  
2024), Tsukuba, Japan, 15-20 October 2024

**Abstracts, poster**

**5315/A**

DETMAN-IGNATOWSKA A., CHOJNACKA A., SIKORA A., PAUL M.,  
Valorisation of sugar beet molasses towards gaseous biofuels and other bioproducts in one- and two-stage  
systems.  
The 18th Congress of the International Union of Microbiological Societies (IUMS), Florence, Italy, 23-25 October  
2024

**Abstracts, poster**

**5316/A**

BIŃKOWSKI R., ĆWIEK P., KUBALA S., STACHOWIAK M., STECIUK J., SARNOWSKA E., SARNOWSKI T.J.,  
VHHs against SS18SSX and EZH2 as a new potential tool in synovial sarcoma treatment.  
The 48th FEBS Congress - Mining biochemistry for human health and well-being, Milan, Italy, 29 June - 3 July  
2024

**Abstracts, poster**

**5317/A**

BIŃKOWSKI R., ĆWIEK P., KUBALA S., STACHOWIAK M., STECIUK J., SARNOWSKA E., SARNOWSKI T.J.,  
VHHs against SS18SSX and EZH2 as a new potential tool in synovial sarcoma treatment.  
The 9th Warsaw Conference on Perspectives of Molecular Oncology, Warsaw, Poland, 12-13 September 2024

**Abstracts, poster**

**5318/A**

SALMONOWICZ H., GÓRECKI I., JASTRZĘBSKA A., SERWA R., STADNIK D., JONAK K., SZCZEPANKOWSKA K.,  
The fate and quality control of the OXPHOS system in cellular senescence.  
EMBO Fellows' Meeting 2024, Heidelberg, Germany, 25-29 October 2024

**Abstracts, poster and oral presentation**

**5319/A**

JONAK K., TOPF U.,  
Age-dependent oxidation targets safeguarding proteostasis and lifespan.  
EMBO Fellows' Meeting 2024, Heidelberg, Germany, 25-29 October 2024

**Abstracts, poster and oral presentation**

**5320/A**

HAŁAS A., KRAWCZYK M., ŚLEDZIEWSKA-GÓJSKA E.,  
Mms2 is involved in regulation of Pol3 abundance in yeast cell.  
7th DNA Polymerases Meeting, Warsaw, Poland, 28-31 August 2024

**Abstracts, poster**

**5321/A**

HAŁAS A., KRAWCZYK M., ŚLEDZIEWSKA-GÓJSKA E.,  
The new Ubc13-independent role of Mms2 in control of the genetic stability.  
Third Annual Meeting of the ProteoCure COST Action 2024, Warsaw, Poland, 7-10 May 2024

**Abstracts, poster**

**5322/A**

LATOSZEK M., ŚLEDZIEWSKA-GÓJSKA E., KANIAK-GOLIK A.,  
A non-mutagenic replication bypass of UV-induced lesions in mtDNA by TLS polymerases depends on lysine 164 of PCNA.  
7th DNA Polymerases Meeting, Warsaw, Poland, 28-31 August 2024

**Abstracts, poster**

**5323/A**

MANJUNATH V.H., ŚWIEŻEWSKI S.,  
RNA storage in seeds.  
All India Botanical Conference on Biotic Curiosities and Functional diversity across Plant Kingdom in Climate Change Regime, CCS University, Meerut, India, 16-18 October 2024

**Abstracts, poster**

**5324/A**

SOKOŁOWSKA B., DYLEWSKA M., POZNAŃSKI J., MACIEJEWSKA A.,  
Biomodeling of molecular mechanisms of repair of acrolein adduct to adenine and its clinical significance.  
Molecular Basis of Pathology and Therapy in Neurological Disorders, Warsaw, Poland, 17-18 October 2024

**Abstracts, poster**

**5325/A**

LUBA M., DOMAŃSKI P., RUSETSKA N., ĆWIEK P., WILGA M., KUCHARZ J., WIECHNO P., SARNOWSKI T.J., SARNOWSKA E.,  
The PBRM1 gene mutation impacts the T cell infiltration in clear cell renal cell carcinoma (ccRCC).  
16th European Multidisciplinary Congress on Urological Cancers (EMUC), Lisbon, Portugal, 7-10 November 2024

**Abstracts, poster**

**5326/A**

BUDZIASZEK J., PILARCZYK-ŻUREK M., BIELECKA E., KURYŁEK A., KERN-ZDANOWICZ I., SITKIEWICZ I., KOZIEŁ J.,  
Inactivation of complement cascade by Streptococcus anginosus proteases.  
The 48th FEBS Congress - Mining biochemistry for human health and well-being, Milan, Italy, 29 June - 3 July 2024

**Abstracts, poster**

**5327/A**

WILGA M., ĆWIEK P., RUSETSKA N., GAJEWSKA W., MAASSEN A., KUBALA S., SZARKOWSKA J., SIEDLECKI J.A., SARNOWSKA E., SARNOWSKI T.J.,

Alterations in the expression and subcellular localization of the SWI/SNF chromatin remodeling complexes subunits and their potential clinical significance in clear cell renal cell carcinoma.

Abstracts, FEBS Open Bio, Vol.14: 72-72 Supp 2 SpT-25-2

The 48th FEBS Congress - Mining biochemistry for human health and well-being, Milan, Italy, 29 June - 3 July 2024

**5328/A**

THOU K., RZEPNIKOWSKA W., KABZIŃSKA D., KOCHAŃSKI A., ŻOŁĄDEK T., KAMIŃSKA J.,

Genetic and physical interaction of Vps13 lipid transporter with Rsp5 E3 ubiquitin ligase.

Third Annual Meeting of the ProteoCure COST Action, Warsaw, Poland, 7-10 May 2024

**Abstracts, poster**

**5329/A**

THOU K., RZEPNIKOWSKA W., KABZIŃSKA D., KOCHAŃSKI A., ŻOŁĄDEK T., KAMIŃSKA J.,

Genetic and physical interaction of Vps13 lipid transporter with Rsp5 E3 ubiquitin ligase.

The Endoplasmic Reticulum – Guardian of Cellular Homeostasis, Barga, Italy, 20-25 October 2024

**Abstracts, poster**

**5330/A**

KARSKA N., RODZIEWICZ-MOTOWIDŁO S., ZHUKOV I.,

Application 19F and paramagnetic resonance enhanced NMR measurements for structural analysis of the equine herpesvirus in DPC micelle.

Abstracts, Journal of Peptide Science (2024) 30 (Suppl 2) MA: 1079-P2.30

37th European Peptide Symposium and 14th International Peptide Symposium, Florence, Italy, 25-29 August 2024

**5331/A**

KOLOMIETS L., SZCZERBA P., ZHUKOV I., BAL W.,

The effect of interactions of the silver nanoparticles with the thiol groups presented in the protein surface: example of the EMAP II polypeptide.

Abstracts, FEBS Open Bio, Vol.14 (Suppl 2): 103 P-02-008

The 48th FEBS Congress - Mining biochemistry for human health and well-being, Milan, Italy, 29 June - 3 July 2024

**5332/A**

GOROSPEA M., CARVALHOA G., CURBELOA HERRERA A., MARCHHARTA L., NIEDŹWIECKA K., WANROOIJIA P.H.,

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

Abstracts, Biochimica et Biophysica Acta-Molecular Basis of Disease (2024) 1870 (8): 28-28 MA P39

Mitochondria in Aging, Cancer and Cell Death Conference, Coimbra, Portugal, 30 November - 2 December 2024

**5333/A**

MELNICHUK N., DRABIKOWSKI K., ZHUKOV I., TKACHUK Z.,

Inhibitory effect of oligoribonucleotides on interaction of SARS-CoV-2 Spike pseudotyped lentiviral particles with host cells.

Abstracts, FEBS Open Bio, Vol.14 (Suppl 2): 425 P-35-005

The 48th FEBS Congress - Mining biochemistry for human health and well-being, Milan, Italy, 29 June - 3 July 2024

**5334/A**

MIECZKOWSKI A., BURCHIELLARO K., DENEL-BOBROWSKA M., OLEJNICZAK A.B., WIŃSKA P., SPEINA E.,

W poszukiwaniu nowych nukleozydów o aktywności przeciwnowotworowej i przeciwwirusowej.

IV Warsztaty POL-OPENSREEN, Politechnika Łódzka, Łódź, Polska, 3-4 December 2024

**Abstracts, oral presentation**

**5335/A**

WŁODARSKI T.,

Computational exploration of ribosomal exit tunnel heterogeneity across all domains of life.

23rd European Conference on Computational Biology, Turku, Finland, 16-20 September 2024

**Abstracts, poster**

**5336/A**

WŁODARSKI T.,

Exploration of ribosomal exit tunnel heterogeneity across all domains of life.

Protein Folding on the Ribosome, Berlin, Germany, 15-18 December 2024

**Abstracts, poster**

**5337/A**

KORCZ O., WŁODARSKI T.,

Ribosomal protein eL39: sequence and structural variability and its role in protein co-translational folding.

Protein Folding on the Ribosome, Berlin, Germany, 15-18 December 2024

**Abstracts, poster**

**5338/A**

WŁODARSKI T.,

Co-translational protein folding in the light of ribosome evolution.

Simons Symposium: Challenges in Biomolecular Simulations, The Simons Center for Computational Physical Chemistry at NYU, New York, The United States of America, 6-8 June 2024

**Abstracts, lecture**

**5339/A**

KOŁODZIEJSKA B., PYZIK A., KOPCZYŃSKA J., KOWALCZYK M., KOLMAS J.,

Multi-component biocomposites enriched with silver ions and ciprofloxacin for potential use in wound healing.

Interdisciplinary Conference on Drug Sciences, ACCORD 2024, Warsaw, Poland, 23-25 May 2024

**Abstracts, poster**

**5340/A**

CHALIMONIUK J., GROMADZKA M., MIERZEJEWSKA M., ĆWIEK P., SARNOWSKI T.J., KUBALA S.,

BRM ATPase interplay with MINU1 and MINU2 ATPases is vital for organ-specific alternative RNA processing regulation in Arabidopsis.

34th International Conference of Arabidopsis Research (ICAR 2024), San Diego, USA, 13-19 July 2024

**Abstracts, poster**

**5341/A**

ĆWIEK P., STECIUK J., BIŃKOWSKI R., SZURMAK J., KUBALA S., KONOPIŃSKI R., STACHOWIAK M., BAJERSKI D., SARNOWSKA E., SARNOWSKI T.J.,

Nanobodies - a black horse in highly advanced technologies of the future.

Gliwice Scientific Meetings, Gliwice, Poland, 20-21 November 2024

**Abstracts, poster**

**5342/A**

ĆWIEK P., STECIUK J., BIŃKOWSKI R., SZURMAK J., KUBALA S., KONOPIŃSKI R., STACHOWIAK M., BAJERSKI D., SARNOWSKA E., SARNOWSKI T.J.,

Nanobodies - a black horse in highly advanced technologies of the future.

XIX. Myeloma and VII. Cell Therapy Workshop 2024, Ostrava, Czech, 10-11 October 2024

**Abstracts, poster, oral presentation**

**5343/A**

ĆWIEK P., STECIUK J., BIŃKOWSKI R., SZURMAK J., KUBALA S., KONOPIŃSKI R., STACHOWIAK M., BAJERSKI D., SARNOWSKA E., SARNOWSKI T.J.,

Nanobodies - a black horse in highly advanced technologies of the future.

XIX. Myeloma and VII. Cell Therapy Workshop 2024, Wrocław, Poland, 26-27 October 2024

**Abstracts, oral presentation**

**5344/A**

CHALIMONIUK J., GROMADZKA M., ĆWIEK P., MIERZEJEWSKA M., SARNOWSKI T.J., KUBALA S.,

BRM ATPase interplay with MINU1 and MINU2 ATPases is vital for in organ-specific alternative RNA processing regulation in Arabidopsis.

The 9th Warsaw Conference on Perspectives of Molecular Oncology, Warsaw, Poland, 12-13 September 2024

**Abstracts, poster**

**5345/A**

RYBKA M., MAZUREK Ł., SZUDZIK M., SAMBOROWSKA E., UFNAL M., KONOP M.

Modulation of osmolyte levels by ACE inhibitors and SGLT-2 inhibitors in normotensive rats.

Hypertension 81(Suppl 1) P300

American Heart Association's Hypertension 2024, Chicago, USA, 5-8 October 2024

**Abstracts, poster**

**5346/A**

GROMADZKA M., ĆWIEK P., CHALIMONIUK J., OKSIŃSKA P., SACHAROWSKI S., KUBALA S., SARNOWSKI T.J.,

The BAS, a SWI/SNF-type chromatin remodeling complex, affects organ-specific transcription start site choice in Arabidopsis.

34th International Conference of Arabidopsis Research (ICAR 2024), San Diego, USA, 13-19 July 2024

**Abstracts, poster, oral presentation**

**5347/A**

GROMADZKA M., ĆWIEK P., CHALIMONIUK J., OKSIŃSKA P., SACHAROWSKI S., KUBALA S., SARNOWSKI T.J.,

The BAS, a SWI/SNF-type chromatin remodeling complex, affects organ-specific transcription start site choice in Arabidopsis.

The 9th Warsaw Conference on Perspectives of Molecular Oncology, 12-13 September 2024

**Abstracts, poster**

**5348/A**

GROMADZKA M., ĆWIEK P., CHALIMONIUK J., OKSIŃSKA P., SACHAROWSKI S., KUBALA S., SARNOWSKI T.J.,

The BAS, a SWI/SNF-type chromatin remodeling complex, affects organ-specific transcription start site choice in Arabidopsis.

The 48th FEBS Congress, Milan, Italy, 29 June - 3 July 2024

**Abstract, poster**

**5349/A**

JOZGHORBANI M.,

Metabolic substances treatment induces salivary gland adenoid cystic carcinoma (SACC) progression.

The 9th Warsaw Conference on Perspectives of Molecular Oncology, Warsaw, Poland, 12-13 September 2024

**Abstracts, poster**

**5350/A**

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

Wykrywanie potencjalnych biomarkerów nowotworów trzustki: gruczolakoraka przewodowego i guza neuroendokrynnego z wykorzystaniem spektrometrii mas-badanie wstępne.

Wyzwania Medycyny Laboratoryjnej- współczesność, spojrzenie w przyszłość. 60-lecie PTDL, Kraków, Polska, 20-21.09.2024

**Abstracts, poster**

**5351/A**

GRECH-BARAN M., ŻURCZAK M., LICHOCKA M., PARKER J.E., KRZYMOWSKA M.,  
A new mechanism of HR termination triggered by the N receptor against TMV.  
Plant Pathology 2024, Oxford, England, 11-13 October 2024

**Abstracts, poster**

**5352/A**

GRECH-BARAN M.,  
NLR immune receptor architecture determines pathogen recognition at high temperatures.  
Autumn TSL Laboratory Symposium, Norwich, England, 3-5 November 2024

**Abstracts, invited lecture**

**5353/A**

SKONECZNY M.,  
in silico study on the prevalence of the PTS3-dependent peroxisome import pathway in the Fungi kingdom.  
9th Open European Peroxisome Meeting (OEPM 2024), Sant Feliu de Guíxols, Spain, 26-28 September 2024

**Abstracts, poster, oral presentation**

**5354/A**

KUCHARCZYK R.,  
Assembly-dependent translation of subunits 6 (Atp6) and 9 (Atp9) of ATP synthase in yeast mitochondria.  
EMBO Workshop "Molecular biology of mitochondrial gene maintenance and expression", Józefów, Poland, 19-23 May 2024

**Abstracts, lecture**

**5355/A**

GAWARECKA K., SURMACZ E., ŚWIEŻEWSKA E., AHN J.H.,  
Regulation of lipid bilayer composition as plausible flowering time regulation mechanism in *Arabidopsis thaliana*.  
2024 International Conference of Korean Society of Plant Biologists, Jeju, Korea, 2-5 November 2024

**Abstracts, poster**

**5356/A**

STECZKIEWICZ K., OZHELVACI F.,  
 $\alpha/\beta$ hydrolases: towards unraveling entangled classification.  
Gordon Research Conferences, Proteolytic Enzymes and Their Inhibitors, Il Ciocco, Italy, 9-14 June 2024

**Abstracts, poster**

**5357/A**

PUCHAŁA W., BURDUKIEWICZ M., KISTOWSKI M., DADLEZ M.,  
hadexversum: the family of HDX-MS tools.  
ISMB 2024, Montreal, Canada, 12-17 July 2024

**Abstracts, poster**

**5358/A**

PUCHAŁA W., BURDUKIEWICZ M., DADLEZ M.,  
hadexversum: tools for HDX-MS analysis.  
HUPO 2024, Dresden, Germany, 20-24 October 2024

**Abstracts, poster**

**5359/A**

DOMAŃSKA B., PADILLA-MARTINEZ L.F., CZEKAŁA W., POŚNIK F., ŻUCHNIEWICZ K., GAWOR J., KAWAŁEK A.,  
Analysis of antibiotic-essential gene interactions in *Pseudomonas aeruginosa* using CRISPRi-seq.  
International Biennial Pseudomonas Conference, Copenhagen, Denmark, 1-5 September 2024

**Abstracts, poster**

**5360/A**

CZEKAŁA W., DOMAŃSKA B., PADILLA-MARTINEZ L.F., POŚNIK F., ŻUCHNIEWICZ K., GAWOR A., KAWAŁEK A.,  
Application of CRISPRi in high-throughput analysis of *Pseudomonas aeruginosa* gene vulnerability to tobramycin.

The 18th Congress of the International Union of Microbiological Societies (IUMS 2024), Florence, Italy, 23 October 2024

**Abstracts, poster**

**5361/A**

ŁOBOCKA M., BEDNAREK A., GIERMASIŃSKA-BUCZEK K., GAWOR J., ŻUCHNIEWICZ K., SZCZEPANKOWSKA A.K.,  
Bakteriofag-plazmid P1 - wpływ na ewolucję bakterii i wykorzystanie w badaniach środowiskowego mobilomu.  
III Sympozjum Bakteriofagowe, Gdańsk, Polska, 5-9 września 2024

**Abstracts, oral presentation**

**5362/A**

JONAK K., TOPF U.,

Regulation of the ageing proteome by reversible thiol oxidation.

GRC Thiol-Based Redox Regulation and Signaling: Mechanisms and Consequences of Redox Signaling,  
Barcelona, Spain, 14-19 July 2024

**Abstracts, poster**

**5363/A**

ZADALI R.,

Functional analysis of Rps29 (uS14) in Yeast Ribosome assembly and stress response.

The complex life of RNA- EMBL Advanced Training Centre, Heidelberg, Germany, 15-18 October 2024

**Abstracts, poster**

**5364/A**

VLASOVA T., SNIHUR H., SHEVCHENKO T., VASHEKA O., SENYK I., KYRYCHENKO A.,

Detection of barley yellow dwarf virus-PAV in agrobiocenoses of Ukraine.

Abstracts, poster

V Scientific Conference of Young Researchers "Youth and Modern Problems of Microbiology and Virology", Kyiv, Ukraine, 19-20 November 2024

**5365/A**

KASPEROWICZ S., WERNER C., WINIEWSKA-SZAJEWSKA M., NIEFIND K., POZNAŃSKI J.,

Contribution of halogen bonding to protein-ligand interactions. A case of protein kinase CK2.

Abstracts

9th International Conference on Protein Kinase CK2, Münster, Germany, 9-12 September 2024

**5366/A**

KASPEROWICZ S., WERNER C., WINIEWSKA-SZAJEWSKA M., NIEFIND K., POZNAŃSKI J.,

Halogen Bond Contribution to the Gibbs Free Energy in a Well-defined Protein-ligand System.

Abstracts

6th International Symposium on Halogen Bonding, Dubrovnik, Croatia, 20 – 25 October 2024

**5367/A**

WINIEWSKA-SZAJEWSKA M., KASPEROWICZ S., WERNER C., NIEFIND K., POZNAŃSKI J.,

Thermodynamics of ligand binding at the ATP binding site of the catalytic subunit of pk CK2.

Abstracts

9th International Conference on Protein Kinase CK2, Münster, Germany, 9-12 September 2024

**5368/A**

WINIEWSKA-SZAJEWSKA M., KASPEROWICZ S., WERNER C., NIEFIND K., POZNAŃSKI J.,

Thermodynamic and Structural Studies on the Binding of Halogenated Ligands by CK2 $\alpha'$ . A Halogen bond Contribution for Different Halogen Atoms.

Abstracts

6th International Symposium on Halogen Bonding, Dubrovnik, Croatia, 20 – 25 October 2024

**5369/A**

PŁECHA M., SOKOŁOWSKA B., BARTCZAK J., SOBCZYK M., KOPERSKA D., KUŁAKOWSKA A., KOMOSA A., BARUA D., ORŁOWSKA M., OKRASIŃSKA A., PIŁSYK S., PAWŁOWSKA J., MUSZEWSKA A.,

Ancestral traits including sphingomyelin metabolism are present in Mucoromycota and point at a diversity of ceramide composition across fungal lineages.

Abstracts, poster

12th International Mycological Congress (IMC12), Maastricht, Netherlands, 11-15 August 2024

**5370/A**

KOSSAKOWSKI A., MUSZEWSKA A.,

Unraveling the unknown: New proteins in motility apparatus of flagellated fungi.

Abstracts, poster

12th International Mycological Congress (IMC12), Maastricht, Netherlands, 11-15 August 2024

**5371/A**

AVELAR-RIVAS J.A., GARCÍA-ORTEGA F.L., SEDEÑO I., SANTIAGO-GARDUÑO E., TELLINI N., LITI G., DELUNA A., MORALES L., MANCERA E.,

Recurrent hybridization-to-introgression cycles in a yeast population.

Abstracts, oral presentation

EMBO Workshop: Molecular Mechanisms in Evolution and Ecology, Heidelberg, Germany, 8 November 2024

**5372/A**

MAZGAJ R., ESMAEELI MOGHADDAM TABALVANDANI M., KWIATOS N., NIKOLIĆ L., CIOFI-BAFFONI S., PICCIOLI M., KEHL-FIE T., WALDRON K.

Metal Specificity, Protein Dynamics and Dimerization in the Superoxide Dismutases.

Abstracts, poster

17th European Biological Inorganic Chemistry Conference (EuroBIC-17), Münster, Germany, 25-29 July 2024

**5373/A**

OSTROWSKI G., JAWORSKA D., PŁECHA M., PRZYBYLSKI W., SAŁEK P., SAWICKI K., PAWŁOWSKA J.,

Protease production by cold adapted mucor flavus.

Abstracts, poster

12th International Mycological Congress (IMC12), Maastricht, Netherlands, 11-15 August 2024

**5374/A**

SŁOWIK Ł., PRZYBYLSKI W., JAWORSKA D., PŁECHA M., DUKACZEWSKA K., SAŁEK P., SAWICKI K., PAWŁOWSKA J., OSTROWSKI G.,

Tastier, better, cheaper, softer - use of mucor flavus in dry-aging of beef.

Abstracts, poster

12th International Mycological Congress (IMC12), Maastricht, Netherlands, 11-15 August 2024

**5375/A**

PAWŁOWSKA J., ABRAMCZYK B., DZIURZYŃSKI M., MUSZEWSKA A., OKRASIŃSKA A.,

Adaptive potential of mucoromycota - interacting bacteria.

Abstracts, talk

12th International Mycological Congress (IMC12), Maastricht, Netherlands, 11-15 August 2024

## ROZPRAWY HABILITACYJNE 2024

### 1152/N

MARUSIAK ANNA

Biogeneza niekodujących RNA kinazy MLK oraz ich znaczenie w progresji nowotworów i mechanizmach nabywania oporności na terapie przeciwnowotworowe.

MLK kinases and their role in cancer progression and mechanisms of resistance in cancer therapies.

Awarding of the degree of Doctor Habilitatus - January 30, 2024 Research done in The International Institute of Molecular Mechanisms and Machines Polish Academy of Sciences.

S.3770

### 1153/N

WALDRON KEVIN

Mechanizmy i ewolucja selektywności i specyficzności metali w metaloproteinach.

Mechanisms and evolution of metal selectivity and metal specificity in metalloproteins.

Awarding of the degree of Doctor Habilitatus - March 26, 2024 Research done in Institute of Biochemistry and Biophysics, Polish Academy of Sciences.

S.3771

### 1154/N

DMOWSKI MICHAŁ

Udział niekatalitycznych podjednostek kompleksu helikazy-polimerazy DNA  $\epsilon$  (CMGE) w kształtowaniu stabilności genomu *Saccharomyces cerevisiae*.

Contribution of non-catalytic subunits of the helicase-DNA polymerase  $\epsilon$  complex CMGE in shaping genome stability of *Saccharomyces cerevisiae*.

Awarding of the degree of Doctor Habilitatus - March 26, 2024 Research done in Institute of Biochemistry and Biophysics, Polish Academy of Sciences.

S.3772

### 1155/N

TUROWSKI TOMASZ

Biogeneza niekodujących RNA.

Biogenesis of non-coding RNA.

Awarding of the degree of Doctor Habilitatus - March 26, 2024 Research done in Institute of Biochemistry and Biophysics, Polish Academy of Sciences.

S.3773

### 1156/N

STEFANIAK FILIP

Metody bioinformatyczne w badaniu oddziaływań RNA z małowcząsteczkowymi ligandami.

Bioinformatics methods in the study of RNA interactions with small-molecule ligands.

Awarding of the degree of Doctor Habilitatus - April 23, 2024 Research done in Institute of Biochemistry and Biophysics, Polish Academy of Sciences.

S.3774

### 1157/N

TUDEK AGNIESZKA

Metabolizm ogonów poliadenozynowych końców 3' kodujących i niekodujących transkryptów u drożdży *Saccharomyces cerevisiae*.

Metabolism of polyadenosine tails of 3' coding and noncoding transcripts in the yeast *Saccharomyces cerevisiae*.

Awarding of the degree of Doctor Habilitatus - April 23, 2024 Research done in Institute of Biochemistry and Biophysics, Polish Academy of Sciences.

S.3775

**1158/N**

VASCOTTO CARLO

Molekularne podejścia do badania mitochondrialnej formy białka APE1: transport, aktywność enzymatyczna oraz rola w biologii nowotworu.

Molecular approaches to studying the mitochondrial form of the APE1 protein: transport, activity enzymatic activity and role in tumour biology.

Awarding of the degree of Doctor Habilitatus - October 22, 2024 Research done in The International Institute of Molecular Mechanisms and Machines Polish Academy of Sciences.

S.3776

**1159/N**

KOLIŃSKI MICHAŁ

Rozwijanie wieloskalowych metod modelowania molekularnego i wykorzystanie ich do badania złożonych układów białkowych.

Developing multi-scale molecular modelling methods and using them to study complex protein systems.

Awarding of the degree of Doctor Habilitatus - October 22, 2024 Research done in Mossakowski Medical Research Institute Polish Academy of Sciences.

S.3777

**ROZPRAWY DOKTORSKIE 2024****1160/N**

ANTONIUK-MAJCHRZAK JUSTYNA

Rola białek Swi6 i Rad51 w ochronie komórek przed niestabilnością genetyczną.

Role of Swi6 and Rad51 proteins in cell protection against genetic instability.

Presented January 9, 2024 Research done in Institute of Biochemistry and Biophysics Polish Academy of Sciences. Ph.D. Thesis Supervisor: dr hab. Adrianna Skoneczna [pol]

S.3778

**1161/N**

ŻURAWSKA MARTA

Opracowanie multipleksowego panelu białkowego z wykorzystaniem ukierunkowanej proteomiki do badania oporności na inhibitory CDK4/6 w raku piersi.

Development of a multiplexed protein panel using a targeted proteomics approach for the study of CDK4/6-inhibitor resistance in breast cancer.

Presented January 9, 2024 Research done in Institute of Biochemistry and Biophysics Polish Academy of Sciences. Ph.D. Thesis Supervisors: prof. dr hab. Michał Dadlez, dr Dominik Domański [ang]

S.3779

**1162/N**

GROCHOWSKA JOANNA

Analiza roli wybranych białek odpowiedzialnych za obróbkę i dojrzewanie mitochondrialnego RNA w regulacji poziomu dwuniciowego RNA w mitochondriach człowieka.

Analysis of the role of selected proteins responsible for the processing and maturation of mitochondrial RNA in the regulation of the level of double-stranded RNA in human mitochondria.

Presented January 11, 2024 Research done in Institute of Biochemistry and Biophysics Polish Academy of Sciences. Ph.D. Thesis Supervisors: dr hab. Roman Józef Szczęsny, dr Łukasz Borowski [pol]

S.3780

**1163/N**

BARANOWSKI BARTOSZ

Zaawansowane metody analizy otoczeń genomicznych do przewidywania funkcji nowych niezbadanych rodzin genów.

Advanced methods of analyzing genomic neighborhoods to provide function prediction for new, uncharacterized gene families.

Presented January 11, 2024 Research done in Institute of Biochemistry and Biophysics Polish Academy of Sciences. Ph.D. Thesis Supervisor: dr hab. Krzysztof Pawłowski [pol-ang]

S.3781

**1164/N**

BOGUSZ KAROLINA

Rola aktywności mTOR w regulacji oddziaływania białek p150Glued-AP-2 $\beta$  oraz kontroli poziomu i dystrybucji komórkowej białka Brg1.

The role of mTOR activity in regulating p150Glued-AP-2 $\beta$  protein interaction and controlling cellular Brg1 protein level and distribution.

Presented February 13, 2024 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.

Jacek Jaworski [ang]

S.3782

**1165/N**

BOCCALETTO PIETRO

Nowe narzędzia do porównawczej analizy struktur i modyfikacji cząsteczek ncRNA. Rozwój i zastosowanie baz danych RNArchitecture i MODOMICS.

New tools for comparative analysis of structures and modifications of ncRNAs molecules. Development and application of RNArchitecture and MODOMICS databases.

Presented February 22, 2024 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 Marek Bujnicki [ang]

S.3783

**1166/N**

JASTRZĄB RAFAŁ

Efekt cytostatyczny postbiotyków wybranych szczepów bakterii kwasu mlekowego w modelu raka jelita grubego. Mechanizm działania postbiotyku szczepu Lc4 Lactococcus lactis.

Cytostatic effect of postbiotics derived from selected strains of lactic acid bacteria in a colorectal cancer model. Mechanism of action of the Lactococcus lactis Lc4 strain postbiotic.

Presented March 5, 2024 Research done in Institute of Biochemistry and Biophysics Polish Academy of Sciences. Ph.D. Thesis Supervisor: dr hab. Paweł Siedlecki [pol]

S.3784

**1167/N**

GOCH WOJCIECH

Nowe modele reakcji chemicznej w objętościach subkomórkowych i ich zastosowanie do układu A $\beta$ /Cu(II).

New models of chemical reaction in subcellular volumes and their application to the A $\beta$ /Cu(II) system.

Presented March 7, 2024 Research done in Institute of Biochemistry and Biophysics Polish Academy of Sciences. Ph.D. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Wojciech Bal [ang]

S.3785

**1168/N**

DYLEWSKA MAŁGORZATA

Rola dioksygenaz AlkB E. coli i ludzkiej ALKBH3 oraz glikozylazy AlkA E. coli w naprawie adduktów akroleiny do adeniny i cytozyny w DNA.

The role of E. coli AlkB and its human homolog - ALKBH3 dioxygenases and E. coli glycosylase AlkA in repair of acrolein adducts to adenine and cytosine.

Presented March 14, 2024 Research done in Institute of Biochemistry and Biophysics Polish Academy of Sciences. Ph.D. Thesis Supervisors: dr hab. Agnieszka M. Maciejewska, dr Damian Mielecki [pol]

S.3786

**1169/N**

BARANOWSKA EMILIA

Biochemiczne i molekularne podłoże chorób wywołanych mutacjami w mitochondrialnym genie ATP6 kodującym podjednostkę 6 syntazy ATP – badania na modelu drożdżowym.

Biochemical and molecular basis of diseases caused by mutations in the mitochondrial ATP6 gene encoding the 6 subunit of ATP synthase - studies in a yeast model.

Presented March 28, 2024 Research done in Institute of Biochemistry and Biophysics Polish Academy of Sciences. Ph.D. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Róża Kucharczyk [ang]

S.3787

**1170/N**

ABU NAHIA KARIM

Charakterystyka transkryptomu komórek układu bodźcowo-przewodzącego serca danio przegowanego.

Transcriptome profiling of cardiac pacemaker cells in zebrafish.

Presented April 4, 2024 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. Cecilia Lanny Winata [ang]

S.3788

**1171/N**

WOLTYŃSKA ALEKSANDRA

Zmienność mikrobiomu porostów antarktycznych w gradiencie troficznym i czasowo-przestrzennym (Wyspa Króla Jerzego, Morska Antarktyka).

Variability of Antarctic lichen microbiome in a trophic and a spatio-temporal gradient (King George Island, Maritime Antarctica)

Presented April 25, 2024 Research done in Institute of Biochemistry and Biophysics Polish Academy of Sciences. Ph.D. Thesis Supervisors: dr hab. Tamara Aleksandrak-Piekarczyk, dr Jakub Grzesiak [ang]

S.3789

**1172/N**

WANG CE

UBA2A – regulator spoczynku nasion i retencji mRNA genu DOG1 na chromatynie w Arabidopsis thaliana.

UBA2A - a regulator of seed dormancy and DOG1 mRNA retention at chromatin in Arabidopsis thaliana.

Presented June 20, 2024 Research done in Institute of Biochemistry and Biophysics Polish Academy of Sciences. Ph.D. Thesis Supervisor: dr hab. Szymon Świeżewski [ang]

S.3790

**1173/N**

HABICH MAŁGORZATA

Teoria "błędneho koła". Badanie mechanizmów kompensacyjnych metabolizmu fosforanów w przypadku śmierci łożeczkowej.

The theory of the 'vicious cycle'. Investigating compensatory mechanisms of phosphate metabolism in sudden infant death syndrome.

Presented September 8, 2024 Research done in Institute of Biochemistry and Biophysics Polish Academy of Sciences. Ph.D. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Piotr Zielenkiewicz, promotor pomocniczy dr Paweł Szczęsny [pol]

S.3791

**1174/N**

ROGAŁA MAŁGORZATA M.

Polihydroksykwasy zimnolubnych bakterii z regionów polarnych - bioróżnorodność producentów, rola w adaptacji bakterii do warunków stresowych i potencjał biotechnologiczny.

Polyhydroxyacids of psychrophilic polar region bacteria - producers biodiversity, role in bacterial adaptation to stress conditions and biotechnological potential.

Presented October 15, 2024 Research done in Institute of Biochemistry and Biophysics Polish Academy of Sciences. Ph.D. Thesis Supervisor: dr hab. Magdalena Kowalczyk, dr Jakub Grzesiak [ang]

S.3792

**1175/N**

WRONA MAGDALENA

Rola BRM, katalitycznej podjednostki kompleksu BAS, w biologii nasion Arabidopsis thaliana i charakterystyka nowej kolekcji delecyjnych mutantów genu DOG1.

Role of BRM, a catalytic subunit of BAS complex, in Arabidopsis thaliana seed biology and characterization of a new DOG1 deletion mutant collection.

Presented October 17, 2024 Research done in Institute of Biochemistry and Biophysics Polish Academy of Sciences. Ph.D. Thesis Supervisors: dr hab. Szymon Świeżewski, dr Ruslan Yatusevich [ang]

S.3793

**1176/N**

ZENG JUAN

Molekularny mechanizm stabilności dendrytycznego krzewu neuronów dojrzałych.

Molecular mechanism of mature neurons dendritic arbor stability.

Presented November 5, 2024 Research done in the Laboratory of Molecular and Cellular Neurobiology at the International Institute of Molecular and Cell Biology in Warsaw and Institute of Biochemistry and Biophysics Polish Academy of Sciences. Ph.D. Thesis Supervisors: prof. dr hab. Jacek Jaworski, dr Małgorzata Urbańska [ang]

S.3794

**1177/N**

KASPEROWICZ SŁAWOMIR

Halogenowane pochodne heterocykliczne jako inhibitory kinazy CK2 – otrzymywanie bibliotek związków oraz analiza termodynamiczna oddziaływania z docelowym białkiem.

Halogenated heterocyclic derivatives as inhibitors of CK2 kinase – synthesis of libraries of compounds and thermodynamic analysis with target protein.

Presented November 14, 2024 Research done in Institute of Biochemistry and Biophysics Polish Academy of Sciences. Ph.D. Thesis Supervisor: prof. dr hab. Jarosław Poznański, promotor pomocniczy dr Maria Winiewska – Szajewska [pol]

S.3795

**1178/N**

SZAFRAN KATARZYNA

Mechanizmy aktywności nowych endonukleaz restrykcyjnych specyficznych wobec modyfikowanego DNA.

Activity mechanisms of novel restriction endonucleases specific for modified DNA.

Presented November 21, 2024 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. Matthias Bochtler [ang]

S.3796

**1179/N**

MACIAK KAROLINA

Identyfikacja i charakterystyka podłoża molekularnego wrodzonych niedokrwistości hemolitycznych.

Identification and characterization of the molecular basis of congenital hemolytic anemias.

Presented December 5, 2024 Research done in Institute of Biochemistry and Biophysics Polish Academy of Sciences. Ph.D. Thesis Supervisor: dr hab. Beata Burzyńska, prof. IBB PAN [pol]

S.3797

**1180/N**

NIEMIRO ANNA

Nowe podejścia eksperymentalne do charakterystyki funkcji rodziny białek LSU (Response to Low Sulfur) w *Arabidopsis thaliana*.

New approaches for characterization of the family of LSU (Response to Low Sulfur) proteins function in *Arabidopsis thaliana*.

Presented December 10, 2024 Research done in Institute of Biochemistry and Biophysics Polish Academy of Sciences. Ph.D. Thesis Supervisors: prof. dr hab. Agnieszka Sirko, auxiliary supervisor: dr hab. Anna Wawrzyńska [ang]

S.3798

**1181/N**

HELBRECHT IGOR

Domeny EVE i wH jako detektory metylacji DNA.

EVE and wH domains as DNA methylation sensors.

Presented December 10, 2024 Research done in Institute of Biochemistry and Biophysics Polish Academy of Sciences. Ph.D. Thesis Supervisors: prof. dr hab. Matthias Bochtler [ang]

S.3799

**1182/N**

GORJÃO NEUTON

Badanie niekanonicznej roli białka POLR1D, wspólnej podjednostki RNA polimerazy I i III.

The investigation of non-canonical roles of POLR1D, a shared subunit of RNA polymerases I and III.

Presented December 12, 2024 Research done in Institute of Biochemistry and Biophysics Polish Academy of Sciences. Ph.D. Thesis Supervisors: dr hab. Roman J. Szczęsny, co-supervisor: dr Damian Graczyk [ang]

S.3800

**1183/N**

BORSUK EWELINA MARIA

Peroksydacja lipidów jako endogenny czynnik warunkujący fenotyp komórek pacjentów z niedokrwistością Fanconiego.

Lipid peroxidation as an endogenous factor responsible for the phenotype of cells with defects in the Fanconi anemia pathway.

Presented December 19, 2024 Research done in Institute of Biochemistry and Biophysics Polish Academy of Sciences. Ph.D. Thesis Supervisors: dr hab. Elżbieta Speina [ang]

S.3801

**1184/N**

PŁONKA DAWID

Hepcydyna jako peptyd wiążący jony metal.

Hepcidin as a metal ion binding peptide.

Presented December 12, 2024 Research done in Institute of Biochemistry and Biophysics Polish Academy of Sciences. Ph.D. Thesis Supervisor: prof. Wojciech Bal [ang]

S.3802

**PRACE MAGISTERSKIE 2024****1185/N**

DE ABHIPSITA

Regulacja śmierci komórkowej i systemu fosforylacji oksydacyjnej przez amylazę Fmp40 u drożdży *Saccharomyces cerevisiae*.

Regulation of cell death and oxphos activity by ampylase fmp40 in *Saccharomyces cerevisiae* yeast.

Presented January 9, 2024 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.

Małgorzata Adamczyk, dr hab. Róża Kucharczyk

S.3803

**1186/N**

ANDRZEJEWSKI MACIEJ

Badanie wpływu drożdżowego białka Vps13 na wybrane szlaki sygnalizacyjne i procesy komórkowe.

Study of the influence of the yeast's Vps13 protein on selected signalling pathways and cellular processes.

Presented January 17, 2024 Research done in Warsaw University of Life Sciences and Institute of Biochemistry and Biophysics Polish Academy of Sciences M.Sc.Thesis Supervisor: dr hab. Joanna Kamińska

S.3804

**1187/N**

DOBRYJANOWICZ MARIUSZ

Opracowanie metody efektywnego wbudowywania poliizoprenoidów w strukturę liposomów.

Development of a method for effective incorporation of polyisoprenoids into the structure of liposomes.

Presented January 23, 2024 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. Magdalena Matczuk, opiekun dr inż. Karolina Skorupińska-Tudek

S.3805

**1188/N**

MALCZEWSKA KINGA MARIA

Poszukiwanie molekularnych czynników odpowiedzialnych za adhezję wybranych szczepów *Lactococcus* sp. i *Leuconostoc* sp. o wysokich właściwościach adhezyjnych do mucyn.Searching for molecular factors responsible for the adhesion of selected strains of *Lactococcus* sp. and *Leuconostoc* sp. with high adhesive properties to mucins.

Presented 8 July, 2024 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

S.3806

**1189/N**

BRZYKCY JULIA

Geomikrobiologia gleb arktycznych ze szczególnym uwzględnieniem czynników wpływających na emisję podtlenku azotu poprzez obieg azotu (region Hornsundu, Svalbard).

Geomicrobiology of Arctic soils with emphasis on factors influencing nitrous oxide emissions through the N-cycle (Hornsund region, Svalbard).

Presented July 25, 2024 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. Renata Matlakowska, dr Jakub Grzesiak

S.3807

**1190/N**

KRYSIK ALEKSANDRA

Charakterystyka bakteriofaga C1P4 infekującego *Staphylococcus pseudintermedius*.Characteristic of bacteriophage C1P4 infecting *Staphylococcus pseudintermedius*.

Presented September 11, 2024 Research done in Warsaw University of Life Sciences and Institute of Biochemistry and Biophysics, Polish Academy of Sciences. M.Sc.Thesis Supervisors: prof. dr hab. Małgorzata Łobocka

S.3808

**1191/N**

MIERZEJEWSKA MAŁGORZATA

Wpływ ATPaz MINU1, MINU2 i BRM, katalitycznych podjednostek kompleksu SWI/SNF, na organo-specyficzny wybór miejsca startu transkrypcji (TSS) u *Arabidopsis thaliana*.Effect of the ATPases MINU1, MINU2 and BRM, catalytic subunits of the SWI/SNF complex, on organo-specific transcription start site (TSS) selection in *Arabidopsis thaliana*.

Presented November 7, 2024 Research done in Warsaw University of Life Sciences and Institute of Biochemistry and Biophysics, Polish Academy of Sciences. M.Sc.Thesis Supervisors: dr hab. Piotr Gawroński, dr Szymon Kubala

S.3809

## MISCELLANEA 2024

### 325/M

ARCHACKI R.,

Finding a good balance: two distinct chromatin factors fine-tune stress response in Arabidopsis seedlings. (Commentary)

New Phytologist (2024) 241(1): 7-9 DOI: 10.1111/nph.19357 IF 8.3 (2023)

### 326/M

PASZEWSKI A.,

Odchodzący autorytet profesora ... i jego korporacji.

Pauza Akademicka (2024) 681: 1

### 327/M

KWIATOS N., WALDRON K.J.,

In a state of flux: new insight into the transport processes that maintain bacterial metal homeostasis. (Editorial material/Commentary)

Journal of Bacteriology (2024) 206(5): e00146-24 (9 p.) DOI: 10.1128/jb.00146-24 IF 2.7 (2023)

### 328/M

KORCZAK-ABSHIRE M.,

Nauka i globalne interesy w krainie lodu.

Science and global interests in the land of ice.

Academia (2024) 1(77): 8-12 (pl) Academia (2024) 1(81): 8-12 (ang) DOI: 10.24425/academiaPAN.2024.150030

DOI: 10.24425/academiaPAS.2024.150222

### 329/M

SIKORA A., DETMAN A.,

Microorganisms as producers of biohydrogen and biomethane.

Rozdział w: Pikomolowe puzzle funkcjonowania Wszechświata - Hołd dla Stanisława Hałasa i trzydziestolecie

Pracowni Geologii Izotopowej i Geoekologii. Red. Mariusz O. Jędrysek, Wyd. Uniwersytetu Wrocławskiego i

Wyd. "Szermierz" sp. z o.o., Acta Universitas Wratislaviensis No 4238, str. 271-285, ISBN: 978-83-229-3888-1,

Wrocław 2024.

## PUBLIKACJE NIEUWZGLĘDNIONE W LATACH 2020 – 2022

Artykuły

### 6623/1

MŁODZIŃSKA-MICHTA E., ŚWIEŻEWSKA E., HOFFMAN-SOMMER M., PIŁKA N., RADKIEWICZ M., JARZEMBOWSKI P.,

Adaptation of the maize seedling seminal roots to drought: Essential role of plasma membrane H<sup>+</sup>-ATPases activity.

Acta Societatis Botanicorum Poloniae (2023) 92(1): 177274 (15 p.) DOI: 10.5586/asbp/177274

IF 1.1 (2023)

Miscellanea

### 317/2/M

WILGA M., MAASSEN A., ŁUBA M., SZURMAK J., SARNOWSKI T.J.,

Rola zaburzeń w funkcjonowaniu maszynery epigenetycznych a rozwój i progresja jasnokomórkowego raka nerki.

Postępy Polskiej Medycyny i Farmacji (2022) 9: 1–7 DOI: 10.5604/01.3001.0053.7654

IF –

**324/1/M**

YAZICI E.,

Reliable Method to Modeling Diet-Induced Obesity: The Cafeteria Diet.

Farabi Medical Journal (2023) 2(3): 28-36 DOI: 10.59518/farabimedj.1210558

IF-

## Abstrakty

**5226/A**

JONAK M., GÓRECKA M., PAWŁOWSKI K., KRZYMOWSKA M.,

NAD<sup>+</sup> involvement in the virulence of *Pseudomonas syringae* effector HopAG1.

Abstracts, poster presentation

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

**5226/1/A**

KAMIŃSKA P., JAKIEL M., BAKUN M., DRAMIŃSKI M., KAMIŃSKA B., OBRĘBSKI T., DADLEZ M., DĄBROWSKI M.J., MALIK A.,

SorLA impacts pro-tumorigenic properties of microglia during glioblastoma progression.

Glia (2023) 71(S1): E1157-E1157, T24-001A

XVI European Meeting on Glial Cells in Health and Disease, Berlin, Germany, 8–11 July 2023

Prace magisterskie

**1151/N**

DZIKOWSKI MACIEJ

Stworzenie i ewaluacja macierzy substytucji aminokwasów dla sekwencji niskozłożonych w połączeniu z udoskonaleniem metody porównywania tych fragmentów.

Creation and evaluation of an amino acid substitution matrix for low complexity fragments of proteins combined with the improvement of a method to compare these fragments.

Presented December 19, 2023

Research done in Faculty of Mathematics, Informatics and Mechanics University of Warsaw and Institute of Biochemistry and Biophysics Polish Academy of Sciences.

M.Sc.Thesis Supervisors: dr hab. Marcin Grynberg, dr Stanisław Dunin-Horkawicz

S.3770

## Informacje o działalności jednostki naukowej PAN w 2024 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: 17.03.2025 r.

### I. informacje organizacyjne

#### I.1.

|                                  |                                                                                                                                                                                                                       |
|----------------------------------|-----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| Nazwa                            | Instytut Biochemii i Biofizyki Polskiej Akademii Nauk                                                                                                                                                                 |
| Status jednostki <sup>1</sup>    | Instytut Naukowy                                                                                                                                                                                                      |
| Kategoria jednostki <sup>2</sup> | <b>Kategoria A+ w dyscyplinie nauki biologiczne</b><br><b>Decyzja nr 337/604/2022-2 z dnia 25.10.2023</b><br><b>Kategoria A+ w dyscyplinie nauki chemiczne,</b><br><b>Decyzja nr 337/605/2022-1 z dnia 13.02.2023</b> |
| Dane adresowe <sup>3</sup>       | ul. Pawińskiego 5A, 02-106 Warszawa, tel. 22 592 21 45, 22 592 21 42, secretariate@ibb.waw.pl, <a href="http://www.ibb.edu.pl">http://www.ibb.edu.pl</a>                                                              |

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**

<sup>1</sup> Instytut naukowy, pomocnicza jednostka naukowa, międzynarodowy instytut naukowy

<sup>2</sup> Przyznana przez MNiSW, data i numer komunikatu

<sup>3</sup> 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. Odpowiedź na aktualne wyzwania, w szczególności poszukiwanie aplikacyjnych zastosowań uzyskiwanych wyników.

#### **Uprawiane dyscypliny naukowe**

Nauki biologiczne, nauki chemiczne, biologia medyczna, biotechnologia, (biochemia, biofizyka, bioinformatyka, biologia molekularna, genetyka molekularna, genomika, chemia biologiczna, chemia fizyczna).

#### **Realizowane główne kierunki badawcze**

Instytut prowadzi badania w siedmiu głównych obszarach naukowych, obejmujących zarówno badania podstawowe, jak i zastosowania biotechnologiczne i medyczne. Każdy z tych obszarów jest reprezentowany przez wyspecjalizowane pracownie, które prowadzą badania w określonych kierunkach, stosując nowoczesne metody badawcze i technologiczne.

**Genetyka, stabilność genomu i ekspresja genów.** Badania w tym obszarze prowadzone są w wielu pracowniach Instytutu (PN-05, PN-08, PN-20, PN-22, PN-25, PN-26, PN-34, PN-37) i koncentrują się na fundamentalnych mechanizmach związanych z organizacją, funkcjonowaniem i ochroną informacji genetycznej w komórkach. W Instytucie rozwijane są różne aspekty tej tematyki, obejmujące zarówno organizmy prokariotyczne, jak i eukariotyczne. Badania w tym obszarze obejmują m.in.: mechanizmy stabilności genomu oraz naprawy DNA, mechanizmy starzenia komórkowego i ich wpływ na stabilność genomu, regulację transkrypcji oraz procesy związane z RNA, epigenetyczna kontrola ekspresji genów poprzez modyfikację chromatyny, w tym modyfikacje histonów, splicing, obróbka RNA i metabolizm niekodujących RNA, regulacja ekspresji genów na poziomie translacji (głównie u bakterii). Obszar ten obejmuje również badania nad molekularnymi podstawami chorób genetycznych (anormalny splicing). Istotnym kierunkiem jest także genetyka roślin i mechanizmy regulacji ekspresji genów w odpowiedzi na czynniki środowiskowe, w tym rola selektywnej autofagii w tych procesach.

**Mikrobiologia i antybiotykooporność.** Badania w tym obszarze (PN-13, PN-14, PN-19, PN-39, PN-42) koncentrują się na zrozumieniu mechanizmów przystosowawczych mikroorganizmów, ich interakcji z otoczeniem oraz ewolucji oporności na antybiotyki. Obejmują one badania podstawowe dotyczące biologii bakterii i wirusów bakteryjnych (bakteriofagów), a także badania aplikacyjne o potencjalnym zastosowaniu w medycynie i biotechnologii. Do tego obszaru zaliczyć należy poszukiwanie nowych celów terapeutycznych, w tym analizę szlaków metabolicznych i regulatorowych, które mogą być hamowane farmakologicznie, badanie mechanizmów działania pomp efluksowych, które usuwają antybiotyki z komórki bakteryjnej, badanie mechanizmów chemicznej komunikacji bakterii, umożliwiającej im koordynację ekspresji genów związanych z biofilmem i opornością. Analizowane są także mechanizmy, dzięki którym bakterie mogą unikać odpowiedzi układu odpornościowego gospodarza oraz przystosowują się do warunków wewnątrz organizmu ludzkiego, badana jest rola białek wirulencji oraz badany jest mechanizm toksyczności bakterii. Istotne zagadnienia realizowane w ramach tego obszaru badawczego obejmują także izolację i charakterystykę bakteriofagów, które mogą być wykorzystane do zwalczania infekcji bakteryjnych w medycynie i przemyśle spożywczym, analizę genomów bakteriofagów oraz projektowanie koktajli fagowych, czyli mieszanin różnych fagów skierowanych przeciwko danym szczepom bakterii, w celu zwiększenia skuteczności terapii fagowej. Z drugiej strony badane są także mechanizmy fagooporności bakterii. Istotne zagadnienia należące do tego obszaru to możliwość biotechnologicznego zastosowania mikroorganizmów, w tym wykorzystanie bakterii i ich metabolitów do zwalczania patogenów w środowisku i w przemyśle spożywczym, charakterystyka bakterii probiotycznych, w tym analiza ich zdolności do hamowania wzrostu patogenów jelitowych a także identyfikacja bakterii o potencjale

komercyjnym, np. do produkcji enzymów hydrolitycznych, biosurfaktantów lub związków przeciwdrobnoustrojowych.

**Biologia roślin i mechanizmy stresu.** Badania dotyczące biologii roślin i ich interakcji z mikroorganizmami prowadzone są w kilku pracowniach (PN-07, PN-12, PN-16, PN-18, PN-25, PN-29). Każda z wymienionych pracowni prowadzi badania o dużym znaczeniu zarówno dla biologii podstawowej, jak i dla potencjalnych aplikacji rolniczych i biotechnologicznych. Poszczególne pracownie koncentrują się na różnych aspektach funkcjonowania roślin – od odpowiedzi na stresy środowiskowe i infekcje, poprzez regulację metabolizmu i biosyntezę lipidów, aż po mechanizmy kontroli spoczynku nasion. Każda z pracowni wnosi istotny wkład do naszego rozumienia procesów biologicznych zachodzących w roślinach, a wyniki badań mają nie tylko znaczenie poznawcze, ale również potencjalne zastosowania w rolnictwie i biotechnologii. Wyniki badań mogą przyczynić się do lepszego zrozumienia mechanizmów regulujących rozwój i odporność roślin, co może zostać wykorzystane w praktyce do hodowli bardziej odpornych odmian roślin, poprawy wydajności plonów oraz opracowania nowych technologii wspierających produkcję rolniczą w obliczu zmian klimatycznych. Wiedza o regulacji metabolizmu i spoczynku nasion może znaleźć zastosowanie w hodowli roślin uprawnych, natomiast badania nad poliizoprenoidami mogą pomóc w zrozumieniu, jak rośliny adaptują się do ekstremalnych warunków klimatycznych.

**Struktura i funkcja białek, modelowanie molekularne i cheminformatyka.** Badania w tym obszarze, prowadzone m.in. w pracowniach PN-01, PN-06, PN-21, PN-33 i PN-43, PN-44, koncentrują się na zrozumieniu budowy, dynamiki oraz funkcji białek, a także na ich interakcjach z innymi cząsteczkami. Struktura i aktywność białek są kluczowe dla wszystkich procesów biologicznych, dlatego w Instytucie prowadzone są szczegółowe analizy konformacji białek, mechanizmów enzymatycznych, procesów potranslacyjnych oraz oddziaływań białko-białko. Naukowcy w Instytucie wykorzystują nowoczesne techniki badawcze, takie jak spektrometria mas, modelowanie molekularne, spektroskopia NMR oraz metody krystalograficzne, aby określić rolę białek w zdrowiu i chorobie oraz ich potencjalne zastosowania biotechnologiczne. Szczególny nacisk kładziony jest na metaloproteiny, potranslacyjne modyfikacje oraz projektowanie białek o nowych właściwościach katalitycznych. Prowadzone jest modelowanie kompleksów białko-białko i białko-ligand w celu poszukiwania inhibitorów oraz aktywatorów enzymów o znaczeniu biomedycznym, analiza strukturalnych determinant interakcji enzymów z kofaktorami i ich potencjalne wykorzystanie w projektowaniu nowych leków, optymalizacja stabilności i aktywności enzymów dla zastosowań przemysłowych, np. w biokatalizie lub bioenergetyce. Prowadzone badania koncentrują się na zrozumieniu budowy, aktywności enzymatycznej i potencjalnych zastosowań funkcjonalnych białek, co może prowadzić do identyfikacji nowych celów terapeutycznych i biotechnologicznych. Dzięki metodom modelowania komputerowego, symulacji dynamiki molekularnej oraz cheminformatycznym narzędziom analitycznym naukowcy mogą badać mechanizmy biologiczne na poziomie atomowym oraz projektować nowe związki bioaktywne o potencjalnym zastosowaniu w farmakologii i biotechnologii. Szczególne znaczenie mają badania nad interakcjami białko-białko i białko-ligand, które mogą prowadzić do opracowania innowacyjnych terapii w medycynie i nowych zastosowań biotechnologicznych.

**Biologia medyczna i biologia komórkowa.** Badania w tym obszarze (prowadzone m.in. w pracowniach PN-05, PN-17, PN-18, PN-21, PN-30, PN-37) koncentrują się na molekularnych mechanizmach funkcjonowania komórek oraz ich roli w rozwoju chorób, zwłaszcza nowotworowych, neurodegeneracyjnych i metabolicznych. Naukowcy analizują, jak białka, RNA, mitochondria oraz inne elementy komórkowe wpływają na zdrowie i patologię organizmów. Badania te mają zarówno charakter podstawowy, jak i potencjalne zastosowanie w medycynie i biotechnologii.

Instytut prowadzi badania w kilku kluczowych kierunkach, obejmujących stabilność białek, homeostazę mitochondriów, regulację ekspresji genów, mechanizmy starzenia oraz interakcje patogenów z komórkami gospodarza. W szczególności prowadzone są badania nad mechanizmami chorób neurodegeneracyjnych, takich jak płasawica z akantocytozą, choroba Alzheimera i Parkinsona. Analizowane są procesy związane z zaburzeniami metabolizmu białek, stresem oksydacyjnym i nieprawidłowym fałdowaniem białek, badana jest rola niekodujących RNA (ncRNA) i mikroRNA w

regulacji procesów chorobotwórczych, identyfikowane są mutacje genetyczne i prowadzona jest analiza wariantów związanych z zaburzeniami metabolicznymi i nowotworami, oraz modelowanie molekularne mutacji w genach kluczowych dla stabilności genomu i funkcjonowania. Mutacje zidentyfikowane w genomach pacjentów wprowadzamy do prostszych modeli badawczych (drożdży piekarniczych, referencyjnych linii komórkowych czy organizmów wielokomórkowych: nicieni, a nawet roślin), co pozwala na identyfikację zmian leżących u podłoża badanych zespołów chorobowych. Ponadto, prowadzone są badania nad homeostazą białek i mechanizmami ich degradacji, identyfikowane są związki opóźniające procesy starzenia i poprawiające funkcjonowanie komórek, badane są mechanizmy wirulencji bakterii i ich wpływ na gospodarza, rola białek patogenów w reprogramowaniu szlaków sygnałowych gospodarza, mechanizmy regulujące homeostazę redoks w mitochondriach, prowadzone są badania nad chorobami związanymi z mutacjami w genach kodujących kompleksy mitochondrialne oraz badane są związki regulujące aktywność mitochondriów. Podsumowując, naukowcy w IBB PAN analizują zarówno podstawowe procesy biologiczne, jak i ich znaczenie dla rozwoju chorób, co może mieć zastosowanie w farmakologii, biotechnologii i nowoczesnych terapiach medycznych.

**Mikrobiomy środowiskowe i biotechnologia, ekosystemy antarktyczne.** Naukowcy w IBB (PN-03, PN-24, PN-34, PN-39, PN-42) analizują mikrobiomy środowiskowe, ich rolę w ekosystemach oraz potencjał wykorzystania mikroorganizmów w produkcji biopaliw, bioremediacji i ochronie roślin. Prowadzone są badania nad mikroorganizmami występującymi w glebach, wodach, ściekach oraz ekstremalnych środowiskach, np. w Antarktyce, ze szczególnym uwzględnieniem wpływu zmian klimatycznych na skład i funkcję, przystosowania do niskich temperatur i wysokiego promieniowania UV. Badania dotyczą identyfikacji nowych gatunków mikroorganizmów i ich roli w cyklach biogeochemicznych – np. bakterii i grzybów uczestniczących w obiegu azotu i węgla, interakcji mikroorganizmów z innymi organizmami, w tym ich wpływ na zdrowie ludzi, zwierząt i roślin. Prace dotyczą również bakterii probiotycznych i ich wpływu na zdrowie człowieka, analizy ich właściwości immunomodulacyjnych oraz zdolności do kolonizacji przewodu pokarmowego a także identyfikacji metabolitów mikroorganizmów o działaniu leczniczym. Prowadzone są badania nad rolą mikroorganizmów (mikrobiomu człowieka) w regulacji procesów metabolicznych i odpornościowych, analizowana jest interakcja mikroorganizmów z patogenami i ich potencjał w terapii zakażeń. Część badań z tego obszaru koncentruje się na możliwościach wykorzystania bakterii i grzybów w biotechnologii przemysłowej (produkcja enzymów, metabolitów wtórnych i bisurfaktantów), zastosowaniu ich do fermentacji biomasy i produkcji etanolu, biogazu oraz biowodoru, poszukiwaniu nowych substancji antybakteryjnych i przeciwnowotworowych pochodzenia mikrobiologicznego. Prowadzone są także badania nad probiotycznymi organizmami wspomagającymi wzrost roślin i wpływem mikrobiomu glebowego na adaptację roślin do trudnych warunków środowiskowych. Prace prowadzone w ramach tego obszaru badawczego ułatwią zrozumienie interakcji mikroorganizmów z otoczeniem, co przełoży się na ich potencjalne wykorzystanie w ochronie środowiska, rolnictwie i medycynie.

**Spektrometria mas i analiza strukturalna – wykorzystanie spektrometrii mas do badania struktury i dynamiki biomolekuł.** Naukowcy (badania prowadzone są m.in. w PN-01, PN-06, PN-21, PN-43) wykorzystują nowoczesne techniki spektrometryczne, w tym HDX-MS, MS/MS oraz ESI-MS, aby badać zmiany konformacyjne białek, struktury enzymów metaloproteinowych oraz mechanizmy działania białek w kontekście biologicznym. Szczególny nacisk kładziony jest na zastosowanie spektrometrii mas (MS) w analizie potranslacyjnych modyfikacji białek, dynamiki strukturalnej oraz mechanizmów oddziaływań białko-białko. Obszar ten obejmuje badania nad strukturą, dynamiką i funkcją białek, a także nad ich potranslacyjnymi modyfikacjami i interakcjami z ligandami oraz metalami. Szczególną uwagę poświęca się analizie enzymów metaloproteinowych, jak również zastosowaniu nowoczesnych technik MS do badania biomolekuł. Kolejnym celem jest poznanie mechanizmów molekularnych leżących u podłoża procesów fizjologicznych z udziałem jonów metali, szczególnie miedzi i cynku oraz procesów toksycznych z udziałem jonów metali ciężkich i kancerogennych, w tym: niklu, kobaltu, kadmu, srebra i palladu, z uwzględnieniem praktycznego

wykorzystania uzyskanych wyników. Wyniki badań z tego obszaru mają potencjalne zastosowanie w medycynie, biotechnologii i projektowaniu nowych leków.

### ROZWÓJ ŚRODOWISKOWYCH PRACOWNI USŁUGOWO-BADAWCZYCH

W IBB PAN funkcjonuje 6 środowiskowych Pracowni Usługowo-Badawczych. Prowadzą one, zgodnie ze swoim profilem, badania na zasadzie współpracy naukowej oraz świadczenia usług badawczych. Oferta pracowni skierowana jest nie tylko do naukowców IBB PAN, ale także obejmuje współpracę z różnymi instytucjami zewnętrznymi. Działalność niektórych pracowni obejmuje także prowadzenie indywidualnych szkoleń, warsztatów czy seminariów upowszechniających informacje na temat działalności, dostępnego sprzętu oraz możliwych analiz. Istniejące pracownie: Środowiskowa Pracownia Mikroskopii Fluorescencyjnej, Środowiskowa Pracownia Spektrometrii Mas, Środowiskowa Pracownia Sekwencjonowania i Syntezy DNA, Środowiskowa Pracownia Hodowli Komórkowych i Produkcji Białek, Środowiskowa Pracownia Biologicznego NMR oraz Pracownia Analiz Mikromacierzy. Od początku 2025 r. w IBB PAN funkcjonuje **Środowiskowa Pracownia Biofizyki Pojedynczych Częsteczek**.

### KOLEKCJE UDOSTĘPNIONE ŚRODOWISKU NAUKOWEMU

**COLIBB:** W Instytucie Biochemii i Biofizyki PAN od 2001 roku istnieje Kolekcja Szczepów „COLIBB”. W 2003 roku kolekcja została wcielona do Krajowej Sieci Informacji o Bioróżnorodności (KSIB). W zasobach kolekcji znajdują się: szczepy bakteryjne, drożdżowe, plazmidy, bakteriofagi oraz izolaty środowiskowe. Kolekcja COLIBB i jej zasoby są dostępne na stronie: <http://kolekcja.ibb.waw.pl/>

**KOLEKCJA POLIPRENOLI:** Kolekcja Poliprenoli IBB PAN, istniejąca od 1983 roku, dysponuje unikalnym zasobem naturalnych metabolitów izoprenoidowych (terpenów) i ich semisyntetycznych pochodnych (np. aldehydy, fosforany, sole prenyloamoniowe). Oprócz poliprenoli i dolicholi w zasobach Kolekcji znajdują się także oligoterpeny. Związki te mogą być wykorzystywane jako standardy w oznaczeniach jakościowych i ilościowych lub jako substraty w badaniach biochemicznych i strukturalnych. Kolekcja Poliprenoli oferuje również wsparcie i konsultacje dotyczące metod analitycznych i preparatywnych stosowanych w badaniach wykorzystujących materiały z Kolekcji. Dzięki posiadanym zasobom ludzkim, specjalistycznej wiedzy i zgromadzeniu unikalnej kolekcji substancji izoprenoidowych IBB PAN stał się ośrodkiem referencyjnym w zakresie tematycznym dotyczącym polizoprenoidów.

### UDZIAŁ IBB PAN W PROJEKTACH Z POLSKIEJ MAPY DROGOWEJ INFRASTRUKTURY BADAWCZEJ

IBB PAN uczestniczy w czterech projektach z Polskiej Mapy Drogowej Infrastruktury Badawczej wg. stanu z 2024 roku. W 2024 r. złożono wnioski o utrzymanie istniejących projektów oraz o nowe wpisy.

Lista projektów na Polskiej Mapie Infrastruktury Badawczej, w których IBB PAN bierze udział.

| L.p. | Tytuł                                                                                 | Opis                                                                                                      | Koordynator                                                       |
|------|---------------------------------------------------------------------------------------|-----------------------------------------------------------------------------------------------------------|-------------------------------------------------------------------|
| 1    | ELIXIR.PL                                                                             | Krajowa infrastruktura badawcza stanowiąca wkład w międzynarodowy projekt wpisany na „mapę drogową” ESFRI | Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu                      |
| 2    | Polskie Multidyscyplinarne Laboratorium Badań Polarnych (PolarPOL)                    | Krajowa infrastruktura badawcza stanowiąca wkład w międzynarodowy projekt „SIOS”                          | Instytut Biochemii i Biofizyki Polskiej Akademii Nauk w Warszawie |
| 3    | POL-OPENSOURCE – Polska Platforma Infrastruktury Skriningowej dla Chemii Biologicznej | Krajowa infrastruktura badawcza stanowiąca wkład w międzynarodowy projekt wpisany na „mapę drogową” ESFRI | Instytut Biologii Medycznej PAN w Łodzi                           |

|   |                                                 |                                                                                                                                                                                                                                       |                                  |
|---|-------------------------------------------------|---------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|----------------------------------|
| 4 | <b>E-XFEL</b> – Laser na Swobodnych Elektronach | Europejski XFEL to ośrodek badawczy otwarty dla naukowców z całego świata. Badania prowadzone w E-XFEL pomagają uzyskać lepszy wgląd w strukturę komórek biologicznych i opracować nowe materiały o zoptymalizowanych właściwościach. | Narodowe Centrum Badań Jądrowych |
|---|-------------------------------------------------|---------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|----------------------------------|

#### **DZIAŁALNOŚĆ „WELCOME TO IBB CENTER”**

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”. W czerwcu 2023 r. projekt uzyskał kontynuację finansowania NAWA.

Działalność „Welcome to IBB Center” 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 PAN 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 191 pracowników naukowych oraz technicznych w IBB PAN pracuje 19 obcokrajowców z 14 krajów. Spośród nich 3 osoby są kierownikami pracowni a 8 osób jest kierownikami własnych projektów finansowanych przez NCN, NIH, PASIFIC oraz UE. Z kolei w Szkole Doktorskiej IBB PAN ponad 50% uczestników jest obcokrajowcami (56 doktorantów z 19 krajów). Od roku 2020 liczba obcokrajowców związanych z Instytutem wzrosła o prawie 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 |
|---------------|-----------------------------------------------------------------------------------------------|--------------------------------------------------------------------------------------------------|-----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|----------------------------------------------------------------------------------------------|------------------------------|
| 168           | 5                                                                                             | 1                                                                                                | 160                                                                                                                   | 2                                                                                            | 0                            |

## II.2. Aktywność wydawnicza jednostki

II.2.1. Wydawnictwa własne jednostki w roku sprawozdawczym (liczbowo, dotyczy wydawnictw, które ukazały się w roku sprawozdawczym)

| ogółem<br>wydane       |                      | z tego                 |                      |                                           |                      |                                             |                               |                      |                        |                      |
|------------------------|----------------------|------------------------|----------------------|-------------------------------------------|----------------------|---------------------------------------------|-------------------------------|----------------------|------------------------|----------------------|
|                        |                      | wydawnictwa<br>zwarte  |                      | wydawnictwa ciągłe                        |                      |                                             |                               |                      | Pozostałe              |                      |
|                        |                      |                        |                      | w tym<br><i>czasopisma:<br/>drukowane</i> |                      | wyłącznie<br>w wersji<br>elektronicz<br>nej | Inne<br>wydawnictwa<br>ciągłe |                      |                        |                      |
| liczba<br>tytułów<br>w | nakła<br>d w<br>egz. | liczba<br>tytułów<br>w | nakła<br>d w<br>egz. | liczba<br>tytułów<br>w                    | nakła<br>d w<br>egz. | liczba<br>tytułów                           | liczba<br>tytułów<br>w        | nakła<br>d w<br>egz. | liczba<br>tytułów<br>w | nakła<br>d w<br>egz. |
| 1                      | 500                  | 1                      | 500                  | 0                                         | 0                    | 0                                           | 0                             | 0                    | 0                      | 0                    |

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.

N/D

### II.3. Projekty, prace badawcze realizowane w roku sprawozdawczym

**Łączna liczba wszystkich projektów (II.3.1-II.3.5): 87**

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                                                                                                                |
|----------------------------------------------------------------------------------------------------|----------------|------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|--------------------|------------------------------|------------|-------------------|------------------------|-----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| <b>II.3.1</b><br><b>Projekty finansowane lub dofinansowane ze środków Narodowego Centrum Nauki</b> | 1              | "Bet-hedging" u roślin - wielopoziomowa analiza zmienności czasu spoczynkowego nasion - od pojedynczego nasiona do populacji.                  | Szymon Świeżewski  | 2019-06-13                   | 2025-06-12 | 3 711 000,00      | Narodowe Centrum Nauki |                                                                                                                                                                             |
|                                                                                                    | 2              | W jaki sposób heterogenność rybosomów przyczynia się do obrony przed stresem komórkowym?                                                       | Ulrike Topf        | 2020-10-01                   | 2025-09-30 | 3 861 212,00      | Narodowe Centrum Nauki |                                                                                                                                                                             |
|                                                                                                    | 3              | Wysokorozdzielcza analiza danych z eksperymentów wymiany proton-deuter monitorowanych spektrometrią mas.                                       | Michał Dadlez      | 2020-10-01                   | 2025-09-30 | 519 600,00        | Narodowe Centrum Nauki | Francja, Institut de Pharmacologie et de Biologie Structurale                                                                                                               |
|                                                                                                    | 4              | Nowe mechanizmy regulujące aktywność cis-prenylotransferaz w roślinach.                                                                        | Liliana Surmacz    | 2020-10-02                   | 2025-10-01 | 1 969 800,00      | Narodowe Centrum Nauki | USA, Yale University School of Medicine                                                                                                                                     |
|                                                                                                    | 5              | W roztworze czy w błonie? Ustalenie partycji peptydów beta-amyloidowych między fazą wodną i fosfolipidową i jej efektorów niskocząsteczkowych. | Wojciech Bal       | 2021-01-19                   | 2025-07-18 | 2 269 200,00      | Narodowe Centrum Nauki | Francja, Univeristy of Strasbourg; Francja, University of Toulouse; Korea, Advanced Institute of Science and Technology (KAIST); Wielka Brytania, University of St. Andrews |

|    |                                                                                                                                                                                                                 |                      |            |            |              |                        |                                                                 |
|----|-----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|----------------------|------------|------------|--------------|------------------------|-----------------------------------------------------------------|
| 6  | Nowe aspekty mechanizmu wirulencji HopBF1 - bakteryjnego efektoru, którego działanie nakierowane jest na białko HSP90 gospodarza.                                                                               | Magdalena Krzymowska | 2021-03-15 | 2025-03-14 | 2 131 200,00 | Narodowe Centrum Nauki |                                                                 |
| 7  | Ocena kompleksów białko-ligand za pomocą modeli ML/DL opartych o symulacje dynamiki molekularnej.                                                                                                               | Paweł Siedlecki      | 2021-07-16 | 2025-07-15 | 517 280,00   | Narodowe Centrum Nauki | Francja, Marseille Cancer Research Center                       |
| 8  | Mechanizm molekularny łączący mutacje polimerazy III RNA z rozwojem leukodystrofii typu HLD.                                                                                                                    | Tomasz Turowski      | 2021-07-16 | 2025-07-15 | 1 535 600,00 | Narodowe Centrum Nauki |                                                                 |
| 9  | Identyfikacja zależności pomiędzy kompleksem remodelującym chromatynę typu SWI/SNF, kontrolą metabolizmu i modyfikacją RNA w raku gruczołowodotrzebiowatym ślinianki jako podstawa dla nowej terapii celowanej. | Tomasz Sarnowski     | 2021-07-23 | 2025-07-22 | 2 532 720,00 | Narodowe Centrum Nauki | Niemcy, Max-Planck Institute für Molekulare Pflanzenphysiologie |
| 10 | Nowy mechanizm kontroli ekspresji genów u Eukaryota poprzez regulację długości ogonów poliadenozynowych kodujących transkryptów.                                                                                | Agnieszka Tudek      | 2021-10-01 | 2025-09-30 | 1 642 400,00 | Narodowe Centrum Nauki |                                                                 |
| 11 | Indukowane interferonem czynniki odporności przeciwbakteryjnej w cytozolu komórki gospodarza.                                                                                                                   | Michał Wandel        | 2021-09-01 | 2025-08-31 | 2 586 000,00 | Narodowe Centrum Nauki |                                                                 |
| 12 | LCRPlatform: nowe algorytmy i metody identyfikacji, kategoryzacji oraz adnotacji regionów białkowych o niskiej złożoności.                                                                                      | Marcin Grynberg      | 2021-09-30 | 2025-09-29 | 464 820,00   | Narodowe Centrum Nauki |                                                                 |
| 13 | Rola alternatywnych EF-G w regulacji translacji podczas biosyntezy                                                                                                                                              | Agata Starosta       | 2021-10-29 | 2025-10-28 | 3 513 000,00 | Narodowe Centrum Nauki | Niemcy, Ludwig-Maximilians-Universität München,;                |

|    |                                                                                                                                                                                                                                                                  |                     |            |            |              |                        |                                                                                                                                                                 |
|----|------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|---------------------|------------|------------|--------------|------------------------|-----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
|    | antybiotyków u <i>Myxococcus xanthus</i> .                                                                                                                                                                                                                       |                     |            |            |              |                        | USA, Department of Biochemistry and Molecular Biology, Penn State University                                                                                    |
| 14 | Mechanizmy regulujące poziom najbardziej mutagennej polimerazy DNA – rola acetylotransferazy p300 i hipoksji.                                                                                                                                                    | Justyna McIntyre    | 2022-01-12 | 2026-01-11 | 1 763 200,00 | Narodowe Centrum Nauki |                                                                                                                                                                 |
| 15 | Molekularne podstawy powstawania chorób neurodegeneracyjnych - wpływ wybranych nanocząstek metalicznych.                                                                                                                                                         | Igor Żukow          | 2021-12-23 | 2025-12-22 | 366 000,00   | Narodowe Centrum Nauki | Francja, European Synchrotron Radiation Facility, Grenoble; Niemcy, Deutsches Elektronen-Synchrotron; Wielka Brytania, Diamond Light Source                     |
| 16 | Ancestralne cechy oraz innowacje w genomach starych ewolucyjnie linii grzybów- implikacje dla mukormykozy.                                                                                                                                                       | Anna Muszewska      | 2022-03-01 | 2026-02-28 | 1 348 588,00 | Narodowe Centrum Nauki |                                                                                                                                                                 |
| 17 | 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 in vivo ich właściwości chroniących śluzówkę. | Magdalena Kowalczyk | 2022-03-01 | 2026-02-28 | 1 558 126,00 | Narodowe Centrum Nauki | Francja, Toulouse Biotechnology Institute, Bio & Chemical Engineering (ex.LISBP), Université de Toulouse; Francja, Toxalim - Food Toxicology Research Institute |
| 18 | Potranskrypcyjne zmiany puli mRNA w nasionach.                                                                                                                                                                                                                   | Michał Krzysztoń    | 2022-03-01 | 2026-02-28 | 1 817 800,00 | Narodowe Centrum Nauki |                                                                                                                                                                 |

|    |                                                                                                                                                                                                    |                     |            |            |              |                        |                                                                                                                                                                                                                                                                                                  |
|----|----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|---------------------|------------|------------|--------------|------------------------|--------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| 19 | Epigenetyczna regulacja procesu powstawania egzofer.                                                                                                                                               | Michał Turek        | 2022-07-01 | 2027-06-30 | 3 985 200,00 | Narodowe Centrum Nauki |                                                                                                                                                                                                                                                                                                  |
| 20 | Wpływ inaktywacji ATPaz BRM i SYD na organospecyficzną kontrolę alternatywnej transkrypcji zależną od małych ATPaz, MINU1 i MINU2.                                                                 | Szymon Kubala       | 2022-06-24 | 2025-06-23 | 2 138 520,00 | Narodowe Centrum Nauki |                                                                                                                                                                                                                                                                                                  |
| 21 | Nowe aspekty biologii kwitnienia Arabidopsis thaliana - rola aneksyny 5 (ANN5) w reorganizacji aparatu translacyjnego podczas programu rozwojowego pyłku oraz w odpowiedzi na zmiany środowiskowe. | Małgorzata Lichocka | 2022-07-07 | 2026-07-06 | 1 546 200,00 | Narodowe Centrum Nauki |                                                                                                                                                                                                                                                                                                  |
| 22 | Rola selektywnej autofagii w kontroli aktywności czynników transkrypcyjnych regulowanych przez ABA u Arabidopsis.                                                                                  | Agnieszka Sirko     | 2022-07-07 | 2026-07-06 | 2 376 190,00 | Narodowe Centrum Nauki | Republika Czeska, Institute of Experimental Botany of the Czech Academy of Sciences; Francja, Institute of Plant Sciences Paris-Saclay (IPS2), Université Paris-Saclay; Francja, Institut Jean-Pierre Bourgin (INRAE, AgroParisTech; Niemcy, Max-Planck-Institute for Molecular Plant Physiology |
| 23 | Historia zlodowaceń Wyspy Króla Jerzego.                                                                                                                                                           | Stephen Jennings    | 2022-08-01 | 2025-07-31 | 996 716,00   | Narodowe Centrum Nauki |                                                                                                                                                                                                                                                                                                  |

|    |                                                                                                                                |                           |            |            |              |                        |                                                                                                                                                                                                                      |
|----|--------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|---------------------------|------------|------------|--------------|------------------------|----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| 24 | Podstawy toksyczności nanosrebra - mechanizm rozpuszczania nanocząstek, kompleksy z glutationem i zaburzenie białek cynkowych. | Wojciech Bal              | 2022-10-01 | 2026-09-30 | 664 800,00   | Narodowe Centrum Nauki | Francja, University Grenoble Alpes, Laboratoire Chimie et Biologie des Métaux; Niemcy, Karlsruhe Institute of Technology, Institut für Angewandte Biowissenschaften Abteilung für Lebensmittelchemie und Toxikologie |
| 25 | Funkcja regulatorowa sekwencji tRNA-podobnej w genie kodującym Maf1 - generalny represor transkrypcji tRNA.                    | Magdalena Rakowska-Boguta | 2022-10-01 | 2026-09-30 | 664 800,00   | Narodowe Centrum Nauki | Francja, University of Strasbourg, CNRS Institute for Plant Molecular Biology                                                                                                                                        |
| 26 | Wzbogacenie proteomu mitochondrialnego poprzez niekanoniczne mechanizmy translacji.                                            | Roman Szczęsny            | 2022-09-01 | 2026-08-31 | 1 596 000,00 | Narodowe Centrum Nauki | Francja, Institut de Genetique Moleculaire de Montpellier, University of Montpellier; Irlandia, School of Biochemistry and Cell Biology, University College Cork                                                     |
| 27 | Identyfikacja i analiza mechanizmów kontrolujących poziom oraz jakość mitochondrialnego mRNA.                                  | Roman Szczęsny            | 2022-10-01 | 2027-09-30 | 4 165 600,00 | Narodowe Centrum Nauki |                                                                                                                                                                                                                      |
| 28 | Kataliza, rodzaj metalu i ewolucja dysmutaz ponadtlenkowych.                                                                   | Kevin Waldron             | 2022-12-09 | 2026-12-08 | 4 299 200,00 | Narodowe Centrum Nauki | Francja, Université Paris-Saclay; Niemcy, Jülich Centre for Neutron Science,                                                                                                                                         |

|    |                                                                                                                                                                                              |                   |            |            |              |                        |                                                                                                                                                        |
|----|----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|-------------------|------------|------------|--------------|------------------------|--------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
|    |                                                                                                                                                                                              |                   |            |            |              |                        | Heinz Maier-Leibnitz Zentrum (MLZ); Wielka Brytania, Newcastle University; Włochy, Magnetic Resonance Center (CERM), Università degli Studi di Firenze |
| 29 | Zastosowanie CRISPRi w poszukiwaniu genów modulujących podatność <i>Pseudomonas aeruginosa</i> na działanie antybiotyków.                                                                    | Adam Kawałek      | 2022-10-03 | 2025-10-02 | 1 299 200,00 | Narodowe Centrum Nauki |                                                                                                                                                        |
| 30 | Odpornościowe platformy sygnałowe na bakteriach wewnątrzkomórkowych.                                                                                                                         | Michał Wandel     | 2022-09-01 | 2025-08-31 | 1 897 000,00 | Narodowe Centrum Nauki |                                                                                                                                                        |
| 31 | Pasożyty pingwinów z rodzaju <i>Pygoscelis</i> gniazdujących na Szetlandach Południowych, Antarktyka Morska.                                                                                 | Katarzyna Tołkacz | 2022-11-02 | 2025-11-01 | 974 411,00   | Narodowe Centrum Nauki | Hiszpania, Spanish National Research Council, Departamento de Ecología Evolutiva - MNCN                                                                |
| 32 | Inhibicja szlaku MIA (mitochondrial intermembrane space assembly) jako nowa metoda na zapobieganie metabolicznemu przeprogramowaniu opornych na terapię białaczkowych komórek macierzystych. | Paweł Siedlecki   | 2022-09-28 | 2025-09-27 | 67 100,00    | Narodowe Centrum Nauki |                                                                                                                                                        |
| 33 | Wykorzystanie rzadkiego Polimorfizmu Pojedynczego Nukleotydu ludzkiego białka WDR61 do identyfikacji nowego kompleksu                                                                        | Agnieszka Tudek   | 2023-01-02 | 2027-01-01 | 2 839 460,00 | Narodowe Centrum Nauki |                                                                                                                                                        |

|    |                                                                                                                                                                                            |                      |            |            |              |                        |                                                                                |
|----|--------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|----------------------|------------|------------|--------------|------------------------|--------------------------------------------------------------------------------|
|    | związanego ze składowymi SF3A/B podjednostki U2 spliceosmu                                                                                                                                 |                      |            |            |              |                        |                                                                                |
| 34 | Albumina obcięta przy N-końcu: przyjaciel czy wróg metabolizmu miedzi?                                                                                                                     | Marta Wiśniewska     | 2023-01-16 | 2027-01-15 | 209 840,00   | Narodowe Centrum Nauki | Francja, University of Strasbourg, Department of Chemistry                     |
| 35 | Kinazy SnRK2 jako kluczowe białka w funkcjonowaniu nasion - wyjaśnienie nowych mechanizmów molekularnych kontrolujących zdolność kiełkowania nasion oraz wejścia w stan wtórnego spoczynku | Anna Kulik           | 2023-01-16 | 2027-01-15 | 2 577 600,00 | Narodowe Centrum Nauki |                                                                                |
| 36 | Termodynamiczny wkład wiązań halogenowych w układach białko - ligand. Projektowanie, synteza i analizy termodynamiczne modelowych systemów.                                                | Sławomir Kasperowicz | 2023-01-20 | 2025-01-19 | 139 780,00   | Narodowe Centrum Nauki | Niemcy, Universität zu Köln, Department für Chemie, Institut für Biochemie     |
| 37 | Wpływ kontroli transkrypcji tRNA przez białko Maf1 na translację mRNA u drożdży <i>Saccharomyces cerevisiae</i>                                                                            | Alicja Armatowska    | 2023-01-27 | 2025-01-26 | 140 000,00   | Narodowe Centrum Nauki | Wielka Brytania, Wellcome Centre for Cell Biology, The University of Edinburgh |
| 38 | Sieć regulacyjna i interakcje transporterów leków/metabolitów błony wewnętrznej bakterii - implikacje dla fizjologii, lekooporności i wirulencji                                           | Aneta Bartosik       | 2023-03-01 | 2027-02-28 | 1 662 192,00 | Narodowe Centrum Nauki |                                                                                |
| 39 | Czynniki elongacyjne w syntezie niekodujących RNA związanych z rozwojem                                                                                                                    | Jacek Nowak          | 2023-03-01 | 2027-02-28 | 2 157 570,00 | Narodowe Centrum Nauki | Francja, Institute for Integrative Biology of the Cell Université Paris-Saclay |

|    |                                                                                                                                                                                                                                                       |                        |            |            |              |                        |                                                                                                                                                |
|----|-------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|------------------------|------------|------------|--------------|------------------------|------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| 40 | Rola magazynowania cynku w białkach rybosomalnych komórek eukariotycznych                                                                                                                                                                             | Ulrike Topf            | 2023-03-01 | 2027-02-28 | 2 747 440,00 | Narodowe Centrum Nauki |                                                                                                                                                |
| 41 | Ocena metabolitów L-tryptofanu w osi kynureninowej w relacji do nasilenia stanu zapalnego w ostrej zatorowości płucnej i w zespole po zatorowości płucnej.                                                                                            | Michał Dadlez          | 2023-02-15 | 2026-02-14 | 170 800,00   | Narodowe Centrum Nauki |                                                                                                                                                |
| 42 | Mały Nośnik Miedzi (SCC), nieuchwytna kluczowa forma w homeostazie miedzi. Badania analityczne i kinetyczne)                                                                                                                                          | Wojciech Bal           | 2023-10-01 | 2027-09-30 | 687 800,00   | Narodowe Centrum Nauki | Dania, Delft University of Technology, Faculty of Applied Sciences, Department of Biotechnology                                                |
| 43 | Zagospodarowanie w celach nawozowych końcowego pofermentu po dwustopniowym, beztlenowym rozkładzie melasy do biodoworu i biometanu- analiza wpływu na właściwości chemiczne gleby, dynamikę mikrobionu glebowego i wybrane wskaźniki wzrostu pszenicy | Anna Detman-Ignatowska | 2023-07-06 | 2026-07-05 | 726 620,00   | Narodowe Centrum Nauki | USA, PANDA Core for Genomics and Microbiome Research at the Steele Children's Research Center, Department of Pediatrics, University of Arizona |
| 44 | Identyfikacja kluczowych elementów strukturalnych immunomodulacyjnych białek - inhibitorów transportera peptydów antygenowych TAP wybranych alfaherpeswirusów.                                                                                        | Igor Żukow             | 2023-08-01 | 2026-07-31 | 434 320,00   | Narodowe Centrum Nauki | Szwecja, Umea University                                                                                                                       |
| 45 | Kotranslacyjne zwijanie się białek w świetle ewolucji rybosomów.                                                                                                                                                                                      | Tomasz Włodarski       | 2023-09-01 | 2025-08-31 | 973 218,00   | Narodowe Centrum Nauki | Wielka Brytania, University College London                                                                                                     |
| 46 | Systematyczne badania nad wiązaniem jonów Cu(II) przez                                                                                                                                                                                                | Iwona Ufnalska         | 2023-10-05 | 2024-10-04 | 48 400,00    | Narodowe Centrum Nauki |                                                                                                                                                |

|    |                                                                                                                                                                           |                             |            |            |              |                        |                                                                                                |
|----|---------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|-----------------------------|------------|------------|--------------|------------------------|------------------------------------------------------------------------------------------------|
|    | modelowe peptydy reprezentujące N-końcowy fragment ludzkiego transportera jonów miedzi hCTR1 - stała wiązania, kinetyka wiązania, właściwości redoks centrum koordynacji. |                             |            |            |              |                        |                                                                                                |
| 47 | Badanie odpowiedzi komórkowych na utlenianie białek rybosomalnych podczas starzenia.                                                                                      | Katarzyna Jonak             | 2023-10-02 | 2026-10-01 | 1 572 946,00 | Narodowe Centrum Nauki |                                                                                                |
| 48 | Łagodzenie wpływu zmian klimatu na odporność roślin uprawnych poprzez modelowanie termostabilności receptorów odpornościowych.                                            | Marta Grech-Baran           | 2023-11-22 | 2027-11-21 | 2 582 400,00 | Narodowe Centrum Nauki | Wielka Brytania, The Sainsbury Laboratory - 2Blades Group, Norwich Research Park               |
| 49 | Kontrola spoczynku nasion przez wirusy.                                                                                                                                   | Szymon Świeżewski           | 2024-02-01 | 2028-01-31 | 3 240 320,00 | Narodowe Centrum Nauki |                                                                                                |
| 50 | Potwierdzenie działania małych cząsteczek na transkrypcję ncRNA przez RNAIII                                                                                              | Mohammed Ameen Kollaran     | 2024-08-07 | 2025-08-06 | 49 995,00    | Narodowe Centrum Nauki |                                                                                                |
| 51 | Pomiary batymetryczne jezior na Wyspie Króla Jerzego (Szetlandy Południowe, Antarktyka Zachodnia)                                                                         | Joanna Plenzler             | 2024-10-12 | 2025-10-11 | 37 554,00    | Narodowe Centrum Nauki |                                                                                                |
| 52 | Jeziora Wyspy Króla Jerzego: Fizykochemia wód i zawartość węgla w osadach                                                                                                 | Kornelia Wójcik-Długoborska | 2024-10-12 | 2025-10-11 | 40 203,00    | Narodowe Centrum Nauki |                                                                                                |
| 53 | Organizacja i Ewolucja Eukariotycznych Sekwencji Centromerowych                                                                                                           | Piotr Włodzimierz           | 2024-10-21 | 2026-10-20 | 452 239,00   | Narodowe Centrum Nauki |                                                                                                |
| 54 | Modyfikacja i działanie niekodujących RNA.                                                                                                                                | Jacek Nowak                 | 2020-02-05 | 2024-02-04 | 2 063 140,00 | Narodowe Centrum Nauki | Francja, Institute for Integrative Biology of the Cell (I2BC), CNRS, CEA, Université Paris Sud |

|    |                                                                                                                                                                                                      |                    |            |            |              |                        |                                                                                                                                       |
|----|------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|--------------------|------------|------------|--------------|------------------------|---------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| 55 | Identyfikacja substratów SnRK2 grupy I zaangażowanych w metabolizm RNA i wyjaśnienie roli ich fosforylacji.                                                                                          | Adrian Kasztelan   | 2020-02-28 | 2024-02-27 | 210 000,00   | Narodowe Centrum Nauki |                                                                                                                                       |
| 56 | Analiza funkcjonalna genomów bakteriofagów Staphylococcus aureus z rodzaju Kayvirus w poszukiwaniu molekularnych podstaw szerokiej specyficzności i strategii przetrwania w populacji z gospodarzem. | Małgorzata Łobocka | 2020-02-06 | 2025-02-05 | 2 249 194,00 | Narodowe Centrum Nauki | Portugalia, CEB-Centre of Biological Engineering, University of Minho                                                                 |
| 57 | Nowe aspekty negatywnej regulacji polimerazy III RNA u drożdży Saccharomyces cerevisiae.                                                                                                             | Małgorzata Cieśla  | 2020-09-01 | 2024-08-31 | 1 252 200,00 | Narodowe Centrum Nauki | Francja, Institute of Cellular Biochemistry and Genetics, Bordeaux University                                                         |
| 58 | Analiza sygnałowej roli O-acetyloseryny w roślinach.                                                                                                                                                 | Agnieszka Sirko    | 2020-01-29 | 2024-01-28 | 1 472 600,00 | Narodowe Centrum Nauki | Niemcy, Max Planck Institute of Molecular Plant Physiology, Potsdam-Golm; Niemcy, Institute for Plant Sciences, University of Cologne |
| 59 | Kompleksowa analiza funkcji Rysto receptora typu TIR-NB-LRR w odporności ziemniaka na infekcje.                                                                                                      | Marta Grech-Baran  | 2020-06-25 | 2024-06-24 | 909 000,00   | Narodowe Centrum Nauki |                                                                                                                                       |
| 60 | Identyfikacja i całościowa klasyfikacja peptydaz.                                                                                                                                                    | Kamil Steczkiewicz | 2020-06-25 | 2024-06-24 | 878 400,00   | Narodowe Centrum Nauki |                                                                                                                                       |
| 61 | Mechanizmy molekularne odpowiedzialne za formowanie się mięśniowych egzosfer oraz ich rola w proteostazie i cyklu życiowym C. elegans.                                                               | Michał Turek       | 2020-11-05 | 2025-08-04 | 1 896 240,00 | Narodowe Centrum Nauki |                                                                                                                                       |

|    |                                                                                                                                                                                           |                               |            |            |              |                        |                                                          |
|----|-------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|-------------------------------|------------|------------|--------------|------------------------|----------------------------------------------------------|
| 62 | Rola białek NBR1 i LSU w stabilności katalaz w <i>Arabidopsis thaliana</i> .                                                                                                              | Anna Niemirow                 | 2022-01-12 | 2024-01-11 | 69 540,00    | Narodowe Centrum Nauki |                                                          |
| 63 | Integracja przekazu sygnału od światła i stresu osmotycznego - funkcje molekularne białka PMI1 z <i>Arabidopsis thaliana</i> .                                                            | Olga Sztatelman               | 2019-01-14 | 2024-01-13 | 1 242 600,00 | Narodowe Centrum Nauki |                                                          |
| 64 | Rola i współdziałanie dehydrogenazy AidB i diokszgenazy AlkB w naprawie uszkodzeń zasad DNA i RNA.                                                                                        | Agnieszka Maciejewska         | 2019-01-09 | 2024-01-08 | 924 400,00   | Narodowe Centrum Nauki |                                                          |
| 65 | 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. | Jarosław Steciuk              | 2019-01-15 | 2024-01-14 | 210 000,00   | Narodowe Centrum Nauki | Niemcy, Max Planck Institute for Plant Breeding Research |
| 66 | Charakterystyka determinantów genetycznych biosyntezy kwasu priopionowego oraz analiza ich funkcjonalności w wybranych bakteriach fermentacji mlekowej.                                   | Tamara Aleksandrak-Piekarczyk | 2019-01-09 | 2024-01-08 | 623 000,00   | Narodowe Centrum Nauki |                                                          |
| 67 | Regulacja śmierci komórki i aktywności OXPHOS przez AMPylazę Fmp40 u drożdży <i>S. cerevisiae</i> .                                                                                       | Róża Kucharczyk               | 2019-06-13 | 2024-06-12 | 1 671 600,00 | Narodowe Centrum Nauki | Francja, University of Strasburg                         |
| 68 | Projektowanie fotoprzełączalnych rozbrajaczy biomateriałów zbudowanych z włókien amyloidowych.                                                                                            | Dorota Niedziałek             | 2019-06-18 | 2024-03-17 | 618 600,00   | Narodowe Centrum Nauki | Wielka Brytania, Cavendish Laboratory in Cambridge       |
| 69 | Biologia i systematyka antarktycznych szczepów bakterii kwasu mlekowego z rodzaju <i>Carnobacterium</i> w świetle analiz fenotypowych i genomycznych.                                     | Katarzyna Kosiorek            | 2019-06-21 | 2024-01-31 | 139 980,00   | Narodowe Centrum Nauki |                                                          |

|                                                                                                       |    |                                                                                                                                                                                                                            |                        |            |            |              |                                       |                                                                                                  |
|-------------------------------------------------------------------------------------------------------|----|----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|------------------------|------------|------------|--------------|---------------------------------------|--------------------------------------------------------------------------------------------------|
|                                                                                                       | 70 | Platforma oparta o nanociała (VHH) przeciwko podjednostkom kompleksu remodelującego chromatynę typu SWI/SNF jako innowacyjne narzędzie do precyzyjnie kontrolowanej inaktywacji kompleksu i badań w biologii molekularnej. | Tomasz Sarnowski       | 2019-07-26 | 2024-07-24 | 1 499 400,00 | Narodowe Centrum Nauki                | Wielka Brytania, University of Leeds; Niemcy, Max-Planck Institute of Molecular Plant Physiology |
|                                                                                                       | 71 | Mechanizmy zachowania metylacji DNA u ssaków: czas, wierność i podstawy kopiowania wzoru metylacji.                                                                                                                        | Matthias Bochtler      | 2019-10-02 | 2024-10-01 | 1 737 600,00 | Narodowe Centrum Nauki                | Chiny, East China Normal University, College of Life Science                                     |
|                                                                                                       | 72 | Identyfikacja czynników wirulencji Streptococcus anginosus.                                                                                                                                                                | Izabela Kern-Zdanowicz | 2019-09-02 | 2024-09-01 | 1 005 620,00 | Narodowe Centrum Nauki                |                                                                                                  |
| <b>II.3.2</b><br>Projekty finansowane lub dofinansowane ze środków Narodowego Centrum Badań i Rozwoju | 1  | N/D                                                                                                                                                                                                                        |                        |            |            |              |                                       |                                                                                                  |
| <b>II.3.3</b><br>Projekty finansowane przez inne organizacje krajowe (w tym MEiN, NAWA)               | 1  | Identyfikacja i charakteryzacja nowych czynników obrony przeciwbakteryjnej.                                                                                                                                                | Michał Wandel          | 2021-09-01 | 2026-08-31 | 1 780 000,00 | Narodowa Agencja Wymiany Akademickiej | Identyfikacja i charakteryzacja nowych czynników obrony przeciwbakteryjnej.                      |
|                                                                                                       | 2  | Specyfika funkcjonalna wirusowej RNA-zależnej polimerazy RNA, głównego celu w terapii COVID19.                                                                                                                             | Tomasz Turowski        | 2021-08-01 | 2025-07-31 | 1 760 000,00 | Narodowa Agencja Wymiany Akademickiej | Specyfika funkcjonalna wirusowej RNA-zależnej polimerazy RNA, głównego celu w terapii COVID19.   |

|  |   |                                                                                                        |                     |            |            |              |                                       |                                                                                                        |
|--|---|--------------------------------------------------------------------------------------------------------|---------------------|------------|------------|--------------|---------------------------------------|--------------------------------------------------------------------------------------------------------|
|  | 3 | Heterologous production of L-gulonolactone oxidase fused with human elastin likepolypeptide.           | Abdel Aziz Gad      | 2022-10-01 | 2024-09-30 | 855 763,52   | Polska Akademia Nauk                  | Heterologous production of L-gulonolactone oxidase fused with human elastin likepolypeptide.           |
|  | 4 | Modernizacja i utrzymanie infrastruktury bioinformatycznej IBB PAN.                                    | Piotr Zielenkiewicz | 2021-10-29 | 2024-12-31 | 2 596 029,86 | Ministerstwo Edukacji i Nauki         | Modernizacja i utrzymanie infrastruktury bioinformatycznej IBB PAN.                                    |
|  | 5 | „Centrum Badań Przedklinicznych i Technologii” CePT                                                    | Jarosław Poznański  | 2021-10-29 | 2024-12-31 | 2 808 549,38 | Ministerstwo Edukacji i Nauki         | „Centrum Badań Przedklinicznych i Technologii” CePT                                                    |
|  | 6 | Welcome to IBB Center                                                                                  | Aleksandra Kania    | 2023-06-01 | 2025-05-31 | 271 775,00   | Narodowa Agencja Wymiany Akademickiej | Welcome to IBB Center                                                                                  |
|  | 7 | Identyfikacja mechanizmu molekularnego wyczerpania anty-CD19 CAR-T CD4+ przez komórki chłoniaka DLBCL. | Paweł Ćwiek         | 2024-11-01 | 2026-10-31 | 198 750,00   | Fundacja DKSM                         | Identyfikacja mechanizmu molekularnego wyczerpania anty-CD19 CAR-T CD4+ przez komórki chłoniaka DLBCL. |
|  | 8 | Development of novel mRNA/VLP-based vaccines against emerging zoonotic viral diseases.                 | Roman Szczęsny      | 2021-12-15 | 2024-03-31 | 858 326,00   | Agencja Badań Medycznych              | Development of novel mRNA/VLP-based vaccines against emerging zoonotic viral diseases.                 |

|                                                                                      |   |                                                                                                                            |                     |            |            |               |                                                     |                             |
|--------------------------------------------------------------------------------------|---|----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|---------------------|------------|------------|---------------|-----------------------------------------------------|-----------------------------|
| <b>II.3.4</b><br><b>Projekty finansowane przez podmioty / instytucje zagraniczne</b> | 1 | Quality Control of the Mitochondrial Gene Expression System in Health and Disease                                          | Roman Szczęsny      | 2022-10-01 | 2026-09-30 | 226 512 EUR   | Unia Europejska MSCA                                | Projekt wielostronny        |
|                                                                                      | 2 | Intracellular mechanisms of anti-microbial immunity.                                                                       | Michał Wandel       | 2021-09-01 | 2026-08-31 | 705 000,00    | Europejskiej Organizacji Biologii Molekularnej EMBO |                             |
|                                                                                      | 3 | Population-wide analysis of molecular and metabolic features intrinsic to dormancy variability in single seeds — POP1Seed. | Julia Zinsmeister   | 2021-10-01 | 2024-09-30 | 623 788,00    | Unia Europejska MSCA                                |                             |
|                                                                                      | 4 | Analysis of protein synthesis regulation by oxidation of ribosomal proteins during aging                                   | Katarzyna Jonak     | 2022-10-01 | 2024-09-30 | 432 000,00    | Europejskiej Organizacji Biologii Molekularnej      |                             |
|                                                                                      | 5 | IMProving User experience, Long-term sustainability and Services of EU-OPENSREEN                                           | Piotr Zielenkiewicz | 2024-03-01 | 2027-02-28 | 98 800,00 EUR | Unia Europejska                                     | Projekt wielostronny        |
|                                                                                      | 6 | Quality Control of the Mitochondrial Gene Expression System in Health and Disease - +B88+B82:B82:B88                       | Kevin Waldron       | 2023-02-01 | 2025-04-30 | 278968 USD    | National Institute of Health                        | USA, University of Illinois |
|                                                                                      | 7 | Intracellular mechanisms of anti-microbial immunity.                                                                       | Lesia Kolomiiets    | 2023-06-01 | 2024-12-31 | 276462,33     | Europejskiej Organizacji Biologii Molekularnej      |                             |

\*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).

**IWAŃSKA O., LATOCH P., KOPIK N., KOVALENKO M., LICHOCKA M., SERWA R., STAROSTA A.L., Translation in *Bacillus subtilis* is spatially and temporally coordinated during sporulation. *Nature Communications* (2024) 15(1): 7188 (13 p.) DOI: 10.1038/s41467-024-51654-6\**

W pracy opisano lokalizację oraz aktywność maszynerii translacyjnej podczas sporulacji w bakterii *Bacillus subtilis*. Zidentyfikowano dwa zdarzenia wyciszenia translacji, które wpływają na poprawny przebieg sporulacji, a także opisano czasoprzestrzenne zmiany w lokalizacji komórkowej rybosomów. Pokazano także, iż paralogi białek rybosomalnych mają wpływ na prawidłowy przebieg sporulacji. Wyniki opisane w tej pracy potwierdziły również brak sprzężenia transkrypcji i translacji w *B. subtilis*.

**CZARNOCKA-CIECIURA A., POZNAŃSKI J., TURTOLA M., TOMECKI R., KRAWCZYK P.S., MROCZEK S., ORZEŁ W., SAHA U., JENSEN T.H., DZIEMBOWSKI A., TUDEK A., Modeling of mRNA deadenylation rates reveal a complex relationship between mRNA deadenylation and decay. *EMBO Journal* (2024) 43(24): 6525-6554 DOI: 10.1038/s44318-024-00258-3**

Ogon poliadenozynowy jest istotny dla stabilności i translacji mRNA w cytoplazmie. Wykorzystując sekwencjonowanie nanopore RNA i modelowanie numeryczne autorzy pokazali, że w *S. cerevisiae* transkryptom jest deadenylowany z szybkością 10A/min. Dla poszczególnych mRNA szybkość deadenytacji znacznie się różni i jest regulowana w odpowiedzi na stres. Aby oszacować szybkość deadenytacji, opracowano model numeryczny oparty na zmodyfikowanym

- Najważniejsze w roku sprawozdawczym osiągnięcie działalności naukowej jednostki o znaczeniu ogólnospołecznym lub gospodarczym, jeżeli zjawisko wystąpiło (maks. 500 znaków ze spacjami).

#### **Cykliczna konferencja z okazji Światowego Dnia Chorób Rzadkich**

W Dniu Chorób Rzadkich IBB PAN od 2018 roku organizuje konferencje uświadamiające czym są choroby rzadkie, jakim obciążeniem jest brak terapii i opieki dla pacjentów zmagających się z nimi oraz pokazujące co lekarze i naukowcy robią, aby pomóc pacjentom. W 2024 roku konferencja dotyczyła trudności w finansowaniu badań nad chorobami rzadkimi, pokazała przykłady organizowania i finansowania badań, w tym prowadzonych w IBB PAN, przez organizacje pacjentów. Uczestniczyło w niej 375 uczestników.

- 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).

**N/D**

## II.4. Działalność jednostki o charakterze innowacyjnym, aplikacyjnym

II.4.1. Ochrona własności intelektualnej (dotyczy uprawnień jednostki z tytułu patentu/prawa ochronnego w myśl obowiązujących aktów prawnych z zakresu ochrony własności przemysłowej), w tym:

- wykaz zgłoszeń patentowych i uzyskanych patentów

| L.p. | Numer zgłoszenia patentowego | Data zgłoszenia patentowego | Numer prawa wyłącznego | Tytuł                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                           | Twórca / Twórcy (nazwisko i imię)                                                                                                       | Nazwa uprawnionego z patentu       | Kraj lub organizacja gdzie dokonano zgłoszenia    |
|------|------------------------------|-----------------------------|------------------------|---------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|-----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|------------------------------------|---------------------------------------------------|
| 1    | P. 436491                    | 28.12.2020                  | Pat.244438             | Peptyd do stosowania w leczeniu lub zapobieganiu COVID-19                                                                                                                                                                                                                                                                                                                       | Piotr Zielenkiewicz, Norbert Odolczyk, Jarosław Poznański, Maria Winiewska - Szajewska                                                  | Instytut Biochemii i Biofizyki PAN | Polska, Urząd Patentowy Rzeczypospolitej Polskiej |
| 2    | P. 440401                    | 16.02.2022                  | Pat.246586             | Sposób diagnozowania in vitro etiologii płynu opłucnowego pod kątem choroby nowotworowej lub infekcji                                                                                                                                                                                                                                                                           | Anna Perzanowska-Domańska, Dominik Domański, Michał Kistowski, Agata Michalak, Grzegorz Wojtas, Aleksandra Martyna Robak, Michał Dadlez | Instytut Biochemii i Biofizyki PAN | Polska, Urząd Patentowy Rzeczypospolitej Polskiej |
| 3    | P.443929                     | 28.02.2023                  | Pat.246440             | Nowy szczep bakterii <i>Weissella cibaria</i> , 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 | Magdalena Kowalczyk, Tawakal Ayodele, Jakub Boreczek, Joanna Jaszowiecka, Przemysław Sałański, Małgorzata Łobocka, Jacek Bardowski      | Instytut Biochemii i Biofizyki PAN | Polska, Urząd Patentowy Rzeczypospolitej Polskiej |

|   |                                      |            |  |                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                        |                                                                                                                                                                                                                                                                    |                                                                                                |                                                   |
|---|--------------------------------------|------------|--|------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|--------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|------------------------------------------------------------------------------------------------|---------------------------------------------------|
| 4 | P.447551                             | 19.01.2024 |  | Sposób stabilizacji produkcji biowodoru metodą ciemnej fermentacji                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                     | Aleksandra Chojnacka, Anna Detman, Jerzy Jonczak, Anna Sikora                                                                                                                                                                                                      | Instytut Biochemii i Biofizyki PAN, Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie          | Polska, Urząd Patentowy Rzeczypospolitej Polskiej |
| 5 | P.448978                             | 26.06.2024 |  | Nanoprzeciwciasto przeciwko białku Spike koronawirusa SARS-CoV-2, hybryda z bakteriofagiem oraz ich zastosowanie w blokowaniu infekcji wirusowej i detekcji wirusa                                                                                                                                                                                                                                                     | Tomasz Sarnowski, Paweł Ćwiek, Szymon Kubala, Jan Walewski, Elżbieta Sarnowska, Małgorzata Stachowiak, Sergiusz Markowicz, Zygmunt Pojda, Magdalena Gromadzka, Jakub Szurmak, Monika Świątek, Joanna Szarkowska, Iga Jancewicz, Mariusz Gierej, Radosław Zagożdżon | Instytut Biochemii i Biofizyki PAN, Narodowy Instytut Onkologii im. Marii Skłodowskiej - Curie | Polska, Urząd Patentowy Rzeczypospolitej Polskiej |
| 6 | WO/2024/181878,<br>PCT/PL2024/050016 | 23.02.2024 |  | A new bacterial strain Weissella cibaria, a composition comprising it, a pharmaceutical composition for use, a dietary supplement, a probiotic preparation, a bacterial starter culture for making bread, sourdough, bread, a method for the production of bread, a method for the production of bread, a method for microbiological production of dextran, a bacterial preparation and applications using this strain | Magdalena Kowalczyk, Tawakal Ayodele, Jakub Boreczek, Joanna Jaszowiecka, Przemysław Sałański, Małgorzata Łobocka, Jacek Bardowski                                                                                                                                 | Instytut Biochemii i Biofizyki PAN                                                             | Światowa Organizacja Własności Intelektualnej     |

|   |                                              |            |  |                                                                                                                                                                                                                  |                                                                                                            |                                          |                                                        |
|---|----------------------------------------------|------------|--|------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|------------------------------------------------------------------------------------------------------------|------------------------------------------|--------------------------------------------------------|
| 7 | WO2024232769<br>A1,<br>PCT/PL2024/05<br>0030 | 06.05.2024 |  | Chitosan-copper hydrogel, methods of production thereof, compositions comprising it, methods using it, a surface of an object, fabric, non-woven fabric covered with it and uses of the chitosan-copper hydrogel | Krzysztof Drabikowski,<br>Wojciech Bał                                                                     | Instytut<br>Biochemii i<br>Biofizyki PAN | Światowa<br>Organizacja<br>Własności<br>Intelektualnej |
| 8 | BE1031638                                    | 05.06.2024 |  | Een eiwit dat specifiek bindt aan RNA/DNA-hybriden                                                                                                                                                               | Małgorzata Figiel, Damian Graczyk, Marta Jedynak-Slyvka, Zuzanna Kaczmarek, Marcin Nowotny, Roman Szczęsny | Instytut<br>Biochemii i<br>Biofizyki PAN | The Belgian<br>Office for<br>Intellectual<br>Property  |

– 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.

N/D

## 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)
  1. Prof. dr hab. Róża Kucharczyk
  2. Prof. dr hab. Tomasz Sarnowski
- 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                          |
|-----------------|--------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|------------------------------------------------------------------------|
| Michał Dmowski  | Udział niekatalitycznych podjednostek kompleksu helikazy-polimerazy DNA $\epsilon$ (CMGE) w kształtowaniu stabilności genomu <i>Saccharomyces cerevisiae</i> | dziedzina nauk ścisłych i przyrodniczych dyscyplina nauk biologicznych |
| Agnieszka Tudek | Metabolizm ogonów poliadenozynowych końców 3' kodujących i niekodujących transkryptów u drożdży <i>Saccharomyces cerevisiae</i>                              | dziedzina nauk ścisłych i przyrodniczych dyscyplina nauk biologicznych |
| Tomasz Turowski | Biogeneza niekodujących RNA                                                                                                                                  | dziedzina nauk ścisłych i przyrodniczych dyscyplina nauk biologicznych |
| Kevin Waldron   | Mechanizmy i ewolucja selektywności i specyficzność metali w metaloproteinach                                                                                | dziedzina nauk ścisłych i przyrodniczych dyscyplina nauk biologicznych |

- 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    | Justyna Antoniuk-Majchrzak | Rola białek Swi6 i Rad51 w ochronie komórek przed niestabilnością genetyczną                                                                                     | dziedzina nauk ścisłych i przyrodniczych dyscyplina nauk biologicznych |
| 2    | Emilia Baranowska          | Biochemiczne i molekularne podłoże chorób wywołanych mutacjami w mitochondrialnym genie ATP6 kodującym podjednostkę 6 syntazy ATP – badania na modelu drożdżowym | dziedzina nauk ścisłych i przyrodniczych dyscyplina nauk biologicznych |

|    |                        |                                                                                                                                                                           |                                                                        |
|----|------------------------|---------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|------------------------------------------------------------------------|
| 3  | Bartosz Baranowski     | Zaawansowane metody analizy otoczeń genomycznych do przewidywania nowych niezbadanych rodzin genów                                                                        | dziedzina nauk ścisłych i przyrodniczych dyscyplina nauk biologicznych |
| 4  | Małgorzata Dylewska    | Rola dioksygenaz AlkB E. coli i ludzkiej ALKBH3 oraz glikozylazy AlkA E. coli w naprawie adduktów akroleiny do adeniny i cytozyny w DNA                                   | dziedzina nauk ścisłych i przyrodniczych dyscyplina nauk biologicznych |
| 5  | Wojciech Goch          | Nowe modele reakcji chemicznej w objętościach subkomórkowych i ich zastosowanie do układu Aβ/Cu(II)                                                                       | dziedzina nauk ścisłych i przyrodniczych dyscyplina nauk biologicznych |
| 6  | Neuton Gorjão da Silva | Badanie niekanonicznej roli białka POLR1D wspólnej podjednostki RNA polimerazy I i III                                                                                    | dziedzina nauk ścisłych i przyrodniczych dyscyplina nauk biologicznych |
| 7  | Joanna Grochowska      | Analiza roli wybranych białek odpowiedzialnych za obróbkę i dojrzewanie mitochondrialnego RNA w regulacji poziomu dwuniciowego RNA w mitochondriach człowieka             | dziedzina nauk ścisłych i przyrodniczych dyscyplina nauk biologicznych |
| 8  | Małgorzata Habich      | Teoria "błędnego koła". Badanie mechanizmów kompensacyjnych metabolizmu fosforanów w przypadku śmierci łóżeczkowej                                                        | dziedzina nauk ścisłych i przyrodniczych dyscyplina nauk biologicznych |
| 9  | Igor Helbrecht         | Domeny EVE i wH jako detektory metylacji DNA                                                                                                                              | dziedzina nauk ścisłych i przyrodniczych dyscyplina nauk biologicznych |
| 10 | Rafał Jastrzęb         | Efekt cytostatyczny postbiotyków wybranych szczepów bakterii kwasu mlekowego w modelu raka jelita grubego. Mechanizm działania postbiotyku szczepu Lc4 Lactococcus lactis | dziedzina nauk ścisłych i przyrodniczych dyscyplina nauk biologicznych |
| 11 | Sławomir Kasperowicz   | Halogenowe pochodne heterocykliczne jako inhibitory kinazy CK2 - otrzymywanie bibliotek związków oraz analiza termodynamiczna oddziaływania z docelowym białkiem          | dziedzina nauk ścisłych i przyrodniczych dyscyplina nauk biologicznych |
| 12 | Karolina Maciak        | Identyfikacja i charakterystyka podłoża molekularnego wrodzonych niedokrwistości hemolitycznych                                                                           | dziedzina nauk ścisłych i przyrodniczych dyscyplina nauk biologicznych |
| 13 | Anna Niemirowa         | Nowe podejścia eksperymentalne do charakterystyki funkcji rodziny białek LSU (Response to Low Sulfur) w Arabidopsis thaliana                                              | dziedzina nauk ścisłych i przyrodniczych dyscyplina nauk biologicznych |
| 14 | Dawid Płonka           | Hepcydyna jako peptyd wiążący jony metal                                                                                                                                  | dziedzina nauk ścisłych i przyrodniczych dyscyplina nauk biologicznych |
| 15 | Małgorzata Rogala      | Polihydroksykwas zimnolubnych bakterii z regionów polarnych – bioróżnorodność producentów, rola w adaptacji bakterii do warunków stresowych i potencjał biotechnologiczny | dziedzina nauk ścisłych i przyrodniczych dyscyplina nauk biologicznych |
| 16 | Ce Wang                | UBA2A - regulator spoczynku nasion i retencji mRNA genu DOG1 na chromatynie w Arabidopsis thaliana                                                                        | dziedzina nauk ścisłych i przyrodniczych dyscyplina nauk biologicznych |

|    |                      |                                                                                                                                                            |                                                                        |
|----|----------------------|------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|------------------------------------------------------------------------|
| 17 | Aleksandra Woltyńska | Zmienność mikrobiomu porostów antarktycznych w gradiencie troficznym i czasowo-przestrzennym (Wyspa Króla Jerzego, Szetlandy Południowe)                   | dziedzina nauk ścisłych i przyrodniczych dyscyplina nauk biologicznych |
| 18 | Magdalena Wrona      | Rola BRM, katalitycznej podjednostki kompleksu BAS, w biologii nasion Arabidopsis thaliana i charakterystyka nowej kolekcji delecyjnych mutantów genu DOG1 | dziedzina nauk ścisłych i przyrodniczych dyscyplina nauk biologicznych |
| 19 | Marta Żurawska       | Opracowanie multipleksowego panelu białkowego z wykorzystaniem ukierunkowanej proteomiki do badania oporności na inhibitory CDK4/6 w raku piersi.          | dziedzina nauk ścisłych i przyrodniczych dyscyplina nauk biologicznych |

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                          |
|-----------------|-----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|------------------------------------------------------------------------|
| Anna Marusiak   | Kinazy MLK i ich znaczenie w progresji nowotworów i mechanizmach nabywania oporności na terapie przeciwnowotworowe                | dziedzina nauk ścisłych i przyrodniczych dyscyplina nauk biologicznych |
| Filip Stefaniak | Metody bioinformatyczne w badaniu oddziaływań RNA z małowzrostkowymi ligandami                                                    | dziedzina nauk ścisłych i przyrodniczych dyscyplina nauk biologicznych |
| Michał Koliński | Rozwijanie wieloskalowych metod modelowania molekularnego i wykorzystanie ich do badania złożonych układów białkowych             | dziedzina nauk ścisłych i przyrodniczych dyscyplina nauk biologicznych |
| Carlo Vascotto  | Podjęcie molekularne do badania mitochondrialnej formy białka APE1, transport, aktywność enzymatyczna i rola w biologii nowotworu | dziedzina nauk ścisłych i przyrodniczych dyscyplina nauk biologicznych |

- doktora

| I.p. | Imię i nazwisko   | Tytuł rozprawy doktorskiej                                                                                                                 | Dziedzina i zakres nadanego stopnia naukowego                          |
|------|-------------------|--------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|------------------------------------------------------------------------|
| 1    | Karim Abu Nahia   | Charakterystyka transkryptomu komórek układu bodźcowo-przewodzącego serca danio pręgowanego                                                | dziedzina nauk ścisłych i przyrodniczych dyscyplina nauk biologicznych |
| 2    | Pietro Boccaletto | Nowe narzędzia do porównawczej analizy struktur i modyfikacji cząsteczek ncRNA. Rozwój i zastosowanie baz danych RNArchitecture i MODOMICS | dziedzina nauk ścisłych i przyrodniczych dyscyplina nauk biologicznych |
| 3    | Karolina Bogusz   | Rola aktywności mTOR w regulacji oddziaływania białek p150Glued-AP-2β oraz kontroli poziomu i dystrybucji komórkowej białka Brg1           | dziedzina nauk ścisłych i przyrodniczych dyscyplina nauk biologicznych |

|   |                   |                                                                                                                   |                                                                        |
|---|-------------------|-------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|------------------------------------------------------------------------|
| 4 | Magdalena Mlostek | Identyfikacja związków o potencjale przeciwdepresyjnym z wykorzystaniem platformy do badań przesiewowych in vitro | dziedzina nauk ścisłych i przyrodniczych dyscyplina nauk biologicznych |
| 5 | Katarzyna Szafran | Mechanizmy aktywności nowych endonukleaz restrykcyjnych specyficznych wobec modyfikowanego DNA                    | dziedzina nauk ścisłych i przyrodniczych dyscyplina nauk biologicznych |
| 6 | Juan Zeng         | Molekularny mechanizm stabilności dendrytycznego krzewu neuronów dojrzałych                                       | dziedzina nauk ścisłych i przyrodniczych dyscyplina nauk biologicznych |

II.6.3. Studia doktoranckie - stan na dzień 31 grudnia (w przypadku środowiskowych studiów wypełnia jeden upoważniony do tego instytut naukowy PAN lub instytut PAN w którym są afiliowani doktoranci środowiskowych studiów, co wynika z uregulowań pomiędzy jednostkami prowadzącymi dane środowiskowe studia doktoranckie)

| Liczba uczestników studiów doktoranckich prowadzonych przez instytut naukowy PAN, w podziale na formy studiów i płeć doktorantów: |   |                                       |   |                                    |   |                                       |   | Liczba uczestników pobierających stypendia |                                                                                                                                                                                                                                                                                                         |
|-----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|---|---------------------------------------|---|------------------------------------|---|---------------------------------------|---|--------------------------------------------|---------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| stacjonarne studia doktoranckie                                                                                                   |   | w tym: przyjęci w roku sprawozdawczym |   | niestacjonarne studia doktoranckie |   | w tym: przyjęci w roku sprawozdawczym |   | ogółem                                     | w tym: stypendium doktoranckie, o którym mowa w art. 200 ust. 1 ustawy z dnia 27 lipca 2005 r. - Prawo o szkolnictwie wyższym, przyznane przez dyrektora instytutu PAN prowadzącego studia (art. 285 ustawy z dnia 3 lipca 2018r. Przepisy wprowadzające ustawę - Prawo o szkolnictwie wyższym i nauce) |
| K                                                                                                                                 | M | K                                     | M | K                                  | M | K                                     | M |                                            |                                                                                                                                                                                                                                                                                                         |
| 7                                                                                                                                 | 5 | 0                                     | 0 | 0                                  | 0 | 0                                     | 0 |                                            |                                                                                                                                                                                                                                                                                                         |
| Liczba uczestników studiów doktoranckich ogółem                                                                                   |   |                                       |   |                                    |   | w tym: przyjęci w roku sprawozdawczym |   |                                            |                                                                                                                                                                                                                                                                                                         |
| 12                                                                                                                                |   |                                       |   |                                    |   | 0                                     |   |                                            |                                                                                                                                                                                                                                                                                                         |
| K                                                                                                                                 |   | M                                     |   | K                                  | M | 8                                     | 8 |                                            |                                                                                                                                                                                                                                                                                                         |
| 7                                                                                                                                 |   | 5                                     |   | 0                                  | 0 |                                       |   |                                            |                                                                                                                                                                                                                                                                                                         |

Bliższe informacje o doktorantach niebędących obywatelami polskimi, zwanymi dalej „cudzoziemcami”

| Liczba cudzoziemców ogółem |                     | w tym: przyjęci w roku sprawozdawczym |                     |
|----------------------------|---------------------|---------------------------------------|---------------------|
| 4                          |                     | 0                                     |                     |
| Kraj pochodzenia           | Liczba cudzoziemców | Kraj pochodzenia                      | Liczba cudzoziemców |
| 1) Indie                   | 2                   | nie dotyczy                           | nie dotyczy         |
| 2) Iran                    | 1                   |                                       |                     |
| 3) Włochy                  | 1                   |                                       |                     |

II.6.4 Szkoły doktorskie - stan na dzień 31 grudnia - *prośba o podanie danych odrębnie dla każdej szkoły doktorskiej*

*W przypadku szkoły doktorskiej prowadzonej wspólnie z innymi podmiotami:*

- *instytut naukowy PAN podaje dane dotyczące wyłącznie doktorantów przypisanych instytutowi PAN składającemu sprawozdanie lub*

- *instytut naukowy PAN będący podmiotem odpowiedzialnym za wprowadzanie danych do systemu POL-on podaje dane dotyczące wszystkich doktorantów szkoły doktorskiej, w podziale na poszczególne podmioty prowadzące szkołę.*

|                                                                                                                                                                   |                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                |
|-------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|--------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| <b>Nazwa szkoły doktorskiej prowadzonej przez instytut PAN lub wspólnie prowadzonej z innymi podmiotami</b>                                                       | Szkoła Doktorska Medycyny Translacyjnej „Bench to Bedside – B 2 B 4 PhD”                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                       |
| <b>Podmiot odpowiedzialny za wprowadzanie danych do systemu POL-on i uprawniony do otrzymania środków finansowych na wspólne kształcenie w szkole doktorskiej</b> | Centrum Medyczne Kształcenia Podyplomowego                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                     |
| <b>Podmioty wspólnie prowadzące szkołę doktorską</b>                                                                                                              | Centrum Medyczne Kształcenia Podyplomowego<br>Instytut Medycyny Doświadczalnej i Klinicznej im. Mirosława Mossakowskiego PAN<br>Instytut Hematologii i Transfuzjologii PAN<br>Instytut Fizjologii i Patologii Słuchu<br>Instytut Matki i Dziecka<br>Instytut Biochemii i Biofizyki PAN<br>Instytut Biocybernetyki i Inżynierii Biomedycznej im. Macieja Nałęcz PAN<br>Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego (Centrum Medycyny Translacyjnej, Instytut Medycyny Weterynaryjnej) |
| <b>Dyscypliny, w których prowadzone jest kształcenie w szkole doktorskiej</b>                                                                                     | 1) Nauki medyczne<br>2) Nauki biologiczne<br>3) Inżynieria biomedyczna<br>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 |
| 4                                                               |    | 0                                      |    |                                             |                                                                                                                                                   |
| K*                                                              | M* | K*                                     | M* | 0                                           | 0                                                                                                                                                 |
| 3                                                               | 1  | 0                                      | 0  |                                             |                                                                                                                                                   |

Blizsze 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) Białoruś                | 1                   | nie dotyczy                           | nie dotyczy         |
| 2) Mongolia                | 1                   |                                       |                     |

|                                                                                                                                                            |                                                              |
|------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|--------------------------------------------------------------|
| Nazwa szkoły doktorskiej prowadzonej przez instytut PAN lub wspólnie prowadzonej z innymi podmiotami                                                       | Szkoła Doktorska Biologii Molekularnej i Chemii Biologicznej |
| Podmiot odpowiedzialny za wprowadzanie danych do systemu POL-on i uprawniony do otrzymania środków finansowych na wspólne kształcenie w szkole doktorskiej | Instytut Biochemii i Biofizyki Polskiej Akademii Nauk        |
| Podmioty wspólnie prowadzące szkołę dokorską                                                                                                               | Instytut Biochemii i Biofizyki Polskiej Akademii Nauk        |
| Dyscypliny, w których prowadzone jest kształcenie w szkole doktorskiej                                                                                     | Nauki biologiczne<br>Nauki chemiczne                         |

| 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 |
| 84                                                              |    | 19                                     |    |                                             |                                                                                                                                                   |
| K*                                                              | M* | K*                                     | M* | 76                                          | 76                                                                                                                                                |
| 53                                                              | 31 | 10                                     | 9  |                                             |                                                                                                                                                   |

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) Bangladesz                    | 1                     | 1) Bangladesz                            | 1                    |
| 2) Boliwia                       | 1                     | 2) Boliwia                               | 1                    |
| 3) Chorwacja                     | 1                     | 3) Indie                                 | 7                    |
| 4) Ghana                         | 1                     | 4) Indonezja                             | 1                    |
| 5) Indie                         | 23                    | 5) Iran                                  | 1                    |
| 6) Indonezja                     | 2                     | 6) Portugalia                            | 1                    |
| 7) Irak                          | 1                     | 7) Macedonia Północna                    | 1                    |
| 8) Iran                          | 4                     | 8) Turcja                                | 1                    |
| 9) Kolumbia                      | 1                     |                                          |                      |
| 10) Liban                        | 3                     |                                          |                      |
| 11) Macedonia Północna           | 1                     |                                          |                      |
| 12) Portugalia                   | 1                     |                                          |                      |
| 13) Turcja                       | 4                     |                                          |                      |
| 14) Ukraina                      | 3                     |                                          |                      |
| 15) Wielka Brytania              | 1                     |                                          |                      |
| 16) Wietnam                      | 1                     |                                          |                      |
| 17) Włochy                       | 1                     |                                          |                      |

\* w podziale na podmioty tworzące szkołę

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    | Justyna Antoniuk-Majchrzak | Rola białek Swi6 i Rad51 w ochronie komórek przed niestabilnością genetyczną                                                                                              | dziedzina nauk ścisłych i przyrodniczych dyscyplina nauk biologicznych |
| 2    | Emilia Baranowska          | Biochemiczne i molekularne podłoże chorób wywołanych mutacjami w mitochondrialnym genie ATP6 kodującym podjednostkę 6 syntazy ATP – badania na modelu drożdżowym          | dziedzina nauk ścisłych i przyrodniczych dyscyplina nauk biologicznych |
| 3    | Małgorzata Dylewska        | Rola dioksygenaz AlkB E. coli i ludzkiej ALKBH3 oraz glikozylazy AlkA E. coli w naprawie adduktów akroleiny do adeniny i cytozyny w DNA                                   | dziedzina nauk ścisłych i przyrodniczych dyscyplina nauk biologicznych |
| 4    | Wojciech Goch              | Nowe modele reakcji chemicznej w objętościach subkomórkowych i ich zastosowanie do układu A $\beta$ /Cu(II)                                                               | dziedzina nauk ścisłych i przyrodniczych dyscyplina nauk biologicznych |
| 5    | Neuton Gorjão da Silva     | Badanie niekanonicznej roli białka POLR1D wspólnej podjednostki RNA polimerazy I i III                                                                                    | dziedzina nauk ścisłych i przyrodniczych dyscyplina nauk biologicznych |
| 6    | Joanna Grochowska          | Analiza roli wybranych białek odpowiedzialnych za obróbkę i dojrzewanie mitochondrialnego RNA w regulacji poziomu dwuniciowego RNA w mitochondriach człowieka             | dziedzina nauk ścisłych i przyrodniczych dyscyplina nauk biologicznych |
| 7    | Małgorzata Habich          | Teoria "błędnego koła". Badanie mechanizmów kompensacyjnych metabolizmu fosforanów w przypadku śmierci łóżeczkowej                                                        | dziedzina nauk ścisłych i przyrodniczych dyscyplina nauk biologicznych |
| 8    | Igor Helbrecht             | Domeny EVE i wH jako detektory metylacji DNA                                                                                                                              | dziedzina nauk ścisłych i przyrodniczych dyscyplina nauk biologicznych |
| 9    | Rafał Jastrzęb             | Efekt cytostatyczny postbiotyków wybranych szczepów bakterii kwasu mlekowego w modelu raka jelita grubego. Mechanizm działania postbiotyku szczepu Lc4 Lactococcus lactis | dziedzina nauk ścisłych i przyrodniczych dyscyplina nauk biologicznych |
| 10   | Sławomir Kasperowicz       | Halogenowe pochodne heterocykliczne jako inhibitory kinazy CK2 - otrzymywanie bibliotek związków oraz analiza termodynamiczna oddziaływania z docelowym białkiem          | dziedzina nauk ścisłych i przyrodniczych dyscyplina nauk biologicznych |
| 11   | Karolina Maciak            | Identyfikacja i charakterystyka podłoża molekularnego wrodzonych niedokrwistości hemolitycznych                                                                           | dziedzina nauk ścisłych i przyrodniczych dyscyplina nauk biologicznych |

|    |                      |                                                                                                                                                                            |                                                                        |
|----|----------------------|----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|------------------------------------------------------------------------|
| 12 | Anna Niemiro         | Nowe podejścia eksperymentalne do charakterystyki funkcji rodziny białek LSU (Response to Low Sulfur) w <i>Arabidopsis thaliana</i>                                        | dziedzina nauk ścisłych i przyrodniczych dyscyplina nauk biologicznych |
| 13 | Dawid Płonka         | Hepcydyna jako peptyd wiążący jony metal                                                                                                                                   | dziedzina nauk ścisłych i przyrodniczych dyscyplina nauk biologicznych |
| 14 | Małgorzata Rogala    | Polihydroksykwasы zimnolubnych bakterii z regionów polarnych – bioróżnorodność producentów, rola w adaptacji bakterii do warunków stresowych i potencjał biotechnologiczny | dziedzina nauk ścisłych i przyrodniczych dyscyplina nauk biologicznych |
| 15 | Ce Wang              | UBA2A - regulator spoczynku nasion i retencji mRNA genu DOG1 na chromatynie w <i>Arabidopsis thaliana</i>                                                                  | dziedzina nauk ścisłych i przyrodniczych dyscyplina nauk biologicznych |
| 16 | Aleksandra Woltyńska | Zmienność mikrobiomu porostów antarktycznych w gradiencie troficznym i czasowo-przestrzennym (Wyspa Króla Jerzego, Szetlandy Południowe)                                   | dziedzina nauk ścisłych i przyrodniczych dyscyplina nauk biologicznych |
| 17 | Marta Żurawska       | Opracowanie multipleksowego panelu białkowego z wykorzystaniem ukierunkowanej proteomiki do badania oporności na inhibitory CDK4/6 w raku piersi.                          | dziedzina nauk ścisłych i przyrodniczych dyscyplina nauk biologicznych |
| 18 | Karim Abu Nahia      | Charakterystyka transkryptomu komórek układu bodźcowo-przewodzącego serca danio pręgowanego                                                                                | dziedzina nauk ścisłych i przyrodniczych dyscyplina nauk biologicznych |
| 19 | Pietro Boccaletto    | Nowe narzędzia do porównawczej analizy struktur i modyfikacji cząsteczek ncRNA. Rozwój i zastosowanie baz danych RNArchitecture i MODOMICS                                 | dziedzina nauk ścisłych i przyrodniczych dyscyplina nauk biologicznych |
| 20 | Karolina Bogusz      | Rola aktywności mTOR w regulacji oddziaływania białek p150Glued-AP-2β oraz kontroli poziomu i dystrybucji komórkowej białka Brg1                                           | dziedzina nauk ścisłych i przyrodniczych dyscyplina nauk biologicznych |
| 21 | Magdalena Mlostek    | Identyfikacja związków o potencjale przeciwdepresyjnym z wykorzystaniem platformy do badań przesiewowych in vitro                                                          | dziedzina nauk ścisłych i przyrodniczych dyscyplina nauk biologicznych |
| 22 | Katarzyna Szafran    | Mechanizmy aktywności nowych endonukleaz restrykcyjnych specyficznych wobec modyfikowanego DNA                                                                             | dziedzina nauk ścisłych i przyrodniczych dyscyplina nauk biologicznych |
| 23 | Juan Zeng            | Molekularny mechanizm stabilności dendrytycznego krzewu neuronów dojrzałych                                                                                                | dziedzina nauk ścisłych i przyrodniczych dyscyplina nauk biologicznych |

Wykaz uzyskanych doktoratów w ramach szkół doktorskich:

| Imię i nazwisko | Tytuł pracy doktorskiej                                                                                                                                    | Dziedzina i dyscyplina naukowa                                         |
|-----------------|------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|------------------------------------------------------------------------|
| Magdalena Wrona | Rola BRM, katalitycznej podjednostki kompleksu BAS, w biologii nasion Arabidopsis thaliana i charakterystyka nowej kolekcji delecyjnych mutantów genu DOG1 | dziedzina nauk ścisłych i przyrodniczych dyscyplina nauk biologicznych |

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.

| Imię i nazwisko pracownika | Zagraniczny ośrodek naukowy                                                                    | Forma kształcenia                        | Okres kształcenia, rok od-do | Wybrane uzyskane najważniejsze rezultaty badawcze (ew. publikacje)                                                                                                |
|----------------------------|------------------------------------------------------------------------------------------------|------------------------------------------|------------------------------|-------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| Aleksandra Weremczuk       | Agricultural Biotechnology Research Center, Academia Sinica, Taipei, Tajwan, Republika Chińska | staż;<br>finansowanie: umowa dwustronna  | 2024                         | manuskrypt wysłany do redakcji: Buszewicz et al., 2024<br>HSFA1-mediated changes in polyphenol levels influence plant tolerance to prolonged elevated temperature |
| Aleksandra Weremczuk       | Université Jean Monnet Saint-Etienne, CNRS, Francja                                            | staż;<br>finansowanie: midigrant IBB PAN | 2024                         | zebrane dane doświadczalne są obecnie opracowywane.                                                                                                               |
| Somayeh Shahmoradi Ghahe   | University of Helsinki, Finlandia                                                              | staż                                     | 2024                         | Establishment of methodology for assessing proteasome activity in C. elegans (results unpublished)                                                                |

## II.6.8. Opieka nad studentami

| Liczba studentów odbywających praktyki w jednostce PAN<br><br>ogółem | Liczba prac magisterskich wykonanych pod kierunkiem pracowników naukowych jednostki PAN |                            |                   |
|----------------------------------------------------------------------|-----------------------------------------------------------------------------------------|----------------------------|-------------------|
|                                                                      | ogółem                                                                                  | w uczelniach macierzystych | w jednostkach PAN |
| 68                                                                   | 17                                                                                      | 5                          | 12                |

## II.7. Działalność dydaktyczna pracowników jednostki

| wyszczególnienie         | Liczba osób prowadzących, ogółem:                          |                                              |
|--------------------------|------------------------------------------------------------|----------------------------------------------|
|                          | zajęcia ze studentami (wykłady, ćwiczenia seminaria, itp.) | wykłady (inne, poza zajęciami ze studentami) |
| <b>1. w kraju</b>        | <b>22</b>                                                  | <b>7</b>                                     |
| a) w uczelniach          | 17                                                         | 4                                            |
| b) w innych instytucjach | 5                                                          | 3                                            |
| <b>2. za granicą</b>     | <b>0</b>                                                   | <b>2</b>                                     |

Wykaz krajowych i/lub zagranicznych ośrodków naukowych, w których pracownicy jednostki prowadzili działalność dydaktyczną w roku sprawozdawczym.

| I.p. | Nazwa placówki                                                                                                                      | Kraj   |
|------|-------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|--------|
| 1    | Uniwersytet Śląski                                                                                                                  | Polska |
| 2    | Uniwersytet Warszawski                                                                                                              | Polska |
| 3    | IHAR, Radzików (M Bochtler Dni Młodego Naukowca 24.10.2024 "How AI tools are revolutionizing structural biology")                   | Polska |
| 4    | Solaris Kraków (M.Bochtler iNEXT Foresight Meeting 08.07.2024 "Ideas from quantum chemistry and AI for protein structural biology") | Polska |
| 5    | The Sainsbury Laboratory, Norwich, Anglia                                                                                           | Polska |
| 6    | Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego                                                                                               | Polska |
| 7    | Politechnika Warszawska                                                                                                             | Polska |
| 8    | Uniwersytet Jagielloński                                                                                                            | Polska |
| 9    | Uniwersytet Rzeszowski                                                                                                              | Polska |
| 10   | Akademia Leona Koźmińskiego                                                                                                         | Polska |

## II.8. Współpraca z zagranicą

### II.8.1. Zagraniczne instytucje naukowe, z którymi współpracuje jednostka

| I.p. | kraj      | partner                                                                                                                       | nazwa dokumentu <sup>1</sup>                                                    | okres obowiązywania        | zakres współpracy                                             |
|------|-----------|-------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|---------------------------------------------------------------------------------|----------------------------|---------------------------------------------------------------|
| 1    | Austria   | dr Yasin Dagdas<br>Gregor Mendel<br>Institute (GMI),<br>Austrian Academy of<br>Sciences, Vienna<br>BioCenter (VBC),<br>Vienna | nie dotyczy                                                                     | 2024                       | nieformalna<br>współpraca w zakresie<br>działalności naukowej |
| 2    | Belgia    | Silicones Europe                                                                                                              | Umowa o współpracy<br>naukowej pomiędzy<br>jednostkami z dnia:<br>27.06.2023 r. | 27.06.2023-<br>30.09.2024  | współpraca w zakresie<br>działalności naukowej                |
| 3    | Chiny     | prof. Jiemin Wong<br>East China Normal<br>University Shanghai                                                                 | Umowa nr: UMO-<br>2018/30/Q/NZ2/0066<br>9                                       | 01.10.2019-<br>30.09.2024  | realizacja projektu<br>badawczego NCN<br>"SHENG 1"            |
| 4    | Finlandia | dr Matti Turtola,<br>Uniwersytet w Turku                                                                                      | List intencyjny                                                                 | bezterminowo               | nieformalna<br>współpraca w zakresie<br>działalności naukowej |
| 5    | Francja   | prof. Philippe Giege<br>Institute of Molecular<br>Biology of Plants,<br>University of<br>Strasbourg                           | Umowa nr: UMO-<br>2021/43/O/NZ1/0229<br>1                                       | 1.10. 2022-<br>31.09.2026  | realizacja projektu<br>badawczego NCN                         |
| 6    | Francja   | Toulouse<br>Biotechnology<br>Institute, ex-LISBP                                                                              | Umowa nr: UMO-<br>2021/41/B/NZ9/02236                                           | 01.03.2022 -<br>28.02.2026 | realizacja projektu<br>badawczego NCN                         |
| 7    | Francja   | TOXALIM Research<br>Centre in Food<br>Toxicology                                                                              | Umowa nr: UMO-<br>2021/41/B/NZ9/02236                                           | 01.03.2022 -<br>28.02.2026 | realizacja projektu<br>badawczego NCN                         |
| 8    | Francja   | dr Benoit Boachon<br>Université Jean<br>Monnet Saint-Etienne,<br>Centre National de la<br>Recherche Scientifique              | nie dotyczy                                                                     | 2024                       | nieformalna<br>współpraca w zakresie<br>działalności naukowej |
| 9    | Hiszpania | Departamento de<br>Ecología Evolutiva,<br>Museo Nacional de<br>Ciencias Naturales,<br>Spanish National<br>Research Council    | Umowa nr: UMO-<br>2022/44/C/NZ6/00142                                           | 02.11.2022-<br>01.11.2025  | realizacja projektu<br>badawczego NCN                         |
| 10   | Litwa     | dr. Gintautas<br>Tamulaitis                                                                                                   | Umowa nr:<br>UMO2024/52/L/NZ1/0<br>0249                                         | 2024-2026                  | realizacja projektu<br>badawczego NCN<br>"DAINA 3"            |

<sup>1</sup> W przypadku braku podpisanego porozumienia/umowy proszę wpisać „nie dotyczy”

|    |           |                                                                                                                        |                                                                        |                         |                                                         |
|----|-----------|------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|------------------------------------------------------------------------|-------------------------|---------------------------------------------------------|
| 11 | Niemcy    | prof. Csaba Koncz, prof. George Coupland, dr Franziska Turck Max-Planck Institute for Plant Breeding Research, Kolonia | Guest scientist contract                                               | do 31.12.2025           | wizyta studyjna                                         |
| 12 | Niemcy    | prof. Alisdair Fernie Max-Planck Institute for Molecular Plant Physiology                                              | Fernie_2018 collaboration                                              | bezterminowo            | współpraca w zakresie działalności naukowej             |
| 13 | Niemcy    | prof. Stefan Holdenrieder Deutsches Herzzentrum München                                                                | Bez dokumentu                                                          | bezterminowo            | nieformalna współpraca w zakresie działalności naukowej |
| 14 | Niemcy    | dr Stan Kopriva Institute for Plant Sciences, University of Cologne                                                    | Umowa nr: UMO-2018/31/F/NZ1/02234                                      | 29.01.2020-28.01.2024   | realizacja projektu badawczego NCN "Bethoven Life"      |
| 15 | Niemcy    | dr Rainer Hoefgen Max Planck Institute of Molecular Plant Physiology, Potsdam-Golm                                     | Umowa nr: UMO-2018/31/F/NZ1/02234                                      | 29.01.2020-28.01.2024   | realizacja projektu badawczego NCN "Bethoven Life"      |
| 16 | Niemcy    | Ralf Erdmann Ruhr-Universität Bochum                                                                                   | List intencyjny                                                        | 2013 - bezterminowo     | nieformalna współpraca w zakresie działalności naukowej |
| 17 | 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 | współpraca w zakresie działalności naukowej             |
| 18 | Tajlandia | prof. Apinunt Udomkit Mahidol University                                                                               | Bez dokumentu                                                          | bezterminowo            | nieformalna współpraca w zakresie działalności naukowej |
| 19 | Tajwan    | prof. Yee-yung Charng Agricultural Biotechnology Research Center, Academia Sinica, Taipei                              | Umowa dwustronna BWZ PAN                                               | 2024-2025               | staż naukowy                                            |
| 20 | Ukraina   | Zakład Cytologii Instytutu Fizjologii im. Bohomolca NAN Ukrainy                                                        | Umowa Dwustronna                                                       | 25.07.2023 - 24.07.2028 | współpraca w zakresie działalności naukowej             |
| 21 | USA       | prof. Leszek Kotula Upstate Medical University                                                                         | Bez dokumentu                                                          | bezterminowo            | nieformalna współpraca w zakresie działalności naukowej |
| 22 | USA       | prof. Louis Staudt National Cancer Institute                                                                           | Bez dokumentu                                                          | bezterminowo            | nieformalna współpraca w zakresie działalności naukowej |

|    |                    |                                                                                                                           |                                                                                                               |                            |                                                                  |
|----|--------------------|---------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|---------------------------------------------------------------------------------------------------------------|----------------------------|------------------------------------------------------------------|
| 23 | USA                | NIH grant with Kehl-Fie<br>University of Iowa                                                                             | NIH R01 AI155611, sub-<br>award S05112-01                                                                     | 01.08.2024 –<br>30.04.2026 | realizacja projektu<br>badawczego NIH                            |
| 24 | USA                | dr Kariona Grabinska<br>Department of<br>Pharmacology, Yale School<br>of Medicine, New Haven,<br>Connecticut              | nie dotyczy                                                                                                   | 2024                       | nieformalna<br>współpraca w<br>zakresie działalności<br>naukowej |
| 25 | USA                | dr Aaron Neiman<br>Department of<br>Biochemistry and Cell<br>Biology, Stony Brook<br>University, Stony Brook,<br>New York | nie dotyczy                                                                                                   | 2024                       | nieformalna<br>współpraca w<br>zakresie działalności<br>naukowej |
| 26 | USA                | dr Tania Lupoli<br>Department of Chemistry,<br>New York University                                                        | nie dotyczy                                                                                                   | 2024                       | nieformalna<br>współpraca w<br>zakresie działalności<br>naukowej |
| 27 | Węgry              | Węgierska Akademia Nauk                                                                                                   | Joint Research Projects<br>Hungarian Academy of<br>Sciences – Polish<br>Academy of Sciences,<br>project no. 3 | 2024-2026                  | realizacja projektu<br>badawczego                                |
| 28 | Wielka<br>Brytania | prof. Seth Davis University<br>of York                                                                                    | Bez dokumentu                                                                                                 | bezterminowo               | nieformalna<br>współpraca w<br>zakresie działalności<br>naukowej |
| 29 | Wielka<br>Brytania | prof. Richard Bayliss<br>University of Leeds                                                                              | Ramy współpracy<br>międzynarodowej<br>Richard Bayliss                                                         | bezterminowo               | nieformalna<br>współpraca w<br>zakresie działalności<br>naukowej |

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.   | Irlandia | University of Galway | GODWIN J., GOVINDASAMY M., NEDOUNSEJIAN K., MARCH E., HALTON R., BOURBOUSSE C., WOLFF L., FORT A., KRZYSZTOŃ M., LÓPEZ CORRALES J., ŚWIEŻEWSKI S., BARNECHE F., SCHUBERT D., FARRONA S., The UBP5 histone H2A deubiquitinase counteracts PRCs-mediated repression to | Usuwanie mRNA jest złożonym procesem przeprowadzanym przy użyciu kilku niezależnych mechanizmów. W tej pracy wykazaliśmy że u <i>Schizosaccharomyces pombe</i> po początkowej deadenylacji mRNA, dodawanie urydyn do końców 3' cząsteczek hamuje ich dalszą degradację od końca 3' promując degradację od |

|   |                       |                                                                                                             |                                                                                                                                                                                                                           |                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                           |
|---|-----------------------|-------------------------------------------------------------------------------------------------------------|---------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|-----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
|   |                       |                                                                                                             | regulate Arabidopsis development. Nature Communications (2024) 15(1): 667 ( 14 p.) DOI: 10.1038/s41467-023-44546-8 IF 14.7                                                                                                | końca 5'. Odkryliśmy także specyficzność białek Cid1 do dodawania urydyn do ciągów adenin i białka Cid16 do cząsteczek pozbawiony ogonów adeninowych.                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                     |
| 2 | Zjednoczone Królestwo | Institute for Cell Biology, School of Biological Sciences, The University of Edinburgh, Edinburgh, Scotland | HELWAK A., TUROWSKI T., SPANOS C., TOLLERVEY D., Roles of SNORD115 and SNORD116 ncRNA clusters during neuronal differentiation. Nature Communications (2024) 15(1): 10427 (16 p.) DOI: 10.1038/s41467-024-54573-8 IF 14.7 | SNORD115 i 116 to snoRNA, które nie mają znanych funkcji w komórce, ale akumulują się w neuronach podczas ich różnicowania. Utrata ekspresji SNORD116 wiąże się z neurologicznym zespołem Pradera-Williego (PWS). W pracy stworzono linie komórkowe pozbawione klastrow SNORD115 lub SNORD116. Analiza wykazała zmiany w stabilności RNA i syntezie białek oraz wpływ utraty SNORD116 na rozwój neuronów. Zmiany obejmowały gen MAGEL2, związany z zespołem Schaaf-Yang, który ma podobny fenotyp do PWS. |

## 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 |  |

N/D

### 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).

N/D

### II.9.3. Działalność dydaktyczna:

- krótki opis działalności dydaktycznej.

N/D

### II.9.4. Pozostałe informacje, wynikające ze specyfiki działania centrum (krótki opis).

N/D

## 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<br>miejsce, data                                                                                                            | Organizator,<br>współorganizatorzy                                                                                                                                                                         | Rodzaj konferencji |                |
|-----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|--------------------|----------------|
|                                                                                                                                               |                                                                                                                                                                                                            | krajowa            | międzynarodowa |
| Święto Polskiej Stacji Antarktycznej im. H. Arctowskiego, Warszawa, Polska, 26.02.2024                                                        | Instytut Biochemii i Biofizyki Polskiej Akademii Nauk                                                                                                                                                      | X                  |                |
| Dzień Chorób Rzadkich 2024 - „Kiedy dobre chęci nie wystarczą – czyli możliwość finansowania badań w chorobach rzadkich”, ON-LINE, 29.02.2024 | Instytut Biochemii i Biofizyki PAN, Instytut Matki i Dziecka, Instytut Medycyny Doświadczalnej i Klinicznej PAN, Fundacja EB Polska, Polskie Towarzystwo Biochemiczne, Polskie Towarzystwo Alzheimerowskie | X                  |                |
| Third Annual Meeting of the ProteoCure COST Action, Warszawa, Polska, 07-10.05.2024                                                           | Instytut Biochemii i Biofizyki Polskiej Akademii Nauk, ProteoCure Action, COST,                                                                                                                            |                    | X              |
| EMBO Workshop Molecular biology of mitochondrial gene maintenance and expression, Józefów, Polska, 19-23.05.2024                              | Instytut Biochemii i Biofizyki PAN, University Medical Center Göttingen, Germany, Newcastle University, United Kingdom, Karolinska Institutet, Sweden                                                      |                    | X              |
| 7th DNA Polymerases Meeting 2024. Warszawa, Polska, 28-31.08.2024                                                                             | Instytut Biochemii i Biofizyki Polskiej Akademii Nauk, Polska Akademia Nauk, Komitet Biologii Molekularnej Komórki PAN                                                                                     |                    | X              |

II.10.2. Udział jednostki w przedsięwzięciach promujących i popularyzujących wyniki badań naukowych (np. festiwale i pikniki naukowe, wystawy i targi, w tym targi książki, artystyczne, inne): nazwa i miejsce imprezy, ewentualne wyróżnienia związane z udziałem jednostki w tej imprezie (krótki opis).

### 1. PIKNIK NAUKOWY (15.06.2024, Warszawa),

Pokazy na stanowisku IBB PAN „Fascynujący świat mikrobiomów”:

- Wszzechmocne mikrobiomy: Dowiedźcie się, czym są mikrobiomy, gdzie można je spotkać i jak wykorzystać.
- Sekwencjator DNA: Poznajcie budowę cząsteczki DNA i podstawowe pojęcia dotyczące genomu.

Pokazy na stanowisku Polskiej Stacji Antarktycznej im. H. Arctowskiego “Eksploracja niedostępnego i złożonego świata ekosystemów polarnych”;

- Magiczne tatuaże: Zróbcie sobie polarny tatuaż.
- Fascynujący świat polarny: Wyruszcie w podróż pontonem wśród gór lodowych, wprost do polskiej stacji badawczej w Antarktyce.

## 2. FESTIWAL NAUKI (21.09.2024-26.09.2024, Warszawa),

Spotkania weekendowe:

- Enzymy restrykcyjne – tajna broń bakterii w służbie nauki - M. Cieśla, I. Karkusiewicz, Biologia molekularna od kuchni – Warsztaty, na których dowiesz się jak ugryźć gen.
- Modelowy celebryta - elegancki nicien *Caenorhabditis elegans* - A. Szczepańska, J. Polaczyk, K. Kołodziejska, S. Vadlamani, P. Ramakrishnan, Badania z wykorzystaniem nicieni *Caenorhabditis elegans* zaowocowały trzema Nagrodami Nobla. Poznaj genetykę i fizjologię
- Model Celebrity: The Elegant Nematode *Caenorhabditis elegans* - A. Szczepańska, J. Polaczyk, K. Kołodziejska, S. Vadlamani, P. Ramakrishnan, Research using the nematode *Caenorhabditis elegans* has resulted in three Nobel Prizes. Discover the genetics and physiology of this fascinating organism.

Lekcje Festiwalowe

- Mikromacierze i Sekwencjonowanie DNA: odkrywamy tajemnice genetyki- R. Iwanicka-Nowicka, M. Koblowska, Na zajęciach dowiedziecie się, jak analizy z zastosowaniem mikromacierzy DNA i sekwencjonowania nowej generacji (NGS) pomagają odkrywać tajemnice ludzkiego genomu.
- Dlaczego i w jaki sposób bakterie stają się odporne na antybiotyki? - I. Kern-Zdanowicz, Opowiemy o problemie nabywania oporności na antybiotyki przez bakterie i o jej rozprzestrzenianiu w środowisku. Opowiemy o zjawiskach, które do tego prowadzą oraz o tym, co z tego wynikać może.
- Probiotyki, czyli tak naprawdę co? - M. Kowalczyk, O. Kostiuhenko, J. Kopczyńska, Podczas spotkania dowiemy się jaka jest droga od wyizolowania szczepu bakterii do uzyskania probiotyku. Obejrzymy komórki bakterii mlekowych i sprawdzimy czy mają potencjalne właściwości probiotyczne.

## 3. ŚLĄSKI FESTIWAL NAUKI (7-9.12.2024, Katowice),

- O nieprzeciętnych rolach grzybów, obsadzanych w wielkim spektaklu przyrody, opowiadała dr hab. Anna Muszewska, mykolożka i bioinformatyczka, szefowa Pracowni Bioinformatyki Grzybów IBB PAN. Uczestnicy brali czynny udział w panelu, a pytania, które zadawali, dotyczyły rozmaitych zagadnień – od suplementów diety zawierających grzyby, poprzez zagrożenia dla rolnictwa ze strony patogenów roślin, po możliwość przeszczepiania grzybni do mózgu, by uzyskać interfejs strzępki-mózg.
- Podczas rozmowy z dr hab. Agatą Starostą, badaczką bakterii, biologką molekularną, kierującą Pracownią Translatomiki IBB PAN, można było dowiedzieć się, na jakiej podstawie uznajemy bakterie za wszechstronne, wszechobecne, dlaczego są fascynujące oraz dlaczego warto z nimi żyć w komitywie. Były rozmowy o tym, jak dbać o nasz mikrobiom, jak bakterie uciekają z oczyszczalni ścieków, co robią na stacji kosmicznej oraz czy są naszym wrogiem czy sprzymierzeńcem.

## 4. ZAJĘCIA Z DZIEĆMI I MŁODZIEŻĄ SZKOLNĄ,

- 10.01.2024 r., 17.04.2024 r. Ośrodek Szkolno-Wychowawczy dla Głuchych w Warszawie - zajęcia pt. „Świat mikroorganizmów” oraz „DNA-RNA-Białko”;
- 10.04.2024 r. Zespół Szkół nr 39 im. Edmunda Jankowskiego Technikum Ogrodnicze w Warszawie – zajęcia z biologii pt.: „Dlaczego Badania na roślinach są kluczowe dla postępu w nauce?”;
- 23.05.2024 r., 10.10.2024 r. Przedszkole nr 98 w Warszawie, zajęcia pt. „Czy lód może być suchy”, „Tajemnice ciekłego azotu”;

- 03.06.2024 r. Szkoła Podstawowa nr 362 w Warszawie, zajęcia pt. „Ogień, wybuchy i inne ciekawostki”;
- 05.06.2024 r. DobraTU Szkoła podstawowa i liceum im. Tosi Kozłowskiej w Warszawie - zajęcia pt. „Struktura DNA, transkrypcja, translacja, izolacja DNA”;
- 17.06.2024 r. Szkoła Podstawowa im. Bohaterów Warszawy w Podkowie Leśnej - zajęcia pt. „Elektroforeza DNA”
- 17.10.2024 r. Wizyta uczniów Szkoły Podstawowej nr.2 w Legionowie w siedzibie IBB PAN;
- 24-25.10.2024 r. Szkoła Podstawowa nr. 4 w Pruszkowie – zajęcia pt. „Mikrobiologia, czyli o tym co jest małe”;
- 17.12.2024 r. CLXI Liceum Ogólnokształcące im. Władysława Bartoszewskiego w Warszawie – zajęcia laboratoryjne rozwijające kompetencje uczniów w zakresie nauk biologicznych;

#### 5. MEDIA POPULARNONAUKOWE,

- 06.03.2024 r., Urszula Zielenkiewicz, Szymon Kaczanowski, artykuł pt. „Cellular self-destruction may be ancient. But why?,” Quanta Magazine, Veronique Greenwood, przetłumaczony na język niemiecki (zientziakaiera.eus), francuski (sott.net), i włoski (Le Scienze);
- 03.09.2024 r. Agata Starosta, artykuł pt. „Sporo nowej wiedzy o sporach: zbadano produkcję białek w bakterii wytwarzającej przetrwalnik”, naukawpolsce.pl;
- 04.10.2024 r. Anna Muszewska, wywiad pt. „Grzyby to jest świat”; Radio Projekt Pulsar Podcast 107,
- 21.10.2024 r., Bianka Świdarska, wywiad pt. „Spektrometria mas i jej fenomen diagnostyczny.”, audycja Eureka Jedynka Polskie Radio;
- 25.10.2024 r. Małgorzata Korczak-Abshire, wywiad pt. „Pingwin to nie postać z bajki”, Radio Projekt Pulsar Podcast Odc. 109;
- 15.11.2024 r. Agata Starosta, wywiad pt. „Jesteśmy narzędziem w rękach bakterii”, Radio Projekt Pulsar Podcast Odc. 111;
- 16.11.2024 r. Tamara Aleksandrak-Piekarczyk, wywiad pt. „Czym są bakteriocyny?”, podcast radio TOK FM;
- 18.11.2024 r. Małgorzata Łobocka, Tamara Aleksandrak-Piekarczyk, artykuł pt. „Polscy naukowcy mają sposób na walkę z groźnym gronkowcem złocistym”, naukawpolsce.pl;
- 28.11.2024 r. Małgorzata Łobocka, Tamara Aleksandrak-Piekarczyk, artykuł pt. „IBB PAN: wiemy, jak poradzić sobie z gronkowcem złocistym”, forumakademickie.pl;
- 29.11.2024 r. Małgorzata Łobocka, Tamara Aleksandrak-Piekarczyk, wywiad pt. „Bakteriofagi i bakteriocyny rozwiążą problem antybiotykooporności?”, medexpress.pl;
- 14.12.2024 r., Bianka Świdarska, wywiad pt. „Czym jest proteomika?”, podcast radio TOK FM;
- 16.12.2024 r. Małgorzata Łobocka, Tamara Aleksandrak-Piekarczyk, wywiad pt. „Bakteriofagi i bakteriocyny w walce z antybiotykoopornością”, BioOpen Talk #4;

#### 6. INNE,

- 05-06.03.2024 r. „Spotkaj Swojego Pracodawcę” Targi pracy branży Life Science, spotkania ze studentami kierunków nauk ścisłych i przyrodniczych, prelekcja online na temat IBB PAN;
- 15.10.2024 r. Forum Rozwoju Mazowsza - prezentacja osiągnięć w partnerstwie z Centrum Badań Przedklinicznych i Technologii (CePT), udział prof. Róży Kucharczyk w panelu „Europa na nowej ścieżce zielonego rozwoju”;
- 27.11.2024 r. Warsaw Medical Expo - Targi Medyczne 2. Edycja;

## 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 3700 szczepów bakteryjnych, około 4000 szczepów drożdżowych, ponad 2000 plazmidów, około 300 izolatów 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*

### Kolekcja POLIPRENOLI

Kolekcja Poliprenoli IBB PAN, istniejąca od 1983 roku, dysponuje unikalnym zasobem naturalnych metabolitów izoprenoidowych (terpenów) i ich semisyntetycznych pochodnych (np. aldehydy, fosforany, sole prenyloamoniowe). Oprócz poliprenoli i dolicholi w zasobach Kolekcji znajdują się także oligoterpeny. Związki te mogą być wykorzystane jako standardy w oznaczeniach jakościowych i ilościowych lub jako substraty w badaniach biochemicznych i strukturalnych. Kolekcja Poliprenoli oferuje również wsparcie i konsultacje dotyczące metod analitycznych i preparatywnych stosowanych w badaniach wykorzystujących materiały z Kolekcji. Dzięki posiadanym zasobom ludzkim, specjalistycznej wiedzy i zgromadzeniu unikalnej kolekcji substancji izoprenoidowych IBB PAN stał się ośrodkiem referencyjnym w zakresie tematycznym dotyczącym poliizoprenoidów.

### Kolekcja Muzeum Badań Polarnych w Puławach

Na mocy umowy z dnia 25 października 2023 IBB PAN przekazał do Muzeum kilkadziesiąt artefaktów takich jak: sanie nonsenowskie, rakiety śnieżne, buty polarnika, mapy, przyrządy pomiarowe, okazy geologiczne oraz fauny.

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).

N/D

## II.12. Nagrody i wyróżnienia naukowe uzyskane przez pracowników jednostki w roku sprawozdawczym

II.12.1. Nagrody krajowe i zagraniczne przyznane za działalność naukową  
nazwa-rodzaj nagrody/za co przyznana/przez kogo/komu  
(m.in. Prezydenta RP, Prezesa Rady Ministrów, nagrody PAN, nagrody akademii nauk i instytucji równorzędnych, nagrody resortowe, uczelni, fundacji, towarzystw, instytucji oraz osób działających na rzecz nauki, nagrody przyznawane przez jednostkę).

| Nazwa/rodzaj nagrody              | Za co przyznana                                                                                                                                                                                                                                                | Przez kogo przyznana              | Komu przyznana                                                                                      |
|-----------------------------------|----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|-----------------------------------|-----------------------------------------------------------------------------------------------------|
| Wyróżnienie                       | Cykl prac w tematyce: „Odkrycie nowych mechanizmów proteostazy, ważnych w funkcjonowaniu organizmów i rozwoju nowych terapii”                                                                                                                                  | Wydział II PAN                    | Wojciech Pokrzywa, Natalia Szulc, Aniruddha Das, Abhishek Dubey, <b>Michał Turek</b> , Rafał Płoski |
| Ambasador Kongresów Polskich 2024 | Tytuł Ambasadora Kongresów Polskich to prestiżowe wyróżnienie, które honoruje osoby przyczyniające się do wzmacniania pozycji Polski jako miejsca organizacji międzynarodowych wydarzeń, jednocześnie promując ich osiągnięcia na arenie krajowej i światowej. | Kapituła Programu AKP 2024 – 2027 | Adrianna Skoneczna                                                                                  |

|                                                                                            |                                                                                                                                                                                                                                                                                                             |                                          |                                                                                                                                                                                        |
|--------------------------------------------------------------------------------------------|-------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|------------------------------------------|----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| I Nagroda publikacyjna IBB za prace, które ukazały się w roku 2023 - za pracę badawczą     | Promoter-pervasive transcription causes RNA polymerase II pausing to boost DOG1 expression in response to salt. EMBO J. doi: 10.15252/embj.2022112443                                                                                                                                                       | Komisja ds. Nagród Rady Naukowej IBB PAN | Miguel Montez, Maria Majchrowska, Michal Krzyszton, Grzegorz Bokota, Sebastian Sacharowski, Magdalena Wrona, Ruslan Yatusevich, Ferran Massana, Dariusz Plewczynski, Szymon Swiezewski |
| II Nagroda publikacyjna IBB za prace, które ukazały się w roku 2023 - za pracę badawczą    | Strand specificity of ribonucleotide excision repair in Escherichia coli, Nucleic Acids Research; doi: 10.1093/nar/gkad038                                                                                                                                                                                  | Komisja ds. Nagród Rady Naukowej IBB PAN | Krystian Łazowski, Mahmood Faraz, Alexandra Vaisman, Nicholas W Ashton, Piotr Jonczyk, Iwona J Fijałkowska, Anders R Clausen, Roger Woodgate, Karolina Makiela-Dzibenska               |
| III Nagroda publikacyjna IBB za prace, które ukazały się w roku 2023 - za pracę badawczą   | Prefoldin 2 contributes to mitochondrial morphology and biogenesis, BMC Biology; doi: 10.1186/s12915-023-01695-y                                                                                                                                                                                            | Komisja ds. Nagród Rady Naukowej IBB PAN | Ismail Tahmaz, Somayeh Shahmoradi Ghahe, Monika Stasiak, Kamila P Liput, Katarzyna Jonak, Ulrike Topf                                                                                  |
| I Nagroda publikacyjna IBB za prace, które ukazały się w roku 2023 - za pracę przeglądową  | SKI complex: A multifaceted cytoplasmic RNA exosome cofactor in mRNA metabolism with links to disease, developmental processes, and antiviral responses.; Wiley Interdisciplinary Review RNA DOI: 10.1002/wrna.1795                                                                                         | Komisja ds. Nagród Rady Naukowej IBB PAN | Rafał Tomecki, Karolina Drązkowska, Kamil Kobyłecki, Agnieszka Tudek                                                                                                                   |
| II Nagroda publikacyjna IBB za prace, które ukazały się w roku 2023 - za pracę przeglądową | za pracę przeglądową:<br>Reactive Cu <sup>2+</sup> -peptide intermediates revealed by kinetic studies gain relevance by matching time windows in copper metallomics. Metallomics 15, art. no. mfad007, 2023.<br><a href="https://doi.org/10.1093/mtomcs/mfad007">https://doi.org/10.1093/mtomcs/mfad007</a> | Komisja ds. Nagród Rady Naukowej IBB PAN | Radosław Kotuniak, Wojciech Bał                                                                                                                                                        |
| 26 SCAR Visiting Scholarships                                                              | Krystalograficzne i wielkoskalowe badania glaciologiczne                                                                                                                                                                                                                                                    | SCAR                                     | Stephen Jennings                                                                                                                                                                       |
| EMBO Scientific Exchange Grant                                                             | Finansowanie stażu zagranicznego                                                                                                                                                                                                                                                                            | EMBO                                     | Klaudia Kołodziejska                                                                                                                                                                   |
| stypendium START                                                                           |                                                                                                                                                                                                                                                                                                             | Fundacja na Recz Nauki Polskiej          | Piotr Włodzimierz                                                                                                                                                                      |

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).

N/D

### III. Zatrudnienie

Zatrudnienie średnioroczne w przeliczeniu na pełne etaty\*:

**Liczba ogółem/w tym naukowych**

**273/102**

### 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

N/D

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)<br><a href="http://www.gbif.org">http://www.gbif.org</a><br>u.p/ 09.12.2003, GBIF- 2001/ | 28.08.2008                    | Poznawanie i ochrona różnorodności biologicznej, ze szczególnym uwzględnieniem obszaru Polski, a także gromadzenia, przetwarzania i udostępniania danych o bioróżnorodności | 1. Wydział Biologii Uniwersytetu Warszawskiego (koordynator Sieci),<br>2. Instytut Biologii i Nauk o Ziemi Akademii Pomorskiej w Słupsku,<br>3. Instytut Badawczy Leśnictwa,<br>4. Instytut Biochemii i Biofizyki PAN,<br>5. Instytut Biologii Ssaków PAN,<br>6. Instytut Botaniki im. W. Szafera PAN,<br>7. Instytut Dendrologii PAN,<br>8. Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin – Państwowy Instytut Badawczy,<br>9. Instytut Oceanologii PAN,<br>10. Instytut Ochrony Przyrody PAN,, |

|  |  |  |  |                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                        |
|--|--|--|--|----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
|  |  |  |  | 11. Instytut Systematyki i Ewolucji Zwierząt PAN,<br>12. Morski Instytut Rybacki – Państwowy Instytut Badawczy,<br>13. Muzeum Górnośląskie w Bytomiu,<br>14. Muzeum i Instytut Zoologii Polskiej Akademii Nauk,<br>15. Zbiory Przyrodnicze, Wydział Biologii, Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu<br>16. Wydział Biologii, Geografii i Oceanologii, Uniwersytet Gdański,<br>17. Wydział Biologii, Uniwersytet Jagielloński,<br>18. Uniwersytet Łódzki,<br>19. Uniwersytet Marii Curie–Skołodowskiej,<br>20. Wydział Nauk Biologicznych i Weterynaryjnych, Uniwersytet Mikołaja Kopernika,<br>21. Instytut Biologii, Uniwersytet Opolski,<br>22. Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie,<br>23. Uniwersytet Rolniczy im. Hugona Kołłątaja w Krakowie,<br>24. Instytut Biologii i Biotechnologii, Kolegium Nauk Przyrodniczych, Uniwersytet<br>25. Instytut Biologii, Uniwersytet Szczeciński,<br>26. Wydział Nauk Przyrodniczych, Uniwersytet Śląski w Katowicach,<br>27. Wydział Biologii, Uniwersytet w Białymstoku,<br>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<br>- Instytut Biochemii i Biofizyki PAN<br>- Instytut Chemii Bioorganicznej PAN                                                                                                                                                                                                                                                             |
| 2.   | Polskie Konsorcjum Polarne (PKPol)                                                                                                          | 25.09.2014     | badania polarne      | - Instytut Biochemii i Biofizyki PAN,<br>- Uniwersytet Śląski,<br>- Uniwersytet Jagielloński,<br>- Uniwersytet im. Adama Mickiewicza,<br>- Uniwersytet Marii Curie Skłodowskiej,<br>- Uniwersytet Gdański,<br>- Uniwersytet Jana Kochanowskiego,<br>- Uniwersytet Mikołaja Kopertka,<br>- Uniwersytet Wrocławski,<br>- Instytut Geofizyki PAN,<br>- Instytut Oceanologii PAN, |

|    |                                                                                                                                        |            |                                         |                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                |
|----|----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|------------|-----------------------------------------|--------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
|    |                                                                                                                                        |            |                                         | <ul style="list-style-type: none"> <li>- Instytut Nauk Geologicznych PAN,</li> <li>- Akademia Morska w Gdyni,</li> <li>- Państwowy Instytut Geologiczny – Państwowy Instytut Badawczy,</li> <li>- Politechnika Gdańska,</li> <li>- Uniwersytet Warszawski,</li> <li>- Uniwersytet Łódzki,</li> <li>- Politechnika Warszawska.</li> </ul>                                                                                                                                                                                                                                                                                       |
| 3. | Biocentrum Ochota                                                                                                                      | 28.12.2007 | biologia,<br>medycyna,<br>bioinżynieria | <ul style="list-style-type: none"> <li>- Instytut Biochemii i Biofizyki PAN,</li> <li>- Instytut Biocybernetyki i Inżynierii Biomedycznej PAN,</li> <li>- Instytut Biologii Doświadczalnej PAN,</li> <li>- Instytut Medycyny Doświadczalnej i Klinicznej PAN,</li> <li>- Instytut Podstawowych Problemów Techniki PAN,</li> <li>- Międzynarodowy Instytut Biologii Molekularnej i Komórkowej.</li> </ul>                                                                                                                                                                                                                       |
| 4  | Centrum Badań Przedklinicznych i Technologii CePT<br><a href="https://www.wum.edu.pl/node/14043">https://www.wum.edu.pl/node/14043</a> | 28.11.2008 | biologia<br>medyczna,<br>medycyna       | <ul style="list-style-type: none"> <li>- Warszawski Uniwersytet Medyczny – lider Konsorcjum,</li> <li>- Uniwersytet Warszawski,</li> <li>- Politechnika Warszawska,</li> <li>- Instytut Biologii Doświadczalnej im. M. Nenckiego PAN,</li> <li>- Instytut Biochemii i Biofizyki PAN,</li> <li>- Instytut Medycyny Doświadczalnej i Klinicznej im. M. Mossakowskiego PAN,</li> <li>- Międzynarodowy Instytut Biologii Molekularnej i Komórkowej,</li> <li>- Instytut Podstawowych Problemów Techniki PAN</li> <li>- Instytut Wysokich Ciśnień PAN,</li> <li>- Instytut Biocybernetyki i Inżynierii Biomedycznej PAN.</li> </ul> |

IV.5. Udział jednostki w pracach innych form zrzeczeń 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     | <ul style="list-style-type: none"> <li>- Instytut Biochemii i Biofizyki PAN,</li> <li>- Uniwersytet Warszawski</li> </ul>                                                            |
| 2.   | Umowa naukowo-badawcza    | 01.03.2016     | biochemia           | <ul style="list-style-type: none"> <li>- Instytut Biochemii i Biofizyki PAN,</li> <li>- Instytut Rybactwa Śródlądowego im. Stanisława Sakowicza w Olsztynie (IRS Olsztyn)</li> </ul> |

|    |                             |            |                                                                                               |                                                                          |
|----|-----------------------------|------------|-----------------------------------------------------------------------------------------------|--------------------------------------------------------------------------|
| 3. | Basic cooperation agreement | 12.06.2016 | Chemia organiczna i analityczna, biochemia, biofizyka, biologia syntetyczna, chemoinformatyka | - Instytut Biochemii i Biofizyki PAN,<br>- 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).

**N/D**

\* zgodnie z obowiązującymi przepisami.

miejsce, dnia 17 marca, 2025 r.

Imię i nazwisko, telefon do kontaktów osoby sporządzającej informację  
Katarzyna Jagiełło-Wilgat, 22-592-21-61