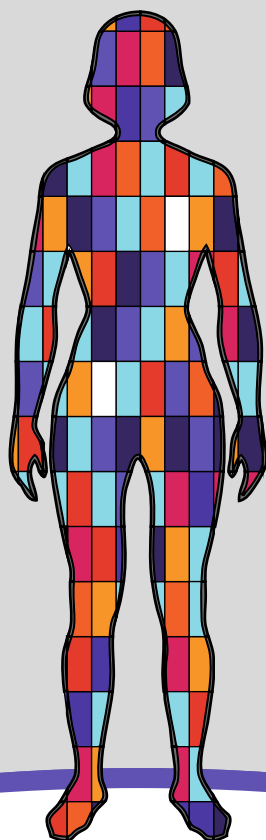




INSTYTUT CHEMII BIOORGANICZNEJ
Polskiej Akademii Nauk



SZTUCZNA INTELIGENCJA

DANE KLINICZNE

DANE BIOMEDYCZNE

SPRAWOZDANIE z działalności w roku 2021

Poznań, marzec 2022

SPRAWOZDANIE

z działalności w roku 2021

Instytut Chemii Bioorganicznej Polskiej Akademii Nauk
Ośrodek Wydawnictw Naukowych • Poznań, marzec 2022

**Instytut Chemii Bioorganicznej Polskiej Akademii Nauk
Sprawozdanie z działalności w roku 2021**

Przygotowanie

**Julia Brzoska-Karwat, Luiza Handschuh, Michał Sobkowski
Elżbieta Adamczyk, Paweł Goderski, Agnieszka Konrad,
Bartosz Szubiński, Anna Szymczak, Lidia Trocha**

Redakcja techniczna

Ewa Rozmiarek

Wydawca

**Instytut Chemii Bioorganicznej PAN
Ośrodek Wydawnictw Naukowych
Noskowskiego 12/14 61-704 Poznań**

Druk i oprawa

Moś i Łuczak, Poznań

SPIS TREŚCI

WSTĘP	5
INFORMACJE OGÓLNE	9
Dyrekcja	9
Uprawiane specjalności naukowe	9
Struktura organizacyjna	9
Zatrudnienie	12
Międzynarodowy Zespół Doradczy	13
Działalność publikacyjna	13
Działalność naukowa	13
Projekty strategiczne	14
Dotacje, finansowanie projektów badawczych, inwestycyjnych i innych	20
Rozwój kadry naukowej	21
Kształcenie doktorantów	23
Uczestnicy innych form kształcenia	23
Wynalazki	23
Działalność wydawnicza	24
Nagrody i wyróżnienia	25
Organizacja seminariów i konferencji naukowych	27
Najważniejsze osiągnięcia	28
Pozostałe ważne wyniki	31
HR Excellence in Research	40
Działalność statutowa	41
Tematy i zadania statutowe realizowane w roku 2021	41
Informacja o wykorzystaniu dotacji na finansowanie kosztów związanych z utrzymaniem specjalnego urządzenia badawczego (SPUB)	44
Opis działalności naukowej	45
Zakład Bioinformatyki	45
Zakład Bioinformatyki Strukturalnej	47
Zakład Biologii Molekularnej i Systemowej	49
Zakład Biomolekularnego NMR	54
Zakład Chemii Komponentów Kwasów Nukleinowych	56
Zakład Fizjologii Molekularnej Roślin	59
Zakład Genetyki Molekularnej	61
Zakład Genomiki Strukturalnej RNA	64
Zakład Metabolomiki Funkcjonalnej Roślin	65
Zakład Struktury i Funkcji Biomolekuł	67
Zakład Biochemii Rybonukleoprotein	69
Zakład Bioinżynierii Kwasów Nukleinowych	70
Zakład Biologii Obliczeniowej Niekodującego RNA	72

Zakład Biologii Rozwoju.....	73
Zakład Biologii Strukturalnej Eukariontów	74
Zakład Biologii Strukturalnej Organizmów Prokariotycznych	78
Zakład Biotechnologii Medycznej.....	80
Zakład Chemii Biopolimerów.....	82
Zakład Genomiki Roślin.....	83
Zakład Inżynierii Genomowej.....	84
Zakład Metabolizmu RNA	86
Zakład Neurobiologii Molekularnej.....	87
Zakład Neuroonkologii Molekularnej.....	90
Zakład Niekodujących RNA.....	92
Zakład Proteomiki Biomedycznej	93
Zakład Sond Molekularnych i Proleków	96
Zakład Struktury i Funkcji Retrotranspozonów.....	99
Zakład Transkryptomiki Funkcjonalnej	100
Zakład Wirusologii Molekularnej	102
Zakład Biologii Medycznej.....	103
Zakład Biochemii RNA	104
Zakład Chemii i Biologii Strukturalnej Kwasów Nukleinowych	107
Zespół Biogospodarki i Zrównoważonego Rozwoju	108
Zespół Biologii Integratywnej.....	110
Zakład Biochemii Produktów Naturalnych.....	113
Projekty realizowane w Instytucie w 2021 roku.....	114
Projekty realizowane w PCSS w 2021 roku	134
Współpraca naukowa z partnerami krajowymi	141
Współpraca naukowa z partnerami zagranicznymi.....	149
Spis publikacji.....	156
ZAŁĄCZNIKI	188
Załącznik 1. Skład Rady Naukowej kadencji 2019–2022	188
Załącznik 2. Schemat organizacyjny ICHB PAN (2021).....	190
Załącznik 3. Struktura organizacyjna zakładów naukowych ICHB PAN (2021).....	191
Załącznik 4. Seminaria Instytutu Chemii Bioorganicznej PAN.....	192
Załącznik 5. Program RNA Salon Poznań	194
Załącznik 6. Program RNA goes viral.....	195
Załącznik 7. Program 12. Tydzień Mózgu	198

WSTĘP

Szanowni Państwo,

z wielką przyjemnością i satysfakcją składamy na Państwa ręce doroczne sprawozdanie z działalności Instytutu Chemii Bioorganicznej Polskiej Akademii Nauk. Wbrew powszechnym oczekiwaniom zakończony niedawno rok 2021 nie był wcale łatwiejszy od poprzedniego, nie uwolnił nas od SARS-CoV-2 i nie przyniósł pełnego powrotu do normalności. Dodatkowo znaczną część naszego czasu i energii zmuszeni byliśmy poświęcić przygotowaniom do kategoryzacji naukowej naszej jednostki oraz okresowej oceny dokonywanej przez PAN. Mimo codziennych zmagania z wyzwaniami, jakie niosła z sobą ewaluacja i kolejne fale pandemii COVID-19, staraliśmy się pracować efektywnie i z wielkim zaangażowaniem. Realizowaliśmy 200 projektów naukowych i badawczo-rozwojowych. Celem niektórych z nich jest opracowanie nowych rozwiązań terapeutycznych mogących znaleźć zastosowanie w leczeniu COVID-19. W ramach projektu REGIONAL COVID-HUB udostępniliśmy szereg e-usług dotyczących pandemii COVID-19 w regionie Wielkopolski.

Pokonując rozmaite przeciwności, podejmowaliśmy kolejne ambitne wyzwania, czego efektem było między innymi zdobycie dwóch strategicznych projektów, w ramach których powstanie:

- 1) unikatowa w skali kraju platforma MOSAIC wykorzystująca sztuczną inteligencję do integracji i analizy danych multiomicznych i klinicznych dla uzyskania nowej wiedzy i narzędzi na potrzeby powszechnie dostępnej, spersonalizowanej profilaktyki, diagnostyki i terapii medycznej;
- 2) uniwersalna platforma szybkiego reagowania do projektowania i wytwarzania terapeutyków bazujących na technologii RNA.

Wierzmy, iż platforma MOSAIC rozwiąże podstawowy problem współczesnej medycyny, jakim jest integracja olbrzymich ilości wielowymiarowych danych generowanych w badaniach biomedycznych i klinicznych oraz tworzenie na tej podstawie całościowego, spójnego obrazu pacjenta. Z tego względu w tworzeniu platformy MOSAIC oprócz ICHB PAN bierze także udział Politechnika Poznańska oraz dwie jednostki kliniczne – Narodowy Instytut Onkologii im. Marii Skłodowskiej-Curie – Państwowy Instytut Badawczy, Oddział w Gliwicach i Narodowy Instytut Kardiologii Stefana kardynała Wyszyńskiego – Państwowy Instytut Badawczy w Warszawie.

Umowę o finansowanie rozwoju drugiej z wymienionych platform, służącej do projektowania i testowania leków i szczepionek RNA, podpisaliśmy z Agencją Badań Medycznych w grudniu 2021. Jest to długofalowy projekt realizowany w konsorcjum z największą w Polsce firmą farmaceutyczną, Polfą Warszawa S.A.

W przypadku działań podejmowanych przez afiliowane przy Instytucie Poznańskie Centrum Superkomputerowo-Sieciowe niewątpliwie przełomowym było wdrożenie technologii komunikacji kwantowej w Polsce. W lipcu 2021 roku uruchomione zostało pomiędzy Polską a Czechami pierwsze międzynarodowe łącze wykorzystujące technologie kwantowe. Otwiera to zupełnie nowy rozdział w zakresie komunikacji i stwarza praktycznie nieograniczone możliwości zastosowań, nie tylko w sferze naukowej.

W 2021 roku Instytut nadal podlegał istotnym przekształceniom. Rozwiązano pięć zakładów senioralnych. Równolegle, w wyniku przeprowadzonych międzynarodowych otwartych konkursów powołano pięć nowych zakładów młodych liderów. Dodatkowo stworzono jedną pracownię. Znacząco wzrosły także kwalifikacje kadry naukowej – aż sześcioro pracowników ICHB PAN uzyskało w 2021 r. stopień doktora habilitowanego, a jedna osoba uzyskała tytuł profesora. Wychodząc naprzeciw rosnącym potrzebom lokalowym Instytutu, rozpoczęliśmy remont zmierzający do przekształcenia dawnego Zespołu Pokoi Gościennych ICHB PAN w pomieszczenia laboratoryjne oraz pokoje cichej pracy. Wykonane zostały również kolejne prace związane z rewitalizacją pozyskanej przez Instytut zabytkowej willi przy ul. Wieniawskiego.

Jak co roku, pracownicy Instytutu zdobyli prestiżowe nagrody i wyróżnienia. Należą do nich m.in. wybór prof. dr. hab. Marka Figlerowicza na członka-korespondenta Polskiej Akademii Nauk, Krzyż Kawalerski Orderu Odrodzenia Polski dla prof. dr. hab. Wojciecha Rypniewskiego za wybitne zasługi w pracy naukowo-dydaktycznej i za działalność społeczną oraz dwie nagrody Ministra Edukacji i Nauki – zespołowa za wybitne osiągnięcia naukowe (dla dr. Tomasza Czapika, prof. Ryszarda Kierzka, dr. Weroniki Kotkowiak, dr. inż. Jolanty Lisowiec-Wąchnickiej, dr. hab. Anny Pasternak, mgr Caroliny Roxo) i stypendium dla wybitnych młodych naukowców przyznane dr. Annie Philips. Komitet Biotechnologii PAN uhonorował dr. hab. Miłosza Ruszkowskiego nagrodą AgroBioTop za dokonania z zakresu biotechnologii, wnoszące istotny wkład w rozwój rolnictwa i biotechnologii. Dr. Jacek Kolanowski i dr. hab. Barbara Uszczyńska-Ratajczak zostali wybrani do Akademii Młodych Uczonych PAN, a dr. Kolanowski objął funkcję przewodniczącego tego gremium. Ponadto dwie uczone, dr. hab. Barbara Uszczyńska-Ratajczak i mgr Magdalena Dąbrowska uzyskały stypendia L'Oréal-UNESCO „Dla Kobiet i Nauki”.

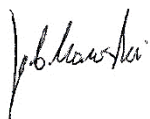
W roku 2021 ICHB PAN dysponował środkami finansowymi w łącznej wysokości 337 mln zł. Środki pozyskane przez ICHB PAN z subwencji i dotacji rządowych stanowiły 25,2 mln zł. Główne składniki tej kwoty to subwencja na utrzymanie potencjału badawczego w wysokości 23,73 mln zł (wzrost o 0,35 mln zł w stosunku do 2020 r.). Dodatek stanowiła dotacja na utrzymanie specjalnego urządzenia badawczego (SPUB) – 0,8 mln zł. Kwota pozyskana z grantów NCN wyniosła 20,47 mln zł. Znacząco wzrosła kwota finansowania z projektów strukturalnych: 33,74 mln zł, to o ponad 5 mln więcej niż rok wcześniej. Łącznie finansowanie z projektów wynosiło 56,32 mln zł. Dodatkowo, afiliowane przy ICHB PAN Poznańskie Centrum Superkomputerowo-Sieciowe pozyskało na swoją działalność z różnego typu grantów, głównie unijnych, ponad 255 mln zł.

Jak już wcześniej wspomnieliśmy, rok 2021 był dla naszego Instytutu nie tylko czasem przygotowań do kategoryzacji, odbyła się także ocena jednostek Wydziału II Nauk Biologicznych i Rolniczych PAN przez Radę Kuratorów w kadencji 2019–2022. Z raportu przygotowanego przez zespół wizytujący wynika, że ICHB PAN funkcjonuje bardzo dobrze. Liczba publikacji osiągnęła w 2021 roku rekordową liczbę 209, w tym 170 z listy Web of Science Core Collection. Oprócz liczby wzrosła także jakość publikacji. Połowa z nich to artykuły najwyżej oceniane w rankingach, to jest za 200 (26 prac) i 140 (70 prac) punktów ministerialnych. Czasopisma, w jakich publikowali pracownicy ICHB PAN, to między innymi *Nature Plants*, *Nature Communications*, *Nucleic Acids Research*, *PNAS*, *Plant Cell*, *Chemical Communications*.

Podsumowując przedstawione powyżej informacje możemy stwierdzić, że mimo trudności spowodowanych przedłużającą się pandemią, Instytut, podobnie jak w latach poprzednich, działał prężnie i dynamicznie, dzięki czemu odnosił kolejne sukcesy. Jest to zasługą nie tylko pionu

naukowego, tworzonego przez wiele wybitnych osobowości, ale i profesjonalnego oraz niezwykle sprawnego pionu administracyjnego. Mając do dyspozycji tak dobrze zorganizowany zespół z nadzieją, zaufaniem i optymizmem myślimy zarówno o tej najbliższej, jak i dalszej przyszłości ICHB PAN.

Z-ca Dyrektora
ICHB PAN
ds. Naukowych



dr hab.
Michał Sobkowski

Z-ca Dyrektora
ICHB PAN
ds. Naukowych



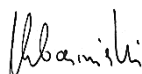
dr
Luiza Handschuh

Z-ca Dyrektora
ICHB PAN
ds. Koordynacji Badań



mgr
Julia Brzoska-Karwat

Z-ca Dyrektora
ICHB PAN
ds. Finansowych



mgr
Adam Kubasiński

Z-ca Dyrektora
ICHB PAN
ds. Ogólno-administracyjnych



mgr
Małgorzata Radwańska-Borucka

Dyrektor
ICHB PAN



prof. dr hab.
Marek Figlerowicz

INFORMACJE OGÓLNE

Dyrekcja

Dyrektor: PROF. DR HAB. MAREK FIGLEROWICZ

Zastępca Dyrektora ds. Naukowych: DR HAB. MICHAŁ SOBKOWSKI, PROF. ICHB PAN

Zastępca Dyrektora ds. Ogólnoadministracyjnych: MGR MAŁGORZATA RADWAŃSKA-BORUCKA

Zastępca Dyrektora ds. Koordynacji Badań: MGR JULIA BRZOSKA-KARWAT

Zastępca Dyrektora ds. Finansowych: MGR ADAM KUBASIŃSKI

Uprawiane specjalności naukowe

- | | |
|-------------------------|--|
| - Chemia bioorganiczna | - Biomedycyna |
| - Chemia strukturalna | - Neurobiologia |
| - Biochemia | - Genomika |
| - Biologia molekularna | - Proteomika |
| - Inżynieria genetyczna | - Metabolomika |
| - Biologia systemowa | - Bioinformatyka |
| - Biologia strukturalna | - Informatyka |
| - Biologia roślin | - Technologie informatyczne i sieciowe |
| - Biotechnologia | |

Struktura organizacyjna

W pionie naukowym ICHB PAN funkcjonują zakłady naukowe, zespoły merytoryczne oraz pracownie specjalistyczne. Wyróżnione są trzy typy zakładów:

- **Zakłady Wiodące (ZW)** – stanowiące trzon badawczy Instytutu, kierowane przez doświadczonych profesorów. Maksymalna liczba etatów opłacanych ze środków statutowych w ZW wynosiła 7.
- **Zakłady Młodych Liderów (ZML)** – zakłady kierowane przez młodych pracowników rozpoczynających karierę naukową (doktorzy, doktorzy habilitowani). Podlegają one okresowej ocenie, w wyniku której mogą zostać utrzymane, przekształcone w Zakład Wiodący lub rozwiązane. Maksymalna liczba etatów opłacanych ze środków statutowych w ZML wynosiła 4.
- **Zakłady Senioralne (ZS)** – przeznaczone dla emerytowanych profesorów kontynuujących pracę naukową. Maksymalna liczba etatów opłacanych ze środków statutowych w ZS wynosiła 2.

Zespoły merytoryczne mają charakter tymczasowy i są powoływane w celu realizacji określonych zadań badawczych. Pracownie specjalistyczne służą przede wszystkim jako zaplecze aparaturowe dla działalności zakładów i zespołów.

Najistotniejsze zmiany organizacyjne w 2021 r.

1. Powołano Zakład Transkryptomiki Funkcjonalnej (dr hab. Kamilla Grzywacz, prof. ICHB PAN, 1.01.2021 r.).
2. Zakład Biologii Integratywnej przekształcono w Zespół Biologii Integratywnej (dr hab. Rafał Ciosk, prof. ICHB PAN, 1.02.2021 r.).
3. Powołano Zakład Biologii Obliczeniowej Niekodującego RNA (dr hab. Barbara Uszczyńska-Ratajczak, prof. ICHB PAN, 1.04.2021 r.).
4. Powołano Zakład Biologii Strukturalnej Organizmów Prokariotycznych (dr hab. Krzysztof Brzeziński, prof. ICHB PAN, 1.04.2021 r.).
5. Rozwiązano Zakład Biochemii Produktów Naturalnych (prof. dr hab. Maciej Stobiecki, 30.06.2021 r.).
6. Rozwiązano Zakład Biosyntezy Białka (prof. dr hab. Tomasz Twardowski, 30.06.2021 r.).
7. Rozwiązano Zakład Krystalografii – Centrum Badań Krystalograficznych (prof. dr hab. Mariusz Jaskólski, 30.06.2021 r.).
8. Powołano Zakład Biologii Strukturalnej Eukariotów (dr hab. Miłosz Ruszkowski, 1.07.2021 r.).
9. Powołano Zakład Wirusologii Molekularnej (dr Paweł Zmora, 1.07.2021 r.).
10. Powołano Zakład Genomiki Roślin (dr hab. Agnieszka Żmieńko, 1.07.2021 r.).
11. Powołano Zespół Biogospodarki i Zrównoważonego Rozwoju (dr Ewa Woźniak-Gientka, 1.07.2021 r.).
12. Rozwiązano Zakład Bioinformatyki (prof. dr hab. Jacek Błazewicz, 31.12.2021 r.).

W wyniku przeprowadzonych zmian na koniec 2021 r. w Instytucie działały 32 zakłady (10 ZW, 3 ZS i 19 ZML), 12 pracowni specjalistycznych oraz 2 zespoły merytoryczne.

W skład Instytutu Chemii Bioorganicznej PAN w 2021 r. wchodziły następujące jednostki organizacyjne:

I. Instytut

1. Pion Zakładów Naukowych

- Zakład Biochemii RNA (prof. dr hab. Jerzy Ciesiołka),
- Zakład Biochemii Rybonukleoprotein (dr hab. Anna Kurzyńska-Kokorniak, prof. ICHB PAN),
- Zakład Bioinformatyki (prof. dr hab. Jacek Błazewicz),
- Zakład Bioinformatyki Strukturalnej (prof. dr hab. Marta Szachniuk),
- Zakład Bioinżynierii Kwasów Nukleinowych (dr hab. Anna Pasternak, prof. ICHB PAN),
- Zakład Biologii Medycznej (prof. dr hab. Mirosława Naskręt-Barciszewska),
- Zakład Biologii Molekularnej i Systemowej (prof. dr hab. Marek Figlerowicz),
- Zakład Biologii Obliczeniowej Niekodującego RNA (dr hab. Barbara Uszczyńska-Ratajczak, prof. ICHB PAN),
- Zakład Biologii Rozwoju (dr hab. Takashi Miki, prof. ICHB PAN),
- Zakład Biologii Strukturalnej Eukariotów (dr hab. Miłosz Ruszkowski),
- Zakład Biologii Strukturalnej Organizmów Prokariotycznych (dr hab. Krzysztof Brzeziński, prof. ICHB PAN),
- Zakład Biomolekularnego NMR (prof. dr hab. Zofia Gdaniec),
- Zakład Biotechnologii Medycznej (dr hab. Agnieszka Fiszer, prof. ICHB PAN),
- Zakład Chemii Biopolimerów (dr hab. Marcin K. Chmielewski, prof. ICHB PAN),
- Zakład Chemii i Biologii Strukturalnej Kwasów Nukleinowych (prof. dr hab. Ryszard Kierzek),
- Zakład Chemii Komponentów Kwasów Nukleinowych (dr hab. Michał Sobkowski, prof. ICHB PAN),
- Zakład Fizjologii Molekularnej Roślin (prof. dr hab. Michał Jasiński),
- Zakład Genetyki Molekularnej (prof. dr hab. Piotr Kozłowski),
- Zakład Genomiki Roślin (dr hab. Agnieszka Żmieńko),

- Zakład Genomiki Strukturalnej RNA (prof. dr hab. Elżbieta Kierzek),
- Zakład Inżynierii Genomowej (dr hab. Marta Olejniczak, prof. ICHB PAN),
- Zakład Metabolizmu RNA (dr hab. Zbigniew Warkocki, prof. ICHB PAN),
- Zakład Metabolomiki Funkcjonalnej Roślin (prof. dr hab. Paweł Bednarek),
- Zakład Neurobiologii Molekularnej (dr hab. Maciej Figiel, prof. ICHB PAN),
- Zakład Neuroonkologii Molekularnej (dr hab. Katarzyna Rolle, prof. ICHB PAN),
- Zakład Niekodujących RNA (dr Monika Piwecka),
- Zakład Proteomiki Biomedycznej (dr hab. Magdalena Łuczak, prof. ICHB PAN),
- Zakład Sond Molekularnych i Proleków (dr Jacek Kolanowski),
- Zakład Struktury i Funkcji Biomolekuł (prof. dr hab. Wojciech Rypniewski),
- Zakład Struktury i Funkcji Retrotranspozonów (dr hab. Katarzyna Pachulska-Wieczorek, prof. ICHB PAN),
- Zakład Transkryptomiki Funkcjonalnej (dr hab. Kamilla Grzywacz, prof. ICHB PAN),
- Zakład Wirusologii Molekularnej (dr Paweł Zmora).

2. Zespoły

- Zespół Biologii Integratywnej (dr hab. Rafał Ciosk, prof. ICHB PAN),
- Zespół Biogospodarki i Zrównoważonego Rozwoju (dr Ewa Woźniak-Gientka).

3. Pion Pracowni Specjalistycznych (zgrupowanych w trzy centra)

Centrum Biologii Strukturalnej

- Pracownia Analiz Struktur Subkomórkowych (prof. dr hab. Eliza Wyszko),
- Pracownia Inżynierii Białek (dr hab. Anna Urbanowicz),
- Pracownia NMR (dr Karol Pasternak).

Centrum Multiomiczne

- Pracownia Genomiki (dr Luiza Handschuh),
- Pracownia Hodowli Komórkowych i Tkankowych (dr Paweł Stróżycki),
- Pracownia Modelowych Organizmów Zwierzęcych (dr Agata Tyczewska),
- Pracownia Spektrometrii Mas (dr Łukasz Marczak),
- Pracownia Bioinformatyki (dr Anna Philips),
- Pracownia Diagnostyki Molekularnej WGW ICHB PAN (dr Elżbieta Lenartowicz Onykaa),
- Pracownia Modelowych Organizmów Ssaczych (dr Łukasz Przybył).

Centrum Wysokoprzepustowych Badań Przesiewowych

- Pracownia Analiz Wysokoprzepustowych (dr Radosław Pilarski),
- Pracownia Testów Molekularnych (dr Magdalena Otrocka).

4. Studium Doktoranckie (prof. dr hab. Adam Kraszewski, od 1.07.2021 r. dr hab. Mariola Dutkiewicz).

5. Poznańska Szkoła Doktorska Instytutów Polskiej Akademii Nauk (prof. dr hab. Jerzy Boryski, od 1.07.2021 r. dr hab. Mariola Dutkiewicz).

6. Pion Koordynacji Badań.

7. Pion Administracji i Obsługi.

8. Pion Ochrony Informacji Niejawnych.

9. Księgowość.

10. Inne jednostki organizacyjne i stanowiska.

II. Poznańskie Centrum Superkomputerowo-Sieciowe (dr inż. Cezary Mazurek)

1. Pion Technologii Sieciowych.

2. Pion Technologii Przetwarzania Danych.

3. Pion Usług Sieciowych.

4. Pion Zastosowań.

5. Pozostałe jednostki organizacyjne w Pionie Pełnomocnika

- Zespół PSNC Aerospace Lab,
- Zespół PSNC Future Labs,
- Dział Współpracy i Kontaktów z Otoczeniem,
- Pozostałe Działy i Zespoły Administracji oraz Obsługi.

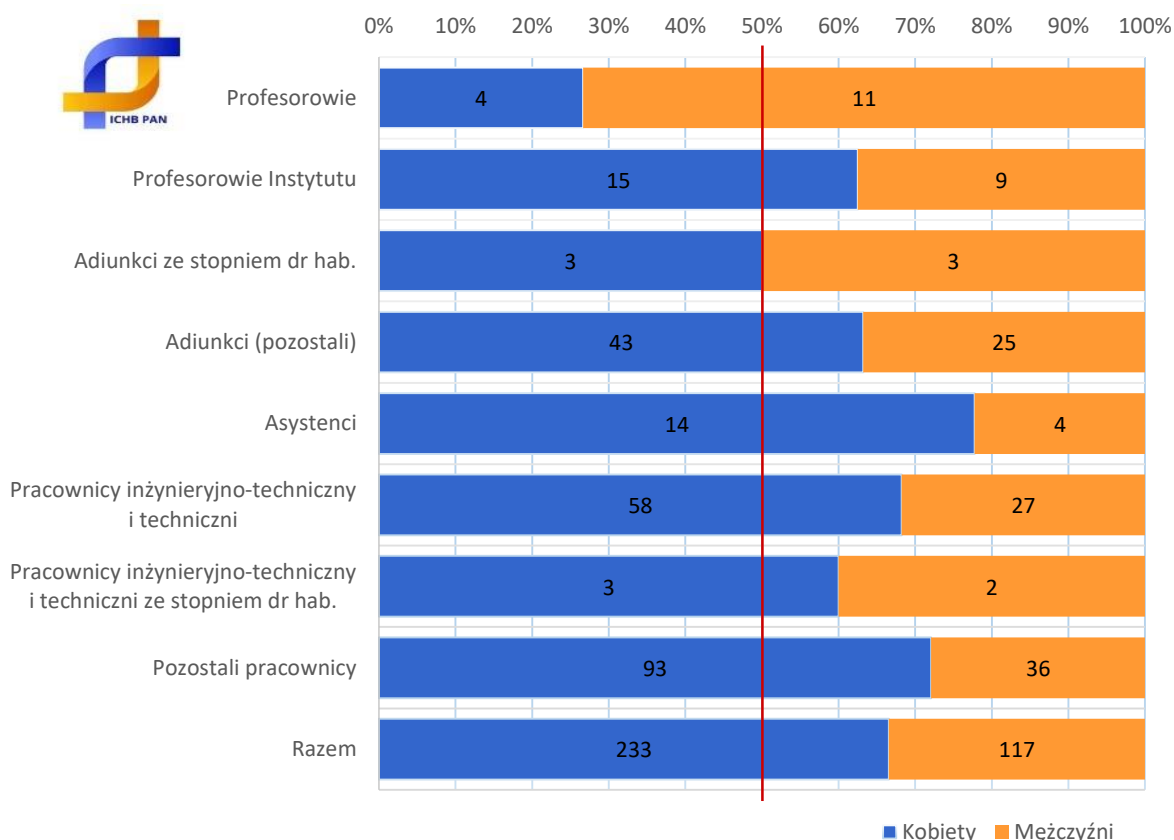
Zatrudnienie

Zgodnie ze stanem z dnia 31.12.2021 roku, w ICHB PAN pracowało 829 osób, w tym 345 kobiet. Liczba ta obejmuje: 327 pracowników i 84 doktorantów Instytutu (w sumie 411 osób) oraz 418 pracowników afiliowanego przy Instytucie Poznańskiego Centrum Superkomputerowo-Sieciowego (PCSS).

Wśród zatrudnionych w Instytucie było:

- 15 profesorów,
- 24 profesorów Instytutu,
- 74 adiunktów (w tym 6 ze stopniem dr. hab.),
- 18 asystentów (w tym 7 ze stopniem dr.),
- 219 pozostałych (w tym 90 pracowników inżyniersko-technicznych i technicznych w Zakładach i Pracowniach, 5 z nich ze stopniem dr. hab.).

Zatrudnienie średnioroczne (nieuwzględniające doktorantów studium doktoranckiego i szkoły doktorskiej): Instytut – 298,96 etatów, PCSS – 340,67 etatów.



Rycina 1. Zatrudnienie w Instytucie Chemii Bioorganicznej Polskiej Akademii Nauk według stanowisk i płci (stan na 31.12.2021 r.)¹

¹ Z uwzględnieniem 22 zatrudnionych doktorantów.

Międzynarodowy Zespół Doradczy

Michael J. Gait, MRC Div. of Protein & Nucleic Acid Chemistry, Cambridge, Wielka Brytania

Dino Moras, Louis Pasteur University, Strasbourg, Francja

Dieter Söll, Yale University, New Haven, Stany Zjednoczone

Douglas H. Turner, Rochester University, Rochester, Stany Zjednoczone

Eric Westhof, Louis Pasteur University, Strasbourg, Francja

Działalność publikacyjna

W 2021 r. pracownicy ICHB PAN opublikowali łącznie 209 prac naukowych, w tym:

- artykuły, rozprawy w czasopismach naukowych - 184 (w tym 170 w czasopismach recenzowanych, wyróżnionych przez *Journal Citation Reports*);
- materiały z konferencji zamieszczone w wykazie czasopism - 4;
- książki i rozdziały - 14;
- redakcja monografii lub podręcznika - 1;
- artykuły popularnonaukowe - 6.

Działalność naukowa

W roku sprawozdawczym w Instytucie realizowano:

- 37 zadań statutowych zgrupowanych w 34 działach tematycznych,
- 122 projekty finansowane, w tym w ramach:
 - a) Narodowego Centrum Nauki (NCN) - 97,
 - b) Narodowego Centrum Badań i Rozwoju (NCBR) - 3 (Program Lider, EuroHPC Joint Undertaking, TANGO),
 - c) Narodowej Agencji Wymiany Akademickiej (NAWA) - 1 (Program Polskie Powroty),
 - d) Ministerstwa Edukacji i Nauki (MEiN) - 2 (POL-OPENSREEN oraz Diamentowy Grant),
 - e) Programu Operacyjnego Inteligentny Rozwój (POIR) - 8 (3 za pośrednictwem NCBR, 2 za pośrednictwem Fundacji na rzecz Nauki Polskiej (FNP), 3 za pośrednictwem Ośrodka Przetwarzania Informacji (OPI)),
 - f) Programu Operacyjnego Wiedza Edukacja Rozwój (POWER) - 3 (2 za pośrednictwem NCBR, 1 za pośrednictwem NAWA),
 - g) Wielkopolskiego Regionalnego Programu Operacyjnego (WRPO 2014+) - 1 (za pośrednictwem Urzędu Marszałkowskiego Województwa Wielkopolskiego),
 - h) Agencji Badań Medycznych (ABM) - 1 (Rozwój Innowacyjnych Rozwiązań Terapeutycznych z Wykorzystaniem Technologii RNA),
 - i) inicjatyw międzynarodowych - 6 (2 w ramach programu Komisji Europejskiej Horyzont 2020, 2 w ramach programu E-Rare, 1 za pośrednictwem European Molecular Biology Organisation (EMBO), 1 za pośrednictwem National Ataxia Foundation).

Szczegółowy wykaz projektów znajduje się na s. 114.

W roku sprawozdawczym w afiliowanym przy Instytucie Poznańskim Centrum Superkomputerowo-Sieciowym realizowano 82 projekty finansowane, w tym w ramach:

- a) Narodowego Centrum Nauki (NCN) - 1,
- b) Narodowego Centrum Badań i Rozwoju (NCBR) - 12,
- c) Ministerstwa Edukacji i Nauki (MEiN) - 4,
- d) Centrum Projektów Polska Cyfrowa - 4,
- e) inicjatyw międzynarodowych - 48,

- f) Programu Operacyjnego Inteligentny Rozwój (POIR) – 8, za pośrednictwem Ośrodka Przetwarzania Informacji (OPI),
- g) Programu Operacyjnego Inteligentny Rozwój (POIR) – 3, za pośrednictwem NCBR (2), za pośrednictwem MEIN (1),
- h) Wielkopolskiego Regionalnego Programu Operacyjnego (WRPO 2014+) – 2, za pośrednictwem Urzędu Marszałkowskiego Województwa Wielkopolskiego.

Szczegółowy wykaz projektów PCSS znajduje się na s. 134.

Pięć projektów było realizowanych wspólnie przez Instytut i PCSS.

Projekty strategiczne

1. Genomiczna Mapa Polski

Genomiczna Mapa Polski (GMP) to specjalistyczna infrastruktura bioinformatyczna tworzona przez konsorcjum w składzie: Instytut Chemii Bioorganicznej PAN, Politechnika Poznańska oraz Centrum Badań DNA Sp. z o. o. w ramach projektu pt. „ECBiG – Europejskie Centrum Bioinformatyki i Genomiki” (POIR.04.02.00-30-A004/16), współfinansowanego przez Unię Europejską ze środków Europejskiego Funduszu Rozwoju Regionalnego.



Infrastruktura będzie składała się z:

- baz danych pochodzących z masowego sekwencjonowania około 5 tys. pełnych ludzkich genomów;
- narzędzi bioinformatycznych do wielkoskalowej analizy genomów.

GMP zawiera następujące elementy:

- Polski Genom Referencyjny – genom referencyjny powstający na podstawie bardzo szczegółowej analizy genomów 30 osób (10 triów w schemacie dziecko-matka-ojciec). Ich analiza prowadzona jest z zastosowaniem kilku różnych, wzajemnie uzupełniających się technologii sekwencjonowania genomowego DNA, w tym technologii opartych na krótkich i długich odczytach;
- Mapa Zmienności Genetycznej – zbiór danych i narzędzi powstający na podstawie sekwencjonowania ok. 3 tys. genomów losowo wybranych mieszkańców z obszaru całej Polski;
- Fen-Gen – zbiór danych i narzędzi do analizy powiązań pomiędzy fenotypem a genotypem – tworzony dla ok. 1 tys. osób, od których pozyskane zostały informacje dotyczące ich wyglądu i stanu zdrowia, dodatkowo uzyskane zostaną pełne sekwencje genomowe;
- Et-Gen – zbiór danych i narzędzi do analizy zmienności genetycznej małych populacji (np. mniejszości etnicznych) – powstający na podstawie ok. 1 tys. sekwencji całogenomowych pochodzących od przedstawicieli mniejszości etnicznych zamieszkujących Polskę.

W roku 2021 zebrano dane z sekwencjonowania 2,5 tys. próbek w ramach Mapy Zmienności Genetycznej. Dla wszystkich tych próbek wyznaczono markery jednorodzielskie – haplogrupy chromosomu Y, dziedziczonego w linii męskiej, oraz haplogrupy mitochondrialnego DNA (mtDNA), które jest przekazywane w linii matczynej potomstwu obojga płci. Przeprowadzono również większość prac koniecznych do stworzenia Genomu Referencyjnego.

Realizacja projektu przyczyni się do zwiększenia ogólnej wiedzy na temat genetyki populacyjnej człowieka oraz umożliwi głębszy wgląd w naturę zmienności genetycznej mieszkańców Polski. Pomoże również stworzyć warunki niezbędne dla rozwoju medycyny spersonalizowanej i opracowania nowych standardów w zakresie profilaktyki, diagnostyki i opieki zdrowotnej.

Osiągnięcie celów projektu zapewni Polsce dołączenie do krajów takich jak Stany Zjednoczone, Wielka Brytania, Islandia, Szwecja, Włochy czy Dania, które dysponują już własnymi zasobami genomicznymi. Pozwoli też przystąpić do międzynarodowych inicjatyw takich jak Beyond 1 Million Genomes (B1MG) czy European 1+ Million Genomes (1+MG). Do tego ostatniego programu

przystąpiło już 13 krajów europejskich, podczas gdy Polska nadal występuje jedynie w roli obserwatora.

Kierownikiem projektu jest prof. Marek Figlerowicz. Planowany termin zakończenia realizacji projektu to grudzień 2023 r.

2. ECBiG – Europejskie Centrum Bioinformatyki i Genomiki – MOSAIC

Strategicznym celem projektu ECBiG – Europejskie Centrum Bioinformatyki i Genomiki – MOSAIC (POIR.04.02.00-00-D017/20-00) jest stworzenie zaawansowanej platformy badawczej umożliwiającej pozyskiwanie i standaryzację wielowymiarowych danych biomedycznych i klinicznych oraz ich integrację z wykorzystaniem algorytmów sztucznej inteligencji na potrzeby powszechnie dostępnej, spersonalizowanej profilaktyki, diagnostyki i terapii medycznej.

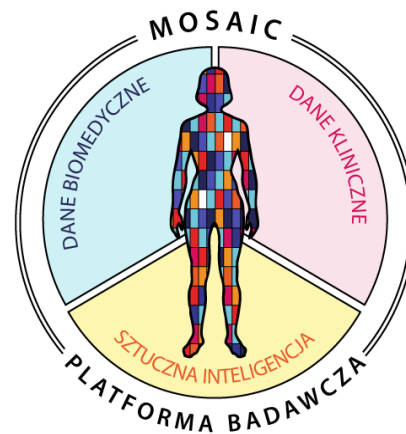
Nazwa platformy MOSAIC (ang. *MultiOmicS and Artificial Intelligence for Clinical practice*, Multiomika oraz Sztuczna Inteligencja na Potrzeby Praktyki Klinicznej) oddaje końcowy efekt jej działania, czyli całościowy obraz funkcjonowania układu

biologicznego (komórki, tkanki, organu czy całego organizmu) złożony z wielu, na pierwszy rzut oka niepowiązanych ze sobą elementów. Planowane przedsięwzięcie otworzy drogę do praktycznego zastosowania najnowszych zdobyczy nauki w medycynie oraz do stworzenia w Polsce warunków do rozwoju nowego typu medycyny zapobiegawczej – medycyny interceptywnej (ang. *interceptive medicine*), skupionej na identyfikacji niepożądanych zmian zachodzących w pojedynczych komórkach, a następnie usuwaniu tych zmian zanim doprowadzą do rozwoju choroby.

Infrastruktura platformy MOSAIC składać się będzie z czterech modułów funkcjonalnych obejmujących: (i) infrastrukturę do pozyskiwania danych uczących (biomedycznych oraz klinicznych), (ii) infrastrukturę do standaryzacji danych i tworzenia jednorodnych zbiorów danych uczących, (iii) infrastrukturę do integracji i analizy danych z wykorzystaniem algorytmów sztucznej inteligencji, (iv) infrastrukturę do udostępniania zasobów i usług.

Infrastruktura platformy MOSAIC będzie miała charakter otwarty i uniwersalny. Stworzy ona krajowym i zagranicznym jednostkom naukowym warunki do prowadzenia nowatorskich badań biomedycznych łączących wysokoprzepustowe analizy multiomiczne i analizę danych z wykorzystaniem metod sztucznej inteligencji, a także stanie się źródłem wiedzy i narzędzi umożliwiających opracowywanie nowych podejść profilaktycznych, diagnostycznych i terapeutycznych.

Współfinansowany przez Unię Europejską ze środków Europejskiego Funduszu Rozwoju Regionalnego projekt jest realizowany przez Konsorcjum, w skład którego wchodzi: Instytut Chemii Bioorganicznej PAN (lider), Narodowy Instytut Onkologii im. Marii Skłodowskiej-Curie Państwowy Instytut Badawczy, Politechnika Poznańska, Narodowy Instytut Kardiologii Stefana kardynała Wyszyńskiego Państwowy Instytut Badawczy. Kierownikiem projektu jest prof. Marek Figlerowicz. Planowany termin zakończenia realizacji projektu to grudzień 2023 r.



3. NEBI – Krajowy Ośrodek Badań Obrazowych w Naukach Biologicznych i Biomedycznych

W ramach projektu zatytułowanego „NEBI – Krajowy Ośrodek Badań Obrazowych w Naukach Biologicznych i Biomedycznych” (POIR.04.02.00-00-C004/19), współfinansowanego przez Unię Europejską ze środków Europejskiego Funduszu Rozwoju Regionalnego, Instytut Chemii Bioorganicznej PAN i afiliowane przy nim Poznańskie Centrum Superkomputerowo-Sieciowe tworzą wraz z Instytutem Biologii Doświadczalnej im. M. Nenckiego PAN w Warszawie (lider projektu) specjalistyczną infrastrukturę o nazwie Krajowego Centrum Zaawansowanych Analiz Obrazowania w Naukach Biologicznych i Biomedycznych.

Dotychczas utworzono platformy eksperymentalne zawierające:

- specjalistyczne stanowiska służące do bioobrazowania na wszystkich poziomach organizacji układów żywych – w jej obrębie powstało szereg laboratoriów dedykowanych: (i) obrazowaniu biologicznemu i biomedycznemu za pomocą technik wysokoprzepustowych, (ii) obrazowaniu struktur i funkcji komórek i tkanek za pomocą technik wysokorozdzielczych oraz (iii) modelowaniu i wizualizacji dynamiki złożonych procesów.

Jednocześnie trwają prace nad opracowaniem dedykowanych protokołów oraz specjalistycznej infrastruktury informatycznej umożliwiającej gromadzenie, przetwarzanie i analizę danych obrazowych.

W wyniku realizacji projektu NEBI tworzone są:

- stanowiska do wydajnego zbierania, przetwarzania, archiwizowania oraz udostępniania danych z wysokoprzepustowych i wysokorozdzielczych urządzeń wykorzystywanych do badań obrazowych w naukach biologicznych i biomedycznych;
- zbiory narzędzi do automatyzacji procesu zaawansowanej analizy danych pozyskanych z obrazowania wraz z wizualizacją i semiautomatyczną interpretacją wyników;
- zbiory narzędzi ułatwiających dostęp do zbiorów referencyjnych oraz automatycznie zarządzanych schematów przetwarzania danych obrazowych – automatyzacja dostępu do algorytmów i oprogramowania służącego do przetwarzania obrazu;
- zbiory narzędzi dostępu do współdzielonych zasobów obliczeniowych ze szczególnym uwzględnieniem graficznych akceleratorów sprzętowych nowej generacji oraz wirtualizacji dostępu zasobów obliczeniowych dedykowanych wysokowydajnym procesom przetwarzania i analizy danych obrazowych w modelu HDA (ang. *High-end Data Analysis*);
- zbiory danych i narzędzi stanowiących wsparcie dla różnych procesów dostępu i współdzielenia danych w ramach zespołów badawczych oraz współpracy międzyzespołowej na szczeblu krajowym i międzynarodowym.

Realizacja projektu przyczyni się do opracowania nowej strategii obrazowania zmian zachodzących na różnych poziomach organizacji komórki lub organizmu (molekularnym, subkomórkowym, tkankowym, narządowym), w modelach biologicznych chorób cywilizacyjnych oraz w materiale pobranym od pacjentów. Uzyskane dane i stworzone narzędzia pozwolą lepiej poznać podłoże molekularne wielu chorób oraz umożliwią stworzenie innowacyjnych terapii i procedur diagnostycznych. Nowo powstała infrastruktura badawcza będzie pełniła funkcję ogólnopolskiego ośrodka referencyjnego do obrazowania biologicznego, promującego wymianę wiedzy oraz dostarczającego wsparcie informatyczne dla innych ośrodków badawczych i partnerów przemysłowych nie tylko z Polski, ale i zagranicą.

Ze strony ICHB PAN projektem kieruje czteroosobowa grupa: prof. Marek Figlerowicz i prof. Michał Jasiński, którzy reprezentują Instytut, oraz dr Cezary Mazurek i dr hab. Krzysztof Kurowski, będący reprezentantami PCSS. Planowany termin zakończenia realizacji projektu to grudzień 2023 r.

4. Centrum Wysokoprzepustowych Badań Przesiewowych ICHB PAN

Projekt realizowany jest w ramach inicjatywy POL-OPENSREEN wpisanej w 2014 roku na Mapę Drogową Polskiej Infrastruktury Badawczej. Jego celem jest stworzenie i udostępnianie zarówno środowisku naukowemu, jak i biznesowemu, w kraju i na świecie unikatowej infrastruktury i ekspertyzy w zakresie biologii chemicznej. W ramach tego przedsięwzięcia ICHB PAN tworzy najbardziej zaawansowany w Polsce system do identyfikacji biologicznie aktywnej substancji na drodze wysokoprzepustowej analizy setek tysięcy związków chemicznych (tzw. bibliotek). W momencie przystąpienia Polski jako członka-założyciela do sieci EU-OPENSREEN ERIC (ang. *European Research Infrastructure Consortium*), ICHB PAN spełnił rygorystyczne wymagania stawiane przez międzynarodowy zespół ekspertów i uzyskał status partnera (tzw. *Partner Site*) tego konsorcjum. W 2018 roku Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego przyznało polskim przedsta-

wicielom w EU-OPENSURE celową dotację finansową (lata 2018–2023) na rozbudowę i uruchomienie infrastruktury badawczej. Początkowo kierownikiem przyznanego grantu z ramienia ICHB PAN był prof. Marek Figlerowicz, a obecnie jest nim dr Jacek Kolanowski.

Dzięki otrzymanej dotacji, w ICHB PAN powołano Centrum Wysokoprzepustowych Badań Przesiewowych (CWBP). W skład Centrum wchodzi specjalistyczne laboratoria automatyzacji oraz testów molekularnych, a jego kadre stanowi interdyscyplinarny zespół ekspertów z wieloletnim doświadczeniem międzynarodowym. Jednym z kluczowych elementów infrastruktury Centrum jest wysokoprzepustowy system AGAMEDE, łączący automatykę ze sztuczną inteligencją, którego pomysłodawcą i głównym konstruktorem jest dr Radosław Pilarski. W odróżnieniu od większości istniejących systemów wysokoprzepustowych, AGAMEDE może samodzielnie interpretować wyniki eksperymentu i na ich podstawie planować kolejne. Prototyp AGAMEDE powstał w ramach projektu EPICELL (program STRATEGMED NCBR) kierowanego przez prof. Wojciecha Markiewicza. Partnerami technologicznymi systemu AGAMEDE są Mitsubishi, Perlan i Labomatica.

Uzyskana dotacja z MNiSW umożliwiła rozbudowę platformy AGAMEDE o dodatkowe urządzenia zwiększające przepustowość i uniwersalność systemu. Do jego najważniejszych komponentów zaliczyć można wielomodułowy czytnik płytek (ClarioStar, BMG), wysokoprzepustowy mikroskop konfokalny (Opera Phenix, PerkinElmer) oraz urządzenie do dozowania niewielkich ilości cieczy przy pomocy fal akustycznych (Echo, Labcyte). Dodatkowo CWBP dysponuje biblioteką chemiczną złożoną ze 100 000 związków małowcząsteczkowych dostępnych w ramach projektu EU-OPENSURE oraz jest w trakcie kompletowania własnej biblioteki w oparciu o komercyjnie dostępne związki o znanym mechanizmie działania.

Oferta CWBP obejmuje:

- wsparcie w przygotowaniu i planowaniu projektów;
- rozwój i adaptację testów molekularnych do badań wysokoprzepustowych w formacie płytek 384- lub 1536-dołkowych (testy biochemiczne i komórkowe, w tym fenotypowe);
- przeprowadzanie skriningu wysokoprzepustowego wraz z analizą danych, w tym obrazowych w przypadku analiz wykorzystujących mikroskopię konfokalną;
- skrining kombinatoryczny i optymalizację składu mieszanin.

Chociaż zakończenie projektu rozbudowy i dostosowywania Infrastruktury CWBP planowane jest na 2023 rok, już w 2020 roku Centrum zaczęło udostępniać swoje zasoby naukowcom i partnerom biznesowym. W 2021 r. CWBP uczestniczyło w przygotowaniu ponad 40 projektów, z czego 11 już jest w trakcie realizacji, 6 oczekuje na ocenę zewnętrzną, a 12 jest w przygotowaniu. Z tej puli 10 projektów obejmuje współpracę z partnerami biznesowymi. Uniwersalność i efektywność systemu została zaprezentowana m.in. przez jego adaptację do wysokoprzepustowej diagnostyki COVID-19, przy wykorzystaniu pierwszego polskiego testu MediPAN. Uzyskana maksymalna przepustowość wyniosła 15 tys. próbek w ciągu doby (w całej Polsce przeprowadza się około 50 tys. testów dziennie).

5. Platforma do projektowania, syntezy i testowania terapeutyków oraz szczepionek RNA

Jednym z celów badań prowadzonych od ponad 20 lat przez wiele zespołów na całym świecie jest praktyczne wykorzystanie technologii RNA w medycynie. Obiecujące wyniki badań nie od razu jednak doprowadziły do wdrożenia terapeutycznych RNA. Na dużą skalę udało się tego dokonać dopiero w dobie pandemii COVID-19, kiedy zaczęto masowo stosować szczepionki oparte na RNA i wykazano ich skuteczność, a nawet przewagę w stosunku do szczepionek tradycyjnych. W efekcie w wielu krajach, w tym również i w Polsce, za jeden z priorytetów uznano działania zmierzające do rozwoju technologii RNA oraz zastosowania RNA zarówno w terapii, jak i profilaktyce medycznej.

W maju 2021 roku Agencja Badań Medycznych ogłosiła konkurs na rozwój innowacyjnych rozwiązań terapeutycznych z wykorzystaniem technologii RNA (ABM/2021/5). ICHB PAN przy-

stąpił do konkursu w konsorcjum z Warszawskimi Zakładami Farmaceutycznymi Polfa S.A. Wykorzystano w ten sposób wieloletnie doświadczenie Instytutu w badaniach RNA oraz możliwości produkcyjne największej w Polsce firmy farmaceutycznej. Złożony przez konsorcjum projekt, pt. „Stworzenie uniwersalnej platformy szybkiego reagowania, bazującej na technologii RNA, zapewniającej bezpieczeństwo lekowe i epidemiologiczne kraju”, uzyskał finansowanie Agencji i w grudniu 2021 r. podpisano umowę na jego realizację. Całkowita wartość projektu wynosi ponad 130 mln zł, a wysokość przyznanej dotacji 93,8 mln zł, z czego 35,2 mln to kwota przeznaczona na prace planowane przez Instytut. Stworzona w ramach projektu platforma będzie służyła do projektowania, syntezy i testowania nowatorskich terapeutyków oraz szczepionek RNA. Kierownikiem merytorycznym projektu jest prof. Marek Figlerowicz.

6. System Zarządzania Informacją Medyczną oraz Wspomagania Procesu Ewakuacji Medycznej Na Polu Walki

Projekt „System Zarządzania Informacją Medyczną oraz Wspomagania Procesu Ewakuacji Medycznej Na Polu Walki” (akronim MEDICS) jest projektem B+R, realizowanym w ramach Programu na rzecz obronności i bezpieczeństwa państwa pn. „Rozwój nowoczesnych, przełomowych technologii służących bezpieczeństwu i obronności państwa”. Liderem projektu jest Wojskowy Instytut Łączności im. prof. dr. hab. Janusza Groszkowskiego. W skład konsorcjum, obok ICHB PAN-PCSS, wchodzi jeszcze: Wojskowy Instytut Medycyny Lotniczej oraz firma medvc.eu. Projekt zaplanowano na 36 miesięcy (czerwiec 2021–maj 2024).

W ramach projektu opracowany zostanie system zgodny z wytycznymi NATO (np. AJMedP-5), pozwalający na wspieranie procesu dowodzenia w zakresie działań medycznych. Jednym z celów systemu będzie ułatwienie procesu świadczenia opieki klinicznej w środowisku międzynarodowym, poprzez przesyłanie danych dotyczących zdrowia poszkodowanych międzynarodowymi dowództwami i NATO. System będzie



wspomagał opiekę nad pacjentem na poziomie taktycznym i operacyjnym dzięki zwiększonemu wykorzystaniu możliwości telemedycyny i telekonsultacji. Skuteczne wykorzystanie takich narzędzi będzie służyć wspieraniu realizacji pełnego zakresu usług medycznych, rozpoczynając opiekę nad pacjentem na jak najwcześniejszym etapie. Efektywne zarządzanie informacjami medycznymi, szczególnie dotyczącymi pacjentów, zapewni proces planowania wsparcia medycznego na polu walki, budując świadomość sytuacyjną w obszarze informacji medycznej, realizując proces śledzenia pacjenta, planowania działań medycznych i ewakuacji medycznej.

Z ramienia PCSS udział w projekcie biorą: Dział Bezpieczeństwa ICT PCSS oraz Dział Usług Internetu Przyszłości. Do zadań zespołów należą m.in. zastosowanie elementów bezpiecznego cyklu życia oprogramowania (ang. *Secure Development Life Cycle – SDLC*), modelowanie zagrożeń oraz różnorodne analizy cyberbezpieczeństwa, opracowanie modułu wielokryterialnego wspomagania decyzji dla zarządzania zasobami dla procesu ewakuacji, a także wsparcie dla implementacji części komponentów programowych. System MEDICS na poszczególnych etapach rozwoju przewidziany jest do testowania w trakcie dorocznych, międzynarodowych ćwiczeń NATO CWIX (*Coalition Warrior Interoperability eXercise, eXamination, eXperimentation, eXploration*).

7. Rozwój Europejskiej chmury danych i usług otwartej nauki: Projekt EOSC-Future

European Open Science Cloud, czyli chmura danych i usług otwartej nauki powstała z inicjatywy Komisji Europejskiej w celu rozwoju infrastruktury i dostępu do wiedzy dla szerokiego grona użytkowników. EOSC to miejsce styku możliwości e-infrastruktur oraz wymagań procesu naukowego. GÉANT razem z innymi sieciami naukowo-edukacyjnymi krajów europejskich odgrywają poważną rolę w rozwoju EOSC poprzez projekt „EOSC Future”, który rozpoczął się w kwietniu 2021 r. Pełnoprawnym partnerem projektu „EOSC Future” są m.in. GRNET, GÉANT, EGI oraz inne e-infrastruktury i klastry naukowe. Dzisiejsza wizja EOSC to możliwość dostępu

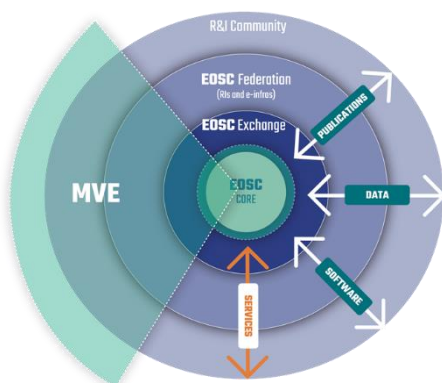
szerokiego wachlarza usług, danych i publikacji przez najprostszy punkt wejścia dla naukowców i całego społeczeństwa naukowo-badawczego.

EOSC-Future – to projekt, którego zadaniem jest integracja i skupienie wyników dotychczasowych prac wykonanych w kilku projektach związanych z rozwojem EOSC. W efekcie ma powstać tak zwany „produkt o kluczowej funkcjonalności” – *Minimum Viable EOSC* – czyli chmura dla otwartej nauki we wczesnej fazie rozwoju, ale gotowa do tego, aby mogli z niej korzystać pierwsi użytkownicy.

EOSC składa się z kilku warstw, w szczególności warstwy *EOSC Core*.

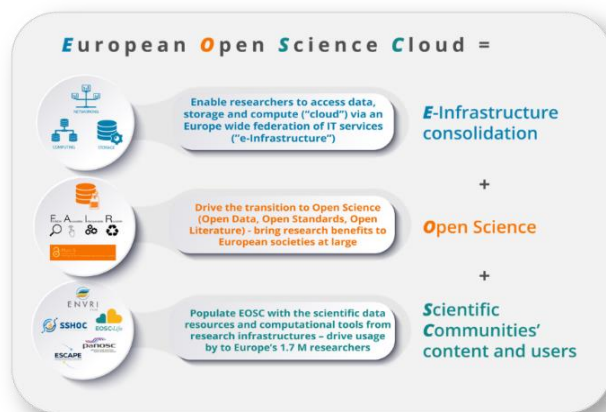
EOSC Core – to usługi istotne dla działania całego środowiska EOSC, takie jak portal użytkowników, infrastruktura zapewniająca uwierzytelnienie i autoryzację, katalog szkoleń, wyszukiwanie lub system rekomendacyjny.

EOSC Exchange – zawiera komponenty systemu EOSC dla zbierania, przechowywania i wymiany informacji o usługach, oprogramowaniu, danych oraz publikacjach. Podstawami *EOSC Exchange* są format opisujący zbieraną informację *EOSC Profiles*, łącznie z systemem ustalenia związków między różnymi dostępnymi zasobami cyfrowymi dla użytkowników naukowych.



Federacja EOSC – to e-infrastruktury oraz organizacje naukowo-badawcze, przedstawiające zasoby, które można wyszukać i używać poprzez EOSC. Są to infrastruktury europejskie, takie jak GÉANT; infrastruktury regionalne, np.: *EOSC Synergy*; infrastruktury i klastry dziedzinowe: SSHOC, ESRF, jak również infrastruktury krajowe.

W ramach projektu *EOSC-Future* przedstawiciele PCSS uczestniczą w pracach rozwoju architektury EOSC, komponentów *EOSC Core* oraz rozszerzenia federacji EOSC w gronie przedsiębiorstw komercyjnych. PCSS rozwija także usługi bazowe w konsorcjum PIONIER, które będą wspierać kluczową warstwę *EOSC Core*.



8. Cyfrowa infrastruktura badawcza dla humanistyki i nauk o sztuce DARIAH-PL



DARIAH-PL jest projektem rozwojowym realizowanym przez największe konsorcjum humanistyczne w Polsce w celu zbudowania badawczej infrastruktury humanistyki cyfrowej Dariah.lab. Projekt jest finansowany w ramach Programu Operacyjnego Inteligentny Rozwój 2014–2020 w obszarze „Rozwój nowoczesnej infrastruktury badawczej sektora nauki”. Jego celem jest rozszerzenie zakresu prowadzonych w Polsce badań z dziedziny humanistyki i nauk o sztuce, zarówno w kontekście czysto naukowym, jak również w obszarze zastosowań w gospodarce. Infrastruktura służyć będzie pozyskiwaniu, przechowywaniu i integracji danych o kulturze z zakresu nauk

humanistycznych i społecznych oraz przetwarzaniu, wizualizacji i udostępnianiu zasobów cyfrowych. Dariah.lab została umieszczona na Polskiej Mapie Infrastruktury Badawczej w obszarze nauk społecznych i humanistycznych.

Sieć rozproszonych laboratoriów badawczych wchodzących w skład Dariah.lab, zaprojektowana została na bazie agendy badawczej opracowanej przez członków konsorcjum i obejmuje: Laboratorium źródeł, Laboratorium zautomatyzowanego wzbogacania, Laboratorium nadzorowanego semantycznego odkrywania, Laboratorium inteligentnej analizy i interpretacji oraz Laboratorium zaawansowanej wizualizacji. Wykorzystanie Dariah.lab możliwe będzie na poziomie krajowych i międzynarodowych projektów badawczo-naukowych oraz przy realizacji przedsięwzięć we współpracy z partnerami komercyjnymi.

Dariah.lab umożliwi prowadzenie szeroko zakrojonych badań, w szczególności w trzech kluczowych obszarach zidentyfikowanych na podstawie analizy doświadczeń grup roboczych konsorcjum DARIAH-PL:

- geoarcheologii, obejmującej szeroko rozumiane analizy i dokumentacje nieinwazyjne ziemi, krajobrazu i zabytków,
- danych o kulturze, obejmujących szeroko pojęte interdyscyplinarne badania nad kulturą i zjawiskami w niej zachodzącymi,
- muzykologii, obejmującej badania nad muzyką jako zjawiskiem akustycznym, kulturowym, historycznym i społecznym i jej percepcją.

Projekt DARIAH-PL został wpisany na listę projektów Time Machine, stanowiących jeden z głównych filarów tego programu i wizji „Big Data of the Past” – ogromnego, rozproszonego, cyfrowego systemu informacyjnego, odwzorowującego społeczną, kulturową i geograficzną ewolucję Europy na przestrzeni dziejów, który stanowić będzie żywy zasób społeczny i gospodarczy.



Dotacje, finansowanie projektów badawczych, inwestycyjnych i innych

Subwencja MEiN – utrzymanie potencjału badawczego: 24 058 226,31 zł, w tym:

Subwencja podstawowa: 23 727 600 zł

Subwencja na finansowanie Poznańskiej Szkoły Doktorskiej: 330 626,31 zł

Dotacja MEiN – specjalne urządzenie badawcze ECBiG: 800 000 zł

Dotacja MEiN – wniesienie wkładu krajowego na rzecz udziału we wspólnym międzynarodowym programie lub przedsięwzięciu PoOpenScreen: 418 000 zł

Stypendia MEiN dla Wybitnych Młodych Naukowców : 156 310 zł

Projekty: 56 320 472,17 zł, w tym:

Projekty MEiN: 87 220 zł

Projekty NCN: 20 468 017,44 zł

Projekty NCBR: 875 217,26 zł

Projekty NAWA: 377 404 zł

Program MEiN Premia na Horyzoncie 2: 30 637 zł

Projekty strukturalne: 33 736 614,99 zł

z tego Program Operacyjny Inteligentny Rozwój (projekty badawcze): 1 187 978,94 zł

z tego Program Operacyjny Inteligentny Rozwój (projekty infrastrukturalne): 32 169 318,01 zł

z tego Program Operacyjny Wiedza Edukacja Rozwój: 379 318,04 zł

Projekty z Wielkopolskiego Regionalnego Programu Operacyjnego 2014+: 423 936,05 zł

Projekty z Funduszy Norweskiego Mechanizmu Finansowego: 57 325 zł

Projekty Horyzont 2020: 45 030,43 zł

Projekty zagraniczne inne: 219 070 zł.

Przy Instytucie od 1993 r. działa Poznańskie Centrum Superkomputerowo-Sieciowe (PCSS). Zadaniem PCSS jest umożliwienie poznańskiemu i krajowemu środowisku naukowemu korzystania z sieci POZMAN i PIONIER oraz zasobów obliczeniowych i informacyjnych utrzymywanych

w Centrum, a także prowadzenie prac badawczo-rozwojowych związanych z technologiami informacyjno-komunikacyjnymi.

Wpływy z tytułu dotacji na działalność oraz finansowanie projektów badawczych i inwestycyjnych w PCSS w roku 2021 wyniosły 255 592 522,8 zł (w tym dotacje na inwestycje i projekty inwestycyjne 172 424 250,67 zł). PCSS posiada wyodrębnione rachunki bankowe, na których księgowane są wszystkie wpływy i wydatki związane z jego działalnością.

Rozwój kadry naukowej

Tytuł naukowy profesora nadano:

Elizie Wyszko

Stopień naukowy doktora habilitowanego uzyskali:

Barbara Uszczyńska-Ratajczak

Tytuł ocenianego osiągnięcia: Genomiczna charakterystyka długich niekodujących RNA w genomach człowieka i myszy

Nadany przez: Instytut Chemii Bioorganicznej PAN

Dyscyplina: nauki biologiczne

Data nadania: 07.04.2021 r.

Agata Świątkowska

Tytuł ocenianego osiągnięcia: Określenie roli regionu terminalnego 5' mRNA p53 w ekspresji genu *TP53*

Nadany przez: Instytut Chemii Bioorganicznej PAN

Dyscyplina: nauki biologiczne

Data nadania: 26.05.2021 r.

Agnieszka Żmieńko

Tytuł ocenianego osiągnięcia: Identyfikacja polimorfizmu liczby kopii DNA jako istotnego składnika kształtującego zmienność genetyczną *Arabidopsis thaliana*

Nadany przez: Instytut Chemii Bioorganicznej PAN

Dyscyplina: nauki biologiczne

Data nadania: 17.06.2021 r.

Maciej Łałowski

Tytuł ocenianego osiągnięcia: Analiza interakcji białkowych oraz zaburzonych ścieżek sygnałowych w patologii neuronalnych ceroidolipofuscynoz

Nadany przez: Instytut Chemii Bioorganicznej PAN

Dyscyplina: nauki biologiczne

Data nadania: 15.07.2021 r.

Miłosz Ruszkowski

Tytuł ocenianego osiągnięcia: Struktura i molekularne mechanizmy wybranych enzymów roślinnych szlaków metabolicznych aminokwasów białkowych

Nadany przez: Instytut Chemii Bioorganicznej PAN

Dyscyplina: nauki biologiczne

Data nadania: 22.07.2021 r.

Anna Urbanowicz

Tytuł ocenianego osiągnięcia: Charakterystyka oddziaływań pomiędzy wybranymi białkami powierzchniowymi krętków *Borrelia* i białkami kleszczy oraz kręgowców

Nadany przez: Instytut Chemii Bioorganicznej PAN

Dyscyplina: nauki biologiczne

Data nadania: 29.10.2021 r.

Stopień naukowy doktora uzyskali:

Karolina Zielińska

Tytuł rozprawy: Potencjał terapeutyczny oligonukleotydów bogatych w reszty guanozyny.

Charakterystyka strukturalna i funkcjonalna

Promotor: prof. dr hab. Zofia Gdaniec

Promotor pomocniczy: dr Dorota Gudanis

Nadany przez: Instytut Chemii Bioorganicznej PAN

Dyscyplina: nauki chemiczne

Data obrony: 14.05.2021 r.

Data nadania: 23.06.2021 r.

Kalina Wiatr

Tytuł rozprawy: Poszukiwanie nowych mechanizmów neurodegeneracji w czasie rozwoju ataksji rdzeniowo-mózdkowej typu 3 w mysim modelu knock-in SCA3 Ki91

Promotor: dr hab. Maciej Figiel, prof. ICHB PAN

Nadany przez: Instytut Chemii Bioorganicznej PAN

Dyscyplina: nauki chemiczne

Data obrony: 03.08.2021 r.

Data nadania: 29.09.2021 r.

Mikołaj Buchwald

Tytuł rozprawy: Neuronalne podłoża planowania interakcji z narzędziami dwuręcznymi: badanie z wykorzystaniem funkcjonalnego rezonansu magnetycznego

Promotor: prof. dr hab. Grzegorz Króliczak

Nadany przez: Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu

Dyscyplina: nauki o komunikacji społecznej i mediach

Data obrony: 08.11.2021 r.

Data nadania: 15.11.2021 r.

Paweł Czerniawski

Tytuł rozprawy: Unikalne zmiany w biosyntezie glukozyzolanów wśród gatunków plemienia *Camelineae* rodziny *Brassicaceae*

Promotor: prof. dr hab. Paweł Bednarek

Promotor pomocniczy: dr Anna Piasecka

Nadany przez: Instytut Chemii Bioorganicznej PAN

Dyscyplina: nauki chemiczne

Data obrony: 21.10.2021 r.

Data nadania: 08.12.2021 r.

Barbara Szutkowska

Tytuł rozprawy: Struktura drugorzędowa vRNA wirusa grypy typu A w warunkach biologicznych

Promotor: prof. dr hab. Elżbieta Kierzek

Nadany przez: Instytut Chemii Bioorganicznej PAN

Dyscyplina: nauki biologiczne

Data obrony: 22.10.2021 r.

Data nadania: 08.12.2021 r.

Agnieszka Mickiewicz-Piotrowska

Tytuł rozprawy: Analiza strukturalnych uwarunkowań wybranych etapów biogenezy małych regulatorowych RNA u *Arabidopsis thaliana*

Promotor: prof. dr hab. Marta Szachniuk

Promotor pomocniczy: dr Joanna Sarzyńska

Nadany przez: Instytut Chemii Bioorganicznej PAN

Dyscyplina: nauki chemiczne

Data obrony: 05.11.2021 r.

Data nadania: 08.12.2021 r.

Paweł Głodowicz

Tytuł rozprawy: Wykorzystanie katalitycznych kwasów nukleinowych do regulacji ekspresji genów mitochondrialnych

Promotor: dr hab. Katarzyna Rolle, prof. ICHB PAN

Promotor pomocniczy: dr Agnieszka Fedoruk-Wyszomirska

Nadany przez: Instytut Chemii Bioorganicznej PAN

Dyscyplina: nauki chemiczne

Data obrony: 13.12.2021 r.

Data nadania: 17.12.2021 r.

Kształcenie doktorantów

Środowiskowe Studium Doktoranckie działające przy ICHB PAN w 2021 roku liczyło **69** słuchaczy. Spośród nich w ICHB PAN doktoraty przygotowywało **59** osób, z których **22** miało otwarte przewody doktorskie.

Od 2019 roku w Instytucie działa **Poznańska Szkoła Doktorska Instytutów Polskiej Akademii Nauk**. Współtworzą ją następujące placówki PAN: Instytut Chemii Bioorganicznej, Instytut Dendrologii, Instytut Fizyki Molekularnej, Instytut Genetyki Człowieka i Instytut Genetyki Roślin, przy czym ICHB koordynuje działalność Szkoły. Kształcenie doktorantów prowadzone jest w dyscyplinach: nauki biologiczne, chemiczne, fizyczne, medyczne oraz rolnictwo i ogrodnictwo. Nadzór nad przebiegiem kształcenia sprawuje Rada Programowa PSD IPAN, w której skład wchodzi 5 koordynatorów dyscyplin naukowych oraz ich zastępcy. Funkcję kierownika pełni dr hab. Mariola Dutkiewicz (ICHB PAN), a jej zastępcami są prof. dr hab. Jadwiga Jaruzelska (IGCz PAN) i dr hab. Anetta Kuczyńska (IGR PAN). W roku 2021 w wyniku otwartych konkursów o zasięgu międzynarodowym zakwalifikowano 25 osób, z czego 20 rozpoczęło kształcenie, a jedna osoba zrezygnowała już po rozpoczęciu kształcenia. Obecnie PSD IPAN liczy **43** doktorantów, przy czym zdecydowaną większość stanowią kobiety (31). Najwięcej doktorantów kształci się w ICHB PAN – 25 osób. Wśród słuchaczy jest 12 cudzoziemców, m.in. z Albanii, Indii, Libanu, Nigerii, Turcji, Ukrainy, Wielkiej Brytanii oraz Wietnamu.

Uczestnicy innych form kształcenia

W 2021 roku 75 studentów z wyższych uczelni, zarówno polskich, jak i zagranicznych (głównie z Uniwersytetu im. Adama Mickiewicza w Poznaniu, Politechniki Poznańskiej, Uniwersytetu Przyrodniczego w Poznaniu, Uniwersytetu Medycznego im. Karola Marcinkowskiego w Poznaniu), wykonywało w laboratoriach Instytutu prace magisterskie lub odbywało praktyki, staże albo zajęcia według indywidualnego toku studiów.

Wynalazki

W 2021 r. dokonano dwóch krajowych zgłoszeń wynalazków. Uzyskano dwa patenty, w tym jeden polski i jeden europejski.

Patent międzynarodowy

A cytosine analogue, a method of preparation of a cytosine analogue, a DNA methyltransferase 1 inhibitor, a method for DNA methylation inhibition, the use of the analogue in the treatment of diseases associated with deviations from normal DNA methylation

patent: EP 2556081 z 16.06.2021 r.

zgłoszenie: EP 11716084 z 27.11.2012 r.

Twórcy: **Wojciech T. Markiewicz**, Ewelina Adamska, Beata Plitta, **Małgorzata Giel-Pietraszuk**, **Eliza Wyszko**, Maria Markiewicz, **Tadeusz Kuliński**, **Marcin K. Chmielewski**, **Jan Barciszewski**, **Agnieszka Fedoruk-Wyszomirska**

Patent krajowy

Nowy analog nukleozydo difosforanu, kompozycja farmaceutyczna zawierająca analog nukleozydo difosforanu, jego zastosowanie i sposób syntezy

patent: PL 238768 z 4.10.2021 r.

zgłoszenie: P 422415 z 31.07.2017 r.

Twórcy: **Joanna Romanowska**, **Justyna Gołębiewska**, Marta Rachwałak, Tomasz Jakubowski, Aleksandra Dąbrowska

W 2021 r. przeprowadzono postępowanie walidacyjne dla patentu nr EP 2556081, który uzyskał ochronę w 6 państwach: w Niemczech, Francji, Wielkiej Brytanii, Belgii, Irlandii, Szwajcarii.

Tytuł: *A cytosine analogue, a method of preparation of a cytosine analogue, a DNA methyltransferase 1 inhibitor, a method for DNA methylation inhibition, the use of the analogue in the treatment of diseases associated with deviations from normal DNA methylation*

Twórcy: **Wojciech T. Markiewicz**, Ewelina Adamska, Beata Plitta, **Małgorzata Giel-Pietraszuk**, **Eliza Wyszko**, Maria Markiewicz, **Tadeusz Kuliński**, **Marcin K. Chmielewski**, **Jan Barciszewski**, **Agnieszka Fedoruk-Wyszomirska**

Działalność wydawnicza

Działalnością wydawniczą zajmuje się Ośrodek Wydawnictw Naukowych Instytutu Chemii Bioorganicznej PAN (OWN). W 2021 r. wydał 2 czasopisma.

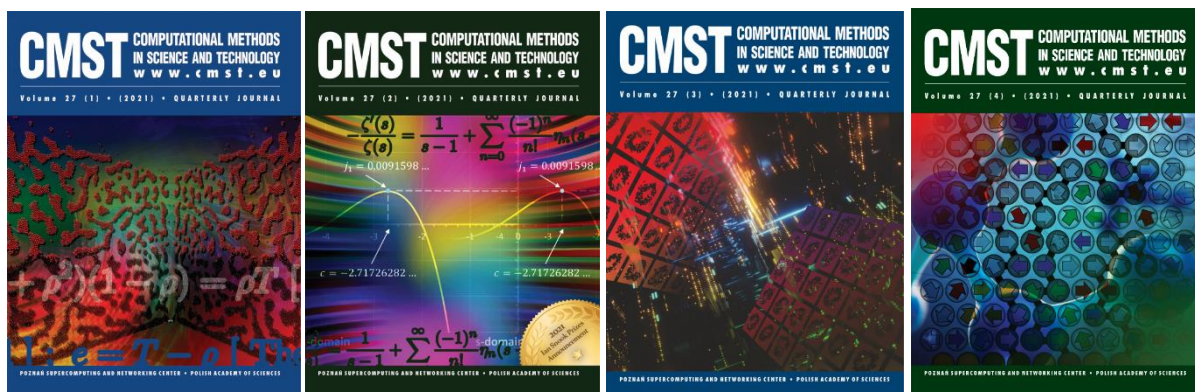
Czasopisma

Kwartalnik **BioTechnologia** wydawany jest przez Instytut Chemii Bioorganicznej PAN i Komitet Biotechnologii PAN. Redaktorem naczelnym czasopisma jest prof. dr hab. Marek Figlerowicz, a zastępcą redaktora naczelnego – dr Agata Tyczewska. Jak co roku wydano 4 numery, a ich łączny nakład wyniósł 920 egz. Opublikowano 35 artykułów, w tym 27 prac badawczych. Poruszana tematyka obejmuje nie tylko obszary biotechnologii, ale również biologii obliczeniowej oraz bionanotechnologii. **BioTechnologia** wydawana jest w języku angielskim. Czasopismo znajduje się w Wykazie czasopism naukowych i recenzowanych materiałów z konferencji międzynarodowych oraz wydawnictw monografii naukowych MEiN i ma przyznane 70 pkt. Publikowane artykuły znajdują się w internecie w formule *Open Access* na platformie Termedii.



Computational Methods in Science and Technology, to czasopismo (kwartalnik) wydawane przez OWN i PCSS. Redaktorami są prof. dr hab. Krzysztof Witold Wojciechowski, dr Maciej

Stroiński i prof. dr hab. Jan Węglarz. Artykuły dotyczą metod obliczeniowych i technologii informatycznych. Są one dostępne bezpłatnie w internecie na zasadzie *Open Access* na platformie PCSS pod adresem <http://cmst.eu/>.



Nagrody i wyróżnienia

Nagrody krajowe i zagraniczne przyznane za działalność naukową:

- Krzyż Kawalerski Orderu Odrodzenia Polski za wybitne zasługi w pracy naukowo-dydaktycznej, za działalność społeczną dla prof. dr. hab. Wojciecha Rypniewskiego;
- Nominacja dla Instytutu Chemii Bioorganicznej PAN do Nagrody Gospodarczej Prezydenta RP (edycja XVIII) w kategorii Badania + Rozwój (zgłoszenie do nagrody przez Polską Akademię Nauk);
- Wybór na członka-korespondenta Polskiej Akademii Nauk prof. dr. hab. Marka Figlerowicza;
- Nagroda Ministra Edukacji i Nauki za wybitne osiągnięcia naukowe – nagroda zespołowa dla dr. Tomasza Czapika, prof. Ryszarda Kierzka, dr Weroniki Kotkowiak, dr inż. Jolanty Lisowiec-Wąchnickiej, dr hab. Anny Pasternak, mgr Caroliny Roxo;
- Stypendium Ministra Edukacji i Nauki dla wybitnych młodych naukowców przyznane dr Annie Philips;
- Wyróżnienie *Distinguished Scientist* Chińskiej Akademii Nauk (w ramach programu CAS *President's International Fellowship*) dla prof. dr. hab. Jacka Błażewicza;
- Nagroda Rektora Politechniki Poznańskiej za wybitne osiągnięcia naukowe w roku 2020 dla prof. dr hab. Marty Szachniuk;
- Wyróżnienie pracy doktorskiej przez Kapitułę Nagrody Miasta Poznania dla dr. Ireneusza Stolaraka;
- Stypendium w ramach konkursu L'Oréal-UNESCO „Dla Kobiet i Nauki” przyznane dr hab. Barbarze Uszczyńskiej-Ratajczak oraz mgr Magdalenie Dąbrowskiej;
- Nagroda AgroBioTop przyznawana przez Komitet Biotechnologii Polskiej Akademii Nauk za dokonania z zakresu biotechnologii, wnoszące istotny wkład w rozwój rolnictwa i biotechnologii dla dr. hab. Miłosza Ruszkowskiego;
- Nagroda Główna Polskiego Towarzystwa Biologii Eksperymentalnej Roślin za najlepszą publikację oryginalną w roku 2020 dla dr hab. Agnieszki Żmieńko;
- Wybór na przewodniczącego Akademii Młodych Uczonych PAN dr. Jacka Kolanowskiego.
- Wybór na członkinię Akademii Młodych Uczonych PAN dr hab. Barbary Uszczyńskiej-Ratajczak;
- Wybór do grona *Senior Editors* czasopisma *EFB Bioeconomy Journal* (powołanego przez wydawnictwo Elsevier oficjalnego czasopisma *European Federation of Bioeconomy*) prof. dr. hab. Tomasza Twardowskiego;

- Umieszczenie na okładce *Nucleic Acids Research* artykułu: *Broken symmetry between RNA enantiomers in a crystal lattice* dr hab. Agnieszki Kiliszek, dr. Leszka Błaszczyka, dr Magdaleny Bejger, prof. Wojciecha Rypniewskiego (publikacja: A. Kiliszek, L. Błaszczyk, M. Bejger, W. Rypniewski, *Broken symmetry between RNA enantiomers in a crystal lattice*, *Nucleic Acids Research* 2021, 49, 12535–12539);
- Wyróżnienie przez zespół edytorów i redaktorów czasopisma *Nucleic Acids Research* tytułem *Breakthrough Article from Nucleic Acids Research* artykułu: P. Galka-Marciniak, M.O. Urbanek-Trzeciak, P.M. Nawrocka, P. Kozłowski, *A pan-cancer atlas of somatic mutations in miRNA biogenesis genes*, *Nucleic Acids Research* 2021, 49, 601–620 – dla zespołu w składzie: dr Paulina Gałka-Marciniak, dr Martyna O. Urbanek-Trzeciak, mgr Paulina M. Nawrocka, prof. dr hab. Piotr Kozłowski;
- Nagroda za najlepszy wieloautorski plakat zaprezentowany podczas *RNA'2021 Society Meeting* dla prof. dr hab. Marty Szachniuk i dr hab. Macieja Antczaka;
- I Nagroda za Najlepszą Prezentację Posterową podczas konferencji naukowej *The International Conference of the Centenary of Natural Sciences Club of Adam Mickiewicz University* dla mgr inż. Marty Pietras;
- Nagroda za najlepszy poster na *European Chemical Biology Symposium* dla mgr Anny Wychowaniec;
- Wyróżnienie poprzez umieszczenie na liście „100 Kobiet Forbes Women 2021” dla dr hab. Barbary Uszczyńskiej-Ratajczak oraz mgr Magdaleny Dąbrowskiej;
- Stypendium *EMBO Scientific Exchange Grant* dla dr hab. Agnieszki Fiszer;
- Stypendium wyjazdowe na udział w konferencji naukowej *RNA Mechanisms and Brain Disease* organizowanej przez *Federation of European Neuroscience Societies* dla mgr inż. Marty Pietras;
- Polska Nagroda Inteligentnego Rozwoju w kategorii „Innowacyjna digitalizacja i udostępnianie danych” przyznana przez Forum Inteligentnego Rozwoju dla projektu eDWIN ICHB PAN PCSS;
- Nagroda Szwajcarskiej Fundacji *Dalle Molle „Quality of Life”* przyznana za innowacyjność projektu i jego wysoką jakość naukową, którego celem jest poprawa jakości życia poprzez zastosowanie nowych technologii dla projektu PELOSHA ICHB PAN PCSS;
- Nagroda „Najbardziej Innowacyjny Projekt” za innowacje wprowadzane w ramach projektu przyznana przez Huawei Enterprise Polska dla ICHB PAN PCSS;
- Nominacja do *EU Strategic Advisory Board* dla inicjatywy *Destination Earth* dla dr. hab. inż. Krzysztofa Kurowskiego;
- Nominacja do grupy strategicznej PRACE w ramach ścisłej współpracy pomiędzy EuroHPC JU oraz konsorcjum PRACE dla dr. inż. Norberta Meyera;
- Nominacja na członka Zespołu Liderów *Global Network Advancement Group (GNA-G)* dla dr. inż. Ivana Goluba;
- Nagroda organizatorów RNA Salon Poznań:
 - za najlepszą pracę licencjacką w roku 2021 dla Marii Gwit („Analiza ekspresji oraz specyfiki komórkowej wybranych niekodujących RNA z ludzkich guzów mózgu”);
 - za najlepszą pracę magisterską dla mgr. Juliana Zacharjasza („Badanie występowania modyfikacji typu cap na 5' końcach wybranych niekodujących RNA (tRNA oraz tRF) w linii komórkowej A549”);
 - za najlepszą publikację z lat 2020–2021, której pierwszym lub drugim współautorem jest doktorant, dla dr Magdaleny Derbis (*Short antisense oligonucleotides alleviate the pleiotropic toxicity of RNA harboring expanded CGG repeats*, *Nature Communications* 2021) i dla mgr inż. Angeliki Andrzejewskiej-Romanowskiej (*In vivo structure of the Ty1 retrotransposon RNA genome*, *Nucleic Acids Research* 2021);
- Wyróżnienie rozprawy doktorskiej przyznane przez Radę Naukową Instytutu Chemii Bioorganicznej PAN dla:

- dr. Pawła Czerniawskiego („Unikalne zmiany w biosyntezie glukozyolanów wśród gatunków plemienia Camelinae”);
- dr Karoliny Brzezińskiej („Potencjał terapeutyczny oligonukleotydów bogatych w reszty guanozyny. Charakterystyka strukturalna i funkcjonalna.”);
- dr Barbary Szutkowskiej („Struktura drugorzędowa vRNA wirusa grypy typu A w warunkach biologicznych”);
- dr Kaliny Wiatr („Poszukiwanie nowych mechanizmów neurodegeneracji w czasie rozwoju ataksji rdzeniowo-mózdkowej typu 3 w mysim modelu knock-in SCA3 Ki91”);
- Nagroda Dyrektora ICHB PAN
 - za najlepszą pracę doktorską w roku 2020 dla dr Anny Mleczo („Krótkie niekodujące RNA 9tRF i sdRNA asocjujące z rybosomami w *Saccharomyces cerevisiae* – geneza i funkcje regulatorowe w zróżnicowanych warunkach środowiskowych”);
 - za najlepsze w roku 2020 prace eksperymentalne:
 - dla dr. Mariusza Popeny, dr Joanny Sarzyńskiej i prof. dr hab. Marty Szachniuk (*Topology-based classification of tetrads and quadruplex structures*);
 - dla dr hab. Agnieszki Żmieńko, mgr inż. Małgorzaty Marszałek-Zeńczak, dr. Pawła Wojciechowskiego, dr Anny Samelak-Czajki, dr hab. Magdaleny Łuczak, prof. dr. hab. Piotra Kozłowskiego, prof. dr. hab. Marka Figlerowicza (*AthCNV: A map of DNA copy number in the Arabidopsis genome*);
 - dla dr Marty Pastorczyk-Szlenkier, dr Marioli Piślewskiej-Bednarek, dr Karoliny Kułak, prof. dr. hab. Pawła Bednarka (*The role of CYP71A12 monooxygenase in pathogen-triggered tryptophan metabolism and Arabidopsis immunity*);
 - dla dr. Marcina Kowiela, dr. hab. Dariusza Brzezińskiego, dr. hab. Mirosława Gilskiego, prof. dr. hab. Mariusza Jaskólskiego (*Conformation-dependent restraints for polynucleotides: the sugar moiety*);
 - za najlepszą pracę przeglądową w 2020 r.:
 - dla mgr. Marka Kazimierczyka, mgr Marty Kasprowicz, mgr Marty Kasprzyk, dr. hab. Jana Wrzesińskiego (*Human Long Noncoding RNA Interactome: Detection, Characterization and Function*).

Organizacja seminariów i konferencji naukowych

Instytutowe Seminaria Naukowe

Organizacja i prowadzenie: prof. dr hab. Jerzy Boryski (do września 2021 r.), dr Paweł Zmora (program w załączeniu, s. 192).

Poznański Salon RNA

Spotkania dyskusyjne poświęcone naukom o życiu, organizowane cyklicznie w ICHB PAN (5 spotkań). Organizacja i prowadzenie: dr hab. Zbigniew Warkocki, prof. ICHB (program dostępny na stronie: <https://portal.ichb.pl/rna-salon-poznan> oraz w załączeniu, s. 194).

RNA goes viral

01.–02.07.2021 r. konferencja międzynarodowa (online), organizatorzy: Instytut Chemii Bioorganicznej PAN, ok. 300 uczestników, 23 referaty (program w załączeniu, s. 195–197).

12. Tydzień Mózgu

15–19.03.2021 r. Poznań, organizatorzy: Polska Akademia Nauk – Oddział w Poznaniu, Instytut Chemii Bioorganicznej PAN, Instytut Genetyki Człowieka w Poznaniu, ok. 4 200 uczestników, 10 referatów (program w załączeniu, s. 198).

Najważniejsze osiągnięcia

Poznanie roli roślinnych białek transportowych w symbiozie roślin bobowatych z bakteriami wiążącymi azot

K. JARZYNIAK, J. BANASIAK, T. JAMRUSZKA, A. PAWELA, M. DI DONATO, O. NOVAK, M. GEISLER, M. JASIŃSKI, J.D. MURRAY

Deficyt azotu uniemożliwia prawidłowy wzrost i rozwój roślin. W naturze problem ten może być rozwiązany dzięki symbiozie roślin z bakteriami wiążącymi azot atmosferyczny. Niestety tylko rośliny bobowate zdolne są do tego rodzaju oddziaływań, posiadają bowiem system umożliwiający komunikację z bakteriami symbiotycznymi. Jednym z kluczowych elementów tego systemu są transportery ABC – białka błonowe transportujące substancje sygnałowe takie jak cytokiny. Przeprowadzone analizy funkcjonalne transportera ABCG56 lucerny (*Medicago truncatula*) pozwoliły dokładnie opisać proces wymiany sygnału pomiędzy komórkami korzenia a bakteriami *Ensifer meliloti* na wczesnych etapach symbiozy. Uzyskane wyniki mogą posłużyć do badań prowadzonych m.in. w celu zwiększenia jakości plonów i rozwoju zrównoważonego rolnictwa.

Publikacje:

a) K. Jarzyniak, J. Banasiak, T. Jamruszka, A. Pawela, M. Di Donato, O. Novak, M. Geisler, M. Jasinski

Early stages of legume-rhizobia symbiosis are controlled by ABCG-mediated transport of active cytokinins

NATURE PLANTS 2021, 7, 428–436

b) J. Banasiak, T. Jamruszka, J.D. Murray, M. Jasinski

A roadmap of plant membrane transporters in arbuscular mycorrhizal and legume–rhizobium symbioses

PLANT PHYSIOLOGY 2021, 187, 2071–2091

c) J. Banasiak, M. Jasinski

ATP-binding cassette transporters in nonmodel plants

NEW PHYTOLOGIST 2021, 233, 1597–1612

Współpraca:

Palacký University Olomouc, Ołomuniec, Czechy;

University of Fribourg, Fryburg, Szwajcaria;

John Innes Centre, Norwich, Wielka Brytania;

Institute of Plant Physiology and Ecology, Chinese Academy of Sciences, Szanghaj, Chiny

Finansowanie: projekt NCN OPUS nr 2015/19/B/NZ9/03548 (kierownik projektu: Michał Jasiński),

projekt NCN OPUS nr 2017/27/B/NZ1/01090 (kierownik projektu: Michał Jasiński),

projekt NCN SONATA nr 2015/17/D/NZ3/03625 (kierownik projektu: Joanna Banasiak).

Opisanie struktury i aktywności nowej klasy bakteryjnej asparaginazy

J.I. LOCH, B. IMIOŁCZYK, J. ŚLIWIAK, A. WANTUCH, M. BEJGER, M. GILSKI, M. JASKÓLSKI

Rhizobium etli należy do bakterii wiążących azot atmosferyczny, wchodzących w symbiozę z roślinami z rodziny bobowatych. Jedną z ciekawych właściwości tej bakterii jest posiadanie nietypowej formy asparaginazy (ReAV), enzymu rozkładającego aminokwas asparaginę do kwasu asparaginowego i amoniaku. Sekwencja białkowa ReAV nie wykazuje homologii do sekwencji innych enzymów o podobnych właściwościach. Po 20 latach badań udało się poznać strukturę przestrzenną tego białka. Okazało się, że również pod względem budowy ReAV nie jest podobna do żadnej ze znanych asparaginaz. Przypomina raczej glutaminazy lub białka wiążące penicylinę, lecz nie wykazuje typowej dla nich aktywności. Odkrycie to jest ważne również z tego względu, że bakteryjne asparaginazy stanowią potencjalne leki antybiałczkowe.

Publikacja:

a) J.I. Loch, B. Imiolczyk, J. Sliwiak, A. Wantuch, M. Bejger, M. Gilski, M. Jaskolski
Crystal structures of the elusive *Rhizobium etli* L-asparaginase reveal a peculiar active site
NATURE COMMUNICATIONS 2021, 12, 6717

Współpraca:

Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu, Uniwersytet Jagielloński w Krakowie
Finansowanie: projekt NCN OPUS nr 2020/37/B/NZ1/03250 (kierownik projektu: Mariusz Jaskólski)

Zbadanie zjawiska zaburzonej symetrii za pomocą badań krystalograficznych RNA

A. KILISZEK, L. BŁASZCZYK, M. BEJGER, W. RYPNIEWSKI

W ICHB PAN prowadzone są także badania podstawowe mające odpowiedzieć na najbardziej fundamentalne pytania odnoszące się do początków życia. Jedno z nich dotyczy symetrii cząsteczek chemicznych. Większość z nich występuje we wszechświecie w dwóch wersjach stanowiących lustrzane odbicia. Nie dotyczy to jednak organizmów żywych, w których zawsze występuje tylko jedna wersja (konfiguracja) cząsteczki. Dla przykładu białka zbudowane są z aminokwasów o konfiguracji L, a kwasy nukleinowe z cukrów o konfiguracji D. Przeprowadzone w Instytucie badania krystalograficzne cząsteczek L- i D-RNA pokazały różnice wpływające na stabilność obu form. Artykuł, który jest próbą odpowiedzi na pytanie, jak na bardzo wczesnym etapie powstawania życia na Ziemi mogło dojść do zaburzenia symetrii, opublikowano w *Nucleic Acids Research*, a obrazek nawiązujący do tematyki artykułu znalazł się na okładce czasopisma.

Publikacja:

a) Kiliszek, L. Blaszczyk, M. Bejger, W. Rypniewski
Broken symmetry between RNA enantiomers in a crystal lattice
NUCLEIC ACIDS RESEARCH 2021, 49, 12535–12539

Finansowanie: subwencja MEiN

Identyfikacja specyficznych dla nowotworów mutacji w genach kodujących białka odpowiedzialne za powstawanie mikroRNA

P. GAŁKA-MARCINIAK, M. URBANEK-TRZECIAK, P. NAWROCKA, P. KOZŁOWSKI

Odkrycie, iż nie tylko białka, lecz również małe cząsteczki RNA odpowiedzialne są za regulację podstawowych procesów komórkowych, w tym za rozwój wielu chorób, było jednym z przełomowych odkryć w dziedzinie nauk biomedycznych. Ważną jego konsekwencją było powstanie tzw. „technologii RNA” i związanych z nią leków i szczepionek. W ICHB PAN od szeregu już lat badana jest rola, jaką odgrywają małe regulatorowe RNA, tzw. mikroRNA (miRNA) w procesach związanych z transformacją zdrowych komórek w nowotworowe. Poszukując zmian, jakim w komórkach rakowych ulegają geny kodujące białka odpowiedzialne za powstawanie i funkcjonowanie miRNA, przeanalizowano dane dla ponad 10 tys. próbek nowotworowych, zdeponowane w repozytorium The Cancer Genome Atlas (TCGA). Zidentyfikowano ponad 3,6 tys. mutacji, między innymi takich, które występują częściej w określonych typach nowotworów i wpływają na funkcjonowanie miRNA oraz cechy kliniczne pacjentów (np. czas przeżycia). Wyniki opisano w *Nucleic Acids Research*, w artykule oznaczonym przez edytorów jako „Breakthrough Article”.

Publikacja:

a) P. Galka-Marciniak, M.O. Urbanek-Trzeciak, P.M. Nawrocka, P. Kozłowski
A pan-cancer atlas of somatic mutations in miRNA biogenesis genes
NUCLEIC ACIDS RESEARCH 2021, 49, 601–620

Finansowanie: project NCN MAESTRO nr 2016/22/A/NZ2/00184 (kierownik projektu: Piotr Kozłowski)

Określenie drugorzędowej struktury transpozonu Ty1 w warunkach *in vivo*

A. ANDRZEJEWSKA-ROMANOWSKA, M. ZAWADZKA, J. GUMNA, D.J. GARFINKEL, K. PACHULSKA-WIECZOREK
Retrotranspozony LTR (ang. *long terminal repeats*) to rodzaj transpozonów RNA zawierających długie powtórzenia na obu końcach. Sekwencje te, utrwalone w toku ewolucji, stanowią znaczną część genomów organizmów eukariotycznych. Podobnie jak wirusy RNA retrotranspozony LTR wykorzystują maszynę komórki gospodarza do własnej replikacji. Badania struktury i funkcji transpozonów prowadzone są w Instytucie od wielu lat. Tym razem po raz pierwszy pokazano ich strukturę drugorzędową w warunkach *in vivo*. Eksperymenty wykonano na przykładzie transpozonu Ty1 w komórkach drożdży. Wykazano silny wpływ środowiska komórkowego na strukturę RNA Ty1 oraz udział rybosomów w procesie rozwijania i ponownego składania badanego RNA.

Publikacja:

a) A. Andrzejewska, M. Zawadzka, J. Gumna, D.J. Garfinkel, K. Pachulska-Wieczorek
In vivo structure of the Ty1 retrotransposon RNA genome
NUCLEIC ACIDS RESEARCH 2021, 49, 2878–2893

Współpraca: University of Georgia, Athens, USA

Finansowanie: project NCN SONATA BIS nr 2016/22/E/NZ3/00426 (kierownik projektu: Katarzyna Pachulska-Wieczorek)

Badania kwadrupleksów – na pograniczu chemii, biologii i informatyki

N. KORALEWSKA, A. SZCZEPAŃSKA, K. CIECHANOWSKA, M. WOJNICKA, M. POKORNOWSKA, M.C. MILEWSKI, D. GUDANIS, D. BARANOWSKI, C. NITHIN, J.M. BUJNICKI, Z. GDANIEC, M. FIGLEROWICZ, A. KURZYŃSKA-KOKORNIAK, T. ŻOK, N. KRASZEWSKA, J. MIŚKIEWICZ, P. PIELACIŃSKA, M. ŻURKOWSKI, M. SZACHNIUK, K. ZIELIŃSKA, R. KIERZEK, P. KOZŁOWSKI, M. TOMASZEWSKA, M. SZABAT, C. ROXO, W. KOTKOWIAK, A. PASTERNAK
Kwadrupleksy to charakterystyczne czteroniciowe struktury tworzone przez cząsteczki DNA i RNA bogate w guanozynę. Ich funkcja biologiczna nie została dotąd poznana, stąd w ICHB PAN od kilku lat prowadzone są wielopłaszczyznowe interdyscyplinarne badania kwadrupleksów. W 2021 roku: (i) wykazano po raz pierwszy, iż cząsteczki RNA/DNA przyjmujące strukturę kwadrupleksu wiążą ludzką rybonukleazę Dicer, czyli enzym uczestniczący w powstawaniu małych regulatorowych RNA; (ii) zidentyfikowano kwadrupleksy występujące w genomie wirusa grypy; (iii) określono wpływ kwadrupleksów na właściwości przeciwnowotworowe zawierających je cząsteczek DNA; (iv) opracowano metodę rozróżniania pomiędzy dwiema sekwencjami mRNA różniącymi się tylko jedną resztą nukleotydową w regionie bogatym w reszty guanozyny; (v) stworzono bazę danych ONQUADRO gromadzącą sekwencje przybierające struktury kwadrupleksów. Uzyskane wyniki dostarczyły nowych danych na temat właściwości fizycznych, chemicznych i biologicznych kwadrupleksów oraz pokazały kolejne przykłady ich występowania w przyrodzie.

Publikacje:

a) N. Koralewska, A. Szczepanska, K. Ciechanowska, M. Wojnicka, M. Pokornowska, M.C. Milewski, D. Gudanis, D. Baranowski, C. Nithin, J.M. Bujnicki, Z. Gdaniec, M. Figlerowicz, A. Kurzynska-Kokorniak

RNA and DNA G-quadruplexes bind to human dicer and inhibit its activity
CELLULAR AND MOLECULAR LIFE SCIENCES 2021, 78, 3709–3724

b) T. Zok, N. Kraszewska, J. Miskiewicz, P. Pielacinska, M. Zurkowski, M. Szachniuk
ONQUADRO: a database of experimentally determined quadruplex structure
Nucleic Acids Research, DOI:10.1093/nar/gkab1118

c) D. Gudanis, K. Zielinska, D. Baranowski, R. Kierzek, P. Kozlowski, Z. Gdaniec
Impact of a Single Nucleotide Change or Non-Nucleoside Modifications in G-Rich Region

on the Quadruplex-Duplex Hybrid Formation

BIOMOLECULES 2021, 11, 1236

d) M. Tomaszewska, M. Szabat, K. Zielinska, R. Kierzek

Identification and Structural Aspects of G-Quadruplex-Forming Sequences from the Influenza A Virus Genome

INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES 2021, 22, 6031

e) C. Roxo, W. Kotkowiak, A. Pasternak

G4 Matters-The Influence of G-Quadruplex Structural Elements on the Antiproliferative Properties of G-Rich Oligonucleotides

INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES 2021, 22, 4941

Współpraca:

Laboratorium Bioinformatyki i Inżynierii Białka, Międzynarodowy Instytut Biologii Molekularnej i Komórkowej w Warszawie;

Instytut Biologii Molekularnej i Biotechnologii, Wydział Biologii UAM w Poznaniu

Wydział Informatyki, Politechnika Poznańska

Finansowanie: projekt NCN 2016/22/E/NZ1/00422 (kierownik projektu: Anna Kurzyńska-Kokorniak),

Projekt NCN OPUS nr 2019/35/B/ST6/03074 (kierownik projektu: Marta Szachniuk),

Projekt NCN SONATA nr 2019/35/D/NZ6/01479 (kierownik projektu: Marta Szabat),

Projekt NCN OPUS nr 2017/25/B/NZ1/02269 (kierownik projektu: Ryszard Kierzek),

Projekt NCN OPUS nr 2017/25/B/NZ7/00127 (kierownik projektu: Anna Pasternak),

Projekt NCN MINIATURA nr 2017/01/X/ST5/00577 (kierownik projektu: Daniel Baranowski),

Projekt NCN MINIATURA 2017/01/X/ST5/00589 (kierownik projektu: Dorota Gudanis),

Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego, KNOW 2014–2018

Pozostałe ważne wyniki

Zbadanie struktury roślinnego receptora cytokinin

L.H. TRAN, A. URBANOWICZ, M. JASIŃSKI, M. JASKÓLSKI, M. RUSZKOWSKI

W celu przeprowadzenia badań strukturalnych roślinnego receptora cytokinin podzielono go na domeny. Pokazano po raz pierwszy strukturę fragmentu wewnątrzkomórkowej części receptora. Badany fragment tworzy homodimery poprzez wymianę fragmentu łańcucha białkowego pomiędzy podjednostkami. Obserwacje strukturalne pozwoliły zaproponować model oddziaływań i zmian konformacyjnych, które zachodzą podczas kaskadowego przekazywania sygnału inicjowanego przez cytokiny w roślinach. Wyniki opublikowano we *Frontiers in Plant Science*.

Pierwsza struktura minibiałka zaprojektowanego *ab initio*

M. BEJGER, P. FORTUNA, M. DREWNIĄK-ŚWITALSKA, J. PLEWKA, W. RYPNIEWSKI, Ł. BERLICKI

Rozwiązano strukturę krystalograficzną i opisano pierwszą strukturę minibiałka zaprojektowanego *ab initio*, zawierającego aminokwasy *beta* i niepodobnego sekwencyjnie do żadnej znanej cząsteczki białkowej. Powstały „foldamer” tworzył stabilną strukturę drugo-, trzecio- i czwartorzędową. Struktura drugorzędowa była zgodna z projektem i zawierała trzy helisy, z których najdłuższa stabilizowana była przez aminokwasy *beta*. Helisy układały się w sposób inny niż przewidziano, tworzyły jednak dobrze zdefiniowany hydrofobowy rdzeń minibiałka. Nieoczekiwana była stabilna dimeryzacja cząsteczki, oparta wyłącznie o hydrofobowe oddziaływania, więc raczej trudna do przewidzenia. Badanie to pokazuje, że aminokwasy *beta* mogą być pożytecznym narzędziem w projektowaniu strukturalnie stabilnych minibiałek. Wyniki opublikowano w *Chemical Communications*.

Zbadanie regulacji białka HISN2 z roślinnego szlaku biosyntezy histydyny

W. WITEK, J. ŚLIWIAK, M. RUSZKOWSKI

Odkryto strukturę i zbadano aktywność białka HISN2, które bierze udział w biosyntezie histydyny u roślin. Jest to dwufunkcyjny enzym o oddzielnych domenach katalitycznych – pirofosfohydrolazowej i cyklohydrolazowej. Do badań wykorzystano krystalografię rentgenowską, miareczkowanie kalorymetryczne oraz spektrofotometryczną metodę badania aktywności enzymatycznej. Okazało się, że aktywność HISN2 jest kontrolowana przez monofosforan adenylozyny (AMP), co pozwala na regulację biosyntezy histydyny w odpowiedzi na stan metaboliczny komórki. Wyniki opublikowano w *Scientific Reports*.

Zależne od stresu zimna zmiany na poziomie miRNA i degradomu w czterech odmianach soi różniących się odpornością na zimno

J. KUCZYŃSKI, J. GRACZ-BERNACIAK, T. TWARDOWSKI, W.M. KARŁOWSKI, A. TYCZEWSKA

Stres zimna znacząco ogranicza rozmieszczenie przestrzenne i produktywność rolniczą roślin. Aby określić udział mikroRNA (miRNA) i ich genów docelowych w odporności na zimno 4 odmian soi (Augusta, Fiskeby V, Toyomusume i Glycine soja) o różnej podatności na stres zimna, skonstruowano 72 biblioteki małych RNA i 24 biblioteki degradomów i przeprowadzono sekwencjonowanie o wysokiej przepustowości. W trzech analizowanych tkankach, w 4 odmianach soi zidentyfikowano łącznie 321 znanych miRNA, i przewidziano 348 nowych miRNA. Wykazano zróżnicowaną ekspresję 162 znanych miRNA, w tym konserwatywnych miRNA specyficznych dla roślin strączkowych i soi, oraz 18 nowych miRNA. Analiza degradomu umożliwiła przypisanie miRNA o zróżnicowanej ekspresji do ich potencjalnych genów docelowych. W oparciu o adnotacje GO i KEGG stwierdzono, że są one powiązane z mechanizmami reakcji roślin na stres abiotyczny, takimi jak wychwytywanie reaktywnych form tlenu, biosynteza flawonoidów i regulacja potencjału osmotycznego. Wyniki opublikowano w *Journal of Agronomy and Crop Science*.

Seroprewalencja zakażeń SARS-CoV-2 w populacji Poznania po pierwszej fali pandemii COVID-19

D. LORENT, R. NOWAK, C. ROXO, E. LENARTOWICZ ONYKAA, A. MAKAREWICZ, B. ZAREMBA, S. NOWAK, Ł. KUSZEL, J. STEFANIAK, R. KIERZEK, P. ZMORA

Badanie przeciwciał w danej populacji ma kluczowe znaczenie dla oceny przebiegu pandemii. W ramach badań wykazano, iż zaledwie 0,93% poznańskiej populacji posiadało przeciwciała przeciwko SARS-CoV-2 po pierwszej fali pandemii COVID-19. Najwyższą seroprewalencją charakteryzowały się: (i) osoby powyżej 65 lat, (ii) osoby, które w ciągu 6 miesięcy odbyły podróż zagraniczną, a także (iii) osoby nieprzestrzegające zaleceń epidemicznych i (iv) te, które wcześniej miały kontakt z osobą zakażoną SARS-CoV-2. Dodatkowo stwierdzono, iż 35% ochotników posiadających przeciwciała przeciwko SARS-CoV-2 przebyło zakażenie bezobjawowo. Badania sugerują, że wielkopolska populacja charakteryzowała się niewielką odpornością przed drugą i trzecią falą pandemii. Odporność populacyjna więc w niewielkim stopniu przyczyniła się do zapobieżenia dużej liczbie zakażeń SARS-CoV-2 i zgonów związanych z COVID-19 w Polsce w kolejnych falach. Wyniki opublikowano w *Vaccines*.

Scharakteryzowanie oddziaływań białka Gag retrotranspozonu LTR z RNA istotnymi dla pakowania genomu do VLP

J. GUMNA, A. ANDRZEJEWSKA-ROMANOWSKA, D.J. GARFINKEL, K. PACHULSKA-WIECZOREK

Wykorzystując drożdżowy retrotranspozon Ty1 jako układ modelowy prowadzono badania mające na celu wyjaśnienie mechanizmu rozpoznawania przez białko Gag genomowego RNA (gRNA) endogennych retroelementów z rodziny *Pseudoviridae*, który jest kluczowy dla jego selektywnego pakowania do cząstek wirusopodobnych (VLP). Przeprowadzono analizę wiązania różnych RNA

przez białka Gag Ty1 (jego formy prekursorowej i dojrzałej). Wyniki eksperymentów wykonanych w zmiennych warunkach solnych wykazały, że oba białka Gag Ty1 wiążą różne RNA z wysokim powinowactwem, ale niską specyficznością, a mechanizm wiązania ma charakter kooperatywny niezależnie od rodzaju cząsteczki RNA. W warunkach kompetycyjnych wiązanie Gag Ty1 do RNA było zróżnicowane i zależne od obecności sygnału pakowania Psi. Ponadto wykazano zależność między strukturą RNA a specyficznym wiązaniem przez białko Gag Ty1. Istotne wydaje się być utworzenie struktury pseudowęzła, która stabilizuje koniec 5' gRNA Ty1. Wyniki opublikowano w *International Journal of Molecular Sciences*.

Opracowanie oraz kompleksowa analiza nowych wariantów aptameru wiążącego trombinę (TBA) zawierających pochodne pirolo-2'-deoksycytydyny

W. KOTKOWIAK, Z. JAHNZ-WECHMANN, A. PASTERNAK

Pirolo-2'-deoksycytydyna (Py-dC) oraz jej pochodne zostały po raz pierwszy wprowadzone w pętlę środkową TBA. Najkorzystniejszy wpływ na właściwości antykoagulacyjne TBA miała substytucja w pozycji T7 pochodną decylową Py-dC zawierającą długi, alifatyczny łańcuch boczny. Co istotne, inhibitorowe działanie tego aptameru uległo poprawie w porównaniu z niemodyfikowanym TBA. Ponadto, ten sam wariant TBA wykazywał także potencjał do hamowania proliferacji komórek nowotworowych. Obecność Py-dC i jej pochodnych powodowała niewielkie zmiany trwałości termodynamicznej G-kwadrupleksu, nie wpływając na topologię struktury. Otrzymane wyniki potwierdzają, że wprowadzenie Py-dC oraz jej pochodnych może być użytecznym sposobem modulowania właściwości biologicznych TBA. Dane te mogą przyczynić się do poznania zależności struktury TBA od jego aktywności oraz wpłynąć na rozwój nowatorskich narzędzi molekularnych opartych na TBA z interesującym potencjałem przeciwnowotworowym lub przeciwnowotworowym. Wyniki opublikowano w *Pharmaceuticals*.

Analiza strukturalna produktów reakcji alkilowania 7-(β -d-rybofuranozylo) guaniny za pomocą spektroskopii NMR

D. BARANOWSKI, J. BORYSKI, T. OSTROWSKI

Na podstawie pomiarów ^1H , ^{13}C i ^{15}N NMR (1D i 2D) określono strukturę produktów reakcji metylowania 7-(β -d-rybofuranozylo) guaniny. Wykazano, że obok głównego produktu reakcji, 7-(β -d-rybofuranozylo) 3-metyloguaniny, powstawał produkt mniejszościowy: 7-(β -d-rybofuranozylo) 1-metyloguanina. Odkrycie to otworzyło możliwość otrzymywania 3-metyloguaniny na drodze 7-etapowej syntezy z guaniny. Reakcja α -bromoketonu w warunkach alkalicznych z 7-(β -d-rybofuranozylo) guaniną doprowadziła do otrzymania liniowego 1,N2 oraz angularnego 3,N2 tricyklicznego analogu 7-(β -d-rybofuranozylo) guaniny. Rozróżnienia struktur obu związków dokonano za pomocą serii eksperymentów ^1H - ^{13}C gHMBC. Wyniki opublikowano w *Journal of Molecular Structure*.

Opisanie znaczenia domeny DUF283 dla aktywności ludzkiej rybonukleazy Dicer

A. SZCZEPAŃSKA, M. WOJNICKA, A. KURZYŃSKA-KOKORNIAK

Ludzka Dicer (hDicer), podobnie jak większość rybonukleaz (RNaz) typu Dicer, to białko wielodomenowe. Rola domeny DUF283 wciąż nie jest dobrze poznana. Wcześniejsze badania wykazały, iż DUF283 może wspierać proces parowania komplementarnych RNA lub DNA. Ponadto okazało się, że hDicer pełnej długości również może wspierać parowanie cząsteczek kwasów nukleinowych, działając tym samym jak białka opiekuńcze – chaperony. W oparciu o wyniki przeprowadzonych badań postawiono hipotezę, że domena DUF283 jest istotna dla aktywności typu chaperonowego hDicer, a w celu jej weryfikacji stworzono wariant delecyjny hDicer pozbawiony domeny DUF283 ($\Delta\text{DUF}_\text{hDicer}$). Wariant $\Delta\text{DUF}_\text{hDicer}$ prezentował różną aktywność RNazową wobec badanych pre-miRNA i dwuniciowych RNA. Ponadto wariant $\Delta\text{DUF}_\text{hDicer}$ nie wykazywał

aktywności wspierającej parowanie RNA lub DNA. Uzyskane dane wspierają hipotezę, że domena DUF283 jest istotna dla aktywności typu chaperonowego hDicer. Wyniki opublikowano w *International Journal of Molecular Sciences*.

Scharakteryzowanie procesu translacji ludzkiego transkryptu $\Delta 133p53$ mRNA oraz jego atakowanie za pomocą oligonukleotydów antysensowych w regionie niekodującym 5'

P. ŻYDOWICZ-MACHTEL, M. DUTKIEWICZ, A. ŚWIĄTKOWSKA, D. GURDA-WOŹNA, J. CIESIOŁKA

Scharakteryzowano strukturę drugorzędową regionu końcowego 5' ludzkiego mRNA p53, który zaczyna się od miejsca inicjacji transkrypcji P2 i który to transkrypt koduje izoformy $\Delta 133p53$ i $\Delta 160p53$. Porównano zmienność sekwencji nukleotydowej tego regionu w innych organizmach. Określono efektywność inicjacji translacji z miejsc odpowiadających obydwu izoformom p53 w warunkach *in vitro* oraz w warunkach *in cellulo*. Następnie zaprojektowano szereg oligomerów antysensowych ukierunkowanych na region końcowy 5' badanego mRNA p53, których celem było zahamowanie inicjacji procesu translacji. Określono efektywność translacji w obecności wybranych oligomerów *in vitro* oraz w wybranych liniach komórkowych oraz zbadano żywotność komórek po transfekcji. Wyniki wskazały, że oligomery te są atrakcyjnymi narzędziami w modulacji efektywności translacji poprzez atakowanie końca 5' transkryptu mRNA p53 inicjowanego od miejsca P2. Wyniki opublikowano w *Plos One*.

Identyfikacja roli pochodnych tryptofanu w tworzeniu mikrobiomu w korzeniach *Arabidopsis thaliana*

K.W. WOLINSKA, N. VANNIER, T. THIERGART, B. PICKEL, S. GREMMEN, A. PIASECKA, M. PIŚLEWSKA-BEDNAREK, R.T. NAKANO, Y. BELKHADIR, P. BEDNAREK, S. HACQUARD

Wykazano rolę pochodnych tryptofanu w formowaniu mikrobiomu w korzeniach rośliny modelowej *Arabidopsis thaliana*. Wykazano, że pochodne te razem z endofitycznymi bakteriami kontrolują poziom kolonizacji korzeni przez endofityczne grzyby, co z kolei jest istotne dla promocji wzrostu roślin. Wyniki opublikowano w *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*.

Prześledzenie ewolucji odpowiedzi immunologicznej w gatunkach *Brassicaceae*

T.M. WINKELMÜLLER, F. ENTILA, S. ANVER, A. PIASECKA, B. SONG, E. DAHMS, H. SAKAKIBARA, X. GAN, K. KUŁAK, A. SAWIKOWSKA, P. KRAJEWSKI, M. TSIANTIS, R. GARRIDO-OTER, K. FUKUSHIMA, P. SCHULZE-LEFERT, S. LAURENT, P. BEDNAREK, K. TSUDA

Na podstawie analiz transkryptomu i metabolomu przeanalizowano ewolucję odpowiedzi immunologicznej 4 gatunków *Brassicaceae* na wzorzec molekularny związany z patogenem. Wykazano istotną zmienność odpowiedzi immunologicznej pomiędzy badanymi gatunkami, która nie była skorelowana z ich filogenetycznym pokrewieństwem. Wyniki opublikowano w *Plant Cell*.

Charakterystyka spletań w strukturach RNA oraz opracowanie metody ich identyfikacji

M. POPENDA, T. ŻOK, J. SARZYŃSKA, A. KORPETA, R. ADAMIAK, M. ANTCZAK, M. SZACHNIUK

Praca jest pierwszym doniesieniem na temat spletań elementów strukturalnych występujących w strukturach 3D RNA. Zdefiniowano możliwe typy spletań elementów strukturalnych ze względu na topologię splewania (lasso, przeplot). Opracowano metodologię pozwalającą na automatyczną identyfikację oraz klasyfikację spletań w strukturze 3D i zaimplementowano ją w postaci narzędzia udostępnionego publicznie. Stworzoną metodę zastosowano do przebadania wszystkich modeli 3D RNA rozpatrywanych w ramach konkursów RNA-Puzzles – łącznie 1050 struktur z 22 konkursów oraz zidentyfikowano splewania elementów strukturalnych w 14% rozpatrywanych

modeli. W ostatnim etapie przeprowadzono analizę statystyczną, która pozwoliła zaobserwować, że splątania występują niezależnie od rozmiaru cząsteczki, jakości modelu i metody obliczeniowej. Większą część splątań stanowiły topologie typu lasso. Okazało się również, że istnieje korelacja między występowaniem splątań i pseudowęzłów w strukturze. Wyniki opublikowano w *Nucleic Acids Research*.

Określenie struktury drugorzędowej vRNA segmentu 5 wirusa grypy typu A

P. MICHALAK, J. PIASECKA, B. SZUTKOWSKA, R. KIERZEK, E. BIAŁA, W.N. MOSS, E. KIERZEK

Określono strukturę drugorzędową segmentu 5 vRNA wirusa grypy A szczepu A/California/04/2009 (H1N1) (Cal04), opierając się na danych z mapowania chemicznego za pomocą DMS oraz metody SHAPE przy użyciu NMIA, analizach bioinformatycznych prawdopodobieństwa parowania zasad i konserwatywności strukturalnej dla szczepów typu A. Dane strukturalne potwierdziły dostępność i znaczenie funkcjonalne motywów, na które nacelowane były hamujące namnażanie wirusa modyfikowane antysensowe oligonukleotydy. Zidentyfikowano wysoko konserwatywne oraz o wysokim prawdopodobieństwie parowania zasad motywy strukturalne. Dodatkowo stwierdzono występowanie tzw. „struktur lustrzanych” (ang. *mirror structures*) dla (+) i (-)RNA5. vRNA5 charakteryzuje się najwyższą liczbą oddziaływań z innymi vRNA w kompleksie vRNP. Niektóre z rejonów oddziaływań tworzą wysoce konserwatywne motywy spinkowe i są charakterystyczne dla otrzymanej struktury vRNA5 (Cal04). Struktura vRNA5 może wpływać na pakowanie vRNP do wirionu. Wyniki opublikowano w *Viruses-Basel*.

Stworzenie bazy danych kolistych RNA zidentyfikowanych w typie dzikim i mutantach *Arabidopsis thaliana*

A. PHILIPS, P. JACKOWIAK, K. NOWIS, M. FIGLEROWICZ

Korzystając z wyników wcześniejszych badań własnych oraz dostępnych zasobów literaturowych stworzono bazę danych kolistych RNA (circRNA) zidentyfikowanych w typie dzikim oraz mutantach modelowej rośliny dwuliściennej *Arabidopsis thaliana*. Baza ta nosi nazwę At-C-RNA i jest ogólnie dostępna na stronie: <https://plantcircrna.ibch.poznan.pl>. Obecnie jest to największe tego typu repozytorium, które zawiera nie tylko dane o występowaniu kolistych RNA, ale i informacje o poziomie ich akumulacji w poszczególnych liniach i organach rośliny. Wyniki opublikowano w *Database*.

Stworzenie cyfrowych platform wymiany danych, informacji i narzędzi wspierających monitoring oraz zwalczanie pandemii COVID-19 na szczeblu europejskim, krajowym i regionalnym

M. FIGLEROWICZ, I. STOLAREK, N. KORALEWSKA, K. NOWIS, M. RAKOCZY, M. ZEŃCZAK, K. KUROWSKI, T. PIONTEK, M. BŁAŻEWICZ, C. MAZUREK, M. CIECHOMSKA

W ramach udziału ICHB PAN w tworzeniu i funkcjonowaniu Europejskiej Platformy Danych na temat COVID-19 (European COVID-19 Data Platform) utworzono jej krajowy odpowiednik: COVID-19 Data Portal Poland (<https://dataportal.covidhub.psnc.pl/>). Oferuje on zintegrowane zestawy narzędzi do analizy i wizualizacji danych biomedycznych dotyczących SARS-CoV-2, a także wspiera krajowych użytkowników w procesie deponowania wyników sekwencjonowania genomu wirusa w otwartej bazie danych European Nucleotide Archive. Dodatkowo uruchomiono regionalną wersję platformy REGIONAL COVID-HUB poświęconą pandemii COVID-19 w Wielkopolsce (<https://wlpk.covidhub.pl>). Na platformie wielkopolskiej udostępniane są e-usługi z zakresu analizy i wizualizacji danych genomicznych oraz sanitarno-epidemiologicznych, a także materiały edukacyjne i popularnonaukowe. Prowadzone w ramach obu platform monitorowanie zmienności genetycznej SARS-CoV-2 pozwala m.in. na wczesne wykrycie nowych wariantów wirusa w Polsce i w Wielkopolsce.

Kompleksowa analiza poziomu ekspresji genów kodujących białka z rodziny BCL2 w ostrej białaczce szpikowej

L. HANDSCHUH, P. WOJCIECHOWSKI, M. KAŹMIERCZAK, K. LEWANDOWSKI

Scharakteryzowano profil ekspresji 26 genów kodujących białka z rodziny BCL2 w komórkach krwi i szpiku pacjentów z ostrą białaczką szpikową (ang. *acute myeloid leukemia*, AML). Wykazano, że poziom ekspresji części z tych genów, kodujących zarówno pro- jak i anty-apoptotyczne białka jest zaburzony w AML w porównaniu do zdrowych kontroli. U chorych stwierdzono obniżony poziom genów *BMF*, *BNIP1* i *HRK*, kodujących induktory apoptozy. Ponadto, w grupie pacjentów opornych na terapię zaobserwowano podwyższoną ekspresję genu *BCL2L1* kodującego białko anty-apoptotyczne, uznawane za jeden z głównych regulatorów apoptozy w komórkach nowotworowych. Wysoki poziom genów *BIK* oraz *BCL2L13* skorelowano z negatywnym rokowaniem. Wyniki opublikowano w *Cancers*.

Opracowanie metody syntezy analogów nukleotydów zawierających fosforosulfeno- lub fosforoselenoamidy jako nowe motywy strukturalne

J. GOŁĘBIEWSKA, J. STAWIŃSKI

Wykazano, że odwrócenie reaktywności heteroatomu w nukleozydo tio- oraz selenofosforanach, z nukleofilowej na elektrofilową (*Umpolung*) umożliwia ich dalszą modyfikację poprzez związanie heteroatomu z inną cząsteczką, np. aminą (utworzenie systemu wiązań P-S/Se-N). Podejście to jest nowatorskim sposobem tworzenia tego typu połączeń dla nukleotydów zawierających atom siarki w części fosforanowej i jedynym jak dotąd poznanym dla nukleozydo selenofosforanów. Nowo opracowana ścieżka reakcyjna do nukleotydów zawierających motyw fosforosulfeno- lub fosforoselenoamidowy, które można nazwać analogami nukleotydów II generacji, przedstawia następujący schemat: P-S- → P-S-I → P-S-NHR. Opracowano też optymalne warunki reakcyjne syntezy nukleozydo fosforosulfeno- oraz fosforoselenoamidów, w których pochodne te tworzyły się z niemal ilościową wydajnością oraz metody izolacji, które pozwoliły na wstępne scharakteryzowanie pierwszych przykładowych produktów zawierających układ P-Se-NHPh i P-Se-NH-tiazol. Wyniki opublikowano w *Phosphorus Sulfur and Silicon and the Related Elements*.

Opracowanie nowej metody syntezy pirydynioboranofosfonianów i związków pokrewnych z wykorzystaniem kationu trytyliowego jako akceptora wodorku grupy boranowej

M. RACHWALAK, J. GOŁĘBIEWSKA, T. JAKUBOWSKI, J. STAWIŃSKI

W opracowanej nowej metodzie syntezy adduktów boranofosfonianów z trzeciorzędowymi aminami został wykorzystany kation trytyliowy jako akceptor wodorku grupy boranowej. Wykazano, że pochodne trytyliowe mogą służyć jako czynnik utleniający w reakcjach pochodnych boranofosfonianów z trzeciorzędowymi aminami pozwalając na lepszą kontrolę syntezy poprzez ograniczenie możliwości utleniania kolejnych jonów wodorkowych funkcji boranowej. Uniwersalność opracowanej metody została potwierdzona w syntezie strukturalnie różnych adduktów boranofosfonianów z trzeciorzędowymi i heteroaromatycznymi aminami. Wyniki opublikowano w *Synthesis*.

Określenie reaktywności 7-β-D-rybofuranozydu guaniny oraz identyfikacja struktur jego pochodnych

D. BARANOWSKI, J. BORYSKI, T. OSTROWSKI

Wykazano, że reakcja metylowania 7-β-D-rybofuranozydu guaniny (7-G) w warunkach zasadowych zachodzi w innym kierunku niż w przypadku, gdy substratem jest guanozyna. Obecność rybozy w położeniu 7 zamiast w położeniu 9 powoduje, że główny produkt jest N3-podstawiony, a produkt N1-podstawiony powstaje w mniejszości. Również reakcja 7-G z α-bromoketonem

w środowisku alkalicznym przebiega odmiennie niż dla guanozyny, gdyż tworzą się dwa tricykliczne produkty: linearny (typu 1,N2) i angularny (typu 3,N2). Precyzyjna chromatografia kolumnowa pozwoliła na wyodrębnienie wszystkich ww. związków, a zastosowanie technik 1D i 2D NMR (1H, 13C i 15N) umożliwiło ich identyfikację. Uzyskane wyniki stanowią ważne uzupełnienie dotychczasowego stanu wiedzy nt. reaktywności układu guaniny, a zsyntetyzowane związki mogą być interesujące z punktu widzenia ich właściwości biologicznych. Wyniki opublikowano w *Journal of Molecular Structure*.

Rozszyfrowanie mechanizmów molekularnych odpowiedzialnych za procesy neurodegeneracyjne w ataksji rdzeniowo-mózdkowej typu 7 (SCA7)

P.M. ŚWITOŃSKI, J.R. DELANEY, L.C. BARTELT, C. NIU, M. RAMOS-ZAPATERO, N.J. SPANN, A. ALAGHATTA, T. CHEN, E.N. GRIFFIN, J. BAPAT, B.L. SOPHER, A.R. LA SPADA

W 2021 roku sfinalizowane zostały badania związane z określeniem mechanizmów odpowiedzialnych za nadmierną aktywację białka PARP1 i następujące nadmierne zużycie NAD⁺ w przebiegu SCA7. Przeprowadzona analiza ekspresji genów odpowiedzialnych za naprawę uszkodzonego DNA, uwidoczniała zaburzenia w kanonicznym interakcie mechanizmów naprawy DNA. Kolejne badania, zarówno te z wykorzystaniem egzogenego DNA (plazmidów markerowych), jak i endogenego DNA (analiza LAM-HTGTS) potwierdziła istnienie zaburzeń w procesie rekombinacji homologicznej i *single strand annealing* w komórkach SCA7. W efekcie, w komórkach HEK293T wykazujących ekspresję zmutowanej ataksyny-7, jak i w neuronach granularnych pochodzących z mózdków myszy SCA7 oraz w neuroprogenitorach uzyskanych od pacjentów SCA7, zaobserwowano akumulację uszkodzeń DNA. Nadmierną aktywację PARP1 można zatem tłumaczyć niezdolnością komórek SCA7 do wydajnej naprawy uszkodzonego DNA. Wyniki opublikowano w *Cell Reports*.

Wykazanie deregulacji białek adhezyjnych i integrynowych w zaawansowanych stadiach miażdżycy związanej z przewlekłą chorobą nerek

J. TRACZ, L. HANDSCHUH, M. ŁAŁOWSKI, Ł. MARCZAK, K. KOSTKA-JEZIORNY, B. PEREK, M. WANIC-KOSSOWSKA, A. PODKOWIŃSKA, A. TYKARSKI, D. FORMANOWICZ, M. ŁUCZAK

Zastosowanie komplementarnego podejścia proteomicznego do oceny leukocytów pacjentów z miażdżycą związaną z przewlekłą chorobą nerek (CKDA), połączonego z funkcjonalnymi analizami bioinformatycznymi, ujawniło rozregulowanie białek zaangażowanych w różne fazy procesu diapedezy leukocytów w zaawansowanym stadium CKDA. Wykazano podwyższony poziom białek związanych z apoptozą, co potwierdzono przy użyciu funkcjonalnej analizy leukocytów *in vitro*. Wyniki zweryfikowano z wykorzystaniem celowanych technik MRM oraz ELISA, western blotting oraz na poziomie mRNA metodą ddPCR. Zasugerowano, że obserwowane zaburzenia procesów aktywacji, adhezji i transmigracji komórek mogą nasilać systemiczny stan zapalny, dysfunkcję śródbłonna naczyń krwionośnych i tym samym prowadzić do akceleracji procesów miażdżycorodnych oraz zmieniać integralność komórki i prowadzić do ich apoptozy. Wyniki opublikowano w *Journal of Proteome Research* i w *International Journal of Molecular Sciences*.

Scharakteryzowanie lipidomu osocza pacjentów cierpiących na miażdżycę związaną oraz niezwiązaną z przewlekłą chorobą nerek

Ł. MARCZAK, J. IDKOWIAK, J. TRACZ, M. STOBIECKI, B. PEREK, K. KOSTKA-JEZIORNY, A. TYKARSKI, M. WANIC-KOSSOWSKA, M. BÓROWSKI, M. OSUCH, D. FORMANOWICZ, M. ŁUCZAK

W celu przybliżenia mechanizmów leżących u podłoża progresji miażdżycy powiązanej z przewlekłą chorobą nerek (CKDA), przeprowadzono przesiewową analizę lipidomu oraz celowane analizy wybranych lipidów z wykorzystaniem technik spektrometrii mas. Zidentyfikowano obni-

żenie poziomu cholesterolu i jego estrów, sfingomielin, fosfatydylocholin, fosfatydyloetanolamin i ceramidów oraz podwyższenie poziomu triacylogliceroli w CKDA. Natomiast analiza ilościowa poszczególnych komponentów tych związków wykazała z jednej strony obniżone stężenie kwasów tłuszczowych, a z drugiej strony wysoki poziom glicerolu w CKDA. Wyniki ujawniły przypuszczalne istnienie funkcjonalnego związku pomiędzy niskim poziomem cholesterolu a obniżoną filtracją kłębuszkową i tym samym dysfunkcją nerek, co wspiera postulowaną teorię „odwróconej epidemiologii”. Wyniki opublikowano w *Metabolites*.

Odkrycie transkryptomycznego i proteomicznego profilu wczesnych zmian molekularnych związanych z neurorozwojem w chorobach poliglutaminowych (polyQ)

K. ŚWITOŃSKA-KURKOWSKA, J. DELIMATA, B. KRIST, M. FIGIEL

Pokazano, że choroby poliglutaminowe takie jak SCA1, SCA2, SCA7, SCA17 i DRPLA wykazują na poziomie komórkowym zmiany transkryptomyczne i proteomiczne związane z neurorozwojem. Referencją w analizach bioinformatycznych były dane pochodzące z badań choroby Huntingtona ze względu na jej patogenezę związaną z neurorozwojem. Dane dla chorób poliglutaminowych pochodziły z analiz różnych typów komórek, odzwierciedlających kolejne etapy rozwoju organizmu i układu nerwowego (komórki iPSC, neuronalne komórki macierzyste, dojrzałe neurony). Wykonana analiza wskazała na udział procesów neurorozwojowych w patogenezie badanych chorób oraz zidentyfikowała zmienioną ekspresję genów odpowiedzialnych za wzrost i dojrzewanie neuronów, synaptogenezę oraz plastyczność synaptyczną. Podsumowując, w początkowych stadiach patologii genetycznych chorób neurodegeneracyjnych, już bardzo wczesne stadia komórkowe wykazują zmiany molekularne charakterystyczne dla początkowych etapów rozwoju układu nerwowego. Wyniki opublikowano we *Frontiers in Cell and Developmental Biology*.

Wykazanie wielotorowego wpływu zmutowanej ataksyny 3 na procesy molekularne i biomarkery w SCA3 /MJD przy użyciu modelu myszy typu knock-in Ki91 i Ki150

K. WIATR, Ł. MARCZAK, M. FIGIEL

Wykazano, że zmienione białka metaboliczne i mitochondrialne w mózgu oraz brak przyrostu masy u myszy Ki91 SCA3/MJD odzwierciedlają zaburzenia metabolizmu energetycznego rejestrowane w embrionalnych neuronach mózdzku modelu SCA3. Ustalono, że podczas progresji choroby białka metaboliczne, cytoszkietarne, transport pęcherzykowy i aksonalny są zaburzone, ujawniając aksony jako jeden z podstawowych przedziałów komórkowych w patogenezie SCA3. W aksonach SCA3 zidentyfikowano zwiększony poziom maszynierii syntezy białek, w tym rybosomów, czynników translacji i białek wiążących RNA, przy jednoczesnym obniżeniu poziomu białek odpowiedzialnych za transport komórkowy i mitochondria. Wykazano, że mechanizm choroby SCA3 opiera się na szerokim wpływie zmutowanej ataksyny-3 na proteom neuronalny. Efektem jest zaburzona lokalizacja białek między przedziałem aksonalnym i somatodendrytycznym, wczesny deficyt energetyczny, zmieniony cytoszkiet neuronów i nadmiar różnych elementów maszynierii syntezy białek w aksonach. Wyniki opublikowano we *Frontiers in Molecular Neuroscience*.

Charakteryzacja szkiełek mikromacierzowych za pomocą AMF

M. CHMIELEWSKI

Opracowano charakterystykę strukturalną szkiełek modyfikowanych za pomocą 3-azidopropylotrimetoksylanu (mikromacierzy DNA). Na powierzchni szkiełek unieruchamiane były kwasy nukleinowe (modyfikowane grupami propargyłowymi) za pomocą chemicznej reakcji typu „click”. Stwierdzono, że w zależności od warunków silanizacji, szkiełka wykazują różną efektyw-

ność wiązania oligonukleotydów, dlatego tę efektywność skorelowano z właściwościami strukturalnymi monowarstwy silanowej wytworzonej na powierzchni szkła mikromacierzowego. Pomiar z wykorzystaniem mikroskopii sił atomowych (AFM), rentgenowskiej spektroskopii fotoelektronów (XPS) oraz reflektometrii rentgenowskiej (XRR) oznaczyły topografię powierzchni, skład chemiczny oraz grubość warstwy silanowej. Powierzchnia, dla której obserwuje się najlepszą wydajność wiązania oligonukleotydów, okazała się składać z gęsto upakowanej warstwy silanowej, z charakterystyczną dużą liczbą dodatkowych klasterów, które są źródłem odsłoniętych grup azydkowych. Wyniki opublikowano w *Materials*.

Wpływ stresu oksydacyjnego indukowanego obecnością pochodnych purynowych na glejaka wielopostaciowego

M. ORLIĆKA-PŁOCKA, A. FEDORUK-WYSZOMIRSKA, D. GURDA-WOŹNA, P. PAWELCZAK, P. KRAWCZYK, M. GIEL-PIETRASZUK, G. FRAMSKI, T. OSTROWSKI, E. WYSZKO

Związki niskocząsteczkowe wywołujące stres oksydacyjny mają zastosowanie w terapiach glejaka wielopostaciowego (GBM), ponieważ oporność na leki komórek nowotworowych związana jest z utrzymywaniem przez nie wysokiego poziomu reaktywnych form tlenu (RFT). Przekroczenie krytycznego poziomu RFT zaburza stan oksydacyjno-redukcyjny (redoks), prowadząc do śmierci komórek. Przeanalizowano wpływ rybozydu kinetyny (RK) i jego pochodnych (8-azaRK i 7-deazaRK) na komórki glejaka wielopostaciowego (linia T98G). Związki te selektywnie wpływały na szlaki metaboliczne kluczowe dla wzrostu komórek nowotworowych poprzez zaburzenie ich stanu redoks. Stosując kultury komórkowe 3D wykazano podobną aktywność przeciwnowotworową RK oraz 7-deazaRK. Oba związki stymulowały produkcję RFT i wywoływały stres oksydacyjny prowadząc do peroksydacji lipidów i w efekcie końcowym do apoptozy. Zarówno RK jak i 7-deazaRK zaburzały stan redoks komórek T98G powodując wzrost ich wrażliwości na terapię przeciwnowotworową, która jest zależna od zdolności antyoksydacyjnych. Wyniki opublikowano w *Antioxidants*.

Analiza właściwości biologicznych pochodnych 3-karboranylo-1,8-naftalimidu jako potencjalnych środków przeciwnowotworowych

S. RYKOWSKI, D. GURDA-WOŹNA, M. ORLIĆKA-PŁOCKA, A. FEDORUK-WYSZOMIRSKA, M. GIEL-PIETRASZUK, E. WYSZKO, A. KOWALCZYK, P. STĄCZEK, A. BAK, A. KILISZEK, W. RYPNIEWSKI, A.B. OLEJNICZAK

1,8-Naftalamidy to związki małowcząsteczkowe wykazujące właściwości przeciwnowotworowe. Niektóre, np. mitonafid, testowano w badaniach klinicznych jako potencjalne leki w terapiach przeciwnowotworowych. Stosując reakcje redukcyjnego aminowania i amidacji oraz „click chemistry” otrzymano szereg nowych pochodnych 3-karboranylo-1,8-naftalamidów. Przeanalizowano ich właściwości biologiczne i przeciwnowotworowe w komórkach raka wątrobowokomórkowego (HepG2). Wykazano, że modyfikowane bezwodniki naftalowe i naftalamidy zawierające orto- lub meta-karborany wykazały zróżnicowaną aktywność w tych komórkach. Naftalamidy wykazały większą toksyczność niż bezwodniki naftalowe, indukując zatrzymanie cyklu komórkowego w fazie G1/G0 lub G2M oraz stres oksydacyjny, co prowadziło do śmierci komórek na drodze apoptozy, autofagii lub ferroptozy. Analizowane związki okazały się słabymi inhibitorami topozomerazy II i klasycznymi interkalatorami DNA. Ponadto wykazano, że niektóre z badanych związków lokalizują się w lizosomach komórek HepG2. Wyniki opublikowano w *International Journal of Molecular Sciences*.

Wysokoprzepustowa optymalizacja medium hodowlanego w celu maksymalizacji produkcji rekombinowanych białek w komórkach tytoniu BY-2

J. SADOCH, M. PYC, A. URBANOWICZ, A. IGLEWSKI, R. PILARSKI

Komórki tytoniu BY-2 są obiecującym modelem dla wielkoskalowej produkcji rekombinowanych białek m.in. ze względu na łatwość hodowli, brak ryzyka zanieczyszczenia końcowego produktu

ludzkimi patogenami oraz odpowiednie warunki wewnątrzkomórkowe dla potranskrypcyjnej modyfikacji i fałdowania białek. Niemniej jednak niska wydajność produkcji wciąż pozostaje wyzwaniem. W ramach badań wykorzystano optymalizacyjne algorytmy genetyczne, które w połączeniu z wysokoprzepustową i zautomatyzowaną infrastrukturą pozwoliły na zoptymalizowanie składu 11-elementowego medium hodowlanego i doprowadzenie do zwiększenia produkcji białka w porównaniu ze standardowym medium testując tylko 4608 spośród 76^{11} możliwych kombinacji (kilkanaście płytek wielodołkowych). Badania nie tylko dostarczyły wydajniejszego medium hodowlanego do biotechnologicznej produkcji białek w roślinnych komórkach BY-2, ale również potwierdziły ogromny potencjał opracowanej w ICHB PAN metodologii optymalizacji złożonych mieszanin. Wyniki opublikowano w *Biotechnology and Bioengineering*.

Opracowanie algorytmu miRMut do adnotacji mutacji somatycznych w genach miRNA

M.O. URBANEK-TRZECIAK, P. GAŁKA-MARCINIAK, P. KOZŁOWSKI

Opracowano algorytm miRMut do adnotacji mutacji somatycznych w genach miRNA wykrytych przy użyciu sekwencjonowania całego eksomu (WES) lub sekwencjonowania całego genomu (WGS). Jest to pierwsze narzędzie do adnotacji i funkcjonalnej charakterystyki mutacji w genach miRNA i jedno z nielicznych do charakterystyki mutacji w sekwencjach niekodujących. Przedstawiony protokół umożliwi charakterystykę mutacji, w tym przypisanie genów miRNA (wg miRBase i MirGeneDB), lokalizację mutacji w strukturze prekursora miRNA, identyfikację potencjalnych zaburzeń motywów wiążących RNA, nadanie identyfikatorów zgodnie z nomenklaturą Human Genome Variation Society (HGVS) oraz charakterystykę genów miRNA. Wyniki opublikowano w *Star Protocols*.

Profil mutacji w raku podstawnocomórkowym skóry

P.M. NAWROCKA, P. GAŁKA-MARCINIAK, M.O. URBANEK-TRZECIAK, I.M. THIRUSENTHILARASAN, N. SZÓSTAK, A. PHILIPS, L. SUSOK, M. SAND, P. KOZŁOWSKI

Wykonano analizę występowania mutacji somatycznych w raku podstawnocomórkowym skóry (BCC, ang. *Basal Cell Carcinoma*) zarówno w częściach kodujących genów, jak i w regionach intro-nowych oraz nieulegających translacji (UTRs). Około 50% wszystkich opisanych mutacji znajdowało się w DNA niekodującym białka. Zidentyfikowano istotne zmiany liczby kopii ważnych genów zaangażowanych w rozwój nowotworów (m.in. *PDL1*, *PDL2* oraz *PTCH1*), jak i wytypowano nowe mutacje typu „hotspot” zlokalizowane w niekodującej części genomu (w tym zlokalizowane w 5'UTR genu *DHODH* czy 3'UTR genu *BAD*). Wyniki opublikowano we *Frontiers in Oncology*.

HR Excellence in Research



HR EXCELLENCE IN RESEARCH

Od 2016 r. Instytutowi Chemii Bioorganicznej Polskiej Akademii Nauk przysługuje prawo posługiwania się wyróżnieniem HR Excellence in Research. To prestiżowe wyróżnienie, przyznawane przez Komisję Europejską, jest potwierdzeniem starań Instytutu o zapewnienie naukowcom najlepszych warunków pracy oraz prowadzenie procesu rekrutacji w sposób transparentny i zgodny z wytycznymi „Europejskiej Karty Naukowca” i „Kodeksu Postępowania przy rekrutacji pracowników naukowych”. Wyróżnienie HR Excellence in Research zobowiązuje Instytut do ciągłego doskonalenia, które wiąże się z systematyczną ewaluacją pod kątem utrzymania przyjętych standardów (kolejna ocena Instytutu zostanie przeprowadzona w 2022 r.). W roku sprawozdawczym w dalszym ciągu funkcjonowała w naszym Instytucie grupa robocza ds. wdrożenia polityki HR Excellence in Research, składająca się z przedstawicieli wszystkich grup zawodowych, która podejmowała działania

planistyczne mające na celu dalsze uatrakcyjnienie warunków pracy i procesu rekrutacji naukowców oraz zapewnienie optymalnej atmosfery do prowadzenia badań.

W 2021 r. wyróżnieniem HR Excellence in Research posługiwało się łącznie 657 jednostek naukowych, z czego aż 94 z Polski (dane Komisji Europejskiej, stan na 9 lutego 2022 r.).

W 2021 r. na mocy Zarządzenia nr 33/10/2021 Dyrektora Instytutu Chemii Bioorganicznej PAN w sprawie wprowadzenia Planu działań w zakresie równości płci w ICHB PAN powołano w Instytucie Pełnomocników ds. Równości Płci, zostali nimi dr Justyna Stencel-Walter (PCSS) oraz dr hab. Miłosz Ruszkowski (ICHB PAN).

Pełnomocnik ds. Równości Płci wyznaczany jest na 4-letnią kadencję, spośród pracowników ICHB PAN przez Dyrektora ICHB PAN w porozumieniu z Radą Naukową.

Działalność statutowa

Tematy i zadania statutowe realizowane w roku 2021

1. Zakład Metabolomiki Funkcjonalnej Roślin

kierownik: prof. dr hab. Paweł Bednarek

Temat: *Metabolity wtórne w regulacji odpowiedzi immunologicznej na wzorce molekularne związane z patogenem* (K)

2. Zakład Bioinformatyki

kierownik: prof. dr hab. Jacek Błazewicz

Temat: *Technologie bioinformatyczne w analizie kwasów nukleinowych i białek* (K)

Zadanie 1. *Sekwencjonowanie DNA w małej i dużej skali* (K)

Zadanie 2. *Modelowanie i analiza systemów opisujących początki życia za pomocą podejścia wieloagentowego* (N)

3. Zakład Chemii Biopolimerów

kierownik: dr hab. Marcin K. Chmielewski

Temat: *Synteza i analityka modyfikowanych biopolimerów* (K)

4. Zakład Biochemii RNA

kierownik: prof. dr hab. Jerzy Ciesiołka

Temat: *Badania struktury i funkcji kwasów rybonukleinowych oraz białek z nimi oddziałujących* (K)

Zadanie 1. *Badanie oddziaływań regionu niekodującego 5'mRNA i ich roli w regulacji ekspresji genu białka p53* (K)

Zadanie 2. *Struktura i funkcja długich niekodujących RNA w komórkach ludzkich* (K)

5. Zespół Biologii Integratywnej

kierownik: dr hab. Rafał Ciosk

Temat: *Regulacja posttranskrypcyjna w procesach rozwojowych modelowych organizmów zwierzęcych* (K)

6. Zakład Neurobiologii Molekularnej

kierownik: dr hab. Maciej Figiel

Temat: *Definiowanie nowych mechanizmów chorób neurodegeneracyjnych z użyciem mysich i komórkowych (iPSC) modeli chorób poliQ* (K)

7. Zakład Biologii Molekularnej i Systemowej

kierownik: prof. dr hab. Marek Figlerowicz

Temat 1. *Genomika człowieka i jej wykorzystanie w badaniach biomedycznych* (K)

Temat 2. *Badania molekularne i systemowe procesu regeneracji i wymiany komórek* (K)

8. Zakład Biotechnologii Medycznej
kierownik: dr hab. Agnieszka Fiszer
Temat: *Biologia RNA związanych z chorobami neurodegeneracyjnymi wywołwanymi ekspansją ciągów powtórzeń* (N)
9. Zakład Biomolekularnego NMR
Kierownik: prof. dr hab. Zofia Gdaniec
Temat: *Analiza struktury i dynamiki kwasów nukleinowych metodami biomolekularnego NMR* (K)
10. Zakład Fizjologii Molekularnej Roślin
kierownik: prof. dr hab. Michał Jasiński
Temat: *Badania mechanizmów selektywnego transportu molekuł sygnałowych decydujących o cechach użytkowych roślin uprawnych* (K)
11. Zakład Biologii Strukturalnej Eukariontów
kierownik: dr hab. Miłosz Ruszkowski, prof. dr hab. Mariusz Jaskólski
Temat: *Badania krystalograficzne białek i kwasów nukleinowych* (K)
12. Zakład Chemii i Biologii Strukturalnej Kwasów Nukleinowych
kierownik: prof. dr hab. Ryszard Kierzek
Temat: *Termodynamika modyfikowanych kwasów nukleinowych* (K)
13. Zakład Genomiki Strukturalnej RNA
kierownik: prof. dr hab. Elżbieta Kierzek
Temat: *Uniwersalne elementy strukturalne w RNA wirusów grypy* (K)
14. Zakład Sond Molekularnych i Proleków
kierownik: dr Jacek Kolanowski
Temat: *Rozwój niskocząsteczkowych narzędzi molekularnych do zastosowań w badaniach biologicznych i środowiskowych* (K)
Zadanie: *Synteza komponentów i analogów kwasów nukleinowych oraz badania ich właściwości biologicznych* (K)
15. Zakład Genetyki Molekularnej
kierownik: prof. dr hab. Piotr Kozłowski
Temat: *Opracowanie nowych metod, testów i strategii analiz genetycznych* (K)
16. Zakład Biochemii Rybonukleoprotein
kierownik: dr hab. Anna Kurzyńska-Kokorniak
Temat: *Poszukiwanie nowych układów modelowych do badania oddziaływań białko-kwas nukleinowy* (K)
17. Zakład Proteomiki Biomedycznej
kierownik: dr hab. Magdalena Łuczak
Temat: *Optymalizacja i zastosowanie przesiewowych i celowanych metod proteomicznych w badaniach biomedycznych* (K)
18. Zakład Biologii Rozwoju
kierownik: dr hab. Takashi Miki
Temat: *Mechanizmy i role degradacji RNA w rozwoju zwierząt* (K)
19. Zakład Biologii Medycznej
kierownik: prof. dr hab. Mirosława Naskręt-Barciszewska
Temat: *Wykorzystanie zmodyfikowanych nukleotydów RNA i DNA w diagnostyce medycznej i biotechnologii* (K)
20. Zakład Inżynierii Genomowej
kierownik: dr hab. Marta Olejniczak
Temat: *Rozwijanie technologii edycji genomów oraz metod oceny jej efektywności i specyficzności* (K)

21. Zakład Struktury i Funkcji Retrotranspozonów
kierownik: dr hab. Katarzyna Pachulska-Wieczorek
Temat: *Badania zależności między strukturą RNA i jego funkcją w procesach komórkowych oraz replikacji wirusów* (N)
22. Zakład Bioinżynierii Kwasów Nukleinowych
kierownik: dr hab. Anna Pasternak
Temat: *Badania właściwości fizykochemicznych oraz biologicznych modyfikowanych oligonukleotydów o potencjale diagnostycznym oraz terapeutycznym* (K)
23. Zakład Niekodujących RNA
kierownik: dr Monika Piwecka
Temat: *Regulacja ekspresji genów na poziomie niekodujących RNA w układzie nerwowym ssaków* (K)
24. Zakład Neuroonkologii Molekularnej
kierownik: dr hab. Katarzyna Rolle
Temat: *Rola miRNA w guzach mózgu* (K)
25. Zakład Struktury i Funkcji Biomolekuł
kierownik: prof. dr hab. Wojciech Rypniewski
Temat: *Badania zależności między strukturą i funkcją biomolekuł* (K)
26. Zakład Chemii Komponentów Kwasów Nukleinowych
kierownik: dr hab. Michał Sobkowski
Temat: *Synteza, struktura i aktywność biologiczna komponentów kwasów nukleinowych i ich analogów* (K)
Zadanie 1. *Poszukiwania nowych typów pronukleotydów terapeutycznych* (K)
Zadanie 2. *Transformacja nukleozydów dla nowych celów terapeutycznych i określenie mechanizmów leżących u podłoża ich aktywności biologicznej* (K)
27. Zakład Biochemii Produktów Naturalnych
kierownik: prof. dr hab. Maciej Stobiecki
Temat: *Wykorzystanie nowych podejść metodycznych w identyfikacji produktów naturalnych pochodzenia roślinnego technikami spektrometrii mas* (K)
28. Zakład Bioinformatyki Strukturalnej
kierownik: prof. dr hab. Marta Szachniuk
Temat: *Modele i algorytmy w bioinformatyce strukturalnej* (K)
29. Zespół Biogospodarki i Zrównoważonego Rozwoju
kierownik: dr Ewa Woźniak-Gientka
Temat: *Bioekonomia i biotechnologia – aspekty społeczne i prawne* (K)
30. Zakład Metabolizmu RNA
kierownik: dr hab. Zbigniew Warkocki
Temat: *Badanie roli białek wiążących RNA w metabolizmie RNA u człowieka* (K)
31. Zakład Transkryptomiki Funkcjonalnej
kierownik: dr hab. Kamilla Grzywacz
Temat: *Charakterystyka mechanizmów molekularnych regulacji biosyntezy białka z udziałem cząsteczek RNA* (K)
32. Zakład Biologii Strukturalnej Organizmów Prokariotycznych
kierownik: dr hab. Krzysztof Brzeziński
Temat: *Charakterystyka strukturalna i funkcjonalna makromolekuł biologicznych* (N)
33. Zakład Biologii Obliczeniowej Niekodującego RNA
kierownik: dr Barbara Uszczyńska-Ratajczak
Temat: *Zastosowanie metod obliczeniowych do identyfikacji genów niekodujących białek w genomach kręgowców* (N)

34. Zakład Wirusologii Molekularnej

kierownik: dr Paweł Zmora

W 2021 r. wspólna realizacja z Zakładem Genomiki Strukturalnej RNA tematu: *Uniwersalne elementy strukturalne w RNA wirusów grypy*

35. Zakład Genomiki Roślin

kierownik: dr hab. Agnieszka Żmieńko

W 2021 r. wspólna realizacja z Zakładem Inżynierii Genomowej tematu: *Rozwijanie technologii edycji genomów oraz metod oceny jej efektywności i specyficzności*

(K) – temat kontynuowany, (N) – temat nowy

Informacja o wykorzystaniu dotacji na finansowanie kosztów związanych z utrzymaniem specjalnego urządzenia badawczego (SPUB)

Pod koniec roku 2021 r. działalność podstawową pracowni ICHB PAN wsparła dotacja na finansowanie kosztów związanych z utrzymaniem specjalnego urządzenia badawczego (SPUB), przyznana 15.10.2021 r. na lata 2021–2023. Były to środki w kwocie 2,4 mln zł łącznie, przyznane na utrzymanie aparatury naukowo-badawczej Europejskiego Centrum Bioinformatyki i Genomiki (ECBiG). W ramach ECBiG w roku 2021 działało 10 specjalistycznych pracowni ICHB PAN: Pracownia Genomiki, Pracownia Spektrometrii Mas, Pracownia Hodowli Komórkowych i Tkankowych, Pracownia Biomolekularnego NMR, Pracownia Inżynierii Białek, Pracownia Analiz Struktur Subkomórkowych, Pracownia Modelowych Organizmów Zwierzęcych, Pracownia Modelowych Organizmów Ssaczych, Pracownia Bioinformatyki i Pracownia Diagnostyki Molekularnej WGW.

Dzięki dotacji w roku 2021 dokonano napraw i konserwacji sprzętu za łączną kwotę ok 50 tys. zł. Ponad 100 tys. zł wydano na zakup materiałów eksploatacyjnych (gazy, plastiki i inne materiały zużywalne) oraz odczynników niezbędnych do przeprowadzenia rutynowych testów i konserwacji aparatury. Pokryto także częściowe koszty wynagrodzeń pracowników technicznych, za łączną kwotę 99 tys. zł.

Zgodnie z ogólnymi zasadami przyjętymi przez ICHB PAN, ECBiG wspierało grupy badawcze z Instytutu oraz inne jednostki badawcze w Polsce, głównie na zasadzie współpracy naukowej. Urządzenia znajdujące się na wyposażeniu ECBiG były wykorzystywane do realizacji wielu zadań i projektów, których szczegółowe zestawienia znajdują się w sprawozdaniach poszczególnych pracowni. Dwie pracownie (Pracownia Genomiki i Pracownia Diagnostyki Molekularnej WGW) kontynuowały rozpoczęte w roku 2020 prace związane z sekwencjonowaniem genomów wirusa SARS-CoV-2 w archiwalnym materiale podiagnostycznym oraz w próbkach ścieków miejskich. Pracownia Spektrometrii Mas wykonała na rzecz innych podmiotów szereg usług z w zakresie analiz proteomicznych i metabolomicznych za łączną kwotę blisko 25 tys. zł brutto.

W laboratoriach ECBiG studenci poznańskich uczelni odbywali staże i praktyki studenckie oraz wykonywali prace licencjackie i magisterskie. Pracownicy ECBiG brali także udział w 15. Nocy Naukowców „SOS dla ziemi”.

Opis działalności naukowej

Zakład Bioinformatyki

Zakład rozwiązano 31.12.2021 r.

Kierownik Zakładu: prof. dr hab. Jacek Błażewicz (STATUT)²

Skład osobowy³

Pracownicy naukowci:

prof. dr hab. Piotr Formanowicz (0,5 STATUT)

dr Karol Kamel (STATUT)

Pracownicy techniczni:

dr hab. Piotr Łukasiak (0,5 STATUT)

dr hab. Agnieszka Rybarczyk (0,5 STATUT)

dr Marcin Borowski (0,5 STATUT)

Działalność statutowa

Technologie bioinformatyczne w analizie kwasów nukleinowych i białek (prof. dr hab. Jacek Błażewicz)

1. Sekwencjonowanie DNA w małej i dużej skali (prof. dr hab. Jacek Błażewicz)

Cel badań

Optymalizacja algorytmów do analiz i przetwarzania danych genomicznych.

Opis zrealizowanych prac

Jednym z głównych wyzwań bioinformatyki jest analiza dużych zbiorów danych, pochodzących m.in. z sekwencjonowania pełnych genomów. W ramach prowadzonych badań, dążono do skrócenia czasu obliczeń potrzebnego na wykonanie asemblacji ludzkiego genomu za pomocą metody określanej jako asemblacja różnicowa (ang. *differential-assembly*). Wykonano wstępne analizy i prace w zakresie przydatności takiego podejścia. Skupiono się na dopasowaniu dwóch próbek genomowych dostarczonych przez technologie podobne do Illumina, dzięki czemu można było wykorzystać grafy tworzone przez narzędzia takie jak ALGA do szybkiej asemblacji genomu danego osobnika. Wyniki zostały przedstawione na następujących konferencjach: 11–14.07.2021, XXXI EURO: 31st European Conference on Operational Research oraz 29.09–05.10.2021, ICOLE'21: Perspectives of Bioinformatics, Operations Research and Machine Learning.

2. Modelowanie i analiza systemów opisujących początki życia za pomocą podejścia wieloagentowego (prof. dr hab. Jacek Błażewicz)

Cel badań

Analiza oddziaływań pomiędzy prebiotycznymi cząsteczkami RNA w celu weryfikacji hipotezy świata RNA.

² W nawiasach podane źródło finansowania pracowników.

³ Stan na 31.12.2021 r.

Opis zrealizowanych prac

Zaproponowano nowe sformułowanie matematyczne dla systemu pasożyt-replikaza za pomocą cząstkowych równań różniczkowych (PDE). Dokładnie przeanalizowano powyższy model PDE, zarówno analitycznie, jak i poprzez szeroko zakrojone symulacje. Porównano otrzymane wyniki z wynikami wcześniej przeprowadzonych symulacji wieloagentowych, aby uwiarygodnić oba modele. Publikacja jest w opracowaniu.

Publikacje

1. J. Li, Y. Lan, F. Chen, X. Han, **J. Blazewicz**
A Fast Algorithm for Knapsack Problem with Conflict Graph
ASIA-PACIFIC JOURNAL OF OPERATIONAL RESEARCH 2021, 38, 2150010
2. S. Swat, A. Laskowski, J. Badura, W. Frohberg, **P. Wojciechowski, A. Swiercz, M. Kasprzak, J. Blazewicz**
Genome-scale de novo assembly using ALGA
BIOINFORMATICS 2021, 37, 1644–1651
3. **J. Blazewicz**, B. Moseley, E. Pesch, D. Trystram, G.C. Zhang
New Perspectives in Scheduling Theory
JOURNAL OF SCHEDULING 2021, 24, 455–457, (SI) DOI: 10.1007/s10951-021-00693-8
4. **P. Wojciechowski**, K. Krause, **P. Lukasiak, J. Blazewicz**
The correctness of large scale analysis of genomic data
FOUNDATIONS OF COMPUTING AND DECISION SCIENCES 2021, 46, 423–436
5. X. Chen, S. Kovalev, M. Sterna, **J. Blazewicz**
Mirror scheduling problems with early work and late work criteria
JOURNAL OF SCHEDULING 2021, 24, 483–487
6. D. Formanowicz, K. Gutowska, B. Szawulak, **P. Formanowicz**
The Crosstalk Between SARS-CoV-2 Infection and the RAA System in Essential Hypertension – Analyses Using Systems Approach
INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES 2021, 22, 10518
7. **P. Formanowicz**, M. Kasprzak, P. Wawrzyniak
Labeled Graphs in Life Sciences – Two Important Applications [w:] Graph-Based Modelling in Science, Technology and Art (red. S. Zawislak, J. Rysinski), 2021, 201-217, *SPRINGER, CHAM*
8. **A. Strugala**, J. Jagielski, **K. Kamel**, G. Nowaczyk, **M. Radom, M. Figlerowicz, A. Urbanowicz**
Virus-Like Particles Produced Using the Brome Mosaic Virus Recombinant Capsid Protein Expressed in a Bacterial System
INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES 2021, 22, 3098
9. P. Horbowicz-Drozdal, **K. Kamel**, S. Kmiecik, L. Borkiewicz, N.E. Tumer, P.C. Shaw, M. Tchorzewski, P. Grela
Phosphorylation of the conserved C-terminal domain of ribosomal P-proteins impairs the mode of interaction with plant toxins
FEBS LETTERS 2021, 595, 2221–2236
10. D. Zielinska, K. Marciniak-Lukasiak, M. Karbowski, **P. Lukasiak**
Effects of Fructose and Oligofructose Addition on Milk Fermentation Using Novel Lactobacillus Cultures to Obtain High-Quality Yogurt-like Products
MOLECULES 2021, 26, 5730
11. K. Marciniak-Lukasiak, A. Zbikowska, M. Kupiec, M. Brzezinska, I. Szymanska, **P. Lukasiak**
The Influence of Rice Protein, Hemp Protein and Transglutaminase Addition on the Quality of Instant Fried Noodles
APPLIED SCIENCES 2021, 11, 9070

Prace przyjęte do druku

1. M. Kaden, K.S. Bohnsack, M. Weber, M. Kudla, K. Gutowska, **J. Blazewicz**, T. Villmann

Learning vector quantization as an interpretable classifier for the detection of SARS-CoV-2 types based on their RNA sequences

Neural Computing & Applications, DOI: 10.1007/s00521-021-06018-2

Zakład Bioinformatyki Strukturalnej

Kierownik Zakładu: prof. dr hab. inż. Marta Szachniuk (STATUT)⁴

Skład osobowy⁵

Pracownicy naukowcy:

dr inż. Marcin Radom (0,5 STATUT)

dr hab. inż. Maciej Antczak (0,5 STATUT)

Pracownicy techniczni:

dr Mariusz Popena (0,5 STATUT)

dr Joanna Sarzyńska (STATUT)

Działalność statutowa

Modele i algorytmy w bioinformatyce strukturalnej (prof. dr hab. inż. Marta Szachniuk)

Cel badań

1. Badanie, adnotowanie i wizualizacja struktur tetrad i kwadrupleksów.
2. Modelowanie struktur 3D RNA w ramach konkursów RNA-Puzzles.
3. Ocena jakości i dokładności modeli 3D RNA generowanych *in silico*.
4. Klasyfikacja splątań elementów strukturalnych i analiza ich korelacji z parametrami struktury 3D RNA.
5. Opracowanie bazy danych zawierającej oczyszczone struktury RNA dla celów benchmarkowania.
6. Optymalizacja parametrów pola siłowego Amber dla celów modelowania modyfikowanych reszt RNA.
7. Poznanie możliwości istniejących narzędzi wykorzystujących uczenie maszynowe do przewidywania struktur drugorzędowych RNA.
8. Precyzyjna ekstrakcja oraz efektywne wyszukiwanie złożonych elementów strukturalnych udostępnionych w ramach bazy danych RNA FRABASE 3.0.

Opis zrealizowanych prac

1. Stworzono system bazodanowy ONQUADRO gromadzący dane o strukturach tetrad i kwadrupleksów określonych eksperymentalnie. Publikacja o bazie ONQUADRO została zaakceptowana do specjalnego wydania *Nucleic Acids Research (Database issue)*.
2. W ramach wyzwań RNA-Puzzles (PZ30, PZ31, PZ32, PZ33) wymodelowano nieznane struktury 4 nowych cząsteczek RNA.
3. Przebadano parametry stereochemiczne 1050 modeli 3D RNA modelowanych w ramach wszystkich zakończonych konkursów RNA-Puzzles, dokonano analizy statystycznej błędów, wyniki badań opublikowano w artykule naukowym w czasopiśmie *RNA*.
4. Opracowano nową klasyfikację splątań elementów strukturalnych, opracowano metodę do automatycznej identyfikacji oraz klasyfikacji splątań w strukturach RNA, zastosowano tę metodę do przeanalizowania wszystkich modeli 3D RNA zgłoszonych do konkursów RNA-Puzzles. Wyniki badań opublikowano w *Nucleic Acids Research*.

⁴ W nawiasach podane źródło finansowania pracowników.

⁵ Stan na 31.12.2021 r.

5. Zaprojektowano samoaktualizującą się bazę danych RNAsolo gromadzącą oczyszczone struktury RNA pochodzące ze skompleksowanych i samodzielnych struktur RNA zdeponowanych w *Protein Data Bank*.
6. Przeprowadzono optymalizację i walidację parametrów pola siłowego Amber, wyniki badań zawarto w artykule zgłoszonym do publikacji.
7. Dokonano przeglądu literatury w celu identyfikacji narzędzi stosujących uczenie maszynowe do rozwiązywania problemu predykcji struktur drugorzędowych RNA. Przygotowano reprezentatywny zbiór testowy na podstawie eksperymentalnie określonych struktur 3D RNA. Przeprowadzono eksperymenty obliczeniowe mające na celu kompleksową ewaluację rozpatrywanych rozwiązań. W przygotowaniu jest artykuł naukowy podsumowujący uzyskane rezultaty.
8. Opracowano oraz zaimplementowano podejście pozwalające na ekstrakcję motywów złożonych spośród eksperymentalnie określonych struktur 3D RNA. Opracowano nowy schemat bazy danych RNA FRABASE 3.0, który będzie je przechowywał i pozwalał na automatyczną aktualizację. Przygotowano algorytmy pozwalające na efektywne, wielokryterialne wyszukiwanie udostępnione w ramach przyjaznego interfejsu użytkownika.

Publikacje

1. **J. Miskiewicz, J. Sarzynska, M. Szachniuk**
How bioinformatics resources work with G4 RNAs
BRIEFINGS IN BIOINFORMATICS 2021, 22, 1–14
2. **M. Popenda, T. Zok, J. Sarzynska, A. Korpeta, R.W. Adamiak, M. Antczak, M. Szachniuk**
Entanglements of structure elements revealed in RNA 3D models
NUCLEIC ACIDS RESEARCH 2021, 49, 9625–9632
3. **A. Strugala, J. Jagielski, K. Kamel, G. Nowaczyk, M. Radom, M. Figlerowicz, A. Urbanowicz**
Virus-Like Particles Produced Using the Brome Mosaic Virus Recombinant Capsid Protein Expressed in a Bacterial System
INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES 2021, 22, 3098
4. **E. Wyszko, M. Popenda, D. Gudanis, J. Sarzynska, A. Belter, P. Perrigue, P. Skowronek, K. Rolle, J. Barciszewski**
The model structure of the hammerhead ribozyme formed by RNAs of reciprocal chirality
BIOSCIENCE REPORTS 2021, 41, BSR20203424
5. **E. Wyszko, M. Popenda, D. Gudanis, J. Sarzynska, A. Belter, P. Perrigue, P. Skowronek, K. Rolle, J. Barciszewski**
The model structure of the hammerhead ribozyme formed by RNAs of reciprocal chirality
BIOSCIENCE REPORTS 2021, 41, BSR20203424

Prace przyjęte do druku

1. T. Zok, N. Kraszewska, J. Miskiewicz, P. Pielacinska, M. Zurkowski, **M. Szachniuk**
ONQUADRO: a database of experimentally determined quadruplex structure
Nucleic Acids Research, DOI:10.1093/nar/gkab1118
2. F. Carrascoza, **M. Antczak, Z. Miao, E. Westhof, M. Szachniuk**
Evaluation of the stereochemical quality of predicted RNA 3D models in the RNA-Puzzles submissions
RNA, DOI: 10.1261/rna.078685.121
3. **A. Belter, M. Popenda, M. Sajek, T. Wozniak, M.Z. Naskret-Barciszewska, M. Szachniuk, S. Jurga, J. Barciszewski**
A new molecular mechanism of RNA circularization and the microRNA sponge formation
Journal of Biomolecular Structure and Dynamics, DOI: 10.1080/07391102.2020.1844802
4. N. Dutta, I. Deb, **J. Sarzynska, A. Lahiri**
Data-informed reparameterization of modified RNA and the effect of explicit water models: Application to pseudouridine and derivatives
Journal of Computational and Applied Mathematics, DOI: 10.33774/chemrxiv-2021-wphhg

5. N. Dutta, I. Deb, **J. Sarzynska**, A. Lahiri

Inosine and its methyl derivatives in RNA: Occurrence, biogenesis, and function in RNA
Progress in Biophysics & Molecular Biology, DOI: 10.1016/j.pbiomolbio.2022.01.001

6. R. Pal, I. Deb, **J. Sarzynska**, A. Lahiri

LNA-induced dynamic stability in a therapeutic aptamer: Insights

Journal of Biomolecular Structure and Dynamics, DOI: 10.1080/07391102.2022.2029567

Zakład Biologii Molekularnej i Systemowej

Kierownik Zakładu: prof. dr hab. Marek Figlerowicz (STATUT)⁶

Skład osobowy⁷

Pracownicy naukowi:

dr hab. Paulina Jackowiak (0,03 STATUT/0,97 GRANTY)

dr Natalia Koralewska (GRANTY)

dr Małgorzata Marcinkowska-Swojak (GRANTY)

dr Lucyna Budźko (GRANTY)

dr Ireneusz Stolarek (0,05 STATUT/0,95 GRANTY)

Pracownicy techniczni:

dr Magdalena Alejska (0,1 STATUT/0,9 GRANTY)

mgr Marcin Osuch (GRANTY)

mgr Magdalena Trybus (0,17 STATUT/0,83 GRANTY)

dr Joanna Sztuba-Solińska (0,2 STATUT)

mgr Paulina Szarek (GRANTY)

mgr Aleksandra Mierzwa (GRANTY)

mgr Aleksandra Czwojdrak (GRANTY)

Szymon Melewski (GRANTY)

Doktoranci:

mgr inż. Karolina Hoffa-Sobiech (GRANTY)

mgr inż. Cezary Odrzygóźdź (0,25 GRANTY/POWER)

mgr Małgorzata Marszałek-Zeńczak (0,5 STATUT/0,5 GRANTY)

mgr Katarzyna Nowis (GRANTY)

mgr inż. Michał Zeńczak (0,65 GRANTY)

mgr Joanna Delimata (GRANTY)

mgr inż. Anastasiia Zaremba (stypendium NCN)

mgr Annasha Dutta (stypendium NCN)

Pracownia Hodowli Komórkowych i Tkankowych

Kierownik: dr Paweł Stróżycki (0,1 STATUT/0,9 GRANTY)

Pracownicy techniczni:

dr Mariola Piślewska-Bednarek (GRANTY)

Hanna Glapiak (0,25 STATUT)

Magdalena Puszczuk (GRANTY)

lic. Łukasz Ciecierski (GRANTY)

⁶ W nawiasach podane źródło finansowania pracowników.

⁷ Stan na 31.12.2021 r.

Pracownia Genomiki

Kierownik: dr Luiza Handschuh (0,1 STATUT/0,9 GRANTY)

Pracownicy naukowci:

dr Paweł Wojciechowski (0,5 GRANTY)

Pracownicy techniczni:

dr Jan Podkowiński (GRANTY)

dr hab. Aleksandra Świercz (0,5 GRANTY)

dr Anna Samelak-Czajka (GRANTY)

mgr Magdalena Rakoczy (0,65 GRANTY)

dr Barbara Szutkowska (GRANTY)

Pracownia Diagnostyki Molekularnej WGW ICHB PAN

Kierownik: dr Elżbieta Lenartowicz Onykaa (0,1 STATUT/0,9 GRANTY)

Działalność statutowa

Genomika człowieka i jej wykorzystanie w badaniach biomedycznych (prof. dr hab. Marek Figlerowicz)

Cel badań

Celem badań było ustalenie jak zmienia się profil ekspresji genów kodujących białka z rodziny BCL2 u chorych z ostrą białaczką szpikową.

Opis zrealizowanych prac

Białka z rodziny BCL2 to główne regulatory śmierci komórki, w szczególności mitochondrialnego szlaku apoptozy. Do rodziny należą zarówno białka anty-apoptotyczne, jak i pro-apoptotyczne. Ich poziom akumulacji, modyfikacje, lokalizacja wewnątrzkomórkowa oraz wzajemne interakcje decydują o wejściu komórki na ścieżkę programowanej śmierci. Białka BCL2 są obiektem intensywnych badań ze względu na ich związek z odpowiedzią na leczenie nowotworów. Są także obiektem terapii celowanych. Rola białek BCL2 w ostrej białaczce szpikowej (ang. *acute myeloid leukemia*, AML) była słabo rozpoznana, dlatego zbadano poziom ekspresji wszystkich kodujących je genów (26) we krwi i szpiku 27 pacjentów z AML podtypu M1 i M2 wg klasyfikacji FAB (*French-American-British*). Wykorzystano do tego celu zebrane wcześniej dane z sekwencjonowania transkryptomów (RNA-seq). Stwierdzono, że w porównaniu do komórek pochodzących od zdrowych osób, w AML istotnie obniża się ekspresja genów *BMF*, *BNIP1* i *HRK* kodujących pro-apoptotyczne białka z domeną BH3, których funkcją jest aktywacja BAX i innych białek indukujących apoptozę. U pacjentów opornych na leczenie stwierdzono ponadto podwyższony poziom ekspresji genu *BCL2L1* kodującego białko hamujące apoptozę. Dane literaturowe wskazują, że jest to jeden z ważniejszych regulatorów apoptozy w komórkach nowotworowych. Sekwencjonowanie eksomów tych samych pacjentów ujawniło, że geny z rodziny *BCL2* raczej nie ulegają mutacjom, ale poziom ekspresji wielu z nich koreluje z obecnością mutacji w innych genach związanych z patogenezą AML, takich jak *RUNX1*, *DNMT3A*, *KRAS*, *IDH1*, *IDH2*, *EP300* czy *BRCA2*. Dodatkowo wykazano, że wysoki poziom ekspresji genów *BIK* i *BCL2L13* wiąże się z niekorzystnym rokowaniem. Podsumowując wyniki badań oraz dane literaturowe stwierdzono, że w przypadku AML deregulacja genów kodujących białka z rodziny BCL2 może ułatwiać rozwój choroby i wpływać na odpowiedź na leczenie, ale raczej nie jest głównym czynnikiem sprawczym. Wyniki opublikowano w *Cancers*.

Badania molekularne i systemowe procesu regeneracji i wymiany komórek (prof. dr hab. Marek Figlerowicz)

Cel badań

Badanie molekularnego podłoża procesu interferencji RNA u wyplawków *Schmidtea mediterranea*.

Opis zrealizowanych prac

Wyplawek *Schmidtea mediterranea* charakteryzuje się unikatową zdolnością do regeneracji, stąd bardzo często wykorzystywany jest jako organizm modelowy w badaniach tego zjawiska. Jedną z technik wykorzystywanych w tych badaniach jest wyciszenie genów za pomocą dwuniciowego RNA (dsRNA). Stwierdzono, iż indukujący wyciszenie genu dsRNA może być podawany wraz z pożywieniem, co oznacza, że jest on wchłaniany z przewodu pokarmowego. Obserwacje te rodzą szereg niezwykle interesujących pytań, na przykład: (i) jakie białka uczestniczą w tym procesie, (ii) dlaczego w wyniku ewolucji niektóre organizmy uzyskały zdolność pozyskiwania RNA znajdującego się w ich pokarmie oraz (iii) jaką rolę w komórkach wyplawka odgrywać może pozyskany ze środowiska RNA. Aby odpowiedzieć na powyższe pytania analizowano wpływ jaki na efektywność i rozprzestrzenianie się procesu interferencji RNA (RNAi) u *S. mediterranea* wywiera wyciszenie genów kodujących importery RNA (SmedSID1-3). Homologi białek SmedSID1-3 zidentyfikowano wcześniej u *Caenorhabditis elegans*. Stwierdzono, że w przypadku tego modelowego organizmu zwierzęcego białka SID odpowiedzialne są za systemowe rozprzestrzenianie się sygnału indukującego RNAi. Przeprowadzone eksperymenty wykazały, że wyciszenie genów SmedSID1-3 hamuje proces RNAi u *S. mediterranea*. Oznacza to, że białka SmedSID1-3 pełnią tę samą rolę jak ich homologi u *C. elegans*. Ponadto zaobserwowano, że u *S. mediterranea* wyciszenie genów SmedSID1-3 zaburza rozwój receptorów światła.

Publikacje

1. **A. Strugała, J. Jagielski, K. Kamel, G. Nowaczyk, M. Radom, M. Figlerowicz, A. Urbanowicz**
Virus-Like Particles Produced Using the Brome Mosaic Virus Recombinant Capsid Protein Expressed in a Bacterial System
INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES 2021, 22, 3098
2. **N. Koralewska, A. Szczepanska, K. Ciechanowska, M. Wojnicka, M. Pokornowska, M.C. Milewski, D. Gudanis, D. Baranowski, C. Nithin, J.M. Bujnicki, Z. Gdaniec, M. Figlerowicz, A. Kurzynska-Kokorniak**
RNA and DNA G-quadruplexes bind to human dicer and inhibit its activity
CELLULAR AND MOLECULAR LIFE SCIENCES 2021, 78, 3709–3724
3. **P. Makarowicz, T. Goslar, J. Gorski, H. Taras, A. Szczepanek, L. Pospieszny, M.O. Jagodzinska, V. Ilchyshyn, P. Włodarczyk, A. Juras, M. Chylenski, P. Muzolf, A. Lasota-Kus, I. Wojcik, A. Matoga, M. Nowak, M.M. Przybyła, M. Marcinkowska-Swojak, M. Figlerowicz, R. Grygiel, J. Czebreszuk, I.T. Kochkin**
THE ABSOLUTE CHRONOLOGY OF COLLECTIVE BURIALS FROM THE 2ND MILLENNIUM BC IN EAST CENTRAL EUROPE
RADIOCARBON 2021, 63, 669–692
4. **A.E. Grzegorzewska, A. Mostowska, M.K. Swiderska, W. Marcinkowski, I. Stolarek, M. Figlerowicz, P.P. Jagodzinski**
Polymorphism rs368234815 of interferon lambda 4 gene and spontaneous clearance of hepatitis C virus in haemodialysis patients: a case-control study
BMC INFECTIOUS DISEASES 2021, 21, 102
5. **K. Nowis, P. Jackowiak, M. Figlerowicz, A. Philips**
At-C-RNA database, a one-stop source for information on circRNAs in *Arabidopsis thaliana* in a unified format
DATABASE: THE JOURNAL OF BIOLOGICAL DATABASES AND CURATION 2021, 2021, baab074
6. **P. Malecki, A. Mania, J. Tracz, M. Luczak, K. Mazur-Milewska, M. Figlerowicz**
Adipocytokines as Risk Factors for Development of Nonalcoholic Fatty Liver Disease in Children
JOURNAL OF CLINICAL AND EXPERIMENTAL HEPATOLOGY 2021, 11, 646–653
7. **K. Drygalski, K. Siewko, A. Chomentowski, C. Odrzygodz, A. Zalewska, A. Kretowski, M. Maciejczyk**

- Phloroglucinol Strengthens the Antioxidant Barrier and Reduces Oxidative/Nitrosative Stress in Nonalcoholic Fatty Liver Disease (NAFLD)
OXIDATIVE MEDICINE AND CELLULAR LONGEVITY 2021, 2021, 8872702
8. **L. Marczak, J. Idkowiak, J. Tracz, M. Stobiecki**, B. Perek, K. Kostka-Jeziorny, A. Tykarski, M. Wanic-Kossowska, M. Borowski, **M. Osuch**, D. Formanowicz, **M. Luczak**
 Mass Spectrometry-Based Lipidomics Reveals Differential Changes in the Accumulated Lipid Classes in Chronic Kidney Disease
METABOLITES 2021, 11, 275
9. **N. Makowska**, K. Bresa, R. Koczura, **A. Philips, K. Nowis**, J. Mokracka
 Urban wastewater as a conduit for pathogenic Gram-positive bacteria and genes encoding resistance to β -lactams and glycopeptides
SCIENCE OF THE TOTAL ENVIRONMENT 2021, 765, 144176
10. D. Butkiewicz, M. Krzesniak, A. Gdowicz-Klosk, M. Giglok, **M. Marszalek-Zenczak**, R. Suwinski
 Polymorphisms in EGFR Gene Predict Clinical Outcome in Unresectable Non-Small Cell Lung Cancer Treated with Radiotherapy and Platinum-Based Chemoradiotherapy
INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES 2021, 22, 5605
11. **K. Switonska-Kurkowska, B. Krist, J. Delimata, M. Figiel**
 Juvenile Huntington's Disease and Other PolyQ Diseases, Update on Neurodevelopmental Character and Comparative Bioinformatic Review of Transcriptomic and Proteomic Data
FRONTIERS IN CELL AND DEVELOPMENTAL BIOLOGY 2021, 9, 642773
12. A. Kosaka, **M. Pastorczyk, M. Pislewska-Bednarek**, T. Nishiuci, E. Ono, H. Suemoto, A. Ishikawa, H. Frerigmann, M. Kaido, K. Mise, **P. Bednarek**, Y. Takano
 Tryptophan-derived metabolites and BAK1 separately contribute to *Arabidopsis* postinvasive immunity against *Alternaria brassicicola*
SCIENTIFIC REPORTS 2021, 11, 1488
13. K.W. Wolinska, N. Vannier, T. Thiergart, B. Pickel, **A. Piasecka, M. Pislewska-Bednarek**, S. Gremmen, R. T. Nakano, Y. Belkhadir, **P. Bednarek**, S. Hacquard
 Tryptophan metabolism and bacterial commensals prevent fungal dysbiosis in *Arabidopsis* roots
PROCEEDINGS OF THE NATIONAL ACADEMY OF SCIENCES OF THE UNITED STATES OF AMERICA 2021, 118, e2111521118
14. **J. Tracz, L. Handschuh, M. Lalowski, L. Marczak**, K. Kostka-Jeziorny, B. Perek, M. Wanic-Kossowska, A. Podkowinska, A. Tykarski, D. Formanowicz, **M. Luczak**
 Proteomic Profiling of Leukocytes Reveals Dysregulation of Adhesion and Integrin Proteins in Chronic Kidney Disease-Related Atherosclerosis
JOURNAL OF PROTEOME RESEARCH 2021, 20, 3053–3067
15. **L. Handschuh, P. Wojciechowski**, M. Kazmierczak, K. Lewandowski
 Transcript-Level Dysregulation of BCL2 Family Genes in Acute Myeloblastic Leukemia
CANCERS 2021, 13, 3175
16. B. Tymoniuk, **P. Zmora, J. Latowska, A. Grabowska, A. Ciesiolka, P. Joachimiak, G. Figura**, M. Borowiec, **K. Rolle, L. Handschuh, A. Fiszer**
 Genetic tests based on the RT-PCR reaction in the diagnostics of SARS-CoV-2 infection
PRZEGLĄD EPIDEMIOLOGICZNY 2021, 75, 14–26
17. **P. Zmora, L. Handschuh, M. Figlerowicz**
 Instytut Chemii Bioorganicznej Polskiej Akademii Nauk w czasie pandemii COVID-19 [w:] Kronika Miasta Poznania (red. P. Matusik) 2021, 2, 199–211, *WYDAWNICTWO MIEJSKIE POZNANIA*
18. S. Swat, A. Laskowski, J. Badura, W. Frohmberg, **P. Wojciechowski, A. Swiercz**, M. Kasprzak, **J. Blazewicz**
 Genome-scale de novo assembly using ALGA
BIOINFORMATICS 2021, 37, 1644–1651

19. **P. Wojciechowski, K. Krause, P. Lukasiak, J. Blazewicz**
The correctness of large scale analysis of genomic data
FOUNDATIONS OF COMPUTING AND DECISION SCIENCES 2021, 46, 423–436
20. **P. Michalak, J. Piasecka, B. Szutkowska, R. Kierzek, E. Biala, W.N. Moss, E. Kierzek**
Conserved structural motifs of two distant IAV subtypes in genomic segment 5 RNA
VIRUSES-BASEL 2021, 13, 525
21. **D. Lorent, R. Nowak, C. Roxo, E. Lenartowicz, A. Makarewicz, B. Zaremba, S. Nowak, L. Kuszel, J. Stefaniak, R. Kierzek, P. Zmora**
Prevalence of Anti-SARS-CoV-2 Antibodies in Poznan, Poland, after the First Wave of the COVID-19 Pandemic
VACCINES 2021, 9, 541

Projekty realizowane w Zakładzie i Pracowniach w 2021 r.

1. Dynastia i społeczeństwo państwa Piastów w świetle zintegrowanych badań historycznych, antropologicznych i genomicznych; (SYMFONIA) – projekt realizowany w konsorcjum; lider projektu: ICHB PAN
Kierownik projektu: prof. dr hab. Marek Figlerowicz
2. Kompleksowa analiza transkryptomu *Schmidtea mediterranea* – identyfikacja niekodujących RNA zaangażowanych w rozwój linii komórkowych podczas regeneracji; (OPUS)
Kierownik projektu: dr hab. Paulina Jackowiak
3. Funkcja struktury drugorzędowej vRNA wirusa grypy typu A w kompleksie rybonukleoproteinowym podczas cyklu replikacyjnego wirusa; (SONATINA)
Kierownik projektu: dr Elżbieta Lenartowicz Onykaa
4. Polimorfizm liczby kopii genów mikroRNA w populacji naturalnych linii *Arabidopsis thaliana* oraz jego wpływ na potranskrypcyjną regulację ekspresji genów docelowych; (PRELUDIUM)
Kierownik projektu: dr Anna Samelak-Czajka
5. Wykorzystanie enzymów AID/APOBEC w mapowaniu modyfikacji cytozyny w kwasach nukleinowych; (LIDER)
Kierownik projektu: dr Lucyna Budźko
6. ECBiG – Europejskie Centrum Bioinformatyki i Genomiki; (POIR) – projekt realizowany w konsorcjum; lider projektu: ICHB PAN
Kierownik projektu: prof. dr hab. Marek Figlerowicz
7. NEBI – Krajowy Ośrodek Badań Obrazowych w Naukach Biologicznych i Biomedycznych; (POIR) – projekt realizowany w konsorcjum; lider projektu: Instytut Biologii Doświadczalnej im. M. Nenckiego PAN, Warszawa (kierownik projektu: prof. dr hab. Agnieszka Dobrzyń)
Kierownik zadań z ramienia ICHB PAN: prof. dr hab. Marek Figlerowicz
8. ECBiG – Europejskie Centrum Bioinformatyki i Genomiki – MOSAIC; (POIR) – projekt realizowany w konsorcjum; lider projektu: ICHB PAN
Kierownik projektu: prof. dr hab. Marek Figlerowicz
9. REGIONAL COVID-HUB; (WRPO 2014+)
Kierownik projektu: prof. dr hab. Marek Figlerowicz
10. Wkład krajowy na rzecz udziału we wspólnym międzynarodowym przedsięwzięciu pn. European Infrastructure of Open Screening Platforms for Chemical Biology European Research Infrastructure Consortium (EU-OPENSUREN ERIC) – projekt realizowany w konsorcjum „POL-OPENSUREN”; lider projektu: Instytut Biologii Medycznej PAN, Łódź (kierownik projektu: prof. dr hab. Zbigniew Leśnikowski)
Kierownik zadań z ramienia ICHB PAN: prof. dr hab. Marek Figlerowicz, zastępca kierownika: dr Jacek Kolanowski

11. Opracowanie uniwersalnej platformy szybkiego reagowania, opartej na technologii RNA, zapewniającej krajowe bezpieczeństwo lekowe i epidemiologiczne; (Rozwój Innowacyjnych Rozwiązań Terapeutycznych z Wykorzystaniem Technologii RNA) – projekt realizowany w konsorcjum; lider projektu: Warszawskie Zakłady Farmaceutyczne POLFA S. A. (kierownik projektu: Małgorzata Korczyk)

Kierownik zadań z ramienia ICHB PAN: prof. dr hab. Marek Figlerowicz

Zakład Biomolekularnego NMR

Kierownik Zakładu: prof. dr hab. Zofia Gdaniec (STATUT)⁸

Skład osobowy⁹

Pracownicy naukowci:

dr Witold Andrałojć (0,7 STATUT/0,3 GRANTY)

dr Daniel Baranowski (0,8 STATUT/0,2 GRANTY)

dr Dorota Gudanis (0,8 STATUT/ 0,2 GRANTY)

Pracownicy techniczni:

dr Karolina Zielińska (STATUT)

Doktoranci:

mgr Aleksandra Cioch-Binaś (stypendium NCN)

mgr Aleksandra Pawłowicz (stypendium NCN)

mgr Amadeusz Woś (stypendium NCN)

Pracownia NMR

Kierownik: dr Karol Pasternak (0,7 STATUT/0,3 GRANTY)

Pracownicy techniczni:

mgr Anna Teubert (STATUT)

Działalność statutowa

Analiza struktury i dynamiki kwasów nukleinowych metodami biomolekularnego NMR (prof. dr hab. Zofia Gdaniec)

Cel badań

Ustalenie wpływu chorobotwórczej mutacji A37→G na strukturę pętli antykodonowej ludzkiego mitochondrialnego tRNA^{Met} (hmt-tRNA^{Met}).

Opis zrealizowanych prac

Charakterystyczną cechą tRNA jest duża liczba i różnorodność modyfikowanych jednostek nukleozydowych, które najczęściej są zlokalizowane w obrębie pętli antykodonu i występują głównie w pozycji 34 (pierwsza litera antykodonu) oraz w pozycji 37 (pozycja sąsiadująca z antykodonom od 3' końca). W naturalnie występującym hmt-tRNA^{Met} pętla antykodonowa zawiera w pozycji 34 modyfikowaną resztę nukleotydomową 5-formylo cytydynę (f5C). Wcześniejsze badania teoretyczne sugerowały, że obecność mutacji A37→G może prowadzić do przyjmowania przez tę pętlę alternatywnej struktury, będącej wynikiem zawiązywania się dodatkowej pary zasad 5fC-G. W celu potwierdzenia tej hipotezy wykonano serię widm NMR dla oligorybonukleotydów o sekwencji trzonu i pętli antykodonowej (ASL) hmt-tRNA^{Met}. Analiza widm NMR cząsteczek RNA o sekwencjach ASL zawierających w miejscach odpowiadających pozycji 34 resztę cytydyny, a w pozycji 37 resztę guanozyny, ujawniła kluczowy wpływ mutacji A37→G na przyjmowaną przez

⁸ W nawiasach podane źródło finansowania pracowników.

⁹ Stan na 31.12.2021 r.

nie strukturę. Oligorybonukleotydy zawierające resztę guanozyny w pozycji 37 istnieją w roztworze w postaci mieszaniny przynajmniej czterech różnych form strukturalnych. Obserwowana zmienność konformacyjna dotyczyła nie tylko regionu samej pętli antykodonowej, ale również helikalnego ramienia antykodonu. Zgromadzone dane NMR sugerują ponadto współistnienie szeregu alternatywnych parowań zasad. Z kolei analiza widm NMR uzyskanych dla oligorybonukleotydów zawierających w pozycji 34 resztę f5C, a w pozycji 37 resztę guanozyny wskazała, że obecność modyfikacji f5C miała znaczący wpływ na równowagę pomiędzy obserwowanymi formami, pomimo iż reszta ta nie bierze udziału w oddziaływaniach Watsona-Cricka. Współistnienie kilku form strukturalnych w roztworze uniemożliwiało wyznaczenie struktur 3D metodami NMR. W celu kontynuacji badań strukturalnych planowane jest wprowadzenie dodatkowej modyfikacji chemicznej badanych oligonukleotydów, ukierunkowane na selektywną stabilizację pojedynczych form strukturalnych (poprzez wprowadzenie reszt pozbawianych zasady azotowej – *abasic* – w pozycje wybranych reszt cytydyny w badanym układzie).

Publikacje

1. **N. Koralewska, A. Szczepanska, K. Ciechanowska, M. Wojnicka, M. Pokornowska, M.C. Milewski, D. Gudanis, D. Baranowski, C. Nithin, J.M. Bujnicki, Z. Gdaniec, M. Figlerowicz, A. Kurzynska-Kokorniak**

RNA and DNA G-quadruplexes bind to human dicer and inhibit its activity

CELLULAR AND MOLECULAR LIFE SCIENCES 2021, 78, 3709–3724

2. **D. Gudanis, K. Zielinska, D. Baranowski, R. Kierzek, P. Kozłowski, Z. Gdaniec**

Impact of a Single Nucleotide Change or Non-Nucleoside Modifications in G-Rich Region on the Quadruplex-Duplex Hybrid Formation

BIOMOLECULES 2021, 11, 1236

3. **E. Wyszko, M. Popenda, D. Gudanis, J. Sarzynska, A. Belter, P. Perrigue, P. Skowronek, K. Rolle, J. Barciszewski**

The model structure of the hammerhead ribozyme formed by RNAs of reciprocal chirality

BIOSCIENCE REPORTS 2021, 41, BSR20203424

4. P. Szczęblewski, **W. Andralojc**, J. Polit, A. Zabka, K. Winnicki, T. Laskowski

Ipertrofan Revisited—The Proposal of the Complete Stereochemistry of Mepartricin A and B

MOLECULES 2021, 26, 5533

5. P. Szczęblewski, J. Gorska, **W. Andralojc**, P. Janke, K. Wasik, T. Laskowski

Iso-Partricin, an Aromatic Analogue of Amphotericin B: How Shining Light on Old Drugs Might Help Create New Ones

ANTIBIOTICS-BASEL 2021, 10, 1102

6. J. Nowak-Karnowska, **K. Zielinska**, J. Milecki, B. Skalski

Thermally reversible and irreversible interstrand photocrosslinking of 5-chloro-2'-deoxy-4-thiouridine modified DNA oligonucleotides

ORGANIC AND BIOMOLECULAR CHEMISTRY 2021, 19, 1292–1295

7. **M. Tomaszewska, M. Szabat, K. Zielinska, R. Kierzek**

Identification and Structural Aspects of G-Quadruplex-Forming Sequences from the Influenza A Virus Genome

INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES 2021, 22, 6031

8. T. Koczorowski, W. Szczolko, **A. Teubert**, T. Goslinski

Sulfanyl Porphyrazines with Morpholinylethyl Periphery-Synthesis, Electrochemistry, and Photocatalytic Studies after Deposition on Titanium(IV) Oxide P25 Nanoparticles

MOLECULES 2021, 26, 2280

9. W. Porolnik, M. Kasprzycka, **A. Teubert**, J. Piskorz

Serendipitous synthesis of unsymmetrical porphyrazine: Incomplete transesterification during macrocyclization

INORGANIC CHEMISTRY COMMUNICATIONS 2021, 133, 108953

Prace przyjęte do druku

D. Baranowski, J. Boryski, T. Ostrowski

7-(β -D-Ribofuranosyl)-3-methylguanine: Synthesis from guanine and comparative multinuclear NMR studies

Journal of Molecular Structure, DOI: 10.1016/j.molstruc.2021.131911

Projekty realizowane w Zakładzie i Pracowni w 2021 r.

1. Synteza i badania strukturalne oligonukleotydów o sekwencjach ramion antykodonów tRNA zawierających nowe modyfikowane nukleozydy: ct6A, ms2ct6A, ges2U; (OPUS) – projekt realizowany w konsorcjum; lider projektu: Politechnika Łódzka (kierownik projektu: prof. dr hab. E. Sochacka)

Kierownik zadań z ramienia ICHB PAN: prof. dr hab. Zofia Gdaniec

2. Badanie zależności pomiędzy sekwencją DNA a strukturą jako punkt wyjścia do projektowania G-kwadrupleksów o określonej topologii – zintegrowane podejście łączące symulacje molekularne i metody eksperymentalne; (OPUS) – projekt realizowany w konsorcjum; lider projektu: Politechnika Gdańska (kierownik projektu: dr hab. inż. Jacek Czub)

Kierownik zadań z ramienia ICHB PAN: prof. dr hab. Zofia Gdaniec

3. Oligonukleotydy wiążące lantanowce (OWL) jako znaczniki paramagnetyczne w spektroskopii NMR kwasów nukleinowych; (OPUS)

Kierownik projektu: dr Witold Andrałojć

4. Badania strukturalne DNAzymów 8-17 i I-R2 metodami NMR; (SONATA)

Kierownik projektu: dr Witold Andrałojć

5. Strategia przeciwnowotworowa bazująca na indukowaniu kwadrupleksów. Właściwości strukturalne i biologiczne kompleksów ligand RNA/mRNA; (SONATA)

Kierownik projektu: dr Dorota Gudanis

Zakład Chemii Komponentów Kwasów Nukleinowych

Kierownik Zakładu: dr hab. Michał Sobkowski, prof. ICHB PAN (STATUT)¹⁰

Skład osobowy¹¹

Pracownicy naukowci:

dr hab. Tomasz Ostrowski, prof. ICHB PAN (STATUT)

dr Dagmara Baraniak (0,8 STATUT/0,2 GRANTY)

dr Justyna Gołębiowska (0,5 STATUT/GRANTY)

dr Joanna Romanowska (STATUT)

Pracownicy techniczni:

dr Grzegorz Framski (STATUT)

Doktoranci:

mgr inż. Tomasz Modrzyński (stypendium NCN)

Afiliowani emerytowani profesorowie:

prof. dr hab. Jerzy Boryski (do 30.09.2021)

prof. dr hab. Adam Kraszewski (do 30.06.2021)

prof. dr hab. Jacek Stawinski (do 30.06.2021)

¹⁰ W nawiasach podane źródło finansowania pracowników.

¹¹ Stan na 31.12.2021 r.

Działalność statutowa

Synteza, struktura i aktywność biologiczna komponentów kwasów nukleinowych i ich analogów

1. Poszukiwania nowych typów pronukleotydów terapeutycznych

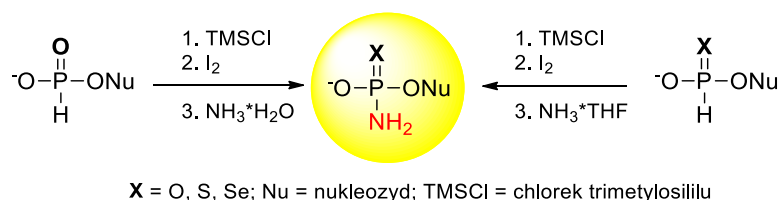
(dr hab. Michał Sobkowski)

Cel badań

Poszukiwanie efektywnej drogi syntezy pochodnych nukleotydów w kontekście ich przydatności jako potencjalnych proleków przeciwwirusowych lub przeciwrakowych.

Opis zrealizowanych prac

Zadanie realizowane było dwukierunkowo. Kontynuowano badania nad nukleozydo 5'-difosforanami, tym razem skupiając się nad możliwością inhibicji polimerazy SARS-CoV-2. Stosując chemię H-fosfonianów opracowano metody syntezy dialkilowych nukleozydo 5'-difosforanów (pochodnych dda i ddi), w których generowany w pierwszym etapie nukleozydo H-fosfonianodiester poddano reakcji oksydatywnej kondensacji z odpowiednim dialkilowym fosforanem wobec jodu, otrzymując planowane difosforany. Efektem tych prac, poza dostępnością syntetyczną nukleozydo 5'-difosforanów, były związki o wysokim potencjale terapeutycznym. Aktywność antywirusowa otrzymanych związków zostanie zbadana we współpracy z innym ośrodkiem naukowym (KU Leuven). Badania te będą kontynuowane i będą stanowić element przyszłej publikacji naukowej. Drugim celem prac były nukleozydo amidofosforany zawierające niepodstawioną grupę -NH₂, mającą pełnić funkcję grupy maskującej ładunek ujemny dla projektowanych pronukleotydów. Badania te zaowocowały opracowaniem nowej, wydajnej i uniwersalnej metody syntezy związków P-NH₂ z wykorzystaniem wodnego roztworu amoniaku jako czynnika wprowadzającego grupę aminową. Stwierdzono, że aktywowane chlorkiem trimetylosililu nukleozydo H-fosfoniany reagują z jodem w wodzie amoniakalnej tworząc amidofosforany. Wodny amoniak nie był jak dotąd stosowany w reakcjach oksydatywnej kondensacji, ponieważ ten typ reakcji uważany był za wymagający środowiska bezwodnego. Kolejna opracowana ścieżka syntetyczna wykorzystująca roztwór amoniaku w THF pozwoliła na syntezę pochodnych nukleozydo tio- oraz selenoamidofosforanów (zawierających układ wiązań S(Se)-P-NH₂), jak dotąd nieopisanych w literaturze:



Schemat 1. Nowe metody syntezy nukleozydo amidofosforanów zawierających niepodstawioną grupę -NH₂

Wyniki ww. badań będą przedmiotem publikacji pod roboczym tytułem „Studies on the formation of the P-NH₂ bond. Synthesis of N-unsubstituted phosphoramidate mono and diesters, and their analogues”, która jest w końcowej fazie przygotowywania. Zsyntezowane analogi nukleozydo amidofosforanów zostały przebadane pod kątem aktywności biologicznej na działanie fosfoamidaz komórkowych. Badania te były prowadzone we współpracy z Uniwersytetem Przyrodniczym w Poznaniu, a ich wyniki zostały opisane w pracy, pt. „Nucleoside 5'-phosphoramidates control the phenylpropanoid 2 pathway in *Vitis vinifera* suspension-cultured cells”, która jest obecnie w recenzji czasopisma *International Journal of Molecular Sciences*.

2. Transformacja nukleotydów dla nowych celów terapeutycznych i określenie mechanizmów leżących u podłoża ich aktywności biologicznej (prof. dr hab. Jerzy Boryski)

Cel badań

Poszukiwanie nowych analogów nukleozydowych wykazujących obiecującą aktywność biologiczną, zwłaszcza antywirusową i antynowotworową oraz opracowanie wydajnych metod ich syntezy chemicznej.

Opis zrealizowanych prac

Przeprowadzono pionierskie badania dotyczące metylowania 7- β -D-rybofuranozydu guaniny (7-G) w warunkach zasadowych. Wykazano, że inaczej niż w przypadku guanozyny, preferowanym miejscem podstawienia dla jej 7-izomeru jest atom azotu N3, a drugim w kolejności jest atom azotu N1. Stwierdzono ponadto, że reakcja 7-G z α -bromoketonem w środowisku alkalicznym prowadziła, w przeciwieństwie do sytuacji gdy substratem jest guanozyna, do powstania dwóch różnych produktów tricyklicznych tj. linearnego i angularnego. Struktury wszystkich wyizolowanych produktów określono we współpracy z Zakładem Biomolekularnego NMR, przy użyciu spektroskopii NMR technikami 1D i 2D. Dowody odnośnie miejsca podstawienia rdzenia purynowego dostarczono na podstawie widm ^1H - ^{13}C i ^1H - ^{15}N gHMBC, które porównano z widmami związku wyjściowego i z widmami zsyntetyzowanych związków modelowych. Wyniki badań, obejmujące część syntetyczną i szczegółowe dane NMR, a także ich pogłębione omówienie opublikowano w czasopiśmie *Journal of Molecular Structure*.

Publikacje

1. **M. Rachwałak, J. Romanowska, M. Sobkowski, J. Stawinski**

Nucleoside Di- and Triphosphates as a New Generation of Anti-HIV Pronucleotides. Chemical and Biological Aspects

APPLIED SCIENCES-BASEL 2021, 11, 2248

2. **M. Orlicka-Plocka, A. Fedoruk-Wyszomirska, D. Gurda-Wozna, P. Pawelczak,**

P. Krawczyk, M. Giel-Pietraszuk, G. Framski, T. Ostrowski, E. Wyszko

Implications of Oxidative Stress in Glioblastoma Multiforme Following Treatment with Purine Derivatives

ANTIOXIDANTS 2021, 10, 950

3. **D. Baraniak, J. Boryski**

Triazole-Modified Nucleic Acids for the Application in Bioorganic and Medicinal Chemistry

BIOMEDICINES 2021, 9, 628

4. **M. Pietrowska-Borek, J. Dobrogojski, A.M. Wojdyla-Mamon, J. Romanowska, J. Golebiewska,**

S. Borek, K. Murata, A. Ishihara, M.A. Pedreno, A. Guranowski

Nucleoside 5'-Phosphoramidates Control the Phenylpropanoid Pathway in *Vitis vinifera* Suspension – Cultured Cells

INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES 2021, 22, 13567

5. **M. Rachwałak, J. Golebiewska, T. Jakubowski, J. Stawinski**

Synthesis of Pyridiniumboranephosphonate Diesters and Related Compounds using Trityl Cation as a Borane Hydride Acceptor

SYNTHESIS-STUTTGART 2021, 53, 509–517

6. **A.Parus, J. Homna, D. Radonski, G. Framski, M. Wozniak-Karczewska, A. Syguda, L. Lawniczak, L. Chrzanowski**

Novel esterquat-based herbicidal ionic liquids incorporating MCPA and MCPP for simultaneous stimulation of maize growth and fighting cornflower

ECOTOXICOLOGY AND ENVIRONMENTAL SAFETY 2021, 208, 111595

Prace przyjęte do druku

1. **D. Baranowski, J. Boryski, T. Ostrowski**

7-(β -D-Ribofuranosyl)-3-methylguanine: Synthesis from guanine and comparative multinuclear NMR studies

Journal of Molecular Structure, DOI: 10.1016/j.molstruc.2021.131911

2. **J. Golebiewska, J. Stawinski**

Boranephosphonates. Unraveling chemistry of the P-BH₃ functional group

Phosphorus Sulfur and Silicon and the Related Elements, DOI: 10.1080/10426507.2021.1990922

3. **J. Golebiewska**, A. Bartoszewicz, M. Kalek, **J. Stawinski**

Second generation of nucleotide analogues

Phosphorus Sulfur and Silicon and the Related Elements, DOI:10.1080/10426507.2021.1989689

4. E. Filipiak, **J. Golebiewska**

Nukleozydo boranofosfoniany jako potencjalne środki terapeutyczne

Postępy Biochemii, DOI:10.18388/pb.2021_425

Projekty realizowane w Zakładzie i Pracowni w 2021r.

1. Chemiczna architektura fluorowanych analogów dimerów nukleozydów zawierających łącznik 1, 2, 3-triazolowych o potencjalnym zastosowaniu w biologii molekularnej i medycynie; (SONATA)

Kierownik projektu: dr Dagmara Baraniak

2. Eksploracja drugiej generacji analogów nukleotydu zawierających fosforosulfeno- lub fosforoselenoamidy jako nowe motywy strukturalne; (PRELUDIUM)

Kierownik projektu: dr Justyna Gołębiewska

3. Środowiskowe interdyscyplinarne studia doktoranckie w zakresie nanotechnologii; (POWER) – projekt realizowany w konsorcjum; lider projektu: Uniwersytet im. Adama Mickiewicza (kierownik projektu: prof. dr hab. Stefan Jurga)

Kierownik zadań z ramienia ICHB PAN: dr hab. Michał Sobkowski

4. Interdyscyplinarne studia doktoranckie NanoBioTech; (POWER) – projekt realizowany w konsorcjum; lider projektu: Politechnika Poznańska (kierownik projektu: prof. dr hab. Teofil Jesionowski)

Kierownik zadań z ramienia ICHB PAN: dr hab. Michał Sobkowski

Wynalazki

Patent krajowy

Nowy analog nukleozydo difosforanu, kompozycja farmaceutyczna zawierająca analog nukleozydo difosforanu, jego zastosowanie i sposób syntezy

patent: PL 238768 z 4.10.2021 r.

zgłoszenie: P 422415 z 31.07.2017 r.

Twórcy: **Joanna Romanowska**, **Justyna Gołębiewska**, Marta Rachwałak, Tomasz Jakubowski, Aleksandra Dąbrowska

Zakład Fizjologii Molekularnej Roślin

Kierownik Zakładu: prof. dr hab. Michał Jasiński (0,75 STATUT/0,25 GRANTY)¹²

Skład osobowy¹³

Pracownicy naukowci:

dr Joanna Banasiak (STATUT)

dr Wanda Biała-Leonhard (STATUT)

Pracownicy techniczni:

mgr Aleksandra Paweła (0,75 STATUT/0,25 GRANTY)

Doktoranci:

mgr inż. Tomasz Jamruszka (STATUT)

mgr inż. Konrad Pakuła (STATUT/POWER)

¹² W nawiasach podane źródło finansowania pracowników.

¹³ Stan na 31.12.2021 r.

Działalność statutowa

Badania mechanizmów selektywnego transportu molekuł sygnałowych decydujących o cechach użytkowych roślin uprawnych (prof. dr hab. Michał Jasiński)

Cel badań

Celem badań było określenie możliwości identyfikacji molekuł potencjalnie transportowanych przez białka ABC (ATPazy błony komórkowej) na podstawie indukcji przez te molekuły aktywności ATPazowej tych białek.

Opis zrealizowanych prac

W układzie modelowym transportery ABC *Medicago truncatula*/metabolity wyspecjalizowane tj. MtABCG46/fenylpropanoidy, wykazano zależność pomiędzy indukcją aktywności ATPazowej a translokacją m.in. likwiritigeniny poprzez błony biologiczne. Przeprowadzone testy wykazały istnienie szeregu zależności pomiędzy molekułami transportowanymi a: (i) aktywnością ATPazową MtABCG46, (ii) sekwencją aminokwasową w obrębie domen kluczowych dla transportu i hydrolizy ATP. Jednocześnie zależności te nie dotyczą lub dotyczą w ograniczony sposób innych, nietransportowanych molekuł. Z uwagi na prostotę testu aktywności ATPazowej jako narzędzia w np. testach przesiewowych planowane są dalsze badania i optymalizacja możliwości wykorzystania tej metody do identyfikacji np. endogennych substratów roślinnych białek ABC. Uzyskane wyniki stały się podstawą do złożonego wniosku NCN PRELUDIUM, który uzyskał finansowanie. Publikacja opisująca wykorzystanie tej metody w przygotowaniu.

Publikacje

1. **K. Jarzaniak, J. Banasiak, T. Jamruszka, A. Paweła, M. Di Donato, O. Novak, M. Geisler, M. Jasiński**

Early stages of legume-rhizobia symbiosis are controlled by ABCG-mediated transport of active cytokinins

NATURE PLANTS 2021, 7, 428–436

2. L.H. Tran, **A. Urbanowicz, M. Jasiński, M. Jaskolski, M. Ruszkowski**

3D domain swapping dimerization of the receiver domain of cytokinin receptor CRE1 from *Arabidopsis thaliana* and *Medicago truncatula*

FRONTIERS IN PLANT SCIENCE 2021, 12, 756341

3. **W. Biała-Leonhard, L. Zanin, S. Gottardi, R. de Brito Francisco, S. Venuti, F. Valentinuzzi, T. Mimmo, S. Cesco, B. Bassin, E. Martinoia, R. Pinton, M. Jasiński, N. Tomasi**

Identification of an isoflavonoid transporter required for the nodule establishment of the Rhizobium-Fabaceae symbiotic interaction

FRONTIERS PLANT SCIENCE 2021, 12, 758213

4. **J. Banasiak, T. Jamruszka, J.D. Murray, M. Jasiński**

A roadmap of plant membrane transporters in arbuscular mycorrhizal and legume–rhizobium symbioses

PLANT PHYSIOLOGY 2021, 187, 2071–2091

5. **J. Banasiak, M. Jasiński**

ATP-binding cassette transporters in nonmodel plants

NEW PHYTOLOGIST 2021, 233, 1597–1612

Projekty realizowane w Zakładzie w 2021 r.

1. Molekularne determinanty selektywnego transportu będącego udziałem roślinnych transporterów ABCG; (OPUS)

Kierownik projektu: prof. dr hab. Michał Jasiński

2. Transportery ABCG w dystrybucji fenylpropanoidów u *Medicago truncatula* uniwersalność vs. specjalizacja; (OPUS)

Kierownik projektu: prof. dr hab. Michał Jasiński

3. Produkcja białka MtABCG46 w systemie heterologicznym – przygotowanie do analizy strukturalnej; (MINIATURA)

Kierownik projektu: dr inż. Wanda Biała-Leonhard

Zakład Genetyki Molekularnej

Kierownik Zakładu: prof. dr hab. Piotr Kozłowski (0,9 STATUT/0,1 GRANTY)¹⁴

Skład osobowy¹⁵

Pracownicy naukowi:

dr hab. Marzena Wojciechowska, prof. ICHB PAN (0,6 STATUT/0,4 GRANTY)

dr hab. Anna Jasińska

dr Paulina Gałka-Marciniak (GRANTY)

dr Malwina Suszyńska (STATUT)

dr Martyna Urbanek-Trzeciak (0,5 STATUT)

dr Ilamathi Thirusenthilarasan (GRANTY)

Pracownicy techniczni:

mgr Katarzyna Chojnacka (0,2 STATUT/0,8 GRANTY)

Doktoranci:

mgr Paulina Nawrocka

mgr inż. Adrian Tiré (stypendium NCN)

Pracownia Bioinformatyki

Kierownik: dr Anna Philips (GRANTY)

Pracownicy naukowi:

dr Nicoletta Makowska- Zawierucha (GRANTY)

dr Natalia Szóstak (GRANTY)

Pracownicy techniczni:

dr Dorota Magner (GRANTY)

dr Aneta Sawikowska (0,5 GRANTY)

mgr Katarzyna Tomela (GRANTY)

Działalność statutowa

Opracowanie nowych metod, testów i strategii analiz genetycznych (prof. dr hab. Piotr Kozłowski)

Cel badań

Opracowanie strategii do wstępnej analizy mutacji germinalnych w genach „kandydatach” przedyspozycji do zachorowania na nowotwory przy wykorzystaniu metody sekwencjonowania nowej generacji DNA połączonych w pule.

Opis zrealizowanych prac

Próbki DNA pobrane od ~400 pacjentek z rakiem jajnika połączono po 16 indywidualnych próbek/pulę, uzyskując łącznie 25 pul, które następnie zostały poddane sekwencjonowaniu nowej generacji. Uzyskane dane przeanalizowano z wykorzystaniem programu SureCall, a następnie przeprowadzono proces filtracji i walidacji wykrytych wariantów. Uzyskane wyniki potwierdziły, że metoda sekwencjonowania pul DNA jest wiarygodną i oszczędną metodą do wykrywania rzadkich wariantów genetycznych (mutacji) w genach „kandydatach”.

¹⁴ W nawiasach podano źródło finansowania pracowników.

¹⁵ Stan na 31.12.2021r.

- P. Galka-Marciniak, M.O. Urbanek-Trzeciak, P.M. Nawrocka, P. Kozlowski**
A pan-cancer atlas of somatic mutations in miRNA biogenesis genes
NUCLEIC ACIDS RESEARCH 2021, 49, 601–620
- L. Lepkes, M. Kayali, B. Blumcke, J. Weber, **M. Suszynska**, S. Schmidt, J. Borde, **K. Klonowska**, B. Wappenschmidt, J. Hauke, **P. Kozlowski**, R.K. Schmutzler, E. Hahnen, C. Ernst
Performance of In Silico Prediction Tools for the Detection of Germline Copy Number Variations in Cancer Predisposition Genes in 4208 Female Index Patients with Familial Breast and Ovarian Cancer
CANCERS 2021, 13, 118
- E. Golden, R. Rashwan, E.A. Woodward, A. Sgro, E. Wang, A. Sorolla, C. Waryah, W.J. Tie, E. Cuyas, M. Ratajska, I. Kardas, **P. Kozlowski**, E.K.M. Johnstone, H.B. See, C. Duffy, J. Parry, K.A. Lagerborg, P. Czapiewski, J.A. Menendez, A. Gorczynski, B. Wasag, K.D.G. Pflieger, C. Curtis, B.K. Lee, J. Kim, J. Cursons, N.J. Pavlos, W. Biernat, M. Jain, A.J. Woo, A. Redfern, P. Blancafort
The oncogene AAMDC links PI3K-AKT-mTOR signaling with metabolic reprogramming in estrogen receptor-positive breast cancer
NATURE COMMUNICATIONS 2021, 12, 1920
- A. Bernardi, D. Gobelli, J. Serna, **P. Nawrocka**, G. March-Rossello, A. Orduna, **P. Kozlowski**, M. Simarro, M.A. de la Fuente
Novel fluorescent-based reporter cell line engineered for monitoring homologous recombination events
PLOS ONE 2021, 16, e0237413
- D. Gudanis, K. Zielinska, D. Baranowski, R. Kierzek, P. Kozlowski, Z. Gdaniec**
Impact of a Single Nucleotide Change or Non-Nucleoside Modifications in G-Rich Region on the Quadruplex-Duplex Hybrid Formation
BIOMOLECULES 2021, 11, 1236
- K. Stempa, D. Wokolorczyk, W. Kluzniak, E. Rogoza-Janiszewska, K. Malinska, H. Rudnicka, T. Huzarski, J. Gronwald, K. Gliniewicz, T. Debniak, A. Jakubowska, M. Lener, J. Tomiczek-Szwiec, P. Domagala, **M. Suszynska, P. Kozlowski**, T. Kluz, M. Naczek, J. Lubinski, S.A. Narod, M.R. Akbari, C. Cybulski, Polish Hereditary Prostate Cancer Consortium
Do BARD1 Mutations Confer an Elevated Risk of Prostate Cancer
CANCERS 2021, 13, 5464
- P.M. Nawrocka, P. Galka-Marciniak, M.O. Urbanek-Trzeciak, I. Thirusenthilarasan, N. Szostak, A. Philips**, L. Susok, M. Sand, **P. Kozlowski**
Profile of basal cell carcinoma mutations and copy number alterations -focus on gene-associated noncoding variants
FRONTIERS IN ONCOLOGY 2021, 11, 752579
- U. Kozlowska, A. Klimczak, K.A. Bernatowicz, T. Zalewski, N. Rozwadowska, **K. Chojnacka**, S. Jurga, E.R. Barnea, M.K. Kurpisz
Assessment of Immunological Potential of Glial Restricted Progenitor Graft In Vivo-Is Immunosuppression Mandatory?
CELLS 2021, 10, 1804
- N. Makowska**, K. Bresa, R. Koczura, **A. Philips, K. Nowis**, J. Mokracka
Urban wastewater as a conduit for pathogenic Gram-positive bacteria and genes encoding resistance to β -lactams and glycopeptides
SCIENCE OF THE TOTAL ENVIRONMENT 2021, 765, 144176
- K. Nowis, P. Jackowiak, M. Figlerowicz, A. Philips**
At-C-RNA database, a one-stop source for information on circRNAs in *Arabidopsis thaliana* in a unified format
DATABASE: THE JOURNAL OF BIOLOGICAL DATABASES AND CURATION 2021, 2021, baab074

11. **A. Sawikowska, A. Piasecka**, P. Kachlicki, P. Krajewski
Separation of Chromatographic Co-Eluted Compounds by Clustering and by Functional Data Analysis
METABOLITES 2021, 11, 214
12. T.M. Winkelmuller, F. Entila, S. Anver, **A. Piasecka**, B.X. Song, E. Dahms, H. Sakakibara, X.C. Gan, **K. Kulak, A. Sawikowska**, P. Krajewski, M. Tsiantis, R. Garrido-Oter, K. Fukushima, P. Schulze-Lefert, S. Laurent, **P. Bednarek**, K. Tsuda
Gene expression evolution in pattern-triggered immunity within *Arabidopsis thaliana* and across *Brassicaceae* species
PLANT CELL 2021, 33, 1863–1887
13. A. Mieldzioc, M. Mokrzycka, **A. Sawikowska**
Identification of Block-Structured Covariance Matrix on an Example of Metabolomic Data
SEPARATION 2021, 8, 205

Prace przyjęte do druku

1. **M.O. Urbanek-Trzeciak, P. Kozłowski, P. Galka-Marciniak**
miRMut: Annotation of mutations in miRNA genes from human whole-exome or whole-genome sequencing
Star Protocols, DOI: 10.1016/j.xpro.2021.101023
2. A. Kumari, S. Sedehizadeh, J.D. Brook, **P. Kozłowski, M. Wojciechowska**
Differential fates of introns in gene expression due to global alternative splicing
Human Genetics, DOI: 10.1007/s00439-021-02409-6
3. **M. Suszynska**, M. Ratajska, **P. Galka-Marciniak, A. Ryszkowska**, D. Wydra, J. Debniak, A. Jasiak, B. Wasag, C. Cybulski, **P. Kozłowski**
Variant identification in BARD1, PRDM9, RCC1, and RECQL in patients with ovarian cancer by targeted next-generation sequencing of DNA pools
Cancer prevention research, DOI: 10.1158/1940-6207.CAPR-21-0295
4. S. Sedehizadeh, **M. Wojciechowska**, A. Ketley, J.D. Brook, P. Maddison
Splicing in two skeletal muscle transcripts correlates with clinical phenotype in myotonic dystrophy type 1 patients
Journal of Neurology, DOI: 10.1007/s00415-021-10917-8
5. **A.J. Jasinska**, A. Haghani, J.A. Zoller, C.Z. Li, A. Arneson, J. Ernst, K. Kavanagh, M.J. Jorgensen, J.A. Mattison, K. Wojta, O-W. Choi, J. DeYoung, X. Li, A.W. Rao, G. Coppola, N.B. Freimer, P.R. Woods, S. Horvath
Epigenetic clock and methylation studies in vervet monkeys
Geroscience, DOI: 10.1007/s11357-021-00466-3

Projekty realizowane w Zakładzie w 2021 r.

1. Analiza somatycznych mutacji w genach miRNA i w genach biogenezy miRNA w celu identyfikacji nowych celów terapii i biomarkerów chorób nowotworowych; (MAESTRO)
Kierownik projektu: prof. dr hab. Piotr Kozłowski
2. Analiza roli genu BARD1, jako czynnika warunkującego genetyczną predyspozycję do raka piersi – zastosowanie unikalnej strategii, analizy asocjacji mutacji założeńskich; (OPUS)
Kierownik projektu: prof. dr hab. Piotr Kozłowski
3. Identyfikacja mutacji aktywujących raka w niekodujących częściach genów kodujących białka i w genach długich niekodujących RNA; (OPUS)
Kierownik projektu: prof. dr hab. Piotr Kozłowski
4. Wyjaśnienie molekularnych przyczyn i skutków podwyższonego poziomu ekspresji kolistych RNA w dystrofii mięśniowej typu pierwszego (DM1); (OPUS)
Kierownik projektu: dr hab. Marzena Wojciechowska

5. Wysokoprzepustowe testy przesiewowe w celu wyselekcjonowania niskocząsteczkowych związków chemicznych osłabiających patogenezę dystrofii miotonicznej typu drugiego (DM2); (OPUS)
Kierownik projektu: dr hab. Marzena Wojciechowska
6. Geny oporności na antybiotyki i integrony jako wskaźniki zanieczyszczenia biotycznego i obciążenia opornością ekosystemów Arktyki; (SONATINA)
Kierownik projektu: dr Nicoletta Makowska-Zawierucha
7. Wpływ nowotworowych mutacji somatycznych w genach miRNA na funkcjonowanie tych cząsteczek i ich potencjalną rolę w nowotworach; (SONATA)
Kierownik projektu: dr Paulina Gałka-Marciniak
8. Mikrobiom powietrza – charakterystyka mikroorganizmów bytujących w pyłe zawieszonym w powietrzu obszarze miejskiego i ich wpływ na zdrowie człowieka (OPUS) – projekt realizowany w konsorcjum; lider projektu: ICHB PAN
Kierownik projektu: dr Anna Philips
9. Mapa Mikrobiomu Polski (POIR) – projekt realizowany w konsorcjum; lider projektu: ICHB PAN
Kierownik projektu: dr Anna Philips, zastępca kierownika: dr Luiza Handschuh

Zakład Genomiki Strukturalnej RNA

Kierownik Zakładu: prof. dr hab. Elżbieta Kierzek (0,7 STATUT/0,3 GRANTY)¹⁶

Skład osobowy¹⁷

Pracownicy naukowcy:

dr Marta Szabat (GRANTY)

dr Marta Soszyńska-Józwiak (GRANTY)

Pracownicy techniczni:

mgr inż. Grażyna Dominiak (STATUT)

Doktoranci:

mgr Aleksandra Jarmołowicz (0,05 STATUT/0,2 GRANTY/POWER)

mgr inż. Klaudia Wieczorek (STATUT/GRANTY)

mgr Maria Tomaszewska (stypendium NCN)

mgr Mikołaj Lurc (stypendium NCN)

Działalność statutowa

Uniwersalne elementy strukturalne w RNA wirusów grypy (prof. dr hab. Elżbieta Kierzek wspólnie z dr. Pawłem Zmora)

Cel badań

RNA wirusa grypy ulega mutacjom prowadzącym do powstania nowych szczepów i podtypów, a także (rzadziej) możliwa jest reasortacja genomu pomiędzy różnymi podtypami wirusa. Cechy te powodują konieczność corocznego wytwarzania nowych szczepionek umożliwiających walkę z epidemiami i groźnymi pandemiemi. Ewolucyjna zmienność genomu wirusa grypy musi jednak mieścić się w granicach zachowania funkcjonalności białek oraz RNA. Celem badań było wyszukanie elementów uniwersalnych w strukturze drugorzędowej wirusowego RNA, a więc o potencjalnym znaczeniu funkcyjnym. W badaniach wykorzystana została analiza bioinformatyczna wsparta badaniami *in vitro* wybranych wirusowych RNA. Znaczenie zidentyfikowanych uniwersalnych elementów strukturalnych będzie ostatecznie sprawdzane poprzez nakierowywanie na nie oligonukleotydowych inhibitorów w liniach komórkowych.

¹⁶ W nawiasach podane źródło finansowania pracowników.

¹⁷ Stan na 31.12.2021 r.

Opis zrealizowanych prac

Zanalizowano bioinformatycznie konserwatywność sekwencji i struktury vRNA segmentu 5 dwóch szczepów typu A wirusa grypy: A/California/04/2009 (H1N1) (Cal04) oraz A/Vietnam/1203/2004 (H5N1) (Viet1203). Analiza, przeprowadzona na podstawie 39364 sekwencji, była nastawiona na poszukiwania rejonów o następujących cechach: dany fragment powinien być konserwatywny pod względem struktury drugorzędowej, a zmiany sekwencji powinny zachowywać strukturę drugorzędową RNA. Zwrócono uwagę na wspólne dla obu szczepów motywy strukturalne spełniające te kryterium i zanalizowano je pod względem funkcjonalności oraz możliwości zastosowania jako celów dla oligonukleotydowych inhibitorów.

Publikacje

1. **P. Michalak, J. Piasecka, B. Szutkowska, R. Kierzek, E. Biala, W.N. Moss, E. Kierzek**

Conserved structural motifs of two distant IAV subtypes in genomic segment 5 RNA

VIRUSES-BASEL 2021, 13, 525

2. **M. Soszynska-Jozwiak, M. Pszczola, J. Piasecka, J.M. Peterson, W.N. Moss, K. Taras-Goslinska, R. Kierzek, E. Kierzek**

Universal and strain specific structure features of segment 8 genomic RNA of influenza A virus – application of 4-thiouridine photocrosslinking

JOURNAL OF BIOLOGICAL CHEMISTRY 2021, 297, 101245

3. **M. Tomaszewska, M. Szabat, K. Zielinska, R. Kierzek**

Identification and Structural Aspects of G-Quadruplex-Forming Sequences from the Influenza A Virus Genome

INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES 2021, 22, 6031

Projekty realizowane w Zakładzie w 2021 r.

1. Udział struktury RNA wirusa grypy typu A w regulację jego replikacji. Wysokoprzepustowa analiza ligandów niskocząsteczkowych nakierowanych na inhibicję replikacji wirusa grypy; (OPUS)

Kierownik projektu: prof. dr hab. Elżbieta Kierzek

2. Inhibicja replikacji SARS-CoV-2 nacełowana na wirusowe RNA; (SZYBKA ŚCIEŻKA DOSTĘPU DO FUNDUSZY NA BADANIA NAD COVID-19)

Kierownik projektu: prof. dr hab. Elżbieta Kierzek

3. Sekwencje bogate w reszty G w genomie wirusa grypy typu A – cechy strukturalne i potencjalna funkcja biologiczna w cyklu replikacyjnym wirusa; (SONATA)

Kierownik projektu: dr Marta Szabat

4. Długie niekodujące RNA – nowy cel terapii antygrypowej; (SONATA)

Kierownik projektu: dr Marta Soszyńska-Jóźwiak

5. Modyfikowane siRNA, rybozymy i system CRISPR/Cas jako strategię inhibicji namnażania wirusa grypy typu A. Zastosowanie i porównanie metod inhibicji nakierowanych na wirusowe RNA; (PRELUDIUM)

Kierownik projektu: dr Julita Piasecka

Zakład Metabolomiki Funkcjonalnej Roślin

Kierownik Zakładu: prof. dr hab. Paweł Bednarek (0,625 STATUT/0,375 GRANTY)¹⁹

Skład osobowy²⁰

Pracownicy naukowci:

dr Himani Agrawal (0,875 STATUT/0,125 GRANTY)

¹⁹ W nawiasach podane źródło finansowania pracowników.

²⁰ Stan na 31.12.2021 r.

dr Justyna Lalak-Kańczugowska (GRANTY)
dr Anna Piasecka (0,075 STATUT/0,925 GRANTY)
dr Gopal Singh (GRANTY)

Pracownicy techniczni:

mgr inż. Sylwia Bugaj (0,625 STATUT/0,375 GRANTY)
mgr Paweł Czerniawski (STATUT)

Doktoranci:

mgr inż. Serhii Kozin (stypendium NCN)

Działalność statutowa

Metabolity wtórne w regulacji odpowiedzi immunologicznej na wzorce molekularne związane z patogenem (prof. dr hab. Paweł Bednarek)

Cel badań

Temat jest kontynuacją wyników opublikowanych przez Frerigmann et al. (*Molecular Plant* 2016). Celem badań było poznanie elementów szlaku metabolizmu glukozynolanów indolowych, które są konieczne dla prawidłowej indukcji ekspresji genów związanych z biosyntezą fitoaleksyn podczas odpowiedzi *Arabidopsis thaliana* na wzorzec molekularny związany z patogenem.

Opis zrealizowanych prac

Prowadzono analizy metabolomiczne wygenerowanych w poprzednim roku mutantów *A. thaliana*: potrójnego *cyp81f2 cyp71a12 cyp71a13* i poczwórnego *pen2 cyp81f2 cyp71a12 cyp71a13* poddanych działaniu wzorca molekularnego flg22. Wstępne wyniki analiz potwierdziły, że w pojedynczym mutancie *cyp81f2* kwas indolo-3-karboksylowy i kamaleksyna były produkowane w alternatywnym szlaku niezależnym od monooksygenaz CYP71A12 i CYP71A13. Rozpoczęto też analizy podatności tych mutantów na infekcję przez patogen grzybowy. Wygenerowano podwójnego mutantu *cyp81f2 cyp71b6*.

Publikacje

1. P. Czerniawski, A. Piasecka, P. Bednarek

Evolutionary changes in the glucosinolate biosynthetic capacity in species representing *Capsella*, *Camelina* and *Neslia* genera

PHYTOCHEMISTRY 2021, 181, 112571

2. A. Kosaka, M. Pastorczyk, M. Pislewska-Bednarek, T. Nishiuchi, E. Ono, H. Suemoto, A. Ishikawa, H. Frerigmann, M. Kaido, K. Mise, P. Bednarek, Y. Takano

Tryptophan-derived metabolites and BAK1 separately contribute to *Arabidopsis* postinvasive immunity against *Alternaria brassicicola*

SCIENTIFIC REPORTS 2021, 11, 1488

3. M. Pastorczyk-Szlenkier, P. Bednarek

UGT76B1 controls the growth-immunity trade-off during systemic acquired resistance

MOLECULAR PLANT 2021, 14, 544–546

4. H. Frerigmann, M. Piotrowski, R. Lemke, P. Bednarek, P. Schulze-Lefert

A network of phosphate starvation and immune-related signaling and metabolic pathways controls the interaction between *Arabidopsis thaliana* and the beneficial fungus *Colletotrichum tofieldiae*

MOLECULAR PLANT-MICROBE INTERACTIONS 2021, 34, 560–570

5. R. Sugiyama, R. Li, A. Kuwahara, R. Nakabayashi, N. Sotta, T. Mori, T. Ito, N. Ohkama-Ohtsu, T. Fujiwara, K. Saito, R.T. Nakano, P. Bednarek, M.Y. Hirai

Retrograde sulfur flow from glucosinolates to cysteine in *Arabidopsis thaliana*

PROCEEDINGS OF THE NATIONAL ACADEMY OF SCIENCES OF THE UNITED STATES OF AMERICA (PNAS) 2021, 118, e2017890118

6. T.M. Winkelmuller, F. Entila, S. Anver, **A. Piasecka**, B.X. Song, E. Dahms, H. Sakakibara, X.C. Gan, **K. Kulak**, **A. Sawikowska**, P. Krajewski, M. Tsiantis, R. Garrido-Oter, K. Fukushima, P. Schulze-Lefert, S. Laurent, **P. Bednarek**, K. Tsuda

Gene expression evolution in pattern-triggered immunity within *Arabidopsis thaliana* and across *Brassicaceae* species

PLANT CELL 2021, 33, 1863–1887

7. K. W. Wolinska, N. Vannier, T. Thiergart, B. Pickel, **A. Piasecka**, **M. Pislewska-Bednarek**, S. Gremmen, R. T. Nakano, Y. Belkhadir, **P. Bednarek**, S. Hacquard

Tryptophan metabolism and bacterial commensals prevent fungal dysbiosis in *Arabidopsis* roots

PROCEEDINGS OF THE NATIONAL ACADEMY OF SCIENCES OF THE UNITED STATES OF AMERICA 2021, 118, e2111521118

8. **A. Sawikowska**, **A. Piasecka**, P. Kachlicki, P. Krajewski

Separation of Chromatographic Co-Eluted Compounds by Clustering and by Functional Data Analysis

METABOLITES 2021, 11, 214

Projekty realizowane w Zakładzie w 2021 r.

1. Wpływ subkomórkowej lokalizacji wybranych enzymów na specyficzność ich funkcji w biosyntezie i metabolizmie bioaktywnych związków wytwarzanych przez rośliny z rodziny Brassicaceae; (OPUS)

Kierownik projektu: prof. dr hab. Paweł Bednarek

2. Międzygatunkowa inżynieria szlaków metabolicznych jako narzędzie w badaniu funkcji metabolitów wtórnych w systemie immunologicznym roślin; (OPUS)

Kierownik projektu: prof. dr hab. Paweł Bednarek

3. Molekularne podstawy modyfikacji i aktywacji glukozyzolanów w odporności roślin Brassicaceae na inhibicję replikacji wirusa grypy; (OPUS)

Kierownik projektu: prof. dr hab. Paweł Bednarek

Zakład Struktury i Funkcji Biomolekuł

Kierownik Zakładu: prof. dr hab. Wojciech Rypniewski (STATUT)²¹

Skład osobowy²²

Pracownicy naukowci:

dr hab. Agnieszka Kiliszek (0,67 STATUT/0,33 GRANTY)

dr Magdalena Bejger (STATUT)

dr Leszek Błaszczuk (STATUT)

Doktoranci:

mgr Katarzyna Biniak-Antosiak (0,6 STATUT/0,4 GRANTY)

mgr Martyna Pluta (stypendium NCN)

mgr inż. Marcin Ryczek (stypendium NCN)

Działalność statutowa

**Badania zależności między strukturą i funkcją biomolekuł
(prof. dr hab. Wojciech Rypniewski)**

Cel badań

Celem była charakterystyka strukturalna i funkcjonalna interesujących cząsteczek biologicznych, zarówno białek, jak i RNA. Poznanie struktury tych cząsteczek umożliwia zrozumienie ich funkcji

²¹ W nawiasach podano źródło finansowania pracowników.

²² Stan na 31.12.2021 r.

i właściwości fizykochemicznych. Czasem też analiza strukturalna cząsteczek biologicznych pozwala na wyciągnięcie bardziej ogólnych wniosków co do ich natury i pochodzenia.

Opis zrealizowanych prac

a) Szczegółowa analiza kryształów zawierających enancjomery L i D oligomeru RNA wykazała ich asymetryczne upakowanie w sieci krystalicznej. Regułą jest, że stereoisomery powiązane są symetrią lustrzaną i posiadają ekwiwalentne właściwości, a ich chemiczna synteza skutkuje mieszką racemiczną, w której enancjomery występują w równych ilościach. W zbadanej sieci krystalicznej enancjomery różniły się strukturą, kontaktami sieciowymi i różnie oddziaływały z roztworem. Zaproponowano, że enancjomery w takiej sieci krystalicznej będą się też różnić stabilnością i może to doprowadzić do zachwiania naturalnej równowagi między nimi. Ma to znaczenie dla pytania, jak w erze prebiotycznej doszło do selekcji L-aminokwasów i D-cukrów, i eliminacji ich symetrycznych izomerów (publikacja 1).

b) Zbadano pierwszą strukturę krystalograficzną „minibiałka” zaprojektowanego *ab initio* i porównano ją z modelem teoretycznym. Użycie aminokwasów *beta* umożliwiło projektowanie nadzwyczaj małych i jednocześnie stabilnych struktur białkowych. Wykazano na tym przykładzie, że można z sukcesem projektować elementy struktury drugorzędowej. Natomiast ułożenie tych elementów względem siebie, czyli struktura trzeciorzędowa, jest wciąż trudne do przewidzenia. Okazało się też, że cząsteczki tworzą stabilne dimery, co było niespodziewane na gruncie teoretycznym (publikacja 2).

Publikacje

1. A. Kiliszek, L. Blaszczyk, M. Bejger, W. Rypniewski

Broken symmetry between RNA enantiomers in a crystal lattice

NUCLEIC ACIDS RESEARCH 2021, 49, 12535–12539

2. M. Bejger, P. Fortuna, M. Drewniak-Switalska, J. Plewka, W. Rypniewski, L. Berlicki

A computationally designed beta-amino acid-containing miniprotein

CHEMICAL COMMUNICATIONS 2021, 57, 6015–6018

3. S. Rykowski, D. Gurda-Wozna, M. Orlicka-Plocka, A. Fedoruk-Wyszomirska, M. Giel-Pietraszuk, E. Wyszko, A. Kowalczyk, P. Staczek, A. Bak, A. Kiliszek, W. Rypniewski, A.B. Olejniczak

Design, Synthesis, and Evaluation of Novel 3-Carboranyl-1,8-Naphthalimide Derivatives as Potential Anticancer Agents

INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES 2021, 22, 2772

4. P. Maj, A. Jarmula, P. Wilk, M. Prokopowicz, W. Rypniewski, Z. Zielinski, A. Dowiercial, A. Bzowska, W. Rode

Molecular Mechanism of Thymidylate Synthase Inhibition by N-4-Hydroxy-dCMP in View of Spectrophotometric and Crystallographic Studies

INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES 2021, 22, 4758

5. W. Rypniewski

Wychodzimy z kompleksów

FORUM AKADEMICKIE 2021, 9, 26–29

Projekty realizowane w Zakładzie w 2021r.

1. Badanie enzymów chitynolitycznych zmierzające do skonstruowania sztucznego chitynosomu; (OPUS)

Kierownik projektu: prof. dr hab. Wojciech Rypniewski

2. Enzymy szlaku biosyntezy L-metioniny jako nowe cele molekularne dla chemioterapii przeciwgrzybowej; (OPUS) – projekt realizowany w konsorcjum; lider projektu: Politechnika Gdańska (kierownik projektu: dr hab. Iwona Gabriel)

Kierownik zadań z ramienia ICHB PAN: prof. dr hab. Wojciech Rypniewski

3. Opracowanie metodologii umożliwiającej stabilizację RNA w formie spinki do badań krystalograficznych; (SONATA BIS)

Kierownik projektu: dr hab. Agnieszka Kiliszek

4. W jaki sposób struktura RNA kieruje funkcją matrycowego RNA? Aspekty strukturalne i funkcjonalne kluczowe dla syntezy białka p53 – głównego regulatora podstawowych procesów w komórce; (SONATA)

Kierownik projektu: dr Leszek Błaszczak

5. Granice życia: różnorodność, strategie adaptacyjne oraz potencjał biotechnologiczny drobnoustrojów żyjących w głębinach morskich Arktyki; (GRIEG) – projekt realizowany w konsorcjum; lider projektu: Uniwersytet Gdański (kierownik projektu: prof. dr hab. Tadeusz Kaczorowski)

Kierownik zadań z ramienia ICHB PAN: prof. dr hab. Wojciech Rypniewski

Zakład Biochemii Rybonukleoprotein

Kierownik Zakładu: dr hab. Anna Kurzyńska-Kokorniak, prof. ICHB PAN

(0,1 STATUT/0,9 GRANTY)²³

Skład osobowy²⁴

Pracownicy naukowci:

dr Kamil Szpotkowski (GRANTY)

Doktoranci:

mgr Kinga Ciechanowska (0,75 GRANTY/POWER)

mgr inż. Agnieszka Szczepańska (stypendium NCN)

mgr inż. Marta Wojnicka (stypendium NCN)

Działalność statutowa

Poszukiwanie nowych układów modelowych do badania oddziaływań białko-kwas nukleinowy (dr hab. Anna Kurzyńska-Kokorniak)

Cel badań

Celem prowadzonych badań było opracowanie metodologii umożliwiającej wizualizację w czasie rzeczywistym powstających w komórkach kompleksów ludzkiej rybonukleazy Dicer (hDicer) z cząsteczkami RNA.

Opis zrealizowanych prac

W poprzednim okresie sprawozdawczym uzyskano szereg konstruktów (plazmidów ekspresyjnych) zawierających sekwencję cDNA hDicer (PubMed, NM_030621), do której dołączono na końcu 5' lub 3' sekwencję kodującą peptyd fluorescencyjny (białko czerwonej fluorescencji mCardinal) lub znacznik typu SNAP-tag. W roku 2021 kontynuowano badania z wykorzystaniem embrionalnych komórek ludzkiej nerki (HEK293). Do komórek zostały wprowadzone metodą transfekcji: (i) uzyskane wcześniej konstrukty genetyczne oraz (ii) jednoniciowe cząsteczki RNA zaopatrzone w znacznik fluorescencyjny FAM. Przeprowadzone obserwacje mikroskopowe z wykorzystaniem mikroskopu holotomograficznego, który umożliwia bezinwazyjne obrazowanie wnętrza żywych komórek w czasie rzeczywistym, bez ich utrwalania, uszkodzenia lub modyfikacji chemicznej, pozwoliły na przyżyciową wizualizację wyznakowanej hDicer produkowanej w komórkach z plazmidu ekspresyjnego oraz wizualizację cząsteczek RNA (potencjalnych substratów

²³ W nawiasach podane źródło finansowania pracowników.

²⁴ Stan na 31.12.2021 r.

hDicer). Ponadto badano wpływ czynników apoptotycznych oraz transfekcyjnych na żywotność komórek produkujących wyznakowaną hDicer.

Publikacje

1. **K. Ciechanowska, M. Pokornowska, A. Kurzyńska-Kokorniak**

Genetic Insight into the Domain Structure and Functions of Dicer-Type Ribonucleases
INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES 2021, 22, 616

2. **N. Koralewska, A. Szczepanska, K. Ciechanowska, M. Wojnicka, M. Pokornowska, M.C. Milewski, D. Gudanis, D. Baranowski, C. Nithin, J.M. Bujnicki, Z. Gdaniec, M. Figlerowicz, A. Kurzyńska-Kokorniak**

RNA and DNA G-quadruplexes bind to human dicer and inhibit its activity
CELLULAR AND MOLECULAR LIFE SCIENCES 2021, 78, 3709–3724

3. **A. Szczepanska, M. Wojnicka, A. Kurzyńska-Kokorniak**

The significance of the DUF283 Domain for the Activity of Human Ribonuclease Dicer
INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES 2021, 22, 8690

4. **J.F. Barciszewski, K. Szpotkowski, J. Wisniewski, R. Kolodziejczyk, D. Rakus, M. Jaskolski, A. Dzugaj**

Structural studies of human muscle FBPase
ACTA BIOCHIMICA POLONICA 2021, 68, 5–14

5. **D.M. Janecki, A. Swiatkowska, J. Szpotkowska, A. Urbanowicz, M. Kabacinska, K. Szpotkowski, J. Ciesiolka**

Poly(C)-binding Protein 2 Regulates the p53 Expression via Interactions with the 5'-Terminal Region of p53 mRNA
INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES 2021, 22, 13306

6. **K. Szpotkowski**

Miód, jego powstanie, struktura a las
PRZEGLĄD LEŚNICZY, 2021, 1, 29–32

7. **K. Szpotkowski**

Bukowa spiżarnia, czyli o znaczeniu i sposobach wykorzystania zasobów przyrodniczych Puszczy Bukowej
WYDAWNICTWO CHRONICON 2021, 271-307, ISBN 978-83-960840-4-0

Projekty realizowane w Zakładzie w 2021 r.

1. Niepoznane obszary aktywności ludzkiej rybonukleazy Dicer; (SONATA BIS)

Kierownik projektu: dr hab. Anna Kurzyńska-Kokorniak

2. Poznanie strukturalnych uwarunkowań oddziaływań pomiędzy kasetą PPC ludzkiej rybonukleazy Dicer a cząsteczkami RNA i DNA przyjmującymi struktury G-kwadrupleksu; (MINIATURA)

Kierownik projektu: dr Kamil Szpotkowski

3. Opracowanie wysokoprzepustowego systemu umożliwiającego szybką ocenę aktywności biologicznych związków skierowanych na kompleks replikacyjny SARS-CoV-2, wytypowanie związków o najwyższym potencjale terapeutycznym i ocena ich cytotoksyczności wobec komórek ludzkich; (POIR) – projekt realizowany w konsorcjum; lider projektu: ideas4biology Sp. z o.o.

Kierownik zadań z ramienia ICHB PAN: dr hab. Anna Kurzyńska-Kokorniak

Zakład Bioinżynierii Kwasów Nukleinowych

Kierownik Zakładu: dr hab. Anna Pasternak, prof. ICHB PAN
(0,85 STATUT/0,15 GRANTY)²⁵

²⁵ W nawiasach podane źródło finansowania pracowników.

Skład osobowy²⁶

Pracownicy naukowci:

dr Weronika Kotkowiak (0,9 STATUT/0,1 GRANTY)

dr inż. Jolanta Lisowiec-Wąchnicka (STATUT)

Pracownicy techniczni:

dr Zofia Jahnz-Wechmann (0,9 STATUT/0,1 GRANTY)

Doktoranci:

mgr Eugenie Abi Nader (stypendium NCN)

mgr Natalia Bartyś (0,15 STATUT/0,1 GRANTY/POWER)

mgr Carolina Pereira Roxo (STATUT)

Działalność statutowa

Badania właściwości fizykochemicznych oraz biologicznych modyfikowanych oligonukleotydów o potencjale diagnostycznym oraz terapeutycznym (dr hab. Anna Pasternak)

Cel badań

Chemiczna synteza nowych pochodnych UNA oraz oligonukleotydów DNA zawierających nowe pochodne nukleozydów.

Opis zrealizowanych prac

W ramach realizacji zadania badawczego opracowano szlak syntezy chemicznej pochodnych urydyny ze zdefiniowanymi podstawnikami w pozycji 5 pierścienia zasady. Modyfikacja została tak zaplanowana, żeby uzyskać podstawienie zawierające wiązanie amidowe. Wykorzystując kwas 2,4-dihydroksypirymidyno-5-karboksyłowy oraz chlorek tionylu w obecności DMF otrzymano chlorek kwasowy, który posłużył jako substrat do dalszych modyfikacji. Przeprowadzając szereg reakcji przekształcano chlorek kwasu 2,4-dihydroksypirymidyno-5-karboksyłowego w pochodne uracylu funkcjonalizowane w pozycji 5 przy zastosowaniu odpowiednich alkoholi, a następnie poddano je reakcji rybozylacji. Chlorek kwasu 2,4-dihydroksypirymidyno-5-karboksyłowego wykorzystano również w bezpośredniej reakcji z rybozą. Niemniej jednak zaobserwowano bardzo niską wydajność oczekiwanych produktów oraz szereg produktów ubocznych. Dalsze eksperymenty pozwoliły jednak na ostateczne zoptymalizowanie i dobranie warunków tak, że w pierwszym etapie przekształcano chlorek kwasu 2,4-dihydroksypirymidyno-5-karboksyłowego w 5-amidouracyl prowadząc reakcję z aminami alifatycznymi lub aromatycznymi w obecności trójetyloaminy, a następnie tak modyfikowane zasady poddawano reakcji rybozylacji metodą sililową z BSA jako czynnikiem sililującym w acetonitrylu oraz chlorkiem cyny (SnCl₄) jako katalizatorem. Otrzymane pochodne nukleozydu przekształcono w wyniku szeregu reakcji w produkty finalne, które z sukcesem wykorzystano do chemicznej syntezy modyfikowanych oligonukleotydów DNA metodą amidofosforynową na podłożu stałym. Otrzymane oligonukleotydy zostały oczyszczone, a następnie wstępnie przebadane pod kątem trwałości termodynamicznej tworzonych struktur oraz właściwości przeciwzakrzepowych. Powyższe badania stały się istotnym elementem wniosku o przyznanie grantu naukowego, z sukcesem zakończonego otrzymaniem finansowania z Narodowego Centrum Nauki (OPUS 21).

Publikacje

1. C. Roxo, W. Kotkowiak, A. Pasternak

G4 Matters-The Influence of G-Quadruplex Structural Elements on the Antiproliferative Properties of G-Rich Oligonucleotides

INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES 2021, 22, 4941

²⁶ Stan na 31.12.2021 r.

2. **W. Kotkowiak, A. Pasternak**

Beyond G-Quadruplexes – The Effect of Junction with Additional Structural Motifs on Aptamers Properties

INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES 2021, 22, 9948

3. **W. Kotkowiak, Z. Jahnz-Wechmann, A. Pasternak**

A Comprehensive Analysis of the Trombin Binding Aptamer Containing Functionalized Pyrrolo-2'-deoxycytidines

PHARMACEUTICALS 2021, 14, 1326

4. **D. Lorent, R. Nowak, C. Roxo, E. Lenartowicz, A. Makarewicz, B. Zaremba, S. Nowak, L. Kuszel, J. Stefaniak, R. Kierzek, P. Zmora**

Prevalence of Anti-SARS-CoV-2 Antibodies in Poznan, Poland, after the First Wave of the COVID-19 Pandemic

VACCINES 2021, 9, 541

5. **A. Pasternak, W. Kotkowiak**

Therapeutic Potential of G-quadruplex Structural Junctions

SCHOLARLY COMMUNITY ENCYCLOPEDIA, 2021, Category: Chemistry, Medicinal Biochemistry & Molecular Biology (Entry ID: 16140, <https://encyclopedia.pub/16140>)

Projekty realizowane w Zakładzie w 2021 r.

1. Uwarunkowania strukturalne właściwości przeciwnowotworowych oligonukleotydów bogatych w guanozynę; (OPUS)

Kierownik projektu: dr hab. Anna Pasternak

2. Oligonukleotydy tworzące trypleksy jako nowe narzędzia do rozplatania struktury G-kwadrupleksu oraz selektywnej inhibicji transkrypcji onkogenu c-Myc; (OPUS)

Kierownik projektu: dr hab. Anna Pasternak

3. Dwufunkcyjne oligonukleotydy antysensowe – optymalizacja w regulacji alternatywnego splicingu w nowotworowych liniach komórkowych; (SONATA)

Kierownik projektu: dr inż. Jolanta Lisowiec-Wąchnicka

4. Nowe bispecyficzne koniugaty G-kwadrupleksów jako potencjalne leki przeciwnowotworowe; (PRELUDIUM)

Kierownik projektu: mgr Carolina Pereira Roxo

Zakład Biologii Obliczeniowej Niekodującego RNA

Zakład powołano 1.04.2021 r.

Kierownik Zakładu: dr hab. Barbara Uszczyńska-Ratajczak, prof. ICHB PAN (GRANTY)²⁷

Skład osobowy²⁸

Pracownicy naukowi:

dr Gadecar Veerenda (GRANTY)

Pracownicy techniczni:

dr Daniel Kuźnicki (STATUT)

Doktoranci:

mgr Monika Kwiatkowska (stypendium NCN)

Działalność statutowa

Zastosowanie metod obliczeniowych do identyfikacji genów niekodujących białek w genomach kręgowców

²⁷ W nawiasach podane źródło finansowania pracowników.

²⁸ Stan na 31.12.2021 r.

Cel badań

Celem prowadzonych w Zakładzie badań było opracowanie metod obliczeniowych do identyfikacji długich niekodujących RNA z użyciem technik uczenia maszynowego.

Opis zrealizowanych prac

Identyfikacja i charakterystyka pełnego zestawu genów jest jednym z najważniejszych aspektów zrozumienia informacji przechowywanej w ludzkim genomie. Jednak obecny katalog ludzkich genów wykazuje wyraźne oznaki niekompletności, ponieważ wiele genów ma wciąż fragmentaryczne modele lub wciąż pozostaje nieskatalogowanych. Stwierdzenie to dotyczy w szczególności genów niekodujących białek. W przeciwieństwie do genów kodujących białka, lncRNA mają nieznaną zależność między sekwencją a funkcją. Co więcej, lncRNA są słabo zachowane podczas ewolucji, co utrudnia identyfikację ich ortologów lub paralogów na podstawie podobieństwa sekwencji. Żadne cechy sekwencji ani elementy funkcjonalne nie mogą być obecnie użyte do wydajnej identyfikacji nowych lncRNA, co oznacza, że wykrywanie lncRNA opiera się prawie całkowicie na detekcji fizycznych dowodów transkrypcji. W ramach naszych badań rozwijaliśmy X-pipe – podejście oparte na uczeniu maszynowym do przewidywania na poziomie całego genomu jednostek transkrypcyjnych, które nie kodują białek. Wstępne wyniki testowania zarówno klasyfikatorów maszyn wektorów nośnych (SVM), jak i lasów losowych (*Random Forest*) wykazały, że X-pipe nie tylko może skutecznie przewidzieć regiony podlegające transkrypcji, ale także pewnie przypisać nic do tych sekwencji. Co więcej, odsetek fałszywych odkryć uzyskanych prognoz wynosił poniżej 7%, co wskazuje, że zidentyfikowane ślady transkrypcji mogą być autentyczne. Wreszcie, proponowane podejście jest agnostyczne względem genomu i będzie można je zastosować do dowolnego genomu zwierzęcego i roślinnego.

Publikacje

1. U. Nowicka, P. Chroscicki, K. Stroobants, M. Sładowska, M. Turek, **B. Uszczyńska-Ratajczak**, R. Kundra, T. Goral, M. Perni, C.M. Dobson, M. Vendruscolo, A. Chacinska
Cytosolic aggregation of mitochondrial proteins disrupts cellular homeostasis by stimulating the aggregation of other proteins
eLIFE 2021, 10, e65484
2. S.C. Sala, **B. Uszczyńska-Ratajczak**, J. Lagarde, R. Johnson, R. Guigo
Annotation of Full-length Long Noncoding RNAs with Capture Long-Read Sequencing
[w:] FUNCTIONAL ANALYSIS OF LONG NON-CODING RNAs, Methods in Molecular Biology (red. H. Cao), 2021, 2254, 133–159 *SPRINGER*

Projekty realizowane w Zakładzie w 2021 r.

Identyfikacja nowych, długich niekodujących RNA u *Danio pręgowanego*, czyli rzucanie nowego światła na ciemną materię genomu; (OPUS)²⁹

Kierownik projektu: dr hab. Barbara Uszczyńska-Ratajczak

Zakład Biologii Rozwoju

Kierownik Zakładu: dr hab. Takashi Miki, prof. ICHB PAN (0,9 STATUT/0,1 GRANTY)³⁰

Skład osobowy³¹

Doktoranci:

mgr Ilkin Aygun (stypendium NCN)

mgr Alicja Rzepczak (stypendium NCN)

²⁹ W nawiasach podane źródło finansowania pracowników.

³⁰ W nawiasach podane źródło finansowania pracowników.

³¹ Stan na 31.12.2021 r.

Działalność statutowa

Mechanizmy i role degradacji RNA w rozwoju zwierząt (dr hab. Takashi Miki)

Cel badań

Celem prowadzonych badań było poznanie znaczenia degradacji RNA w rozwoju zwierząt poprzez mechanistyczną i fenotypową charakterystykę RNaz oraz białek wiążących RNA przy użyciu organizmu modelowego *Caenorhabditis elegans*.

Opis zrealizowanych prac

Różne typy RNA uczestniczą w procesach regulacji genów, a ich poziomy zależą od równowagi między biogenezą a degradacją. O ile biogeneza RNA została dość dobrze poznana, o tyle mechanizmy degradacji RNA i ich rola w rozwoju zwierząt są nadal słabo zbadane. Główną rolę w degradacji RNA odgrywają rybonukleazy (RNazy), natomiast oznaczanie RNA przeznaczonego do degradacji odbywa się z udziałem innych białek wiążących RNA (ang. *RNA-binding proteins*, RBPs). Egzorybonukleaza XRN2 5'-3', stanowiąca główny przedmiot badań, jest odpowiedzialna za degradację różnych typów RNA w jądrze komórkowym i jest niezbędna w rozwoju *C. elegans*. Badania za pomocą losowej mutagenyzy pozwoliły zidentyfikować geny związane z regulującą syntezę glicerolu, które są supresorami genu *xrn-2* w linii zarodkowej. Nicienie z inaktywowanym białkiem XRN2 nie wytworzyły oocytów, co wskazuje, że XRN2 wspiera oogenezę w procesie związanym z regulacją syntezy glicerolu. Inne badane białko wiążące RNA, PUF-9, należy do rodziny Pumilio i FBF i jest odpowiedzialne za rozpoznawanie określonych mRNA w celu wywołania ich degradacji lub represji translacyjnej. Poprzez analizę poziomu ekspresji PUF-9 znakowanego GFP wykazano jego wzmożoną ekspresję w spermatocytach i plemnikach. Zwierzęta z delecją *puf-9* wykazywały zmniejszoną liczebność populacji następnej generacji w porównaniu ze zwierzętami typu dzikiego. Wyniki wskazują, że PUF-9 wpływa na produkcję lub funkcjonalność plemników w celu zwiększenia płodności (nieopublikowane wyniki badań).

Publikacje

I. Aygun, T.S. Miki

Nuclear RNA regulation by XRN2 and XTBD family proteins
CELL STRUCTURE AND FUNCTION 2021, 46, 73–78

Prace przyjęte do druku

B. Seget, M. Bogdziewicz, J. Holeksa, M. Ledwon, F. Milne-Rostkowska, L. Piechnik, **A. Rzepczak**, M. Zywiec

Costs and benefits of masting: economies of scale are reduced by negative density-dependence in seedling survival in *Sorbus aucuparia*
New Phytologist, DOI: 10.1111/nph.17887

Projekty realizowane w Zakładzie w 2021 r.

Mechanizmy i role rozwojowe terminacji transkrypcji; (OPUS)
Kierownik projektu: dr hab. Takashi Miki

Zakład Biologii Strukturalnej Eukariontów

Zakład powołano 1.07.2021 r.

Kierownik Zakładu: dr hab. Miłosz Ruszkowski (GRANTY)³²

³² W nawiasach podano źródło finansowania pracowników.

Skład osobowy³³

Pracownicy naukowi:

dr hab. Dariusz Brzeziński (0,15 STATUT/0,3 GRANTY)

dr Marta Grzechowiak (GRANTY)

dr Maria Rutkiewicz (STATUT)

Pracownicy techniczni:

dr hab. Mirosław Gilski (0,2 STATUT/0,3 GRANTY)

Doktoranci:

mgr Ha Linh Tran (stypendium NCN)

mgr Kinga Pokrywka (stypendium NCN)

mgr Wojciech Witek (stypendium NCN)

mgr Stanisław Wosicki

Afiliowani profesorowie:

prof. dr hab. Mariusz Jaskólski (0,45 STATUT/0,3 GRANTY)

Pracownia Inżynierii Białek

Kierownik: dr hab. Anna Urbanowicz (0,1 STATUT/0,9 GRANTY)

Pracownicy naukowi:

dr Joanna Śliwiak (GRANTY)

Pracownicy techniczni:

dr Jakub Barciszewski (0,1 STATUT/0,9 GRANTY)

mgr Alina Kasperska (STATUT)

Doktoranci:

mgr Paulina Bierwagen

Działalność statutowa

Badania krystalograficzne białek i kwasów nukleinowych

(dr. hab. Miłosz Ruszkowski wspólnie z prof. dr hab. Mariuszem Jaskólskim)

Cel badań

Badania struktury i funkcji domeny „receiver” (REC) roślinnego receptora cytokinin.

Opis zrealizowanych prac

Wykazano, że domeny REC tworzą ciasne dimery powstające poprzez wymianę fragmentów białka. Dimeryzacja domeny REC zgadza się z czwartorzędową strukturą całego receptora, ale jest niekompatybilna z modelem jego kompleksu z białkiem przekaźnikowym, co zasugerowało, że powinna nastąpić znaczna zmiana konformacyjna, aby umożliwić transdukcję sygnału. Rzeczywiście, fosforylacja domeny REC okazuje się zmieniać oddziaływanie pomiędzy białkami.

Wyniki przedstawiono w *Frontiers in Plant Science*.

Publikacje

1. **M. Grzechowiak**, B. Sekula, Z. Dauter, **M. Jaskolski**, **M. Ruszkowski**

Serendipitous crystallization of *E. coli* HPII catalase, a sequel to “the tale usually not told”

ACTA BIOCHIMICA POLONICA 2021, 68, 29–31

2. W. Witek, **J. Sliwiak**, **M. Ruszkowski**

Structural and mechanistic insights into the bifunctional HISN2 enzyme catalyzing the second and third steps of histidine biosynthesis in plants

SCIENTIFIC REPORTS 2021, 11, 9647

³³ Stan na 31.12.2021 r.

3. G. Forlani, B. Nocek, **M. Ruskowski**
Peculiar substrate specificity of delta(1)-pyrroline-5-carboxylate reductase in the obligately fermentative bacterium *Zymomonas mobilis*
MOLECULAR BIOLOGY REPORTS 2021, 48, 6205–6211
4. L.H. Tran, **A. Urbanowicz, M. Jasinski, M. Jaskolski, M. Ruskowski**
3D domain swapping dimerization of the receiver domain of cytokinin receptor CRE1 from *Arabidopsis thaliana* and *Medicago truncatula*
FRONTIERS IN PLANT SCIENCE 2021, 12, 756341
5. **D. Brzezinski, M. Kowiel**, D.R. Cooper, M. Cymborowski, M. Grabowski, A. Wlodawer, Z. Dauter, I.G. Shabalin, **M. Gilski, B. Rupp, M. Jaskolski, W. Minor**
Covid-19.bioreproducibility.org: A web resource for SARS-CoV-2-related structural models
PROTEIN SCIENCE 2021, 30, 115–124
6. M. Grabowski, D.R. Cooper, **D. Brzezinski**, J.M. Macnar, I.G. Shabalin, M. Cymborowski, Z. Otwinowski, W. Minor
Synchrotron radiation as a tool for macromolecular X-Ray Crystallography: A XXI century perspective
NUCLEAR INSTRUMENTS & METHODS IN PHYSICS RESEARCH SECTION B-BEAM INTERACTIONS WITH MATERIALS AND ATOMS 2021, 489, 30–40
7. A. Czyzewski, F. Krawiec, **D. Brzezinski**, P.J. Porebski, W. Minor
Detecting anomalies in X-ray diffraction images using convolutional neural networks
EXPERT SYSTEMS WITH APPLICATIONS 2021, 174, 114740
8. M. Grabowski, J.M. Macnar, M. Cymborowski, D.R. Cooper, I.G. Shabalin, **M. Gilski, D. Brzezinski, M. Kowiel**, Z. Dauter, B. Pupp, A. Wlodawer, **M. Jaskolski, W. Minor**
Rapid response to emerging biomedical challenges and threats
IUCRJ 2021, 8, 395–407
9. **D. Brzezinski**, P.J. Porebski, **M. Kowiel**, J.M. Macnar, W. Minor
Recognizing and validating ligands with CheckMyBlob
NUCLEIC ACIDS RESEARCH 2021, 49, W86–W92
10. **M. Jaskolski**, Z. Dauter, I.G. Shabalin, **M. Gilski, D. Brzezinski, M. Kowiel, B. Rupp, A. Wlodawer**
Crystallographic models of SARS-CoV-2 3CL(pro): in-depth assessment of structure quality and validation
IUCRJ 2021, 8238–256
11. M. Ignasiak, K. Nowicka-Bauer, **M. Grzechowiak, M. Sikorski, B. Shashikadze, M. Jaskolski**, B. Marciniak
Sensitized photo-oxidation of plant cytokinin-specific binding protein-Does the environment of the thioether group influence the oxidation reaction? From primary intermediates to stable products
FREE RADICAL BIOLOGY AND MEDICINE 2021, 165, 411–420
12. S. Wosicki, M. Kazmierczyk, **M. Gilski**, H. Zabranska, I. Pichova, **M. Jaskolski**
Crystal structures of inhibitor complexes of M-PMV protease with visible flap loops
PROTEIN SCIENCE 2021, 30, 1258–1263
13. **P. Drozdal, M. Gilski, M. Jaskolski**
Crystal structure of Z-DNA in complex with the polyamine putrescine and potassium cations at ultra-high resolution
ACTA CRYSTALLOGRAPHICA SECTION B-STRUCTURAL SCIENCE CRYSTAL ENGINEERING AND MATERIALS 2021, B77, 331–338
14. J.I. Loch, **B. Imiolczyk, J. Sliwiak**, A. Wantuch, **M. Bejger, M. Gilski, M. Jaskolski**
Crystal structures of the elusive *Rhizobium etli* l-asparaginase reveal a peculiar active site
NATURE COMMUNICATIONS 2021, 12, 6717

15. A. Pyrih, **M. Jaskolski**, A.K. Gzella, R. Lesyk
Synthesis, structure and evaluation of anticancer activity of 4-amino-1,3-thiazolinone/pyrazoline hybrids
JOURNAL OF MOLECULAR STRUCTURE 2021, 1224, 129059
16. **P. Bierwagen, J. Sliwiak, M. Jaskolski, A. Urbanowicz**
Strong interactions between Salp15 homologues from the tick *I. ricinus* and distinct types of the outer surface OspC protein from *Borrelia*
TICKS AND TICK-BORNE DISEASES 2021, 12, 2
17. **J.F. Barciszewski, K. Szpotkowski**, J. Wisniewski, R. Kolodziejczyk, D. Rakus, **M. Jaskolski**, A. Dzugaj
Structural studies of human muscle FBPase
ACTA BIOCHIMICA POLONICA 2021, 68, 5–14
18. **M. Jaskolski**, A. Wlodawer, Z. Dauter, I. Shabalin, M. Chruszcz
Celebrating the 75th birthday of Professor Wladek Minor, one of the most accomplished Polish-American structural biologists
ACTA BIOCHIMICA POLONICA 2021, 68, 1–4
19. B. Naskrecki, Z. Dauter, **M. Jaskolski**
Arithmetic proof of the multiplicity-weighted Euler characteristic for symmetrically arranged space-filling polyhedra
ACTA CRYSTALLOGRAPHICA A- FOUNDATIONS AND ADVANCES 2021, 71, 126–129
20. J.J. Liu, **H. Fernandes**, A. Zamany, M. Sikorski, **M. Jaskolski**, R.A. Sniezko
In-vitro anti-fungal assay and association analysis reveal a role for the *Pinus monticola* PR10 gene (PmPR10-3.1) in quantitative disease resistance to white pine blister rust
GENOME 2021, 64, 693–704
21. W. Minor, **M. Jaskolski**, S.J. Martin, Z. Dauter
Dr. Alexander Wlodawer-celebrating five decades of service to the structural biology community
FEBS JOURNAL 2021, 288, 4160–4264
22. B. Naskrecki, Z. Dauter, **M. Jaskolski**
A topological proof of the modified Euler characteristic based on the orbifold concept
ACTA CRYSTALLOGRAPHICA A-FOUNDATION AND ADVANCES 2021, 77, 317–326
23. **J. Sadoch, M. Pyc, A. Urbanowicz**, A. Iglewski, **R. Pilarski**
High-throughput evolutionary optimization of the induction medium towards recombinant protein production in BY-2 tobacco
BIOTECHNOLOGY AND BIOENGINEERING 2021, 118, 676–689
24. **A. Strugala**, J. Jagielski, **K. Kamel**, G. Nowaczyk, **M. Radom, M. Figlerowicz, A. Urbanowicz**
Virus-Like Particles Produced Using the Brome Mosaic Virus Recombinant Capsid Protein Expressed in a Bacterial System
INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES 2021, 22, 3098
25. **D.M. Janecki, A. Swiatkowska, J. Szpotkowska, A. Urbanowicz, M. Kabacinska, K. Szpotkowski, J. Ciesiolka**
Poly(C)-binding Protein 2 Regulates the p53 Expression via Interactions with the 5'-Terminal Region of p53 mRNA
INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES 2021, 22, 13306

Prace przyjęte do druku

1. **A. Ruszkowska**, Y.Y. Zheng, S. Mao, **M. Ruszkowski**, J. Sheng
Structural Insights into the 5'UG/3'GU Wobble Tandem in Complex with Ba²⁺ Cation.
Frontiers in Molecular Biosciences, DOI:10.3389/fmolb.2021.762786
2. B. Naskrecki, **M. Jaskolski**, Z. Dauter
The Euler characteristic as a ground for teaching topology concepts to crystallographers
Journal of Applied Crystallography, DOI: 10.1107/S160057672101205X

Projekty realizowane w Zakładzie i Pracowni w 2021 r.

1. Trójwymiarowe Peptydowo-Organiczne Szkielety Supramolekularne; (SYMFONIA)
– projekt realizowany w konsorcjum; lider projektu: Instytut Chemii Organicznej PAN (kierownik projektu: dr hab. Agnieszka Szumna)
Kierownik zadań z ramienia ICHB PAN: prof. dr hab. Mariusz Jaskólski
2. Nowe L-asparaginazy jako potencjalne środki terapeutyczne i cele molekularne dla zwalczania infekcji: badania strukturalne i funkcjonalne enzymów o podwójnym znaczeniu dla projektowania leków (OPUS)
Kierownik projektu: prof. dr hab. Mariusz Jaskólski
3. Roślinny szlak biosyntezy histydyny: badania strukturalne i funkcjonalne jako wstęp do projektowania inhibitorów i aktywatorów; (SONATA)
Kierownik projektu: dr hab. Miłosz Ruszkowski
4. Walidacja modeli PDB potencjalnych celów terapeutycznych dla SARS-CoV-2; (SZYBKA ŚCIEŻKA DOSTĘPU DO FUNDUSZY NA BADANIA NAD COVID-19)
Kierownik projektu: prof. dr hab. Mariusz Jaskólski
5. Zwiększenie kompetencji i przygotowanie kompleksowej oferty obsługi i wsparcia studentów i kadry międzynarodowej w ICHB PAN; (WELCOME TO POLAND)
Kierownik projektu: dr hab. Miłosz Ruszkowski

Zakład Biologii Strukturalnej Organizmów Prokariotycznych

Zakład powołano 1.04.2021 r.

Kierownik Zakładu: dr hab. Krzysztof Brzeziński, prof. ICHB PAN (GRANTY)³⁴

Skład osobowy³⁵

Pracownicy naukowcy:

dr Paweł Drożdżał (STATUT)

dr Piotr Małecki (GRANTY)

Pracownicy techniczni:

dr Barbara Imiołczyk (0,8 STATUT/0,2 GRANTY)

mgr Marlena Komorowska (GRANTY)

Doktoranci:

mgr Magdalena Gawęł (stypendium NCN)

mgr Katarzyna Woźniak (stypendium NCN)

Magistranci:

Aleksandra Arning (stypendium NCN)

Działalność statutowa

Charakterystyka strukturalna i funkcjonalna makromolekuł biologicznych

Cel badań

Celem zadania było zbadanie wpływu jonów metali na strukturę i aktywność hydrolaz S-adenozyl-L-homocysteiny (SAHaz).

Opis zrealizowanych prac

Analizowano wpływ jonów metali alkalicznych i przejściowych na aktywność SAHaz pochodzenia bakteryjnego i ludzkiego. Wykazano, że w przeciwieństwie do innych SAHaz, aktywność enzymu

³⁴ W nawiasach podane źródło finansowania pracowników.

³⁵ Stan na 31.12.2021 r.

z cyjanobakterii (*Synechocystis*, SynSAHaza) nie zależy od obecności lub braku jonów metali jednowartościowych. Badania krystalograficzne SynSAHazy wykazały, że przyczyną tego są jedynie nieznaczne różnice w budowie centrum aktywnego, które uniemożliwiają wiązanie kationu w trakcie cyklu katalitycznego. W kolejnych badaniach przedstawiono, że jony metali przejściowych silnie hamują aktywność SAHaz bakteryjnych oraz ludzkiej. Badania strukturalne wykazały kilka odrębnych mechanizmów inaktywacji SAHaz przez jony metali przejściowych. Uzyskane wyniki posłużyły do przygotowania manuskryptu, który obecnie znajduje się na etapie recenzji Malecki, P.H., Imiolczyk, B., Barciszewski, J., Czyrko-Horczak, J., Sliwiak, J., Gawel, M., Jaskolski, M., Brzezinski, K. „Biochemical and Structural Insights into an Unusual, Alkali Metal-independent S-adenosyl-L-homocysteine Hydrolase from *Synechocystis* sp. PCC 6803”.

Publikacje

1. D. Pawelski, A. Walewska, S. Ksiezak, D. Sredzinski, P. Radziwon, M. Moniuszko, A. Eljaszewicz, R. Lazny, **K. Brzezinski**, M.E. Plonska-Brzezinska
Monocarbonyl Analogs of Curcumin Based on the Pseudopelletierine Scaffold: Synthesis and Anti-Inflammatory Activity
INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES 2021 22, 11384
2. **P. Drozdal**, **M. Gilski**, **M. Jaskolski**
Crystal structure of Z-DNA in complex with the polyamine putrescine and potassium cations at ultra-high resolution
ACTA CRYSTALLOGRAPHICA SECTION B-STRUCTURAL SCIENCE CRYSTAL ENGINEERING AND MATERIALS 2021, B77, 331–338
3. D.M. Carter, E. Specker, **P.H. Malecki**, J. Przygodda, K. Dudaniec, M.S. Weiss, U. Heinemann, M. Nazare, U. Gohlke
Enhanced Properties of a Benzimidazole Benzylpyrazole Lysine Demethylase Inhibitor: Mechanism-of-Action Binding Site Analysis, and Activity in Cellular Models of Prostate Cancer
JOURNAL OF MEDICINAL CHEMISTRY 2021, 64, 14266–14282
4. F. Ebner, K. Lindner, K. Janek, A. Niewianda, **P.H. Malecki**, M.S. Weiss, T.E. Sutherland, A. Heuser, A.A. Kuhl, J. Zentek, A. Hofmann, S. Hartmann
A Helminth-Derived Chitinase Structurally Similar to Mammalian Chitinase Displays Immunomodulatory Properties in Inflammatory Lung Disease
JOURNAL OF IMMUNOLOGY RESEARCH 2021, 6234836

Prace przyjęte do druku

1. A. Chyzy, D. Pawelski, V. Vivcharenko, A. Przekora, M. Bratychak, J. Brezko, **P. Drozdal**, M.E. Plonska-Brzezinska
Microwave-Assisted Synthesis of Modified Glycidyl Methacrylate–Ethyl Methacrylate Oligomers, Their Physico-Chemical and Biological Characteristics
Molecules, DOI: 103390/molecules27020337

Projekty realizowane w Zakładzie w 2021 r.

Hamowanie aktywności hydrolazy S-adenozyl-L-homocysteiny z *Pseudomonas aeruginosa* poprzez wpływ na dynamikę enzymu; (SONATA BIS)³⁶
Kierownik projektu: dr hab. Krzysztof Brzeziński

³⁶ Projekt realizowany w ICHB od 1.10.2020 r.

Zakład Biotechnologii Medycznej

Kierownik Zakładu: dr hab. Agnieszka Fiszer, prof. ICHB PAN (0,1 STATUT/0,9 GRANTY)³⁷

Skład osobowy³⁸

Pracownicy naukowcy:

dr Adam Ciesiołka (GRANTY)

dr Magdalena Jazurek-Ciesiołka (STATUT)

dr Emilia Kozłowska (GRANTY)

dr Paweł Świtoński (GRANTY)

dr Magdalena Woźna-Wysocka (GRANTY)

Pracownicy techniczni:

mgr Paula Sobieszkańska (0,1 STATUT/0,9 GRANTY)

Doktoranci:

mgr Agata Ciołek (STATUT)

mgr Paweł Joachimiak (STATUT)

Działalność statutowa

Biologia RNA związanych z chorobami neurodegeneracyjnymi wywoływanych ekspansją ciągów powtórzeń (dr hab. Agnieszka Fiszer)

Cel badań

Celem badań była charakterystyka nowych modeli komórkowych i zwierzęcych chorób poliglutaminowych służąca poznaniu nowych ścieżek patogenez, ze szczególnym uwzględnieniem szlaków zależnych od RNA i zmian w poziomie różnych typów RNA.

Opis zrealizowanych prac

W celu rozróżnienia ścieżek zależnych od zmutowanego RNA od tych związanych z obecnością zarówno zmutowanego RNA jak i białka, kontynuowano analizy wykonywane z użyciem nowych modeli choroby Huntingtona (HD) i ataksji rdzeniowo-mózdkowej typu 3 (SCA3). Nowe modele mysie HD charakteryzowały się obecnością fragmentu zmutowanego genu *HTT* z około 100 powtórzeniami CAG (mutacja odpowiedzialna za HD) w *locus Rosa26*. Dodatkowo obecne były odpowiednie znaczniki dla precyzyjnych analiz RNA i białka transgenu. Analizowano trzy grupy zwierząt: HD/100Q (z transgenem ulegającym ekspresji na poziomie RNA i białka), HD/100CAG (gdzie powstaje tylko zmutowany transkrypt) oraz grupę kontrolną typu dzikiego. W 2021 roku wykonano charakterystykę molekularną oraz ocenę zdolności motorycznych dla kolejnych punktów czasowych wieku zwierząt, tj. 12 i 18 miesięcy (w 2020 roku zebrano dane dla punktów 4 i 8 miesięcy). Wyniki charakterystyki modeli są planowane do finalizacji publikacją w następnym roku. Ponadto wykonano szereg analiz bioinformatycznych na podstawie wyników RNA-seq z linii komórkowych SH-SY5Y uzyskanych dla modelu SCA3. W tych liniach indukowano na 72 h ekspresję transgenu *ATXN3* z około 120 powtórzeniami CAG (mutacja odpowiedzialna za SCA3), przy czym uzyskano linie z ekspresją transgenu na poziomie RNA i białka, jak i wyłącznie z ekspresją na poziomie RNA. W wyniku bioinformatycznej selekcji ścieżek i specyficznych czynników, wykonano analizy eksperymentalne służące walidacji wybranych obserwacji metodami ukierunkowanymi na określony RNA lub białko. Uzyskane wyniki posłużą do publikacji dotyczącej nowych ścieżek patogenez SCA3, planowanej do finalizacji w przyszłym roku.

³⁷ W nawiasach podane źródło finansowania pracowników.

³⁸ Stan na 31.12.2021 r.

Publikacje

- A. Ciesiolka, A. Stroynowska-Czerwinska, P. Joachimiak, A. Ciolak, E. Kozłowska, M. Michalak, M. Dabrowska, M. Olejniczak, K.D. Raczynska, D. Zielinska, M. Wozna-Wysocka, W.J. Krzyzosiak, A. Fiszer**
Artificial miRNAs targeting CAG repeat expansion in ORFs cause rapid deadenylation and translation inhibition of mutant transcripts
CELLULAR AND MOLECULAR LIFE SCIENCES 2021 78, 1577–1596
- L. Przybyl, M. Wozna-Wysocka, E. Kozłowska, A. Fiszer**
What, When and How to Measure-Peripheral Biomarkers in Therapy of Huntington's Disease
INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES 2021, 22, 1561
- E. Koscianska, E. Kozłowska, A. Fiszer**
Regulatory Potential of Competing Endogenous RNAs in Myotonic Dystrophies
INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES 2021, 22, 6089
- B. Tymoniuk, P. Zmora, J. Latowska, A. Grabowska, A. Ciesiolka, P. Joachimiak, G. Figura, M. Borowiec, K. Rolle, L. Handschuh, A. Fiszer**
Genetic tests based on the RT-PCR reaction in the diagnostics of SARS-CoV-2 infection
PRZEGLĄD EPIDEMIOLOGICZNY 2021, 75, 14–26
- M. Wozna-Wysocka, L. Przybyl, M. Jazurek-Ciesiolka, P.M. Switonski, J. Suszynska-Zajczyk, P. Sobieszczanska, D. Wronka, J.O. Misiorek, G. Figura, A. Ciesiolka, W.J. Krzyzosiak, M. Figiel, A. Fiszer**
B03 Novel HD mouse models enabling new pathogenic mechanisms discovery
JOURNAL OF NEUROLOGY NEUROSURGERY AND PSYCHIATRY 2021, 92, S1, A10
(DOI: 10.1136/jnnp-2021-EHDN.23)
- P.M. Switonski, J.R. Delaney, L.C. Bartelt, C.Niu, M. Ramos-Zapatero, N.J. Spann, A. Alaghatta, T. Chen, E.N. Griffin, J. Bapat, B.L. Sopher, A.R. La Spada**
Altered H3 Histone acetylation impairs high-fidelity DNA repair to promote cerebellar degeneration in spinocerebellar ataxia type 7
CELL REPORTS 2021, 37, 110062
- A.F. Fusco, L.A. Pucci, P.M. Switonski, D.D. Biswas, A.L. McCall, A.F. Kahn, J.S. Dhindsa, L.M. Strickland, A.R. La Spada, M.K. ElMallah**
Respiratory dysfunction in a mouse model of spinocerebellar ataxia type 7
DISEASE MODELS & MECHANISMS 2021, 14, dmm048893
- M. Wozna-Wysocka, M. Rybska, B. Blaszk, B.M. Jaskowski, M. Kulus, J.M. Jaskowski**
Morphological changes in bitches endometrium affected by cystic endometrial hyperplasia – pyometra complex – the value of histopathological examination
BMC VETERINARY RESEARCH 2021, 17, 174
- M. Rybska, M. Wozna-Wysocka, B. Wasowska, M. Skrzypski, M. Kubiak, B. Blaszk, A. Lukomska, T. Nowak, J.M. Jaskowski**
Expression of Transforming Growth Factor Beta Isoforms in Canine Endometrium with Cystic Endometrial Hyperplasia-Pyometra Complex
ANIMALS 2021, 11, 1844

Projekty realizowane w Zakładzie w 2021 r.

- Identyfikacja białek wiążących się do powtórzeń CAG i badanie interakcji RNA-białko w komórkach; (OPUS)
Kierownik projektu: dr Adam Ciesiołka
- Kompleksowa analiza działania oligonukleotydów jako potencjalnych terapeutyków w chorobach poliglutaminowych; (SONATA)
Kierownik projektu: dr hab. Agnieszka Fiszer

3. Translacja inicjowana na powtórzonych sekwencjach CAG w ataksji rdzeniowo-mózdkowej typu 3; (SONATA)

Kierownik projektu: dr Magdalena Jazurek-Ciesiołka

4. Profilowanie mikroRNA w komórkowych modelach choroby Huntingtona stworzonych z użyciem technologii iPSC; (PRELUDIUM)

Kierownik projektu: dr Emilia Kozłowska

5. Eksperymentalna walidacja markerów patogenezы ataksji rdzeniowo mózdkowej typu trzeciego, zidentyfikowanych za pomocą metod wysokoprzepustowych (MINIATURA)

Kierownik projektu: dr Grzegorz Figura

6. Badanie początkowych ścieżek patogenezы DRPLA w modelu ludzkich prekursorów neuronalnych; (DIAMENTOWY GRANT)

Kierownik projektu: inż. Bartosz Nowak

Zakład Chemii Biopolimerów

Kierownik Zakładu: dr hab. Marcin K. Chmielewski, prof. ICHB PAN

(0,5 STATUT/0,5 GRANTY) ³⁹

Skład osobowy⁴⁰

Pracownicy naukowci:

dr Stanisław Trzeciński (0,5 STATUT/0,5 GRANTY)

mgr Joanna Strzelec (GRANTY)

Pracownicy techniczni:

dr Jolanta Brzezińska (GRANTY)

mgr inż. Dominika Krygier (0,1 STATUT/0,9 GRANTY)

Doktoranci:

mgr Anna Stasińska

mgr Magdalena Paluch (STATUT/POWER)

Działalność statutowa

Synteza i analityka modyfikowanych biopolimerów (dr hab. Marcin K. Chmielewski)

Cel badań

Celem prowadzonych badań była chemiczna modyfikacja biopolimerów takich jak nukleozydy lub kwasy nukleinowe w celu uzyskania nowych funkcjonalnych właściwości. W roku 2021 prace syntetyczne skoncentrowane były na następujących podzadaniach:

1. chemicznej modyfikacji końca 5' oligonukleotydów pozwalających badać reakcje tworzenia 5'-fosforanów i 5'-trójfosforanów,
2. badaniu właściwości fosfocystaminowych oligonukleotydów pod kątem zastosowania w sieciowaniu oligonukleotydów RNA oraz RNA-białko,
3. chemicznej syntezie polimerów typu PNIPAM zawierających termowrażliwe grupy,
4. badaniu właściwości fizycznych mikromacierzy DNA.

Opis zrealizowanych prac

W ramach pierwszego podzadania opracowano grupę 2-pirydylo-*N*-benzylo-1-fenylo-etylową i wykazano jej użyteczność w fosforylacji 5'-końca kwasów nukleinowych i nukleotydów. Prowadzono również badania nad wykorzystaniem 3-(pirydyn-2-ylo)-[1,3,2]-oksazafosfolidyny oraz jej

³⁹ W nawiasach podane źródło finansowania pracowników.

⁴⁰ Stan na 31.12.2021 r.

tlenków do syntezy 5'-trójfosforanów. W drugim podzadaniu otrzymano fosfocystaminowe oligonukleotydy RNA z modyfikacją 2'-fluoro oraz wykazano ich skuteczność w sieciowaniu pomiędzy dwoma oligonukleotydami RNA. Uzyskane wyniki weszły w skład pracy doktorskiej mgr inż. Anny Stasińskiej. W trzecim podzadaniu prowadzono badania nad syntezą oraz metodami pomiaru i analizy mas molowych kopolimerów termo-responywnych przy użyciu chromatografii wykluczenia. Nawiązano współpracę z Instytutem Chemii Polimerów Uniwersytetu w Stuttgarcie, kierowanym przez Prof. Dr. Michaela Buchmeisera, w ramach, której pani mgr Magdalena Paluch odbyła 4-miesięczny staż badawczy. W czwartym podzadaniu przeprowadzono charakterystykę strukturalną szkiełek szklanych modyfikowanych powierzchniowo 3-azidopropylotrimetoksylanem i stosowanych do zakotwiczenia kwasów nukleinowych. Skorelowano efektywność wiązania oligonukleotydów z właściwościami strukturalnymi warstw silanowych. Pomiary z użyciem mikroskopii sił atomowych (AFM), rentgenowskiej spektroskopii fotoelektronów (XPS) i reflektometrii rentgenowskiej (XRR) dostarczyły informacji odpowiednio o topografii powierzchni, składzie chemicznym i grubości warstw silanowych. Wyniki zostały opublikowane w *Materials*.

Publikacje

E. Frydrych-Tomczak, **T. Ratajczak**, L. Koscinski, A. Ranecka, N. Michalak, T. Lucinski, H. Maciejewski, S. Jurga, M. Lewandowski, **M.K. Chmielewski**
Structure and Oligonucleotide Binding Efficiency of Differently Prepared Click Chemistry-Type DNA Microarray Slides Based on 3-Azidopropyltrimethoxysilane
MATERIALS 2021, 14, 2855

Projekty realizowane w Zakładzie w 2021 r.

1. Opracowanie wielkoskalowej syntezy kwasów nukleinowych z wykorzystaniem podłoża hybrydowych; (POIR) – projekt realizowany w konsorcjum; lider projektu: FutureSynthesis Sp. z o.o. *Kierownik zadań z ramienia ICHB PAN: dr hab. Marcin Chmielewski*
2. Wdrożenie metody wytworzenia 5'trifosforylowanych kwasów nukleinowych; (TANGO) *Kierownik projektu: dr hab. Marcin Chmielewski*

Wynalazki

Patent międzynarodowy

A cytosine analogue, a method of preparation of a cytosine analogue, a DNA methyltransferase 1 inhibitor, a method for DNA methylation inhibition, the use of the analogue in the treatment of diseases associated with deviations from normal DNA methylation

patent: EP 2556081 z 16.06.2021 r.

zgłoszenie: EP 11716084 z 27.11.2012 r.

Twórcy: **Wojciech T. Markiewicz**, Ewelina Adamska, Beata Plitta, **Małgorzata Giel-Pietraszuk**, **Eliza Wyszko**, Maria Markiewicz, **Tadeusz Kuliński**, **Marcin K. Chmielewski**, **Jan Barciszewski**, **Agnieszka Fedoruk-Wyszomirska**

Zakład Genomiki Roślin

Zakład powołano 1.07.2021 r.

Kierownik Zakładu: dr hab. Agnieszka Żmieńko (0,475 STATUT/0,525 GRANTY)⁴¹

Skład osobowy⁴²

Doktoranci:

mgr inż. Anastasiia Satyr (stypendium NCN)

⁴¹ Stan na 31.12.2021 r.

Magistranci:
Paulina Maciejewska (GRANTY)

Działalność statutowa

Rozwijanie technologii edycji genomów oraz metod oceny jej efektywności i specyficzności (dr hab. Agnieszka Żmieńko, wspólnie z dr hab. Martą Olejniczak) – zadanie przedstawiono na s. 84, poniżej.

Publikacje

1. B. Wrzesinska, **A. Zmienko**, L.D. Vu, I. De Smet, A. Obrepalska-Stepłowska
Multiple cellular compartments engagement in *Nicotiana benthamiana*-peanut stunt virus-satRNA interactions revealed by systems biology approach
PLANT CELL REPORTS 2021, 40, 1247–1267
2. R. Mazur, J. Maszkowska, A. Anielska-Mazur, M. Garstka, L. Polkowska-Kowalczyk, A. Czajkowska, **A. Zmienko**, G. Dobrowolska, A. Kulik
The SnRK2.10 kinase mitigates the adverse effects of salinity by protecting photosynthetic machinery
PLANT PHYSIOLOGY 2021, 187, 2785–2802

Projekty realizowane w Zakładzie w 2021 r.

Udział polimorfizmu liczby kopii genów w naturalnym zróżnicowaniu odpowiedzi ekotypów *Arabidopsis thaliana* na stres biotyczny; (SONATA)
Kierownik projektu: dr hab. Agnieszka Żmieńko

Zakład Inżynierii Genomowej

Kierownik Zakładu: dr hab. Marta Olejniczak, prof. ICHB PAN (0,1 STATUT/0,9 GRANTY)⁴³

Skład osobowy⁴⁴

Pracownicy naukowci:

dr Paweł Śledziński (GRANTY)
mgr Magdalena Dąbrowska (GRANTY)

Pracownicy techniczni:

mgr inż. Anna Kotowska-Zimmer (GRANTY)
mgr Anna Misiukiewicz (GRANTY)

Doktoranci:

mgr Mateusz Nowaczyk (stypendium NCN)
mgr Marianna Pewińska (stypendium NCN)

Magistranci:

Marianna Karwacka (stypendium NCN)

Działalność statutowa

Rozwijanie technologii edycji genomów oraz metod oceny jej efektywności i specyficzności (dr hab. Marta Olejniczak wspólnie z dr hab. Agnieszką Żmieńko)

Cel badań

Celem badań była ocena udziału struktur drugorzędowych formowanych przez wydłużony ciąg powtórzeń CAG w nieprawidłowym splicingu genu huntingtyny.

⁴³ W nawiasach podane źródło finansowania pracowników.

⁴⁴ Stan na 31.12.2021 r.

Opis zrealizowanych prac

Przy użyciu metody CRISPR-Cas9 stworzono homozygotyczne linie HEK293T zawierające jedną (1xCAA) i dwie (2xCAA) interrupcje CAA w wydłużonym ciągu 41 powtórzeń CAG w genie huntingtyny. W ten sposób zaburzono formowanie się struktury spinki tworzonej przez wydłużony ciąg powtórzeń CAG. Wykonano charakterystykę wyprowadzonych linii monoklonalnych poprzez genotypowanie, western blot i PCR ilościowy. W celu zbadania wpływu interrupcji CAA na zaburzony splicing genu huntingtyny oceniono ilość powstającego nieprawidłowego transkryptu, składającego się jedynie z eksonu pierwszego i fragmentu intronu pierwszego. Analizy RT-PCR i RT-qPCR wykazały znaczną redukcję ilości nieprawidłowego transkryptu w liniach 1xCAA i 2xCAA w porównaniu do linii zawierających czyste ciągi 41 powtórzeń CAG. Uzyskane wyniki posłużyły do przygotowania projektu grantowego *Seed Funds* do Europejskiej Sieci Choroby Huntingtona (EHDN). W ramach zadania badawczego optymalizowano także metodę ilościowej oceny skróceń ciągu powtórzeń CAG w genie *HTT* po edycji metodą CRISPR-Cas9 z wykorzystaniem elektroforezy kapilarnej. Dokonano również analizy resekcji końców DNA, zachodzących w wyniku utworzenia dwuniciowego pęknięcia w obrębie powtórzeń CAG w genie *HTT*. Ujawniono dwa różne wzory resekcji obserwowane w następstwie użycia dwóch różnych cząsteczek gRNA. Celem wspólnych badań prowadzonych z Zakładem Genomiki Roślin od 1 lipca 2021 r., było opracowanie skutecznego podejścia do edycji genów *Arabidopsis thaliana* z zastosowaniem CRISPR-Cas9. Zaprojektowano po dwa zestawy gRNA ukierunkowane na sekwencje wybranych genów z rodziny receptor-like protein. Przetestowano ich skuteczność w kierowaniu kompleksu CRISPR-Cas9 do wybranych miejsc, stosując metodę wzbogacenia nCATS połączoną z sekwencjonowaniem nanoporowym. Trwają prace nad opracowaniem szczegółowego protokołu edycji genomu *Arabidopsis thaliana*.

Publikacje

- P. Sledzinski, M. Dabrowska, M. Nowaczyk, M. Olejniczak**
Paving the way towards precise and safe CRISPR genome editing
BIOTECHNOLOGY ADVANCES 2021, 49, 1077737
- A. Ciesiolka, A. Stroynowska-Czerwinska, P. Joachimiak, A. Ciolak, E. Kozłowska, M. Michalak, M. Dabrowska, M. Olejniczak, K.D. Raczynska, D. Zielinska, M. Wozna-Wysocka, W.J. Krzyzosiak, A. Fiszer**
Artificial miRNAs targeting CAG repeat expansion in ORFs cause rapid deadenylation and translation inhibition of mutant transcripts
CELLULAR AND MOLECULAR LIFE SCIENCES 2021 78, 1577–1596
- A. Kotowska-Zimmer, M. Pewinska, M. Olejniczak**
Artificial miRNAs as therapeutic tools: Challenges and opportunities
WIRES RNA 2021, 12, e1640
- M. Olejniczak, A. Kotowska-Zimmer, L. Przybyl, M. Pewinska, J. Suszynska-Zajczyk, D. Wronka, M. Figiel**
I02A CAG repeat-targeting artificial miRNA lowers the mutant huntingtin level in the YAC128 model of huntington's disease
JOURNAL OF NEUROLOGY, NEUROSURGERY AND PSYCHIATRY 2021, 92, S1, A48
- A. Nowak-Terpilowska, **P. Sledzinski**, J. Zeyland
Impact of cell harvesting methods on detection of cell surface proteins and apoptotic markers
BRAZILIAN JOURNAL OF MEDICAL AND BIOLOGICAL RESEARCH 2021, 54, e10197
- P. Sledzinski**, A. Nowak-Terpilowska, J. Zeyland
Cannabinoids in Medicine: Cancer, Immunity, and Microbial Diseases
INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES 2021, 22, 263

Projekty realizowane w Zakładzie w 2021r.

1. Badanie mechanizmów naprawy dwuniciowych pęknięć DNA w regionach mikrosatelitarnych z wykorzystaniem systemu CRISPR/Cas9; (OPUS)

Kierownik projektu: dr hab. Marta Olejniczak

2. Wykorzystanie narzędzi genetycznych w eksperymentalnej terapii chorób poliglutaminowych; (SONATA BIS)

Kierownik projektu: dr hab. Marta Olejniczak

3. Allelo-selektywna terapia dla chorób poliglutaminowych z wykorzystaniem technologii interferencji RNA; (PRELIDIUM BIS)

Kierownik projektu: dr hab. Marta Olejniczak

4. Wykorzystanie systemów do edycji genomu w eksperymentalnej terapii chorób poliglutaminowych; (ETIUUDA)

Kierownik projektu: mgr Magdalena Dąbrowska

5. Uzyskanie nowego modelu komórkowegoopartego na technologii CRISPR-Cas (enChIP) w celu badania mechanizmów naprawy rejonów mikrosatelitarnych DNA; (MINIATURA)

Kierownik projektu: dr Paweł Śledziński

Zakład Metabolizmu RNA

Kierownik Zakładu: dr hab. Zbigniew Warkocki, prof. ICHB PAN (0,1 STATUT/0,9 GRANTY)⁴⁵

Skład osobowy⁴⁶

Pracownicy naukowcy:

dr Damian Janecki (GRANTY)

dr Arkadiusz Kajdasz (GRANTY)

Pracownicy techniczni:

mgr Martyna Kordyś (GRANTY)

Doktoranci:

mgr Dmytro Pandakov (STATUT)

mgr Raneet Sen (stypendium NCN)

Działalność statutowa

Badanie roli białek wiążących RNA w metabolizmie RNA u człowieka (dr hab. Zbigniew Warkocki)

Cel badań

Celem badań było opracowanie protokołu indukcji programowanej śmierci komórkowej (apoptozy) w wybranych liniach modelowych komórek człowieka, a następnie określenie roli w tym procesie białek zaangażowanych w metabolizm RNA, w tym TUT4, TUT7 i DIS3L2.

Opis zrealizowanych prac

Do badań wykorzystano ludzkie linie komórkowe HeLa, HCT116, HEK293 oraz PA-1, w których przetestowano możliwość indukcji apoptozy za pomocą odczynników chemicznych oraz peptydu TRAIL. Indukcję apoptozy oceniano z wykorzystaniem cytometrii przepływowej. Wybrano odpowiednie parametry indukcji apoptozy oraz zoptymalizowano protokół dla wymienionych linii

⁴⁵ W nawiasach podane źródło finansowania pracowników.

⁴⁶ Stan na 31.12.2021 r.

komórkowych. W efekcie sformułowano wnioski na badania wstępne w konkursie NCN Miniatura 5. Zaplanowane badanie zostanie przeprowadzone w pierwszej połowie 2022r., a jego wyniki mogą stać się przyczynkiem dla złożenia kolejnego wniosku grantowego (zgodnie z celem Miniatury).

Publikacje

1. **D.M. Janecki, A. Swiatkowska, J. Szpotkowska, A. Urbanowicz, M. Kabacinska, K. Szpotkowski, J. Ciesiolka**

Poly(C)-binding Protein 2 Regulates the p53 Expression via Interactions with the 5'-Terminal Region of p53 mRNA

INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES 2021, 22, 13306

2. K. Zaorska, **P. Zawierucha**, M. Swierczewska, D. Ostalska-Nowicka, J. Zachwieja, M. Nowicki
Prediction of steroid resistance and steroid dependence in nephrotic syndrome children

JOURNAL OF TRANSLATIONAL MEDICINE 2021, 19, 130

Prace przyjęte do druku

M. Kordys, R. Sen, Z. Warkocki

Applications of the versatile CRISPR-Cas13 RNA-targeting system

WIREs RNA, DOI: 10.1002/wrna.1694

Projekty realizowane w Zakładzie w 2021 r.

1. Określenie roli końców 5' i 3' mRNA LINE-1 w biologii tego retrotranspozonu; (OPUS)

Kierownik projektu: dr hab. Zbigniew Warkocki

2. Badanie urydlacji RNA jako mechanizmu regulacji ekspresji genów u człowieka; (SONATA)

Kierownik projektu: dr hab. Zbigniew Warkocki

3. Identyfikacja białek znoszących oddziaływanie białka PABPC1 z ogonem poli(A) mRNA we wczesnej apoptozie; (MINIATURA)

Kierownik projektu: dr Damian Janecki

4. Opracowanie nowej metody sekwencjonowania końców 3' RNA z zastosowaniem technologii Nanopore; (MINIATURA)

Kierownik projektu: dr inż. Arkadiusz Kajdasz

Zakład Neurobiologii Molekularnej

Kierownik Zakładu: dr hab. Maciej Figiel, prof. ICHB PAN (0,1 STATUT/0,9 GRANTY)⁴⁷

Skład osobowy⁴⁸

Pracownicy naukowcy:

dr Urszula Kozłowska (GRANTY)

dr Magdalena Surdyka (GRANTY)

Pracownicy techniczni:

mgr Piotr Piasecki (0,2 GRANTY)

Doktoranci:

mgr Ewelina Jesion (0,25 GRANTY/POWER)

mgr Żaneta Kalinowska-Pośka (GRANTY)

mgr Jakub Kubiś (stypendium NCN)

mgr inż. Karolina Świtońska-Kurkowska (STATUT)

⁴⁷ W nawiasach podane źródło finansowania pracowników.

⁴⁸ Stan na 31.12.2021 r.

Pracownia Modelowych Organizmów Ssaczych

Kierownik: dr Łukasz Przybył (0,1 STATUT/0,9 GRANTY)

Pracownicy techniczni:

mgr inż. Dorota Wronka (GRANTY)

Działalność statutowa

Definiowanie nowych mechanizmów chorób neurodegeneracyjnych z użyciem mysich i komórkowych (iPSC) modeli chorób poliQ (dr hab. Maciej Figiel)

Cel badań

Celem badań było poznanie mechanizmów neurodegeneracji na różnych etapach choroby, objawiających się zmianami w rozwoju, funkcjach fizjologicznych i starzeniu mózgu obciążonego genetyczną chorobą neurodegeneracyjną. Mechanizmy te są odkrywane w podejściu łączącym dane z behawioru, proteomiki, transkryptomiki, interakcji zmutowanych białek, ich lokalizacji w tkance i komórce oraz metod bioinformatycznych. Badania odbywały się na płaszczynie organizmu, tkanki i komórki w mysich modelach chorób poliglutaminowych (ataksja rdzeniowo mózdkowa 3 SCA3/MJD: model knock-in Ki91 i Ki150; choroba Huntingtona HD: Hu128/21), a także w komórkach iPSC od pacjentów oraz wygenerowanych z nich organoidów mózgowych.

Opis zrealizowanych prac

Wykonano testy behawioralne mysiego modelu Ki150 w celu analizy progresji fenotypu motorycznego. Testy wykazały wcześniejsze pojawienie się fenotypu SCA3 w porównaniu do poprzedniego modelu (Ki91). Wykonano analizę dystrybucji zmutowanej i prawidłowej ataksyny 3 we frakcjach (uzyskanych z mysich mózgow) zawierających kompleksy białkowe. Wykazano, że w przypadku neurytów SCA3 z niższą liczbą powtórzeń CAG (90) transport retrogradowy mitochondriów jest wolniejszy niż u myszy typu dzikiego (*wild type*, WT). Natomiast w przypadku neurytów SCA3 z wyższą liczbą powtórzeń CAG (150) transport mitochondriów w neurytach był zaburzony w obu kierunkach (retro- i anterogradowy). Wyniki dotyczące zmian metabolizmu energetycznego w SCA3 opublikowano w publikacji Wiatr *et al.* Zmiany w populacjach komórek i w rozwoju mózgu HD były badane porównując 60-dniowe organoidy HD z kontrolnymi. Zidentyfikowano różnice w poziomie ekspresji szeregu genów (wytypowanych za pomocą analiz *in silico*) związanych z wybranymi subpopulacjami komórek, takich jak tanacyty, neurony inhibujące, astrocyty i oligodendrocyty. Sekwencjonowanie RNA z pojedynczych komórek 60-dniowych organoidów mózgowych HD i kontrolnych pozwoliło na wytypowanie do dalszej walidacji szeregu markerów specyficznych dla wybranych podtypów komórkowych związanych z neuropatogenezą HD. Ponadto przeprowadzono testy reagentów skierowanych na ciągi poliQ na białecznym modelu SCA3 (Ki150/21) i modelu HD (Hu128/21). Testom poddano reagenty interferencji RNA w formie PHP.eB oraz reagenty biwalentne. Ustalono metody dostarczania reagentów i ich dawki pozwalające na obniżenie zmutowanych białek ATXN3 i HTT.

Publikacje

1. **K. Wiatr, L. Marczak, J-B Perot, E. Brouillet, J. Flament, M. Figiel**

Broad Influence of Mutant Ataxin-3 on the Proteome of the Adult Brain, Young Neurons, and Axons Reveals Central Molecular Processes and Biomarkers in SCA3/MJD Using Knock-In Mouse Model

FRONTIERS IN MOLECULAR NEUROSCIENCE 2021, 14, 658339

2. **K. Switonska-Kurkowska, B. Krist, J. Delimata, M. Figiel**

Juvenile Huntington's Disease and Other PolyQ Diseases, Update on Neurodevelopmental Character and Comparative Bioinformatic Review of Transcriptomic and Proteomic Data

FRONTIERS IN CELL AND DEVELOPMENTAL BIOLOGY 2021, 9, 642773

3. **M. Olejniczak, A. Kotowska-Zimmer, L. Przybyl, M. Pewinska, J. Suszynska-Zajczyk, D. Wronka, M. Figiel**
I02 A CAG repeat-targeting artificial miRNA lowers the mutant huntingtin level in the YAC128 model of huntington's disease
JOURNAL OF NEUROLOGY, NEUROSURGERY AND PSYCHIATRY 2021, 92, S1, A48
4. **M.M. Surdyka, M. Figiel**
Retrograde capabilities of adeno-associated virus vectors in the central nervous system
BIOTECHNOLOGIA 2021, 102 (4), 473–478
5. **M. Wozna-Wysocka, L. Przybyl, M. Jazurek-Ciesiolka, P.M. Switonski, J. Suszynska-Zajczyk, P. Sobieszczanska, D. Wronka, J.O. Misiorek, G. Figura, A. Ciesiolka, W.J. Krzyzosiak, M. Figiel, A. Fiszer**
B03 Novel HD mouse models enabling new pathogenic mechanisms discovery
JOURNAL OF NEUROLOGY NEUROSURGERY AND PSYCHIATRY 2021, 92, S1, A10
(DOI: 10.1136/jnnp-2021-EHDN.23)
6. K. Fiedorowicz, W. Wargocka-Matuszewska, K.A. Ambrozkiewicz, A. Rugowska, L. Cheda, M. Fiedorowicz, A. Zimna, M. Drabik, S. Borkowski, M. Swiatkiewicz, P. Bogorodzki, P. Grieb, P. Hamankiewicz, T.J. Kolanowski, N. Rozwadowska, **U. Kozłowska**, A. Klimczak, J. Kolasinski, Z. Rogulski, M. Kurpisz
Molecular Imaging of Human Skeletal Myoblasts (huSKM) in Mouse Post-Infarction Myocardium
INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES 2021, 22, 10885
7. **L. Przybyl, M. Wozna-Wysocka, E. Kozłowska, A. Fiszer**
What, When and How to Measure-Peripheral Biomarkers in Therapy of Huntington's Disease
INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES 2021, 22, 1561
8. A. Majchrzak-Celinska, **J. Misiorek**, N. Kruhlenia, **L. Przybyl**, R. Kleszcz, **K. Rolle**, V. Krajka-Kuzniak,
COXIBs and 2,5-dimethylcelecoxib counteract the hyperactivated Wnt/ β -catenin pathway and COX-2/PGE2/EP4 signaling in glioblastoma cells
BMC CANCER 2021, 21, 493
- Prace przyjęte do druku
U. Kozłowska, C. Nichols, **K. Wiatr**, **M. Figiel**
From psychiatry to neurology: Psychedelics as prospective therapeutics for neurodegenerative disorders
Journal of Neurochemistry, DOI: 10.1111/jnc.15509

Projekty realizowane w Zakładzie w 2021 r.

1. Odkrywanie zaburzeń rozwoju mózgu w chorobie Huntingtona wynikających z obniżenia całkowitego poziomu huntingtyny w HD, z użyciem iPSC z młodzieńczej formy HD i fuzyjnych organoidów mózgowych; (OPUS)
Kierownik projektu: dr hab. Maciej Figiel
2. Psychodeliki jako potencjalne terapeutyki w chorobach neurodegeneracyjnych – badania w modelu mysim ataksji mózdkowo-rdzeniowej typu 3; (SONATINA) – projekt realizowany w konsorcjum; lider projektu: ICHB PAN
Kierownik projektu: dr Urszula Kozłowska
3. Terapia genowa ataksji rdzeniowo-mózdkowych: przywracanie prawidłowego metabolizmu cholesterolu poprzez mózgową nadekspresję 24-hydroksylazy cholesterolowej (CYP46A1); (E-RARE – SCA-CYP) – projekt realizowany w konsorcjum; lider projektu: Institut National de la Sante et de la Recherche Medicale (kierownik projektu: Dr. Nathalie Cartier)
Kierownik zadań z ramienia ICHB PAN: dr hab. Maciej Figiel
4. Allelo-specyficzne obniżenie poziomu białka polyQ jako strategia terapeutyczna dla choroby Huntingtona oraz ataksji rdzeniowo-mózdkowej typu 3 i 7; (E-RARE – TREATPOLYQ) – projekt

realizowany w konsorcjum; lider projektu: Eberhard Karls Universitaet Tuebingen (kierownik projektu: Dr. Huu Phuc Nguyen)

Kierownik zadań z ramienia ICHB PAN: dr hab. Maciej Figiel

5. Allele selective, CAG-targeted RNAi-based strategy to lower mutant polyQ proteins in polyglutamine ataxias; (National Ataxia Foundation)

Kierownik projektu: dr hab Maciej Figiel

6. Adaptacyjne wielopoziomowe inteligentne zarządzanie danymi dla systemów eksaskalowych; (EuroHPC Joint Undertaking) – projekt realizowany w konsorcjum międzynarodowym; lider – Universidad Carlos III De Madrid (kierownik projektu: Prof. Jesus Carretero)

Kierownik zadań z ramienia ICHB PAN: dr hab Maciej Figiel

Zakład Neuroonkologii Molekularnej

Kierownik Zakładu: dr hab. Katarzyna Rolle, prof. ICHB PAN (0,1 STATUT/0,9 GRANTY)⁴⁹

Skład osobowy⁵⁰

Pracownicy naukowci:

dr Julia Misiorek (GRANTY)

dr Dariusz Wawrzyniak (GRANTY)

Pracownicy techniczni:

dr inż. Paweł Głodowicz (GRANTY)

Doktoranci:

mgr Julia Latowska-Łysiak (GRANTY)

mgr Adriana Grabowska (stypendium NCN)

mgr Małgorzata Grabowska (STATUT)

mgr inż. Konrad Kuczyński (STATUT/POWER)

mgr Żaneta Zarębska (STATUT)

Afiliowani emerytowani profesorowie:

prof. Jan Barciszewski (do 30.06.2021)

Działalność statutowa

Rola miRNA w guzach mózgu (dr hab. Katarzyna Rolle)

Cel badań

Celem badań było określenie udziału mikro RNA (miRNA) w rozwoju i progresji guzów mózgu, ze szczególnym uwzględnieniem ich funkcji w tworzeniu i przebudowie macierzy zewnątrzkomórkowej (ECM) oraz oddziaływania z innymi niekodującymi RNA, np. kolistymi RNA (circRNA).

Opis zrealizowanych prac

W celu identyfikacji miRNA związanych z circRNA w guzach mózgu przeprowadzono analizy *in silico* miRNA oraz białek wiążących RNA, mających sekwencje potencjalnie łączące się z wybranymi cyrkularnymi RNA. Na podstawie powyższych analiz wykonano immunoprecypitację RNA używając przeciwciała skierowanego przeciwko AGO2, co potwierdziło, że wybrane circRNA mogą funkcjonować jako gąbki wiążące miRNA (ang. *miRNA sponges*). To pozwoliło jednocześnie na identyfikację miRNA zaangażowanych wraz z circRNA w procesy przejścia nabłonkowo-mezenchymalnego (EMT). W celu weryfikacji analiz bioinformatycznych przeprowadzono badanie poziomu ekspresji wytypowanych miRNA, circRNA oraz ich potencjalnych cząsteczek docelowych w tkankach glejaka wielopostaciowego (GBM). Wyselekcjonowano dwa miRNA: miR-585-5p oraz miR-1248 zaangażowane w wiązanie circRNA oraz regulację ekspresji genów EMT. Do zbadania

⁴⁹ W nawiasach podane źródło finansowania pracowników.

⁵⁰ Stan na 31.12.2021 r.

wpływu miRNA na proces EMT, zastosowano podejście wykorzystujące obniżenie poziomu miRNA z użyciem inhibitorów miRNA. Przeprowadzono analizę poziomu ekspresji genów istotnych dla tego procesu, takich jak TWIST1, CDH1, CDH2, EGFR, ZEB2, SOX10, COL1A2, VIM i VCAN. Wykazano, że hsa-miR-1248 i hsa-miR-585-5p mogą być potencjalnymi markerami diagnostycznymi dla GBM, a także, że geny TWIST1, CDH2, EGFR, COL1A2, VIM ulegają podwyższonej ekspresji względem tkanki zdrowej, a CDH1, ZEB1, ZEB2, SOX10 – obniżonej ekspresji. Potwierdzono także oddziaływanie miR-1248 z SOX10, VCAN oraz TWIST1, a tym samym jego potencjalny udział w procesie EMT, bezpośrednio związanym z progresją nowotworu oraz tworzeniem ognisk wtórnych guza.

Publikacje

1. **E. Wyszko, M. Popenda, D. Gudanis, J. Sarzynska, A. Belter, P. Perrigue, P. Skowronek, K. Rolle, J. Barciszewski**

The model structure of the hammerhead ribozyme formed by RNAs of reciprocal chirality
BIOSCIENCE REPORTS 2021, 41, BSR20203424

2. **J.O. Misiorek**, A. Przybyszewska-Podstawka, J. Kalafut, B. Paziewska, **K. Rolle**, A. Rivero-Muller, M. Nees

Context Matters: NOTCH Signatures and Pathway in Cancer Progression and Metastasis
CELLS 2021, 10, 94

3. A. Majchrzak-Celinska, **J. Misiorek**, N. Kruhlenia, R. Kleszcz, **K. Rolle**, V. Krajka-Kuzniak, **L. Przybyl**

COXIBs and 2,5-dimethylcelecoxib counteract the hyperactivated Wnt/ β -catenin pathway and COX-2/PGE2/EP4 signaling in glioblastoma cells
BMC CANCER 2021, 21, 493

4. **M. Grabowska**, B.F. Grzeskowiak, **K. Rolle**, R. Mrowczynski
Magnetic Nanoparticles as a Carrier of dsRNA for Gene Therapy

[w:] Bio-Carrier Vectors, Methods in Molecular Biology, red. K. Narayanan, 2021, 2211, 69–81

5. B. Tymoniuk, **P. Zmora, J. Latowska, A. Grabowska, A. Ciesiolka, P. Joachimiak, G. Figura**, M. Borowiec, **K. Rolle, L. Handschuh, A. Fiszer**

Genetic tests based on the RT-PCR reaction in the diagnostics of SARS-CoV-2 infection
PRZEGLĄD EPIDEMIOLOGICZNY 2021, 75, 14–26

6. **M. Grabowska, J.O. Misiorek, Z. Zarebska, K. Rolle**

Applications of noncoding RNAs in brain cancer patients

[w:] Clinical Applications of Non-Coding RNAs in Cancer, red. S. Gupta, K. Challagundla
ELSEVIER, ISBN 9780128245507

7. E. Korczmar, **A. Belter, M. Naskret-Barciszewska**, S. Jurga, **J. Barciszewski**

100 lat RNA. Diamentowy Jubileusz informacyjnego RNA
POSTĘPY BIOCHEMII 2021, 67, 212–220

8. B. Plitta-Michalak, **M.Z. Naskret-Barciszewska, J. Barciszewski**, P. Chmielarz, M. Michalak
Epigenetic Integrity of Orthodox Seeds Stored under Conventional and Cryogenic Conditions
FORESTS 2021, 12, 288

9. D. Pluskota-Karwatka, M. Hoffmann, **J. Barciszewski**

Reducing SARS-CoV-2 pathological protein activity with small molecules
JOURNAL OF PHARMACEUTICAL ANALYSIS 2021, 11, 383–397

10. **J. Barciszewski**

Epigenetyka. DNA to za mało [w:] Uniwersytet. Wspólnota różnorodności i różnicy (red. K. Przyszczypkowski, I. Cytlak) 2021, 77–96, *WYDAWNICTWO NAUKOWE UAM Poznań*

11. S. Jurga, **J. Barciszewski** (red.)

Epitranscriptomics (seria RNA Technologies), 2021, 12
SPRINGER

Prace przyjęte do druku

A. Belter, M. Popenda, M. Sajek, T. Wozniak, M.Z. Naskret-Barciszewska, M. Szachniuk, S. Jurga, J. Barciszewski

A new molecular mechanism of RNA circularization and the microRNA sponge formation
Journal of Biomolecular Structure and Dynamics, DOI: 10.1080/07391102.2020.1844802

Projekty realizowane w Zakładzie w 2021 r.

1. Funkcjonalna interakcja pomiędzy kolistymi RNA (circRNA) a macierzą zewnątrzkomórkową (ECM) – znaczenie dla komórek macierzystych nowotworu (GSC) oraz przejścia nabłonkowo-mezenchymalnego (EMT) w guzach mózgu; (OPUS)

Kierownik projektu: dr hab. Katarzyna Rolle

2. Nowe, wielozadaniowe nanocząstki w skojarzonej geno- i fototerapii; (OPUS) – projekt realizowany w konsorcjum; lider projektu: Uniwersytet im. Adama Mickiewicza – Centrum NanoBioMedyczne (kierownik projektu: prof. dr hab. Stefan Jurga)

Kierownik zadań z ramienia ICHB PAN: prof. dr hab. Jan Barciszewski

3. Identyfikacja i charakterystyka nowych klas regulatorowych RNA w glejaku wielo-postaciowym (GBM). Udział sno-miRNA oraz kolistych RNA (circRNA) w rozwoju i progresji GBM oraz ich znaczenie dla komórek macierzystych nowotworu; (SONATA BIS)

Kierownik projektu: dr hab. Katarzyna Rolle

4. Katalityczne RNA jako narzędzie w biotechnologii mitochondriów ludzkich; (PRELUDIUM)

Kierownik projektu: dr inż. Paweł Głodowicz

Wynalazki

Patent międzynarodowy

A cytosine analogue, a method of preparation of a cytosine analogue, a DNA methyltransferase 1 inhibitor, a method for DNA methylation inhibition, the use of the analogue in the treatment of diseases associated with deviations from normal DNA methylation

patent: EP 2556081 z 16.06.2021 r.

zgłoszenie: EP 11716084 z 27.11.2012 r.

Twórcy: **Wojciech T. Markiewicz**, Ewelina Adamska, Beata Plitta, **Małgorzata Giel-Pietraszuk**, **Eliza Wyszko**, Maria Markiewicz, **Tadeusz Kuliński**, **Marcin K. Chmielewski**, **Jan Barciszewski**, **Agnieszka Fedoruk-Wyszomirska**

Zakład Niekodujących RNA

Kierownik Zakładu: dr Monika Piwecka (0,05 STATUT/0,95 GRANTY)⁵¹

Skład osobowy⁵²

Pracownicy naukowcy:

dr Ewelina Kałużna (GRANTY)

dr Marcin Koliński (GRANTY)

Pracownicy techniczni:

dr Monika Przybył (GRANTY)

mgr Adrian Sobusiak (GRANTY)

Doktoranci:

mgr Ayca Olcay (stypendium NCN)

mgr inż. Marta Pietras (stypendium NCN)

mgr inż. Julian Zacharjusz (stypendium NCN)

⁵¹ W nawiasach podane źródło finansowania pracowników.

⁵² Stan na 31.12.2021 r.

Działalność statutowa

Regulacja ekspresji genów na poziomie niekodujących RNA w układzie nerwowym ssaków (dr Monika Piwecka)

Cel badań

Główny cel badań to charakterystyka niekodujących RNA (ncRNA), w szczególności określenie ich roli molekularnej w funkcjonowaniu komórek układu nerwowego oraz przysadki mózgowej. Obiektem badań były komórki pierwotne izolowane z układu nerwowego myszy, tkanki pozyskane z myszy oraz ludzki materiał kliniczny pozyskany na zasadzie współpracy naukowej.

Opis zrealizowanych prac

W toku badań prowadzonych w Zakładzie w 2021 roku: wdrożono metodę XRMAX (ang. *protein-crosslinked RNA extraction*) do walidacji poziomu fotozszywania (ang. *crosslink*) pod wpływem światła UV RNA i białek oddziałujących z RNA w homogenatach z tkanek mózgu myszy; zaadaptowano metodę XRMAX do badań interaktomu RNA w tkance mózgu; scharakteryzowano kilkanaście cząsteczek circRNA pod względem ekspresji w poszczególnych regionach mózgu myszy, korowych neuronach pierwotnych oraz pierwotnych astrocytach; wdrożono metodę RNAscope do oceny komórkowej lokalizacji i komórkowo-specyficznej ekspresji kodujących i niekodujących transkryptów w materiale tkankowym (tkanki myszy, pooperacyjny materiał ludzki – guzy mózgu człowieka).

Publikacje

J. Zacharjasz, A.M. Mleczko, P. Bakowski, T. Piontek, K. Bakowska-Zywicka

Small Noncoding RNAs in Knee Osteoarthritis: The Role of MicroRNAs and tRNA-Derived Fragments

INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES 2021, 22, 5711

Projekty realizowane w Zakładzie w 2021 r.

1. Komórkowo-specyficzna ekspresja niekodujących RNA w przysadce mózgowej i ich rola w regulacji ekspresji genów; (OPUS)

Kierownik projektu: dr Monika Piwecka

2. Implikacje funkcjonalne cyrkularnych (kolistych) RNA w neuronach i mózgu; (SONATA BIS)

Kierownik projektu: dr Monika Piwecka

3. Deciphering networks of regulatory RNAs in the central nervous system; (POLSKIE POWROTY)

Kierownik projektu: dr Monika Piwecka

Zakład Proteomiki Biomedycznej

Kierownik Zakładu: dr hab. Magdalena Łuczak, prof. ICHB PAN (0,1 STATUT/0,9 GRANTY)⁵³

Skład osobowy⁵⁴

Pracownicy techniczni:

mgr Marta Nolka-Szaszner (STATUT)

mgr inż. Joanna Tracz (GRANTY)

mgr inż. Aleksander Strugała (0,5 GRANTY)

⁵³ W nawiasach podane źródło finansowania pracowników.

⁵⁴ Stan na 31.12.2021 r.

Pracownia Spektrometrii Mas

Kierownik: dr Łukasz Marczak (0,1 STATUT/0,9 GRANTY)

Pracownicy naukowci:

dr inż. Anna Wojakowska (GRANTY)

Pracownicy techniczni:

mgr inż. Aleksander Strugała (0,5 GRANTY)

Doktoranci:

mgr Urszula Strybel (stypendium NCN)

Działalność statutowa

Optymalizacja i zastosowanie przesiewowych i celowanych metod proteomicznych w badaniach biomedycznych (dr hab. Magdalena Łuczak)

Cel badań

Celem badań było opracowanie przesiewowych technik proteomicznych opartych na spektrometrii mas z wykorzystaniem różnych matryc biologicznych. Kontynuowano również optymalizację celowanych metod proteomicznych do walidacji poziomu białek zidentyfikowanych w badaniach przesiewowych.

Opis zrealizowanych prac

Przeprowadzono przesiewowe profilowanie białek z wykorzystaniem ekstraktów różnych subpopulacji leukocytów izolowanych z krwi obwodowej oraz komórek pochodzących z adherentnych hodowli komórkowych. Przeprowadzono celowaną analizę ilościową wybranych prekursorów i komponentów lipidów: kwasów tłuszczowych, w tym kwasu palmitynowego, oleopalmitynowego, arachidonowego czy linolenowego oraz glicerolu i kwasu glicerynowego. Wyniki te uzupełniły porównawcze analizy lipidomu wykonane dla osocza pobranego od pacjentów z przewlekłą chorobą nerek (CKD) i pozwoliły na opublikowanie wyników tych badań w czasopiśmie *Metabolites*. Ponadto zrealizowano porównawcze analizy poziomu 45 różnych cytokin i chemokin w osoczu pacjentów z CKD oraz chorobą sercowo-naczyniową, co pozwoliło wykazać deregulację białek leptyny i INT χ u pacjentów z CKD. Opracowano również metody analizy świńskiej surowicy, a uzyskane wyniki są obecnie na etapie przygotowywania manuskryptu publikacji.

Publikacje

1. **L. Marczak, J. Idkowiak, J. Tracz, M. Stobiecki**, B. Perek, K. Kostka-Jeziorny, A. Tykarski, M. Wanic-Kossowska, M. Borowski, **M. Osuch**, D. Formanowicz, **M. Luczak**

Mass Spectrometry-Based Lipidomics Reveals Differential Changes in the Accumulated Lipid Classes in Chronic Kidney Disease

METABOLITES 2021, 11, 275

2. **J. Tracz, L. Handschuh, M. Lalowski, L. Marczak**, K. Kostka-Jeziorny, B. Perek, M. Wanic-Kossowska, A. Podkowinska, A. Tykarski, D. Formanowicz, **M. Luczak**

Proteomic Profiling of Leukocytes Reveals Dysregulation of Adhesion and Integrin Proteins in Chronic Kidney Disease-Related Atherosclerosis

JOURNAL OF PROTEOME RESEARCH 2021, 20, 3053–3067

3. **J. Tracz, M. Luczak**

Applying Proteomics and Integrative „Omics” Strategies to Decipher the Chronic Kidney Disease-Related Atherosclerosis

INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES 2021, 22, 7492

4. P. Malecki, A. Mania, **J. Tracz, M. Luczak**, K. Mazur-Milewska, M. Figlerowicz

Adipocytokines as Risk Factors for Development of Nonalcoholic Fatty Liver Disease in Children
JOURNAL OF CLINICAL AND EXPERIMENTAL HEPATOLOGY 2021, 11, 646–653

5. A.D. Liskiewicz, **L. Marczak**, K. Bogus, D. Liskiewicz, M. Przybyla, J. Lewin-Kowalik
Proteomic and Structural Manifestations of Cardiomyopathy in Rat Models of Obesity and Weight Loss
FRONTIERS IN ENDOCRINOLOGY 2021, 12, 568197
6. M. Pietrowska, A. Zebrowska, M. Gawin, **L. Marczak**, P. Sharma, S. Mondal, J. Mika, J. Polanska, S. Ferrone, J.M. Kirkwood, P. Widlak, T.L. Whiteside
Proteomic profile of melanoma cell-derived small extracellular vesicles in patients' plasma: a potential correlate of melanoma progression
JOURNAL OF EXTRACELLULAR VESICLES 2021, 10, e12063
7. D. Liskiewicz, A. Liskiewicz, M. Grabowski, M.M. Nowacka-Chmielewska, K. Jablonska, **A. Wojakowska**, **L. Marczak**, J.J. Barski, A. Malecki
Upregulation of hepatic autophagy under nutritional ketosis
JOURNAL OF NUTRITIONAL BIOCHEMISTRY 2021, 93, 108620
8. A. Szuba, **L. Marczak**, R. Kozlowski
Pb Stress and Ectomycorrhizas: Strong Protective Proteomic Responses in Poplar Roots Inoculated with *Paxillus involutus* Isolate and Characterized by Low Root Colonization Intensity
INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES 2021, 22, 4300
9. K. Romanowska, A.A. Rawluszko-Wieczorek, **L. Marczak**, A. Kosinska, W.M. Suchorska, W. Golusinski
The m6A RNA Modification Quantitu and mRNA Expression Level of RNA Methylation-Related Genes in Head and Neck Squamous Cell Carcinoma Cell Lines and Patients
BIOMOLECULES 2021, 11, 908
10. A. Liskiewicz, D. Liskiewicz, **L. Marczak**, M. Przybyla, K. Grabowska, S. Student, M. Debiec, A. Slugocka, J. Lewin-Kowalik
Obesity-associated deterioration of the hippocampus is partially restored after weight loss
BRAIN, BEHAVIOR, AND IMMUNITY 2021, 96, 212–226
11. S. Blicharz, G.T.S. Beemster, L. Ragni, N. De Diego, L. Spichal, A.E. Hernandiz, **L. Marczak**, M. Olszak, D. Perlikowski, A. Kosmala, R. Malinowski
Phloem exudate metabolic content reflects the response to water-deficit stress in pea plants (*Pisum sativum* L.)
PLANT JOURNAL 2021, 106, 1338–1355
12. **K. Wiatr**, **L. Marczak**, J-B Perot, E. Brouillet, J. Flament, **M. Figiel**
Broad Influence of Mutant Ataxin-3 on the Proteome of the Adult Brain, Young Neurons, and Axons Reveals Central Molecular Processes and Biomarkers in SCA3/MJD Using Knock-In Mouse Model
FRONTIERS IN MOLECULAR NEUROSCIENCE 2021, 14, 658339
13. Z. Ghanbarzadeh, H. Zamani, S. Mohsenzadeh, **L. Marczak**, **M. Stobiecki**, M. Zarei
Rhizosphere symbionts improve water stress tolerance in Moldavian balm through modulation of osmolytes
RHIZOSPHERE 2021, 19, 100367
14. M.M. Nowacka-Chmielewska, D. Liskiewicz, K. Grabowska, A. Liskiewicz, **L. Marczak**, **A. Wojakowska**, N. Pondel, M. Grabowski, J.J. Barski, A. Malecki
Effects of Simultaneous Exposure to a Western Diet and Wheel-Running Training on Brain Energy Metabolism in Female Rats
NUTRIENTS 2021, 13, 4242
15. J.E. Golebiewska, A. Wardowska, M. Pietrowska, **A. Wojakowska**, A. Debska-Slizien
Small Extracellular Vesicles in Transplant Rejection
CELLS 2021, 10, 2989
16. **A. Strugala**, J. Jagielski, **K. Kamel**, G. Nowaczyk, **M. Radom**, **M. Figlerowicz**, **A. Urbanowicz**
Virus-Like Particles Produced Using the Brome Mosaic Virus Recombinant Capsid Protein Expressed in a Bacterial System
INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES 2021, 22, 3098

Projekty realizowane w Zakładzie w 2021 r.

1. Poszukiwanie molekularnych mechanizmów progresji miażdżycy w przewlekłej chorobie nerek; (OPUS)

Kierownik projektu: dr hab. Magdalena Łuczak

2. Dlaczego komórki stają się mniejsze, aby przeżyć? Analiza komórek tytoniu BY2 zaadaptowanych do warunków stresu osmotycznego i solnego w poszukiwaniu kluczowych czynników regulujących gospodarkę energią, molekularną homeostazę i wielkość komórek; (OPUS) – projekt realizowany w konsorcjum; lider projektu: Instytut Dendrologii PAN w Kórniku (kierownik projektu: dr Agnieszka Szuba)

Kierownik zadań z ramienia ICHB PAN: dr Łukasz Marczak

3. Identyfikacja biocząsteczek uwalnianych przez komórki raka jelita grubego i wykrywanych w surowicy krwi lub/i egzozomach; (SONATA)

Kierownik projektu: dr inż. Anna Wojakowska

Zakład Sond Molekularnych i Proleków

Kierownik Zakładu: dr Jacek Kolanowski (0,83 STATUT/0,17 GRANTY)⁵⁵

Skład osobowy⁵⁶

Pracownicy naukowci:

dr Magdalena Derbis (GRANTY)

dr Dorota Jakubczyk (0,5 STATUT/0,5 GRANTY)

dr inż. Michał Jakubczyk (0,55 GRANTY)

dr Dorota Kwiatek (0,5 STATUT/0,5 GRANTY)

Pracownicy techniczni:

mgr Katarzyna Adrych-Rożek (STATUT)

dr Volodymyr Czerkas (0,5 GRANTY)

dr Michał Gładysz (0,2 STATUT/0,8 GRANTY)

mgr inż. Damian Neubauer (0,25 GRANTY)

mgr Adrian Rüfli (0,5 GRANTY)

Doktoranci:

mgr Francesca Canyelles I Font (STATUT)

mgr Masroor Khan (STATUT)

mgr Anna Wychowaniec (stypendium NCN)

Afiliowani emerytowani profesorowie:

prof. Wojciech T. Markiewicz (do 30.06.2021)

Pracownia Testów Molekularnych

Kierownik: dr Magdalena Otrocka (0,25 STATUT/0,75 GRANTY)

Pracownicy techniczni:

dr Joanna Kosman (0,25 STATUT)

mgr Bogna Rehlis (0,5 GRANTY)

mgr Krzysztof Żukowski (0,45 STATUT/0,3 GRANTY)

Pracownia Analiz Wysokoprzepustowych

Kierownik: dr Radosław Piłarski (0,05 STATUT/0,95 GRANTY))

⁵⁵ W nawiasach podane źródło finansowania pracowników.

⁵⁶ Stan na 31.12.2021 r.

Pracownicy techniczni:
mgr Monika Pyc (0,45 STATUT/0,55 GRANTY)
inż. Jan Sadoch (0,7 STATUT/0,3 GRANTY)

Działalność statutowa

Rozwój niskocząsteczkowych narzędzi molekularnych do zastosowań w badaniach biologicznych i środowiskowych (dr Jacek Kolanowski)

Cel badań

Stworzenie narzędzia do poszukiwania inhibitorów wirusowej proteazy – walidacja i wykorzystanie wcześniej zsyntetyzowanej sondy fluorescencyjnej do detekcji aktywności białka MPro SARS-CoV-2.

Opis zrealizowanych prac

Zsyntezowana w 2020 roku w ramach prac statutowych sonda została w roku 2021 przetestowana i zwalidowana. Potwierdzono jej stabilność i specyficzność odpowiedzi fluorescencyjnej w buforze w obecności proteazy SARS-CoV-2. Następnie opracowano i zminiaturyzowano test fluorescencyjny do poszukiwania inhibitorów proteazy i zbadano aktywność grupy związków dostarczonej przez dr. Miłosza Ruszkowskiego we współpracy z prof. Lesykiem względem proteazy MPro SARS-CoV-2. W wyniku tych prac 3 związki wykazały umiarkowaną aktywność. Wyniki te nie zostały jak dotąd opublikowane, m.in. ze względu na nowe informacje literaturowe na temat niskiego potencjału proteazy MPro jako celu terapeutycznego w leczeniu COVID-19.

Synteza komponentów i analogów kwasów nukleinowych oraz badania ich właściwości biologicznych

Cel badań

Synteza i charakteryzacja właściwości biochemicznych pochodnych floretamidu.

Opis zrealizowanych prac

Zsyntezowano kilka dodatkowych pochodnych floretamidu i przeprowadzono ich pełną charakteryzację. Następnie zbadano ich właściwości biologiczne i biochemiczne. W szczególności wykazano ich większą cytotoksyczność względem nowotworowych linii komórkowych w porównaniu z unieśmiertelnionymi komórkami nienowotworowymi oraz potwierdzono ich działanie jako inhibitorów tyrozynazy (we współpracy z dr. Dariuszem Wawrzyniakiem i dr hab. Katarzyną Rolle z Zakładu Neuroonkologii Molekularnej ICHB PAN). Wyniki tych prac są obecnie opracowywane w celu publikacji.

Publikacje

1. S. Mkrтчhyan, **M. Jakubczyk**, S. Lanka, M. Pittelkow, V.O. Iaroshenko
Cu-Catalyzed Arylation of Bromo-Difluoro-Acetamides by Aryl Boronic Acids, Aryl Trialkoxysilanes and Dimethyl-Aryl-Sulfonium Salts: New Entries to Aromatic Amides
MOLECULES 2021, 26, 2957
2. S. Mkrтчhyan, **M. Jakubczyk**, S. Lanka, M. Yar, K. Ayub, M. Shkooor, M. Pittelkow, V.O. Iaroshenko
Mechanochemical Transformation of CF₃ Group: Synthesis of Amides and Schiff Bases
ADVANCED SYNTHESIS & CATALYSIS 2021, 363, 5448–5460
3. V.N.K.B. Adusumalli, L. Mrowczynska, **D. Kwiatek**, L. Piosik, A. Lesicki, S. Lis
Ligand-Sensitised LaF₃:Eu³⁺ and SrF₂:Eu³⁺ Nanoparticles and in Vitro Haemocompatibility Studies
CHEMMEDCHEM 2021, 16, 1640-1650

4. **J. Sadoch, M. Pyc, A. Urbanowicz, A. Iglewski, R. Pilarski**

High-throughput evolutionary optimization of the induction medium towards recombinant protein production in BY-2 tobacco

BIOTECHNOLOGY AND BIOENGINEERING 2021, 118, 676–689

5. J. Kolodziejczyk-Czepas, M. Ponczek, M. Sady-Janczak, **R. Pilarski**, B. Bukowska

Extracts from *Uncaria tomentosa* as antiplatelet agents and thrombin inhibitors – The in vitro and in silico study

JOURNAL OF ETHNOPHARMACOLOGY 2021, 267, 113494

6. P. Duchnowicz, **R. Pilarski**, J. Michalowicz, B. Bukowska

Changes in Human Erythrocyte Membrane Exposed to Aqueous and Ethanolic Extracts from *Uncaria tomentosa*

MOLECULES 2021, 26, 3189

Prace przyjęte do druku

B.B. Boumelhem, C. Pilgrim, V.E. Zwicker, **J.L. Kolanowski**, J.H. Yeo, K.A. Jolliffe, E.J. New, M.L. Day, S.J. Assinder, S.T. Fraser

Intracellular flow cytometric lipid analysis – a multiparametric system to assess distinct lipid classes in live cells

Journal of Cell Science, DOI: 10.1242/jcs.258322

Projekty realizowane w Zakładzie w 2021 r.

1. Niskocząsteczkowe narzędzia do badania lokalnego mikrośrodowiska białek; (OPUS)

Kierownik projektu: dr Jacek Kolanowski

2. Maskowane substraty bioluminogenne do selektywnego obrazowania parametrów biochemicznych raka; (SONATA) – projekt realizowany w konsorcjum; lider projektu: ICHB PAN

Kierownik projektu: dr Jacek Kolanowski

3. Agregaty toksycznego białka poliglicynowego: w centrum zainteresowania. Zrozumienia procesów formowania i degradacji; (SONATINA)

Kierownik projektu: dr Magdalena Derbis

4. Wstępne badania nad chemicznym programowaniem grzybów przy użyciu *Remularia collo-cygni* jako modelu; (MINIATURA)

Kierownik projektu: dr Dorota Jakubczyk

5. Badania wstępne do opracowania uniwersalnej strategii wydłużenia czasu związania i zwiększenia selektywności znanych inhibitorów w szerokim spektrum działania na przykładzie inhibitorów cyklinozależnych kinaz (CDK); (MINIATURA)

Kierownik projektu: dr inż. Michał Jakubczyk

6. MultiGATE: dual-analyte responsive fluorescent probes for a real-time multi-parametric sensing in cellular models; (HOMING)

Kierownik projektu: dr Jacek Kolanowski

7. Ensuring long-term sustainability of excellence in chemical biology within Europe and beyond – EU-OPENSOURCE-DRIVE; (HORIZONT 2020) – projekt realizowany w konsorcjum międzynarodowym: lider – European Infrastructure of Open Screening Platforms for Chemical Biology European Research Infrastructure Consortium (EU-OPENSOURCE ERIC, EU-OS), Niemcy

Kierownik zadań z ramienia ICHB PAN: dr Jacek Kolanowski

8. Wkład krajowy na rzecz udziału we wspólnym międzynarodowym przedsięwzięciu pn. European Infrastructure of Open Screening Platforms for Chemical Biology European Research Infrastructure Consortium (EU-OPENSOURCE ERIC) – projekt realizowany w konsorcjum „POL-OPENSOURCE”; lider projektu: Instytut Biologii Medycznej PAN, Warszawa (kierownik projektu: prof. dr hab. Zbigniew Leśnikowski)

Kierownik zadań z ramienia ICHB PAN: prof. dr hab. Marek Figlerowicz, zastępca kierownika:
dr Jacek Kolanowski

Wynalazki

Patent międzynarodowy

A cytosine analogue, a method of preparation of a cytosine analogue, a DNA methyltransferase 1 inhibitor, a method for DNA methylation inhibition, the use of the analogue in the treatment of diseases associated with deviations from normal DNA methylation

patent: EP 2556081 z 16.06.2021 r.

zgłoszenie: EP 11716084 z 27.11.2012 r.

Twórcy: **Wojciech T. Markiewicz**, Ewelina Adamska, Beata Plitta, **Małgorzata Giel-Pietraszuk**, **Eliza Wyszko**, Maria Markiewicz, **Tadeusz Kuliński**, **Marcin K. Chmielewski**, **Jan Barciszewski**, **Agnieszka Fedoruk-Wyszomirska**

Zakład Struktury i Funkcji Retrotranspozonów

Kierownik Zakładu: dr hab. Katarzyna Pachulska-Wieczorek, prof. ICHB PAN
(0,75 STATUT/0,25 GRANTY)⁵⁷

Skład osobowy⁵⁸

Pracownicy naukowci:

dr Katarzyna Purzycka

Pracownicy techniczni:

mgr Julita Gumna (0,8 STATUT/0,2 GRANTY)

Doktoranci:

mgr Małgorzata Zawadzka (STATUT)

mgr inż. Angelika Andrzejewska-Romanowska (stypendium NCN)

Afiliowani emerytowani profesorowie:

prof. Ryszard W. Adamiak (do 30.06.2021)

Działalność statutowa

Badania zależności między strukturą RNA i jego funkcją w procesach komórkowych oraz replikacji wirusów (dr hab. Katarzyna Pachulska-Wieczorek)

Cel badań

Identyfikacja zachowawczych motywów strukturalnych w genomowych RNA wirusów istotnych dla ich replikacji.

Opis zrealizowanych prac

We współpracy z Zakładem Bioinformatyki Strukturalnej ICHB PAN prowadzono analizy strukturalne regionów 5'- i 3'-UTR genomu wirusa SARS-CoV-2. Przeprowadzono analizę zachowawczych motywów strukturalnych o znaczeniu funkcjonalnym w genomach RNA różnych betakoronawirusów. Uzyskane wyniki (m.in. dla MHV i BCoV) potwierdziły ich obecność w regionach niepodlegających translacji i sąsiednich regionach kodujących. W związku z tym, że badania były prowadzone w ramach działalności społeczności RNA-Puzzles, w analizach brano pod uwagę łącznie 100 modeli 3D RNA (60 modeli dla 5'-UTR i 40 modeli dla 3'-UTR) dostarczonych przez

⁵⁷ W nawiasach podane źródło finansowania pracowników.

⁵⁸ Stan na 31.12.2021 r.

sześć grup badawczych. Aby ocenić spójność wszystkich modeli 3D uzyskanych różnymi metodami przez różne grupy badawcze opracowano oryginalny protokół do bezreferencyjnej analizy porównawczej struktur 3D RNA. Dodatkowo, w celu lepszego scharakteryzowania i zidentyfikowania najczęstszych motywów strukturalnych występujących w modelach 3D, wygenerowano i porównano konsensusowe struktury drugorzędowe przy użyciu programu *RNActive*. Opracowane modele 3D dla całych rejonów UTR znacząco różniły się między sobą, lecz wykazywały spójność na poziomie poszczególnych domen. Co więcej, wynikowe struktury konsensusowe 2D RNA zarówno dla rejonu 5'-UTR, jak i 3'-UTR były ogólnie w dobrej zgodności z opublikowanymi modelami 2D RNA SARS-CoV-2 opracowanymi na podstawie danych eksperymentalnych uzyskanych metodami SHAPE lub DMS. Wyniki tych analiz stanowią wkład w lepsze zrozumienie struktury genomu wirusa SARS-CoV-2 i mogą przyczynić się do opracowania nowych strategii terapeutycznych.

Publikacje

1. **A. Andrzejewska, M. Zawadzka, J. Gumna, D.J. Garfinkel, K. Pachulska-Wieczorek**
In vivo structure of the Ty1 retrotransposon RNA genome
NUCLEIC ACIDS RESEARCH 2021, 49, 2878–2893
2. **J. Gumna, A. Andrzejewska-Romanowska, D.J. Garfinkel, K. Pachulska-Wieczorek**
RNA Binding Properties of the Ty1 LTR-Retrotransposon Gag Protein
INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES 2021, 22, 9103
3. **M. Popenda, T. Zok, J. Sarzynska, A. Korpeta, R.W. Adamiak, M. Antczak, M. Szachniuk**
Entanglements of structure elements revealed in RNA 3D models
NUCLEIC ACIDS RESEARCH 2021, 49, 9625–9632

Projekty realizowane w Zakładzie w 2021 r.

1. Analiza struktury RNA w komórce i jej kompartmentach w skali transkryptomowej oraz identyfikacja wpływu czynników komórkowych na strukturę RNA w *S. cerevisiae*; (OPUS)
Kierownik projektu: dr hab. Katarzyna Pachulska-Wieczorek
2. Struktura RNA i jego oddziaływanie z białkiem Gag warunkujące funkcje RNA Ty1 na różnych etapach replikacji retrotranspozonu; (SONATA BIS)
Kierownik projektu: dr hab. Katarzyna Pachulska-Wieczorek
3. Arc jako neuronalny Gag. Badanie wirusowych właściwości i funkcji głównego regulatora plastyczności synaptycznej; (PRELUDIUM)
Kierownik projektu: mgr Julita Gumna

Zakład Transkryptomiki Funkcjonalnej

Zakład powołano 1.01.2021 r.

Kierownik Zakładu: dr hab. Kamilla Grzywacz, prof. ICHB PAN (0,1 STATUT/0,9 GRANTY)⁵⁹

Skład osobowy⁶⁰

Pracownicy techniczni:

mgr inż. Kamila Pełowska (GRANTY)

mgr Weronika Pawlik (GRANTY)

⁵⁹ W nawiasach podane źródło finansowania pracowników.

⁶⁰ Stan na 31.12.2021 r.

Doktoranci:

mgr inż. Klementyna Marciniak (0,25 GRANTY/POWER)

mgr Piotr Pietras (STATUT)

mgr Anna Wasilewska-Burczyk (stypendium NCN)

Działalność statutowa

Charakterystyka mechanizmów molekularnych regulacji biosyntezy białka z udziałem cząsteczek RNA (dr hab. Kamilla Grzywacz)

Cel badań

Celem działalności statutowej Zakładu w 2021 roku była analiza transkryptomyczna choroby zwyrodnieniowej kolana – identyfikacja, charakterystyka oraz określenie potencjału regulatorowego krótkich niekodujących RNA pochodzących z tRNA (tRF).

Opis zrealizowanych prac

Choroba zwyrodnieniowa stawów (ang. *osteoarthritis*, OA) to bardzo rozpowszechniona choroba mięśniowo-szkieletowa, która dotyka około 303 miliony ludzi rocznie. Może atakować każdy staw, ale przede wszystkim kolana i ma znaczący wpływ na jakość życia pacjenta, powodując ból i niepełnosprawność. Częstość występowania OA wzrasta z powodu starzenia się populacji i czynników ryzyka takich jak otyłość. Patogeneza choroby jest ściśle związana ze zmianami w ilości małych RNA. Do tej pory wiadomo było, że około 80 miRNA jest zaangażowanych w patologię choroby zwyrodnieniowej stawu kolanowego, a informacje na temat małych RNA innych niż miRNA w przypadku choroby zwyrodnieniowej stawu kolanowego były ograniczone. Z prac bioinformatycznych wynikało, że dziesiątki miRNA zdeponowanych w miRbase są błędnie oznaczone i są raczej tRF. W związku z powyższym przeprowadzono dokładniejszą analizę publicznie dostępnych danych z sekwencjonowania małych RNA stawu kolanowego człowieka. Pobrano z GEO surowe dane z sekwencjonowania miRNA z płynu maziowego osób zdrowych i chorych na OA (GSE126677). Dane z sekwencjonowania zostały przetworzone i przeanalizowane. Wyraźnie zaobserwowano, że odczyty zmapowane do miRNA w wynikach sekwencjonowania zostały błędnie opisane i faktycznie były to tRF. Zidentyfikowano tRF pochodzące z części 5' i części 3' z prawie wszystkich 61 ludzkich izoakceptorowych tRNA. Co więcej, zaobserwowano różne poziomy tRF w płynie maziowym pacjentów z chorobą zwyrodnieniową stawu kolanowego w porównaniu z osobami zdrowymi. Poziomy ekspresji pięciu wybranych tRF od pacjentów z chorobą zwyrodnieniową stawów zweryfikowano za pomocą ilościowego PCR w czasie rzeczywistym. Manuskrypt jest w przygotowaniu. Badania prowadzono we współpracy z Pracownią Bioinformatyki ICHB PAN.

Publikacje

1. P. Bakowski, K. Ciemieniewska-Gorzela, **K. Bakowska-Zywicka**, L. Stolowski, T. Piontek Similar Outcomes and Satisfaction of the Proprioceptive versus Standard Training on the Knee Function and Proprioception, Following the Anterior Cruciate Ligament Reconstruction *APPLIED SCIENCES* 2021, 11, 3494
2. **J. Zacharjasz**, A.M. Mleczko, P. Bakowski, T. Piontek, **K. Bakowska-Zywicka** Small Noncoding RNAs in Knee Osteoarthritis: The Role of MicroRNAs and tRNA-Derived Fragments *INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES* 2021, 22, 5711
3. A. Chelkowska-Pauszek, J.G. Kosinski, **K. Marciniak**, M. Wysocka, **K. Bakowska-Zywicka**, M. Zywicki The Role of RNA Secondary Structure in Regulation of Gene Expression in Bacteria *INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES* 2021, 22, 7845

Prace przyjęte do druku

1. P. Bakowski, J. Kaszynski, C. Baka, T. Kaczmarek, K. Ciemniowska-Gorzela, **K. Bakowska-Zywicka**, T. Piontek

Patients with stage II of the knee osteoarthritis most likely benefit from the intra-articular injections of autologous adipose tissue-from 2 years of follow-up studies

Archives of Orthopaedic and Trauma Surgery, DOI: 10.1007/s00402-021-03979-w

2. P. Bakowski, **K. Bakowska-Zywicka**, K. Ciemniowska-Gorzela, T. Piontek

Meniscectomy is still a frequent orthopedic procedure: a pending need for education on the meniscus treatment possibilities

Knee Surgery Sports Traumatology Arthroscopy, DOI: 10.1007/s00167-021-06612-w

Projekty realizowane w Zakładzie w 2021 r.

Zmiany w składzie białek rybosomalnych i w oddziałujących z rybosomami krótkich niekodujących RNA w *Saccharomyces cerevisiae* w odpowiedzi na stres środowiskowy; (OPUS)

Kierownik projektu: dr hab. Kamilla Grzywacz

Zakład Wirusologii Molekularnej

Zakład powołano 1.07.2021 r.

Kierownik Zakładu: dr Paweł Zmora (GRANTY)⁶¹

Skład osobowy⁶²

Doktoranci:

mgr Rafał Nowak (stypendium NCN)

Działalność statutowa

Uniwersalne elementy strukturalne w RNA wirusów grypy (dr Paweł Zmora, wspólnie z prof. dr hab. Elżbietą Kierzek) – zadanie przedstawiono na s. 64.

Publikacje

1. **D. Lorent, R. Nowak, C. Roxo, E. Lenartowicz, A. Makarewicz, B. Zaremba, S. Nowak, L. Kuszel, J. Stefaniak, R. Kierzek, P. Zmora**

Prevalence of Anti-SARS-CoV-2 Antibodies in Poznan, Poland, after the First Wave of the COVID-19 Pandemic

VACCINES 2021, 9, 541

2. **B. Tymoniuk, P. Zmora, J. Latowska, A. Grabowska, A. Ciesiolka, P. Joachimiak, G. Figura, M. Borowiec, K. Rolle, L. Handschuh, A. Fiszer**

Genetic tests based on the RT-PCR reaction in the diagnostics of SARS-CoV-2 infection

PRZEGLĄD EPIDEMIOLOGICZNY 2021, 75, 14–26

3. **P. Zmora, L. Handschuh, M. Figlerowicz**

Instytut Chemii Bioorganicznej Polskiej Akademii Nauk w czasie pandemii COVID-19 [w:]

Kronika Miasta Poznania (red. P. Matusik) 2021, 2, 199-211, *WYDAWNICTWO MIEJSKIE POZNANIA*

4. **P. Zmora, D. Romanowska**

Jak manipulują antyszczepionkowcy?

NEWSWEEK POLSKA 2021, 22, www.newsweek.pl/wiedza/nauka/koronawirus-jak-manipuluja-antyszczepionkowcy-czyli-prawda-o-pandemii/w6f1k77

⁶¹ W nawiasach podane źródło finansowania pracowników.

⁶² Stan na 31.12.2021 r.

Projekty realizowane w Zakładzie w 2021 r.

1. Molekularne podstawy aktywacji wirusów grypy przez transbłonowe proteazy serynowe typu II; (BEETHOVEN LIFE)

Kierownik projektu: dr Paweł Zmora

2. TMPRSS2 – potencjalny cel dla nowych leków oraz wyznacznik przebiegu COVID19; (SZYBKA ŚCIEŻKA DOSTĘPU DO FUNDUSZY NA BADANIA NAD COVID-19)

Kierownik projektu: dr Paweł Zmora

3. Connect and align ELIXIR Nodes to deliver sustainable FAIR life-science data management services – ELIXIR – CONVERGE (Horyzont 2020) – projekt realizowany w konsorcjum (lider – European Molecular Biology Laboratory)

Kierownik zadań z ramienia ICHB PAN: dr Paweł Zmora

Zakład Biologii Medycznej

Kierownik Zakładu: prof. dr hab. Mirosława Naskręt-Barciszewska

(0,2 STATUT/0,3 GRANTY)⁶³

Skład osobowy⁶⁴

Pracownicy naukowci:

dr Agnieszka Belter (0,9 STATUT/0,1GRANTY)

Pracownicy techniczni:

Iwona Gawrońska (0,5 STATUT/0,25 GRANTY)

Działalność statutowa

Wykorzystanie zmodyfikowanych nukleotydów RNA i DNA w diagnostyce medycznej i biotechnologii (prof. dr hab. Mirosława Naskręt-Barciszewska)

Cel badań

Badanie mechanizmu działania szczepionki mRNA COMIRNATY u ludzi.

Opis zrealizowanych prac

Analizowano zawartość przeciwciał oraz zmiany zawartości modyfikowanych nukleotydów 5-metylocytozyny i 8-oxo-guanozyny w DNA krwi obwodowej przed i po dwukrotnym podaniu COMIRNATY. Zauważono, że poziom przeciwciał IgG (N) mierzony testem Abbott u większości badanych osób po 3-4 tygodniach od drugiego szczepienia był niższy. Ocenę zawartości 8-okso-dG przeprowadzono za pomocą HPLC, a m⁵C oznaczano metodą chromatograficzną po znakowaniu następczym. Stwierdzono zmiany w globalnej zawartości m⁵C w DNA przed i po drugim szczepieniu. W 50% przypadków ilość m⁵C w DNA była większa po drugiej iniekcji. Obserwowana hipermetylacja powoduje wyciszenie wielu genów w tym zaangażowanych w indukcję stanu zapalnego. U części badanych ilość m⁵C w DNA po drugim szczepieniu była mniejsza (hipometylacja) lub pozostała na tym samym poziomie. Zauważono, że poziom m⁵C obniżał się wraz z wiekiem badanych osób. Hipometylacja oznacza mniejszy potencjał wyciszenia genów związanych ze stanem zapalnym indukowanym również przez SARS-CoV-2. Aby potwierdzić efekt epigenetyczny i regulację ekspresji genów poprzez metylację, analizowano także zawartość 8-okso-dG, która jest znacznikiem stresu oksydacyjnego. Dostarcza ona informacji o poziomie uszkodzeń DNA oraz możliwości mutacji genetycznych i epigenetycznych. U większości badanych poziom 8-okso-dG w DNA nie zmieniał się znacząco. Tylko w 3 (13%) przypadkach obserwowano wyraźny wzrost utleniania G w DNA, a w 10/23 (43,5%) ilość 8-okso-dG zmniejszyła się po drugim szczepieniu. Sugeruje to niski potencjał oksydacyjny (*red-ox*) iniekowanych komórek. Ilość

⁶³ W nawiasach podane źródło finansowania pracowników.

⁶⁴ Stan na 31.12.2021 r.

8-okso-dG w DNA badanych osób przed i po drugim podaniu COMIRNATY wzrastała wraz z wiekiem, głównie po drugim wstrzyknięciu. Z przeprowadzonych badań wynika, że hipermetylacja cytozyny i hipooksydacja guanozyny w DNA są efektem COMIRNATY u 21,5% badanych osób. Tylko 4 osoby wykazały znaczny spadek 8-okso-dG. Manuskrypt wysłano do druku: A.M. Barciszewska, I. Gawrońska, M. Giel-Pietraszuk, M.Z. Naskręt-Barciszewska, *Immune response and epigenetic changes induced with COVID-19 vaccine*.

Publikacje

1. B. Plitta-Michalak, **M.Z. Naskręt-Barciszewska, J. Barciszewski**, P. Chmielarz, M. Michalak Epigenetic Integrity of Orthodox Seeds Stored under Conventional and Cryogenic Conditions *FORESTS* 2021, 12, 288
2. **E. Wyszko, M. Popenda, D. Gudanis, J. Sarzynska, A. Belter, P. Perrigue**, P. Skowronek, **K. Rolle, J. Barciszewski**
The model structure of the hammerhead ribozyme formed by RNAs of reciprocal chirality *BIOSCIENCE REPORTS* 2021, 41, BSR20203424
3. E. Jonczyk-Matysiak, B. Owczarek, E. Popiela, K. Switala-Jelen, P. Migdal, M. Cieslik, N. Lodej, D. Kula, J. Neuberg, K. Hodyra-Stefaniak, M. Kaszowska, F. Orwat, N. Baginska, A. Mucha, **A. Belter**, M. Skupinska, B. Bubak, W. Fortuna, S. Letkiewicz, P. Chorbinski, B. Weber-Dabrowska, A. Roman, A. Gorski
Isolation and Characterization of Phages Active against *Paenibacillus* larvae Causing American Foulbrood in Honeybees in Poland
VIRUSES-BASEL 2021, 13, 1217
4. E. Korczmar, **A. Belter, M. Naskręt-Barciszewska**, S. Jurga, **J. Barciszewski**
100 lat RNA. Diamentowy Jubileusz informacyjnego RNA
POSTĘPY BIOCHEMII 2021, 67, 212–220

Prace przyjęte do druku

A. Belter, M. Popenda, M. Sajek, T. Wozniak, **M.Z. Naskręt-Barciszewska, M. Szachniuk**, S. Jurga, **J. Barciszewski**
A new molecular mechanism of RNA circularization and the microRNA sponge formation
Journal of Biomolecular Structure and Dynamics, DOI: 10.1080/07391102.2020.1844802

Projekty realizowane w Zakładzie w 2021 r.

1. Wykorzystanie związków małowcząsteczkowych w epigenetycznej terapii złośliwych glejaków mózgu; (OPUS)
Kierownik projektu: prof. dr hab. Mirosława Naskręt-Barciszewska
2. Pionierskie badania struktury i funkcji G-kwadrupeksów miRNA; (SONATINA)
Kierownik projektu: dr Agnieszka Belter

Zakład Biochemii RNA

Kierownik Zakładu: prof. dr hab. Jerzy Ciesiołka (STATUT)⁶⁵

Skład osobowy⁶⁶

Pracownicy naukowcy:

dr hab. Jan Wrzesiński, prof. ICHB PAN (STATUT)
dr hab. Mariola Dutkiewicz, prof. ICHB PAN (STATUT)
dr hab. Agata Świątkowska (STATUT)
dr Joanna Szpotkowska (STATUT)

⁶⁵ W nawiasach podane źródło finansowania pracowników.

⁶⁶ Stan na 31.12.2021 r.

Pracownicy techniczni:
mgr Martyna Kabacińska (0,1 STATUT+0,9 GRANTY)
Doktoranci:
mgr Marek Kazimierczyk (STATUT)

Działalność statutowa

Badania struktury i funkcji kwasów rybonukleinowych oraz białek z nimi oddziałujących

1. Badanie oddziaływań regionu niekodującego 5' mRNA i ich roli w regulacji ekspresji genu białka p53 (prof. dr hab. Jerzy Ciesiołka)

Cel badań

Celem badań było scharakteryzowanie struktury regionu końcowego 5' mRNA p53 inicjowanego od miejsca P2 i określenie roli tego regionu w procesie translacji. Ponadto kontynuowano identyfikację białek oddziałujących z regionem niekodującym 5' głównego transkrypty mRNA p53 oraz badano rolę tych białek w regulacji procesu translacji.

Opis zrealizowanych prac

W obrębie intronu 4 ludzkiego genu *TP53* znajduje się miejsce inicjacji transkrypcji P2 i transkrypt ten koduje dwie izoformy p53: $\Delta 133p53$ i $\Delta 160p53$. Scharakteryzowano strukturę drugorzędową regionu końcowego 5' mRNA inicjowanego od miejsca P2 z wykorzystaniem metod biochemicznych i po raz pierwszy zaproponowano model struktury drugorzędowej tego regionu. Nieoczekiwanie, tylko izoforma $\Delta 133p53$ była syntetyzowana *in vitro* z modelowego mRNA p53, podczas gdy translacja zachodziła z obu kodonów inicjacyjnych po transfekcji wektora kodującego modelowy mRNA do komórek HCT116. Przebieg translacji *in vitro* w obecności kapu sugerował, że proces przebiega z udziałem mechanizmu niezależnego od kapu. Następnie zaprojektowano szereg oligonukleotydów antysensowych skierowanych na region końcowy 5' mRNA p53. Wybrane oligomery zastosowano w testach translacji *in vitro* oraz w liniach komórkowych i zbadano ich wpływ na syntezę $\Delta 133p53$ oraz żywotność komórek. Wyniki wskazały, że oligomery te są atrakcyjnymi narzędziami w modulacji efektywności translacji poprzez atakowanie końca 5' transkrypty mRNA p53 inicjowanego od miejsca P2. Wyniki opublikowano w czasopiśmie *PLOS ONE*. Stosując metodę EMSA wykazano bezpośrednie oddziaływania białka PCBP2 z regionem końcowym 5' głównego transkrypty ludzkiego mRNA p53 oraz wariantami strukturalnymi tego regionu. Następnie zmapowano miejsca wiązania PCBP2 do RNA za pomocą metody cięcia indukowanego jonami Pb^{2+} oraz metody rozpraszania promieniowania rentgenowskiego pod małym kątem (SAXS). Otrzymane wyniki umożliwiły wizualizację miejsc interakcji na modelu drugorzędowej i trzeciorzędowej struktury regionu niekodującego 5' mRNA p53. Aby poznać potencjalną rolę PCBP2 w regulacji ekspresji *TPp53*, analizowano wpływ wyciszenia lub nadekspresji PCBP2 na poziom białka p53 i jego mRNA w warunkach normalnych i stresowych w linii komórkowej HCT116. Zaproponowano model regulacji syntezy białka p53 przy udziale PCBP2 oddziałującego z końcami 5' i 3' mRNA p53. W warunkach normalnych, PCBP2 zwiększa stabilność mRNA p53, prawdopodobnie poprzez oddziaływanie z 3'UTR, podczas gdy w warunkach stresu PCBP2 wiąże się w regionie końcowym 5' mRNA p53 modulując proces translacji.

2. Struktura i funkcja długich niekodujących RNA w komórkach ludzkich (dr hab. Jan Wrzesiński)

Cel badań

Celem badań było poznanie roli różnych klas niekodujących RNA podczas rozwoju nerek oraz ich interakcji z komponentami komórkowymi.

Opis zrealizowanych prac

Niekodujące RNA (ncRNA) uczestniczą w szeregu procesów komórkowych regulując replikację, transkrypcję, translację oraz mechanizmy dojrzewania RNA. Biorąc pod uwagę ich wielkość, podzielono je na małe niekodujące RNA (sncRNA) o długości ≤ 200 nukleotydów oraz długie niekodujące RNA (lncRNA) o długości >200 nukleotydów. Przeprowadzone badania dotyczą obydwu rodzajów ncRNA. Opublikowano pracę przeglądową w czasopiśmie *International Journal of Molecular Sciences*. Scharakteryzowano biogenezę u człowieka najczęściej występujących w lncRNA modyfikacji to jest 5-metylo-cytydyny, 6-metylo-adenozyny, pseudourydyny oraz inozyny. Omówiono aktualne metody detekcji modyfikacji, ich wady i zalety. Szczególną uwagę zwrócono na rolę epigenetyki lncRNA w funkcjonowaniu komórki. W pracach eksperymentalnych analizowano funkcje fragmentów tRNA (*tRNA-derived fragments* – tRF) w rozwoju oraz funkcjonowaniu nerek. Do badań wybrano hodowane ludzkie komórki nerek: macierzyste (hESC), embrionalne (HEK 293) oraz pochodzące od dorosłego człowieka (HK-2) jako model naśladujący rozwój nerek u człowieka oraz komórki raka nerek jako odstępstwo od prawidłowego rozwoju. Za pomocą metod bioinformatycznych wykazano zwiększony poziom trzech tRF: tRFGly(CCC), tRFVal(AAC) oraz tRFArg(CCU). Wyniki te potwierdzono eksperymentalnie za pomocą techniki northern-blot. Stwierdzono, że występujące w komórkach wymienione tRNA są źródłem wielu tRF, zwiększając tym samym pulę potencjalnych regulatorowych RNA. Analiza bioinformatyczna potwierdziła, że niektóre tRF mogą regulować aktywność białek występujących w nerkach. Ponadto wykazano udział w biogenezie tRF oprócz nukleaz T2, angiogeniny, a także nukleazy Dicer. Transfekcja komórek 293 NoDice, pozbawionych nukleazy Dicer, plazmidem zawierającym tę nukleazę przywracała biogenezę tRF-5b dla wszystkich trzech tRNA. Jest to nowa obserwacja dotycząca nieznannej funkcji nukleazy Dicer.

Publikacje

- P. Zydowicz-Machtel, M. Dutkiewicz, A. Swiatkowska, D. Gurda-Wozna, J. Ciesiolka**
Translation of human $\Delta 133p53$ mRNA and its targeting by antisense oligonucleotides complementary to the 5'-terminal region of this mRNA
PLOS ONE 2021, 16, e0256938
- D.M. Janecki, A. Swiatkowska, J. Szpotkowska, A. Urbanowicz, M. Kabacinska, K. Szpotkowski, J. Ciesiolka**
Poly(C)-binding Protein 2 Regulates the p53 Expression via Interactions with the 5'-Terminal Region of p53 mRNA
INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES 2021, 22, 13306
- M. Kazimierczyk, J. Wrzesinski**
Long Non-Coding RNA Epigenetics
INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES 2021, 22, 6166

Projekty realizowane w Zakładzie w 2021 r.

1. Wpływ niekodujących RNA na rozwój komórek nerek oraz karcinogenezę; (OPUS)
Kierownik projektu: dr hab. Jan Wrzeński
2. Rola czynników białkowych wiążących się do regionu niekodującego 5' ludzkiego mRNA p53 w regulacji ekspresji białka p53 na poziomie translacji; (OPUS)
Kierownik projektu: prof. dr hab. Jerzy Ciesiołka

Zakład Chemii i Biologii Strukturalnej Kwasów Nukleinowych

Kierownik Zakładu: prof. dr hab. Ryszard Kierzek (0,5 STATUT/0,2 GRANTY)⁶⁷

Skład osobowy⁶⁸

Pracownicy naukowci:

dr Tomasz Czapik (STATUT)

dr Agnieszka Ruszkowska (GRANTY)

Doktoranci:

mgr Dagny Lorent (STATUT)

mgr Martina Prochota (stypendium NCN)

Działalność statutowa

Termodynamika modyfikowanych kwasów nukleinowych (prof. dr hab. Ryszard Kierzek)

Cel badań

Określenie parametrów termodynamicznych RNA zawierających N6-metyloadenozynę (m6A), co pozwoli przewidzieć trwałość termodynamiczną i strukturę drugorzędową natywnych RNA zawierających tego typu modyfikacje.

Opis zrealizowanych prac

N6-metyloadenozyna jest jedynym z modyfikowanych nukleotydów najczęściej występujących w natywnych RNA. Proces metylacji i demetylacji adenozyny odbywa się za pomocą specyficznych enzymów. Wykazano, że metylowanie adenozyny ma wpływ na funkcje biologiczne zawierających je RNA. Chemicznie zsyntetyzowano około 100 oligonukleotydów zawierających m6A i tworzących duplekisy oraz szereg motywów strukturalnych RNA. Określono parametry termodynamiczne dla modelu najbliższego sąsiedztwa, co pozwoli na użycie modyfikowanego programu RNAstrucutre aby określić trwałość termodynamiczną i fałdowanie się natywnych RNA zawierających m6A. Publikacja na ten temat jest na etapie oceny przez recenzentów.

Publikacje

1. P. Michalak, J. Piasecka, B. Szutkowska, R. Kierzek, E. Biala, W.N. Moss, E. Kierzek

Conserved structural motifs of two distant IAV subtypes in genomic segment 5 RNA

VIRUSES-BASEL 2021, 13, 525

2. D. Lorent, R. Nowak, C. Roxo, E. Lenartowicz, A. Makarewicz, B. Zaremba, S. Nowak,

L. Kuszel, J. Stefaniak, **R. Kierzek, P. Zmora**

Prevalence of Anti-SARS-CoV-2 Antibodies in Poznan, Poland, after the First Wave of the COVID-19 Pandemic

VACCINES 2021, 9, 541

3. M. Tomaszewska, M. Szabat, K. Zielinska, R. Kierzek

Identification and Structural Aspects of G-Quadruplex-Forming Sequences from the Influenza A Virus Genome

INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES 2021, 22, 6031

4. D. Gudanis, K. Zielinska, D. Baranowski, R. Kierzek, P. Kozłowski, Z. Gdaniec

Impact of a Single Nucleotide Change or Non-Nucleoside Modifications in G-Rich Region on the Quadruplex-Duplex Hybrid Formation

BIOMOLECULES 2021, 11, 1236

⁶⁷ W nawiasach podane źródło finansowania pracowników.

⁶⁸ Stan na 31.12.2021 r.

5. **M. Soszynska-Jozwiak**, M. Pszczola, J. Piasecka, J.M. Peterson, W.N. Moss, K. Taras-Goslinska, **R. Kierzek, E. Kierzek**

Universal and strain specific structure features of segment 8 genomic RNA of influenza A virus – application of 4-thiouridine photocrosslinking

JOURNAL OF BIOLOGICAL CHEMISTRY 2021, 297, 101245

6. **A. Ruszkowska**

METTL16, Methyltransferase-Like Protein 16: Current Insights into Structure and Function

INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES 2021, 22, 2176

Prace przyjęte do druku

A. Ruszkowska, Y. Y. Zheng, S. Mao, **M. Ruszkowski**, J. Sheng

Structural Insights into the 5'UG/3'GU Wobble Tandem in Complex with Ba²⁺ Cation.

Frontiers in Molecular Biosciences, DOI:10.3389/fmolb.2021.762786

Projekty realizowane w Zakładzie w 2021 r.

1. Kotranskrypcyjne fałdowanie vRNA wirusa grypy w obecności antysensowych oligonukleotydów w zainfekowanych wirusem komórkach MDCK. Nowa metoda chemicznego mapowania struktury RNA w oparciu o metodę głębokiego sekwencjonowania; (OPUS)

Kierownik projektu: prof. dr hab. Ryszard Kierzek

2. Parametry termodynamiczne i reguły fałdowania się RNA w warunkach komórkowych (*in vivo* – *like*). Przewidywania fałdowania się RNA dla lepszego poznania ich struktury i funkcji w komórkach ssaczy; (OPUS)

Kierownik projektu: prof. dr hab. Ryszard Kierzek

3. Wpływ niskocząsteczkowych ligandów, specyficznie oddziałujących z potrójną helisą RNA MALAT1, na tworzenie kompleksu MALATI/METTL16 (MINIATURA)

Kierownik projektu: dr Agnieszka Ruszkowska

Zespół Biogospodarki i Zrównoważonego Rozwoju

Zespół powołano 1.07.2021 r.

Kierownik Zespołu: dr Ewa Woźniak-Gientka (STATUT)⁶⁹

Skład osobowy⁷⁰

Doktoranci:

mgr Jakub Kuczyński

Afiliowani emerytowani profesorowie:

prof. dr hab. Tomasz Twardowski

Działalność statutowa

Bioekonomia i biotechnologia – aspekty społeczne i prawne (dr Ewa Woźniak-Gientka)

Cel badań

Analiza wiedzy, opinii publicznej i obaw Europejczyków w odniesieniu do biotechnologii, GMO i nowych technik inżynierii genetycznej (szczególnie edycji genów) w kontekście stanu prawnego i rozwoju biogospodarki w Unii Europejskiej i na świecie.

Opis zrealizowanych prac

Przeprowadzono szereg analiz wiedzy i opinii publicznej, a ich wyniki opisano w trzech artykułach. W pierwszym z artykułów poddano dyskusji czynniki rozwoju biogospodarki i analizowano

⁶⁹ W nawiasach podane źródło finansowania pracowników.

⁷⁰ Stan na 31.12.2021 r.

ich społeczne, ekonomiczne i środowiskowe aspekty, jak i również zaprezentowano wybrane wskaźniki dla UE i Polski (Woźniak i in., 2021 a). Dodatkowo dokonano przeglądu literatury na temat opinii publicznej biogospodarki w krajach UE. Wyniki pokazały, że istnieje potrzeba stworzenia ram statystycznych i modelowania w celu monitorowania i pomiaru rozwoju biogospodarki, a także jej skutków gospodarczych, środowiskowych i społecznych. W drugim artykule omówiono wyzwania i zagrożenia dla biogospodarki w trakcie i po pandemii COVID-19, a także szanse, jakie może przynieść rozwój biogospodarki (Woźniak i Tyczewska, 2021). Ponadto zaprezentowano możliwości sektora biotechnologicznego (diagnostyka, szczepionki, strategie terapeutyczne). Pandemia ujawniła luki w wiedzy publicznej i umiarkowany poziom zaufania do naukowców. Zaufanie do nauki i naukowców można odbudować poprzez edukację i kampanie informujące i angażujące społeczeństwo. Kolejny artykuł dotyczył innowacyjnych dziedzin biogospodarki – biotechnologii i inżynierii genetycznej. W artykule przeanalizowano, porównano i opisano wiedzę, wątpliwości i obawy Europejczyków dotyczące biotechnologii i inżynierii genetycznej w ciągu ostatnich 20 lat (Woźniak i in., 2021b). Stwierdzono, że w UE odnotowano niski, ale znaczący zwrot społeczeństwa w kierunku biotechnologii. W większym stopniu akceptowane jest wykorzystanie biotechnologii w medycynie, natomiast nadal społeczeństwo jest negatywnie nastawione do żywności i roślin genetycznie zmodyfikowanych. Wykorzystanie biotechnologii w medycynie czy produkcji żywności nadal budzi kontrowersje wśród współczesnych konsumentów.

Publikacje

1. **E. Wozniak, A. Tyczewska, T. Twardowski**

A shift towards biotechnology: Social perception in the EU

TRENDS IN BIOTECHNOLOGY 2021, 39, 214–218

2. **E. Wozniak, A. Tyczewska, T. Twardowski**

Bioeconomy development factors in the European Union and Poland

NEW BIOTECHNOLOGY 2021, 60, 2–8

3. S. Sowa, **T. Twardowski, E. Wozniak**, T. Zimny

Legal and practical challenges to authorization of gene edited plants

NEW BIOTECHNOLOGY 2021, 60, 183–188

4. **E. Wozniak, A. Tyczewska**

Bioeconomy during the COVID-19 and perspectives for the post-pandemic world: Example from EU

EFB BIOECONOMY 2021, 1, 100013

5. R. Wohlgemuth, **T. Twardowski**, A. Aguilar

Bioeconomy moving forward step by step – A global journey

NEW BIOTECHNOLOGY 2021, 61-22-28

6. A. Aguilar, R. Wohlgemuth, **T. Twardowski**

Introduction to the special issue: Trends in bioeconomy

NEW BIOTECHNOLOGY 2021, 61, 9–10

7. A.L. Harfouch, V. Petousi, R. Meilan, J. Sweet, **T. Twardowski**, A. Altman

Promoting Ethically Responsible Use of Agricultural Biotechnology

TRENDS IN PLANT SCIENCE 2021, 26, 546–559

8. **A. Tyczewska, J. Gracz-Bernaciak, J. Szymkowiak, T. Twardowski**

Herbicide stress-induced DNA methylation changes in two Zea mays inbred lines differing in Roundup (R) resistance

JOURNAL OF APPLIED GENETICS 2021, 62, 235–248

Prace przyjęte do druku

J. Kuczynski, J. Gracz-Bernaciak, T. Twardowski, W.M. Karłowski, A. Tyczewska

Cold stress-induced miRNA and degradome changes in four soybean varieties differing in chilling resistance

Journal of Agronomy and Crop Science, DOI: 10.1111/jac.12557

Zespół Biologii Integratywnej

Kierownik Zespołu: dr hab. Rafał Ciosk, prof. ICHB PAN (0,5 STATUT)⁷¹

Skład osobowy⁷²

Pracownicy naukowci:

dr hab. Edyta Kościańska (0,05 STATUT/0,7 GRANTY)

dr Jarosław Lewandowski (0,1 STATUT/0,9 GRANTY)

dr Agnieszka Chabowska-Kita (STATUT)

dr Daria Sobańska (GRANTY)

Pracownicy techniczni:

dr Weronika Wendlandt-Stanek (STATUT)

mgr Katarzyna Solka (0,9 STATUT/0,1 GRANTY)

Doktoranci:

mgr Aneta Dyczkowska (STATUT)

mgr inż. Alicja Komur (0,5 GRANTY)

mgr Bogna Juskowiak (0,5 GRANTY)

Pracownia Analiz Struktur Subkomórkowych

Kierownik: prof. dr hab. Eliza Wyszko (0,1 STATUT/0,9 GRANTY)

Pracownicy naukowci:

dr hab. Małgorzata Giel-Pietraszuk, prof. ICHB PAN (GRANTY)

Pracownicy techniczni:

dr Agnieszka Fedoruk-Wyszomirska (GRANTY)

dr Dorota Gurda-Woźna (GRANTY)

mgr inż. Marta Orlicka-Płocka (GRANTY)

Doktoranci:

mgr Paweł Pawelczak (STATUT)

Pracownia Modelowych Organizmów Zwierzęcych

Kierownik: dr Agata Tyczewska (0,1 STATUT+0,9 GRANTY)

Pracownicy techniczni:

mgr inż. Karol Kołodziejczak (GRANTY)

mgr inż. Natalia Barabasz (GRANTY)

Działalność statutowa

Regulacja posttranskrypcyjna w procesach rozwojowych modelowych organizmów zwierzęcych (dr hab. Rafał Ciosk)

Cel badań

Celem badań było wyjaśnienie, w jaki sposób konserwatywne białka wiążące RNA (RBP) determinują los mRNA oraz w jaki sposób mechanizmy oparte na RBP kontrolują podstawowe procesy biologiczne, takie jak plastyczność rozwojowa lub metaboliczna.

Opis zrealizowanych prac

Regnase-1 to zachowana ewolucyjnie endorybonukleaza odpowiedzialna za degradację wielu docelowych mRNA, które kodują białka zaangażowane w wiele kluczowych procesów biologicznych, m.in. odpowiedź immunologiczną, rozwój organizmu oraz powstawanie nowotworów.

⁷¹ W nawiasach podane źródło finansowania pracowników.

⁷² Stan na 31.12.2021 r.

Istnieją dwa niezależne modele opisujące molekularny mechanizm wyciszania mRNA przy udziale Regnase-1: (i) Regnase-1 działa we współpracy z innym białkiem wiążącym RNA – Roquin-1 albo (ii) oba białka działają niezależnie. W modelowym organizmie *Caenorhabditis elegans* (*C. elegans*) dochodzi do ekspresji białek ortologicznych odpowiadających zarówno Regnase-1, jak i Roquin (REGE-1 i RLE-1). Badając REGE-1 u *C. elegans* wykazano jego funkcjonalną zależność od RLE-1 w wyciszaniu mRNA. Wykazano także, że pomimo niezależnego oddziaływania z cząsteczką mRNA REGE-1 i RLE-1, współpraca obu białek była niezbędna dla regulacji tego mRNA. Ponadto koregulacja mRNA przez REGE-1 i RLE-1 przypominała kooperację ssaczych Regnase-1 i Roquin-1, sugerując istnienie prototypowego mechanizmu wyciszania mRNA, w który zaangażowane są oba białka. Uzyskane wyniki posłużyły do przygotowania manuskryptu, który obecnie znajduje się na etapie recenzji “An mRNA silencing mechanism reliant on the cooperation between REGE-1/Regnase-1 and RLE-1/Roquin-1”.

Publikacje

1. Y.Guo, C. Tocchini, **R. Ciosk**
CLK-2/TEL2 is a conserved component of the nonsense-mediated mRNA decay pathway
PLOS ONE 2021, 16, e0244505
2. R. Venz, T. Pekec, I. Katic, **R. Ciosk**, C.Y. Ewald
End-of-life targeted degradation of DAF-2 insulin/IGF-1 receptor promotes longevity free from growth-related pathologies
eLIFE 2021, 10, e71335
3. **E. Koscianska, E. Kozłowska, A. Fiszer**
Regulatory Potential of Competing Endogenous RNAs in Myotonic Dystrophies
INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES 2021, 22, 6089
4. **J. Lewandowski, A. Komur, D. Sobanska**
Structural and functional relationship of mammalian and nematode ferritins
BIOTECHNOLOGIA 2021, 102, 457–471
5. A.A. Dyczkowska, **A. Chabowska-Kita**
Caenorhabditis elegans as a model organism in obesity research
BIOTECHNOLOGIA 2021, 102, 337–362
6. E.M. Malecka, **D. Sobanska**, M. Olejniczak
Bacterial chaperone protein Hfq facilitates the annealing of sponge RNAs to small regulatory RNAs
JOURNAL OF MOLECULAR BIOLOGY 2021, 433, 167291
7. **E. Wyszko, M. Popena, D. Gudanis, J. Sarzynska, A. Belter, P. Perrigue**, P. Skowronek, **K. Rolle, J. Barciszewski**
The model structure of the hammerhead ribozyme formed by RNAs of reciprocal chirality
BIOSCIENCE REPORTS 2021, 41, BSR20203424
8. S. Rykowski, **D. Gurda-Wozna, M. Orlicka-Plocka, A. Fedoruk-Wyszomirska, M. Giel-Pietraszuk, E. Wyszko**, A. Kowalczyk, P. Staczek, A. Bak, **A. Kiliszek, W. Rypniewski**, A.B. Olejniczak
Design, Synthesis, and Evaluation of Novel 3-Carboranyl-1,8-Naphthalimide Derivatives as Potential Anticancer Agents
INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES 2021, 22, 2772
9. **M. Orlicka-Plocka, A. Fedoruk-Wyszomirska, D. Gurda-Wozna, P. Pawelczak**, P. Krawczyk, **M. Giel-Pietraszuk, G. Framski, T. Ostrowski, E. Wyszko**
Implications of Oxidative Stress in Glioblastoma Multiforme Following Treatment with Purine Derivatives
ANTIOXIDANTS 2021, 10, 950
10. **P. Zydowicz-Machtel, M. Dutkiewicz, A. Swiatkowska, D. Gurda-Wozna, J. Ciesiolka**
Translation of human $\Delta 133p53$ mRNA and its targeting by antisense oligonucleotides

complementary to the 5'-terminal region of this mRNA

PLOS ONE 2021, 16, e0256938

11. E. Wozniak, A. Tyczewska, T. Twardowski

A shift towards biotechnology: Social perception in the EU

TRENDS IN BIOTECHNOLOGY 2021, 39, 214–218

12. E. Wozniak, A. Tyczewska, T. Twardowski

Bioeconomy development factors in the European Union and Poland

NEW BIOTECHNOLOGY 2021, 60, 2–8

13. A. Tyczewska, J. Gracz-Bernaciak, J. Szymkowiak, T. Twardowski

Herbicide stress-induced DNA methylation changes in two *Zea mays* inbred lines differing in Roundup (R) resistance

JOURNAL OF APPLIED GENETICS 2021, 62, 235–248

14. E. Wozniak, A. Tyczewska

Bioeconomy during the COVID-19 and perspectives for the post-pandemic world: Example from EU

EFB BIOECONOMY 2021, 1, 100013

Prace przyjęte do druku

J. Kuczynski, J. Gracz-Bernaciak, T. Twardowski, W.M. Karłowski, A. Tyczewska

Cold stress-induced miRNA and degradome changes in four soybean varieties differing in chilling resistance

Journal of Agronomy and Crop Science, DOI: 10.1111/jac.12557

Projekty realizowane w Zespole i Pracowniach w 2021 r.

1. TORPOR INDUKOWANY ZIMNEM: Molekularne mechanizmy ochronne i sposoby poprawy ochrony komórkowej; (MAESTRO)

Kierownik projektu: dr hab. Rafał Ciosk

2. Degeneracja mRNA zależna od REGE-1 i RLE-1: „R2-co” model wyciszania informacyjnego RNA; (OPUS)

Kierownik projektu: dr hab. Rafał Ciosk

3. Właściwości przeciwstarzeniowe 4-N-furfurylocytozyny w zróżnicowanych wiekowo komórkach eukariotycznych, drożdżach oraz mysim modelu starzenia; (OPUS)

Kierownik projektu: dr hab. Eliza Wyszko

4. Analiza właściwości pro-regeneracyjnych i przeciwutleniających 4-N-furfurylocytozyny w modelu zwierzęcym *Schmidtea mediterranea* (Planaria); (MINIATURA)

Kierownik projektu: dr Agnieszka Fedoruk-Wyszomirska

5. Optymalizacja warunków biodruku w celu stworzenia komórkowego modelu 3D raka wątroby, jako platformy skryningowej do selekcji związków o potencjale terapeutycznym; (MINIATURA)

Kierownik projektu: dr Dorota Gurda-Woźna

6. Regulation of body fat: from novel mechanisms to therapeutic targets; (TEAM)

Kierownik projektu: dr hab. Rafał Ciosk, zastępca kierownika: dr hab. Takashi Miki

7. Cell fate plasticity in animal development and tissue homeostasis; (EMBO)

Kierownik projektu: dr hab. Rafał Ciosk

Wynalazki

Patent międzynarodowy

A cytosine analogue, a method of preparation of a cytosine analogue, a DNA methyltransferase 1 inhibitor, a method for DNA methylation inhibition, the use of the analogue in the treatment of diseases associated with deviations from normal DNA methylation

patent: EP 2556081 z 16.06.2021 r.

zgłoszenie: EP 11716084 z 27.11.2012 r.

Twórcy: **Wojciech T. Markiewicz**, Ewelina Adamska, Beata Plitta, **Małgorzata Giel-Pietraszuk**, **Eliza Wyszko**, Maria Markiewicz, **Tadeusz Kuliński**, **Marcin K. Chmielewski**, **Jan Barciszewski**, **Agnieszka Fedoruk-Wyszomirska**

Zakład Biochemii Produktów Naturalnych

Zakład rozwiązano 30.06.2021 r.

Kierownik Zakładu: prof. dr hab. Maciej Stobiecki (0,2 STATUT)⁷³

Skład osobowy⁷⁴

Doktoranci:

mgr Marta Nolka-Szaszner (STATUT)

Działalność statutowa

Wykorzystanie nowych podejść metodycznych w identyfikacji produktów naturalnych pochodzenia roślinnego technikami spektrometrii mas (prof. dr hab. Maciej Stobiecki)

Cel badań

Sprawdzenie roli mikroorganizmów symbiotycznych w ewentualnym zwiększeniu odporności roślin uprawnych na niedobór wody.

Opis zrealizowanych prac

Przeprowadzono porównawcze profilowanie metabolitów liści *Dracocephalum moldavica* inokulowanych mikroorganizmami glebowymi w warunkach stresu związanego z deficytem wody. Projekt realizowano we współpracy z pracownikami Biology Department, School of Sciences, Shiraz University, Shiraz, Iran. Wykonano analizy GC/MS próbek liści z roślin kontrolnych *D. moldavica* inokulowanych bakteriami symbiotycznymi *Micrococcus yunnanensis* lub grzybem mikoryzowym *Claroideoglossum etunicatum*, a także traktowanych oboma mikroorganizmami. Wszystkie grupy roślin wzrastały przez jeden miesiąc hodowli przy 100% pojemności gleby, następnie rośliny były poddawane stresowi braku wody w trzech reżimach zawartości wody w glebie (100%-pojemności gleby – kontrola, 70% oraz 40% pojemności) przez kolejny miesiąc. Uzyskane wyniki wykazały, że szczepienie roślin grzybem mikoryzowym i/lub bakterią symbiotyczną spowodowało przeprogramowanie metaboliczne. Zaobserwowane zmiany metaboliczne w roślinach inokulowanych mikroorganizmami zwiększyły wydajność tych roślin hodowanych w warunkach suszy. Wyniki przeprowadzonych badań opublikowano w *Rhizosphere*.

Publikacje

1. Z. Ghanbarzadeh, H. Zamani, S. Mohsenzadeh, **L. Marczak**, **M. Stobiecki**, M. Zarei
Rhizosphere symbionts improve water stress tolerance in Moldavian balm through modulation of osmolytes

RHIZOSPHERE 2021, 19, 100367

2. **L. Marczak**, **J. Idkowiak**, **J. Tracz**, **M. Stobiecki**, B. Perek, K. Kostka-Jeziorny, A. Tykarski, M. Wanic-Kossowska, M. Borowski, **M. Osuch**, D. Formanowicz, **M. Luczak**

Mass Spectrometry-Based Lipidomics Reveals Differential Changes in the Accumulated Lipid Classes in Chronic Kidney Disease

METABOLITES 2021, 11, 275

⁷³ W nawiasach podane źródło finansowania pracowników.

⁷⁴ Stan na 30.06.2021 r.

Projekty realizowane w Instytucie w 2021 roku

Lp.	Tytuł projektu, nr umowy	Kierownik projektu	Okres realizacji (rok) od-do	Przyznane środki
PROJEKTY NARODOWEGO CENTRUM NAUKI				
Projekty MAESTRO				
1.	Analiza somatycznych mutacji w genach miRNA i w genach biogenezy miRNA w celu identyfikacji nowych celów terapii i biomarkerów chorób nowotworowych; 2016/22/A/NZ2/00184	prof. dr hab. P. Kozłowski	2017-2023	3 419 300
2.	TORPOR INDUKOWANY ZIMNEM: Molekularne mechanizmy ochronne i sposoby poprawy ochrony komórkowej; 2019/34/A/NZ3/00223	dr hab. R. Ciosk	2020-2021	4 049 800
Projekty SYMFONIA				
3.	Dynastia i społeczeństwo państwa Piastów w świetle zintegrowanych badań historycznych, antropologicznych i genomicznych; 2014/12/W/NZ2/00466 Zadania ICHB PAN: 1. Selection of human genome regions (containing the most informative SNPs) for targeted aDNA enrichment; 2. NGS-based screening of DNA samples; 3. Preparation and sequencing of whole genome-capture (WGC)-libraries; 4. Preparation and sequencing of selectively enriched (SE)-libraries; 5. Primary analysis of NGS data; 6. Analysis of genetic diversity within each studied group (NE, E, P and R) and between groups;	prof. dr hab. M. Figlerowicz	2014-2021	6 000 000 3 758 180 ⁷⁵

114

⁷⁵ Wartość zadań realizowanych przez ICHB PAN.

	7. Analysis of the putative ethnic origin of each individual involved in this study (from groups NE, E, P and R) in comparison to the contemporary populations (placement on the map presenting genetic structure of Europe); 8. Establishment of PCA-database; 9. Reconstruction of reference genomes. – projekt realizowany w konsorcjum (lider – ICHB PAN)			
4.	Trójwymiarowe Peptydowo-Organiczne Szkielety Supramolekularne; 2016/20/W/ST5/00478 Zadania ICHB PAN: 1. Badania oddziaływania supramolekularnych peptydowo-organicznych szkieletów z modelowymi białkami; 2. Kokryształizacja i badania strukturalne supramolekularnych peptydowo-organicznych szkieletów z białkami; 3. Badania strukturalne szkieletów następnych generacji i badania ich oddziaływania z modelowymi białkami. – projekt realizowany w konsorcjum (lider – Instytut Chemii Organicznej PAN)	prof. dr hab. M. Jaskólski (kierownik zadań z ramienia ICHB PAN); dr hab. A. Szumna (kierownik projektu, IChO PAN)	2016–2022	4 109 100 1 611 700 ⁷⁶
OPUS				
5.	Analiza roli genu BARD1, jako czynnika warunkującego genetyczną predyspozycję do raka piersi – zastosowanie unikalnej strategii, analizy asocjacji mutacji założycielskich; 2015/17/B/NZ2/01182	prof. dr hab. P. Kozłowski	2016–2021	1 373 000
6.	Identyfikacja białek wiążących się do powtórzeń CAG i badanie interakcji RNA-białko w komórkach; 2015/19/B/NZ2/02453	dr A. Ciesiołka prof. dr hab. W.J. Krzyżosiak	2016–2021	1 899 440
7.	Poszukiwanie molekularnych mechanizmów progresji miażdżycy w przewlekłej chorobie nerek; 2015/19/B/NZ2/02450	dr hab. M. Łuczak	2016–2021	893 817
8.	Wpływ niekodujących RNA na rozwój komórek nerek oraz karcinogenezę; 2016/21/B/NZ2/03468	dr hab. J. Wrzesiński	2017–2021	936 700
9.	Rola czynników białkowych wiążących się do regionu niekodującego 5' ludzkiego mRNA p53 w regulacji ekspresji białka p53 na poziomie translacji; 2016/21/B/NZ1/02832	prof. dr hab. J. Ciesiołka	2017–2021	1 092 000

⁷⁶ Wartość zadań realizowanych przez ICHB PAN.

10.	<p>Nowe, wielozadaniowe nanocząstki w skojarzonej geno- i fototerapii; 2016/21/B/ST8/00477</p> <p>Zadania ICHB PAN:</p> <ol style="list-style-type: none"> 1. Synteza dwuniciowego RNA (dsRNA) o sekwencji homologicznej do tenascyny – C (TNC); 2. Molekularna charakterystyka aktywności nanomateriałów; 3. Analiza poziomu 8 – oxo dG w DNA jako znacznika stresu oksydacyjnego; 4. Analiza globalnego poziomu metylacji DNA komórek traktowanych nanomateriałami; 5. Badanie przenikalności nanocząstek przez błony komórkowe oraz bariery wewnątrzustrojowe w modelu komórkowym. <p>– projekt realizowany w konsorcjum (lider – Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu)</p>	<p>prof. dr hab. J. Barciszewski (kierownik zadań z ramienia ICHB PAN); prof. dr hab. S. Jurga (kierownik projektu, UAM w Poznaniu)</p>	2017–2022	1 523 316 502 600 ⁷⁷
11.	<p>Funkcjonalna interakcja pomiędzy kolistymi RNA (circRNA) a macierzą zewnątrzkomórkową (ECM)-znaczenie dla komórek macierzystych nowotworu (GSC) oraz przejścia nabłonkowo-mezenchymalnego (EMT) w guzach mózgu; 2017/25/B/NZ3/02173</p>	dr hab. K. Rolle	2018–2022	1 204 800
12.	<p>Kotranskrypcyjne fałdowanie vRNA wirusa grypy w obecności antysensowych oligonukleotydów w zainfekowanych wirusem komórkach MDCK. Nowa metoda chemicznego mapowania struktury RNA w oparciu o metodę głębokiego sekwencjonowania; 2017/25/B/NZ1/02269</p>	prof. dr hab. R. Kierzek	2018–2022	2 068 520
13.	<p>Synteza i badania strukturalne oligonukleotydów o sekwencjach ramion antykodonów tRNA zawierających nowe modyfikowane nukleozydy: ct6A, ms2ct6A, ges2U; 2017/25/B/ST5/00971</p> <p>Zadania ICHB PAN:</p> <ol style="list-style-type: none"> 1. Pomiar i analiza widm NMR. Pozyskanie więzów strukturalnych; 2. Wyznaczenie i udoładnienie struktur modelowych 17-merów RNA o sekwencji ASL zawierających modyfikowane nukleotydy. <p>– projekt realizowany w konsorcjum (lider – Politechnika Łódzka)</p>	<p>prof. dr hab. Z. Gdaniec (kierownik zadań z ramienia ICHB PAN); prof. dr hab. E. Sochacka (kierownik projektu, Politechnika Łódzka)</p>	2018–2022	1 390 200 385 000 ⁷⁸
14.	<p>Uwarunkowania strukturalne właściwości przeciwnowotworowych oligonukleotydów bogatych w guanozynę; 2017/25/B/NZ7/00127</p>	dr hab. A. Pasternak	2018–2022	1 290 900

⁷⁷ Wartość realizowanych zadań przez ICHB PAN.

⁷⁸ Wartość realizowanych zadań przez ICHB PAN.

15.	Właściwości przeciwstarzeniowe 4-N-furfurylocytozyny w zróżnicowanych wiekowo komórkach eukariotycznych, drożdżach oraz mysim modelu starzenia; 2017/25/B/NZ7/02162	prof. dr hab. E. Wyszko	2018–2022	1 748 148
16.	Badanie enzymów chitynolitycznych zmierzające do skonstruowania sztucznego chitynosomu; 2017/27/B/NZ1/02201	prof. dr hab. W. Rypniewski	2018–2023	1 513 600
17.	Zmiany w składzie białek rybosomalnych i w oddziałujących z rybosomami krótkich niekodujących RNA w <i>Saccharomyces cerevisiae</i> w odpowiedzi na stres środowiskowy; 2017/27/B/NZ1/01416	dr hab. K. Grzywacz	2018–2022	1 144 400
18.	Molekularne determinanty selektywnego transportu będącego udziałem roślinnych transporterów ABCG; 2017/27/B/NZ1/01090	prof. dr hab. M. Jasiński	2018–2021	953 000
19.	Badanie mechanizmów naprawy dwuniciowych pęknięć DNA w regionach mikrosatelitarnych z wykorzystaniem systemu CRISPR/Cas9; 2018/29/B/NZ1/00293	dr hab. M. Olejniczak	2019–2022	1 533 600
20.	Niskocząsteczkowe narzędzia do badania lokalnego mikrośrodowiska białek; 2018/29/B/ST4/01498	dr J. Kolanowski	2019–2022	1 396 100
21.	Wpływ subkomórkowej lokalizacji wybranych enzymów na specyficzność ich funkcji w biosyntezie i metabolizmie bioaktywnych związków wytwarzanych przez rośliny z rodziny Brassicaceae; 2018/31/B/NZ3/03626	prof. dr hab. P. Bednarek	2019–2022	926 100
22.	Odkrywanie zaburzeń rozwoju mózgu w chorobie Huntingtona wynikających z obniżenia całkowitego poziomu huntingtyny w HD, z użyciem iPSC z młodzieńczej formy HD i fuzyjnych organoidów mózgowych; 2018/31/B/NZ3/03621	dr hab. M. Figiel	2019–2023	1 886 200
23.	Mechanizmy i role rozwojowe terminacji transkrypcji; 2018/31/B/NZ1/03580	dr hab. T. Miki	2019–2022	1 723 960
24.	Parametry termodynamiczne i reguły fałdowania się RNA w warunkach komórkowych (in vivo-like). Przewidywania fałdowania się RNA dla lepszego poznania ich struktury i funkcji w komórkach Ssaczyc; 2019/33/B/ST4/01422	prof. dr hab. R. Kierzek	2020–2023	1 812 200
25.	Wyjaśnienie molekularnych przyczyn i skutków podwyższonego poziomu ekspresji kolistych RNA w dystrofii mięśniowej typu pierwszego (DM1); 2019/33/B/NZ5/02473	dr hab. M. Wojciechowska	2020–2023	1 089 500
26.	Określenie roli końców 5' i 3' mRNA LINE-1 w biologii tego retrotranspozonu; 2019/33/B/NZ1/02260	dr hab. Z. Warkocki	2020–2024	2 036 480

27.	Kompleksowa analiza transkryptomu <i>Schmidtea mediterranea</i> – identyfikacja niekodujących RNA zaangażowanych w rozwój linii komórkowych podczas regeneracji; 2019/35/B/NZ2/02658	dr hab. P. Jackowiak	2020–2024	2 071 200
28.	Międzygatunkowa inżynieria szlaków metabolicznych jako narzędzie w badaniu funkcji metabolitów wtórnych w systemie immunologicznym roślin; 2019/35/B/NZ1/03731	prof. dr hab. P. Bednarek	2020–2024	2 229 840
29.	Degeneracja mRNA zależna od REGE-1 i RLE-1: „R2-co” model wyciszania informacyjnego RNA; 2019/35/B/NZ3/03503	dr hab. R. Ciosk	2020–2021	2 986 800
30.	Badanie zależności pomiędzy sekwencją DNA a strukturą jako punkt wyjścia do projektowania G-kwadrupleksów o określonej topologii – zintegrowane podejście łączące symulacje molekularne i metody eksperymentalne; 2019/35/B/ST4/03559 Zadania ICHB PAN: 1. Walidacja przewidzianych numerycznie stabilności dwutetradowych struktur typu G4 przy pomocy szeregu technik doświadczalnych; 2. Walidacja wartości predykcyjnej modelu poprzez zaprojektowanie trójtetradowych G-kwadrupleksów o wymaganych właściwościach strukturalnych. – projekt realizowany w konsorcjum (lider – Politechnika Gdańska)	prof. dr hab. Z. Gdaniec (kierownika zadań z ramienia ICHB PAN) dr hab. inż. J. Czub (kierownik projektu, Politechnika Gdańska)	2020–2024	1 788 600 1 246 200 ⁷⁹
31.	Identyfikacja nowych, długich niekodujących RNA u <i>Danio pręgowanego</i> , czyli rzucanie nowego światła na ciemną materię genomu; 2018/31/B/NZ2/01940	dr hab. B. Uszczyńska-Ratajczak	2019– 2022 ⁸⁰	1 896 000
32.	Komórkowo-specyficzna ekspresja niekodujących RNA w przysadce mózgowej i ich rola w regulacji ekspresji genów; 2020/37/B/NZ3/03633	dr M. Piwecka	2021–2025	2 520 300
33.	Wykorzystanie związków małocząsteczkowych w epigenetycznej terapii złośliwych glejaków mózgu; 2020/37/B/NZ5/03249	prof. dr hab. M. Naskręt-Barciszewska	2021–2024	973 200
34.	Oligonukleotydy tworzące trypleksy jako nowe narzędzia do rozplatania struktury G-kwadrupleksu oraz selektywnej inhibicji transkrypcji onkogenu c-Myc; 2020/37/B/NZ7/02008	dr hab. A. Pasternak	2021–2025	1 843 200

⁷⁹ Wartość realizowanych zadań przez ICHB PAN.

⁸⁰ Realizacja w ICHB PAN od 1.10.2020 r.

35.	Nowe L-asparaginazy jako potencjalne środki terapeutyczne i cele molekularne dla zwalczania infekcji: badania strukturalne i funkcjonalne enzymów o podwójnym znaczeniu dla projektowania leków; 2020/37/B/NZ1/03250	prof. dr hab. M. Jakskólski	2021–2025	2 347 200
36.	Oligonukleotydy wiążące lantanowce (OWL) jako znaczniki paramagnetyczne w spektroskopii NMR kwasów nukleinowych; 2020/37/B/ST4/03182	dr W. Andrałojć	2021–2025	1 240 800
37.	Transportery ABCG w dystrybucji fenylopropanoidów u <i>Medicago truncatula</i> uniwersalność vs. specjalizacja; 2020/39/B/NZ9/00784	prof. dr hab. M. Jasiński	2021–2025	1 677 000
38.	Molekularne podstawy modyfikacji i aktywacji glukozyolanów w odporności roślin <i>Brassicaceae</i> na infekcję; 2020/39/B/NZ2/03426	prof. dr hab. P. Bednarek	2021–2025	2 089 528
39.	Udział struktury RNA wirusa grypy typu A w regulację jego replikacji. Wysokoprzepustowa analiza ligandów niskocząsteczkowych nakierowana na inhibicje replikacji wirusa grypy; 2020/39/B/NZ1/03054	prof. dr hab. E. Kierzek	2021–2025	2 452 810
40.	Analiza struktury RNA w komórce i jej kompartmentach w skali transkryptomowej oraz identyfikacja wpływu czynników komórkowych na strukturę RNA w <i>S. cerevisiae</i> ; 2020/39/B/NZ3/03020	dr hab. K. Pachulska-Wieczorek	2021–2025	1 945 290
41.	Identyfikacja mutacji aktywujących raka w niekodujących częściach genów kodujących białka i w genach długich niekodujących RNA; 2020/39/B/NZ5/01970	prof. dr hab. P. Kozłowski	2021–2025	2 755 600
42.	Wysokoprzepustowe testy przesiewowe w celu wyselekcjonowania niskocząsteczkowych związków chemicznych osłabiających patogenezę dystrofii miotonicznej typu drugiego (DM2); 2020/39/B/NZ3/01811	dr hab. M. Wojciechowska	2021–2025	1 905 400
43.	Enzymy szlaku biosyntezy L-metioniny jako nowe cele molekularne dla chemoterapii przeciwgrzybowej; 2020/39/B/NZ7/01519 Zadania ICHB PAN: 1. Analiza strukturalna oczyszczonych białek; 2. Modelowanie molekularne i badania strukturalne oddziaływań białek z ligandami. ⁸¹ – projekt realizowany w konsorcjum (lider – Politechnika Gdańska)	prof. dr hab. W. Rypniewski (kierownik zadań z ramienia ICHB PAN) dr hab. I. Gabriel (kierownik projektu – Politechnika Gdańska)	2021–2025	1 677 700 133 200 ⁸²

⁸¹ Zadanie 1 i 2 realizowane wspólnie z Politechniką Gdańską.

⁸² Wartość realizowanych zadań przez ICHB PAN.

44.	Dlaczego komórki stają się mniejsze, aby przeżyć? Analiza komórek tytoniu BY2 zaadaptowanych do warunków stresu osmotycznego i solnego w poszukiwaniu kluczowych czynników regulujących gospodarkę energią, molekularną homeostazę i wielkość komórek; 2020/39/B/NZ9/03336 Zadania ICHB PAN: 1. Analiza transkryptomu komórek BY2; 2. Otrzymanie i analiza widm masowych MS/MS; 3. Analizy statystyczne i bioinformatyczne, integracja danych. ⁸³ – projekt realizowany w konsorcjum (lider – Instytut Dendrologii PAN w Kórniku)	dr Ł. Marczak (kierownik zadań z ramienia ICHB PAN) dr Agnieszka Szuba (kierownik projektu – ID PAN)	2021–2025	2 620 051 345 797 ⁸⁴
45.	Mikrobiom powietrza - charakterystyka mikroorganizmów bytujących w pyłach zawieszonych w powietrzu obszaru miejskiego i ich wpływ na zdrowie człowieka; 2021/41/B/NZ9/03765 Zadania ICHB PAN: 1. Izolacja DNA z filtrów powietrza, przygotowanie bibliotek i sekwencjonowanie WGS; 2. Analiza składu populacji bakteryjnej w metagenomie PM1 i PM2.5 (dane z sekwencjonowania WGS, analiza metagenomiczna); 3. Identyfikacja i analiza bakterii patogennych, czynników wirulencji i czynników związanych z antybiotykoopornością bakterii; 4. Analiza korelacji składu mikrobiomu powietrza z parametrami fizyko-chemicznymi PM1 i PM2.5; 5. Podsumowanie i interpretacja wyników badań. ⁸⁵ – projekt realizowany w konsorcjum (lider – ICHB PAN)	dr A. Philips	2021–2025	3 048 170 1 873 310 ⁸⁶
Projekty SONATA				
46.	Kompleksowa analiza działania oligonukleotydów jako potencjalnych terapeutyków w chorobach poliglutaminowych; 2015/17/D/NZ5/03443	dr hab. A. Fiszer	2016–2021	658 000
47.	Translacja inicjowana na powtórzonych sekwencjach CAG w ataksji rdzeniowo-mózdkowej typu 3; 2015/19/D/NZ5/02183	dr M. Jazurek-Ciesiołka	2016–2022	699 048

⁸³ Zadanie 1 i 3 realizowane wspólnie z Instytutem Dendrologii PAN w Kórniku.

⁸⁴ Wartość realizowanych zadań przez ICHB PAN.

⁸⁵ Zadanie 4 i 5 realizowane wspólnie z Instytutem Podstaw Inżynierii Środowiska PAN.

⁸⁶ Wartość realizowanych zadań przez ICHB PAN.

48.	Dwufunkcyjne oligonukleotydy antysensowe – optymalizacja w regulacji alternatywnego splicingu w nowotworowych liniach komórkowych; 2016/21/D/NZ5/01906	dr J. Lisowiec-Wąchnicka	2017–2021	748 700
49.	W jaki sposób struktura RNA kieruje funkcją matrycowego RNA? Aspekty strukturalne i funkcjonalne kluczowe dla syntezy białka p53 – głównego regulatora podstawowych procesów w komórce; 2016/23/D/NZ1/02565	dr L. Błaszczyk	2017–2022	533 380
50.	Badanie urydyłacji RNA jako mechanizmu regulacji ekspresji genów u człowieka; 2017/26/D/NZ1/00887	dr hab. Z. Warkocki	2018–2022	1 150 000
51.	Maskowane substraty bioluminogenne do selektywnego obrazowania parametrów biochemicznych raka; 2017/26/D/NZ1/01234 Zadania ICHB PAN: 1. Zaprojektowanie i synteza zestawu sond bioluminescencyjnych; 2. Scharakteryzowanie działania sond <i>in vitro</i> ; 3. Walidacja sond w modelach komórkowych; 4. Profilowanie modelowych linii raka płuc pod względem ich parametrów biochemicznych. – projekt realizowany w konsorcjum (lider – ICHB PAN)	dr J. Kolanowski	2018–2021	1 067 100 658 000 ⁸⁷
52.	Identyfikacja biocząsteczek uwalnianych przez komórki raka jelita grubego i wykrywanych w surowicy krwi lub/i egzosomach; 2017/26/D/NZ2/00964	dr inż. A. Wojakowska	2018–2022	1 546 211
53.	Udział polimorfizmu liczby kopii genów w naturalnym zróżnicowaniu odpowiedzi ekotypów <i>Arabidopsis thaliana</i> na stres biotyczny; 2017/26/D/NZ2/01079	dr hab. A. Żmieńko	2018–2022	812 120
54.	Badania strukturalne DNAzymów 8-17 i I-R2 metodami NMR; 2018/31/D/ST4/01467	dr W. Andrałójć	2019–2022	744 000
55.	Roślinny szlak biosyntezy histydyny: badania strukturalne i funkcjonalne jako wstęp do projektowania inhibitorów i aktywatorów; 2018/31/D/NZ1/03630	dr hab. M. Ruszkowski	2019–2022	1 442 800
56.	Sekwencje bogate w reszty G w genomie wirusa grypy typu A – cechy strukturalne i potencjalna funkcja biologiczna w cyklu replikacyjnym wirusa; 2019/35/D/NZ6/01479	dr M. Szabat	2020–2023	1 486 800

⁸⁷ Wartość realizowanych zadań przez ICHB PAN.

57.	Chemiczna architektura fluorowanych analogów dimerów nukleozydów zawierających łącznik 1,2,3-triazolowy o potencjalnym zastosowaniu w biologii molekularnej i medycynie; 2019/35/D/NZ7/03637	dr D. Baraniak	2020-2023	1 086 720
58.	Strategia przeciwnowotworowa bazująca na indukowaniu kwadrupleksów. Właściwości strukturalne i biologiczne kompleksów ligand-RNA/mRNA; 2020/39/D/ST4/03177	dr D. Gudanis	2021-2024	1 174 250
59.	Długie niekodujące RNA - nowy cel terapii antygrypowej; 2020/39/D/NZ6/03267	dr M. Soszyńska-Józwiak	2021-2024	1 535 980
60.	Wpływ nowotworowych mutacji somatycznych w genach miRNA na funkcjonowanie tych cząsteczek i ich potencjalną rolę w nowotworach; 2020/39/D/NZ2/03106	dr P. Gałka-Marciniak	2021-2024	1 599 200
Projekty SONATA BIS				
61.	Wykorzystanie narzędzi genetycznych w eksperymentalnej terapii chorób poliglutaminowych; 2015/18/E/NZ2/00678	dr hab. M. Olejniczak	2016-2021	1 917 600
62.	Niepoznane obszary aktywności ludzkiej rybonukleazy Dicer; 2016/22/E/NZ1/00422	dr hab. A. Kurzyńska-Kokorniak	2017-2022	1 959 600
63.	Struktura RNA i jego oddziaływania z białkiem Gag warunkujące funkcje RNA Ty1 na różnych etapach replikacji retrotranspozonu; 2016/22/E/NZ3/00426	dr hab. K. Pachulska-Wieczorek	2017-2021	1 152 060
64.	Opracowanie metodologii umożliwiającej stabilizację RNA w formie spinki do badań krystalograficznych; 2017/26/E/NZ1/00950	dr hab. A. Kiliszek	2018-2023	2 250 340
65.	Identyfikacja i charakterystyka nowych klas regulatorowych RNA w glejaku wielopostaciowym (GBM). Udział sno-miRNA oraz kolistych RNA (circRNA) w rozwoju i progresji GBM oraz ich znaczenie dla komórek macierzystych nowotworu; 2017/26/E/NZ3/01004	dr hab. K. Rolle	2018-2022	2 318 900
66.	Implikacje funkcjonalne cyrkularnych (kolistych) RNA w neuronach i mózgu; 2018/30/E/NZ3/00624	dr M. Piwecka	2019-2023	3 257 380

67.	Hamowanie aktywności hydrolazy S-adenozylu-L-homocysteiny z <i>Pseudomonas aeruginosa</i> poprzez wpływ na dynamikę enzymu; 2018/30/E/NZ1/00729	dr hab. K. Brzeziński	2019–2024 ⁸⁸	3 181 200
Projekty SONATINA				
68.	Funkcja struktury drugorzędowej vRNA wirusa grypy typu A w kompleksie rybonukleoproteinowym podczas cyklu replikacyjnego wirusa; 2017/24/C/NZ1/00219	dr E. Lenartowicz Onyekaa	2017–2021	1 083 146
69.	Pionierskie badania struktury i funkcji G-kwadruksów miRNA; 2018/28/C/NZ1/00497	dr A. Belter	2018–2022	937 273
70.	Geny oporności na antybiotyki i integrony jako wskaźniki zanieczyszczenia biotycznego i obciążenia opornością ekosystemów Arktyki; 2020/36/C/NZ9/00221	dr N. Makowska	2020–2023	737 707
71.	Psychodeliki jako potencjalne terapeutyki w chorobach neurodegeneracyjnych – badanie w modelu mysim ataksji mózdkowo-rdzeniowej typu 3; 2021/40/C/NZ4/00326 Zadania ICHB PAN: 1. Różnicowanie <i>in vitro</i> mysich płodowych nerwowych komórek progenitorowych z LSD, DMT i psylocyną – charakterystyka fenotypowa; 2. Charakterystyka fenotypowa <i>in vitro</i> mikrogleju po stymulacji z LSD, DMT i psylocyną; 3. Badanie <i>in vitro</i> fagocytozy mikrogleju po stymulacji z LSD, DMT i psylocyną; 4. Badanie <i>in vivo</i> nad terapeutycznymi właściwościami psylocybiny w mysim modelu Ki150 – MRI i testy behawioralne; ⁸⁹ 5. Badanie <i>in vivo</i> nad terapeutycznymi właściwościami psylocybiny w mysim modelu Ki150 – badanie tkanek post mortem. – projekt realizowany na podstawie porozumienia (lider – ICHB PAN)	dr U. Kozłowska	2021–2024	967 586 845 586 ⁹⁰
72.	Agregaty toksycznego białka poliglicynowego: w centrum zainteresowania. Zrozumienie procesów formowania i degradacji; 2021/40/C/NZ3/00323	dr M. Derbis	2021–2024	1 117 308

⁸⁸ Realizacja w ICHB PAN od 1.10.2020 r.

⁸⁹ Zadanie realizowane wspólnie z Uniwersytetem im. A. Mickiewicza w Poznaniu.

⁹⁰ Wartość realizowanych zadań przez ICHB PAN.

Projekty BEETHOVEN LIFE				
73.	Molekularne podstawy aktywacji wirusów grypy przez transbłonowe proteazy serynowe typu II; 2018/31/F/NZ1/03891	dr P. Zmora	2020-2023	1 506 900
Projekty PRELUDIUM				
74.	Profilowanie mikroRNA w komórkowych modelach choroby Huntingtona stworzonych z użyciem technologii iPSC; 2015/17/N/NZ2/01916	dr E. Kozłowska	2016-2021	149 200
75.	Modyfikowane siRNA, rybozomy i system CRISPR/Cas jako strategie inhibicji namnażania wirusa grypy typu A. Zastosowanie i porównanie metod inhibicji nakierowanych na wirusowe RNA; 2016/21/N/NZ1/00565	dr J. Piasecka	2017-2021	149 960
76.	Katalityczne RNA jako narzędzia w biotechnologii mitochondriów ludzkich; 2016/21/N/NZ1/00564	dr P. Głodowicz	2017-2021	149 200
77.	Polimorfizm liczby kopii genów mikroRNA w populacji naturalnych linii <i>Arabidopsis thaliana</i> oraz jego wpływ na potranskrypcyjną regulację ekspresji genów docelowych; 2017/25/N/NZ2/00221	dr A. Samelak-Czajka	2018-2021	120 000
78.	Eksploracja drugiej generacji analogów nukleotydów zawierających fosforosulfenolub fosforoselenoamidy jako nowe motywy strukturalne, 2018/31/N/ST5/03589	dr J. Gołębiowska	2019-2021	138 800
79.	Nowe bispecyficzne koniugaty G-kwadrupeksów jako potencjalne leki przeciwnowotworowe; 2019/35/N/NZ7/02777	mgr C. Roxo	2020-2023	210 000
80.	Arc jako neuronalny Gag. Badanie wirusowych właściwości i funkcji głównego regulatora plastyczności synaptycznej; 2019/35/N/NZ1/01954	mgr J. Gumna	2020-2022	139 920
PRELUDIUM BIS				
81.	Allelo-selektywna terapia dla chorób poliglutaminowych z wykorzystaniem technologii interferencji RNA; 2019/35/O/NZ1/03535	dr hab. M. Olejniczak	2020-2024	532 800
Projekty ETIUDA				
82.	Wykorzystanie systemów do edycji genomu w eksperymentalnej terapii chorób poliglutaminowych; 2020/36/T/NZ2/00127	mgr M. Dąbrowska	2020-2021	150 264

SZYBKA ŚCIEŻKA DOSTĘPU DO FUNDUSZY NA BADANIA NAD COVID-19

83.	Inhibicja replikacji SARS-CoV-2 nacelowana na wirusowe RNA; 2020/01/0/NZ16/00137	prof. dr hab. E. Kierzek	2020-2022	990 000
84.	Walidacja modeli PDB potencjalnych celów terapeutycznych dla SARS-CoV-2; 2020/01/0/NZ1/00134	prof. dr hab. M. Jaskólski	2020-2022	384 000
85.	TMPRSS2 – potencjalny cel dla nowych leków oraz wyznacznik przebiegu COVID 19; 2020/01/0/NZ6/00152	dr P. Zmora	2020-2021	988 800
Projekty MINIATURA				
86.	Eksperymentalna walidacja markerów patogenezы ataksji rdzeniowo mózdkowej typu trzeciego, zidentyfikowanych za pomocą metod wysokoprzepustowych; 2020/04/X/NZ3/00731	dr G. Figura	2020-2021	49 999
87.	Wstępne badania nad chemicznym programowaniem grzybów przy użyciu <i>Ramularia collo-cygni</i> jako modelu; 2020/04/X/NZ1/01959	dr D. Jakubczyk	2020-2021	49 940
88.	Analiza właściwości pro-regeneracyjnych i przeciwutleniających 4-N-furfurylo-cytozyny w modelu zwierzęcym <i>Schmidtea mediterranea</i> (Planaria); 2020/04/X/NZ7/01461	dr A. Fedoruk- -Wyszomirska	2020-2022	49 995
89.	Produkcja białka MtABCG46 w systemie heterologicznym – przygotowanie do analizy strukturalnej; 2021/05/X/NZ1/00255	dr inż. W. Biała- -Leonhard	2021-2022	44 330
90.	Optymalizacja warunków biodruku w celu stworzenia komórkowego modelu 3D raka wątroby, jako platformy skringowej do selekcji związków o potencjale terapeutycznym; 2021/05/X/NZ7/00450	dr inż. D. Gurda-Woźna	2021-2022	49 995
91.	Identyfikacja białek znoszących oddziaływanie białka PABPC1 z ogonem poli(A) mRNA we wczesnej apoptozie; 2021/05/X/NZ3/00684	dr D. Janecki	2021-2022	49 999
92.	Opracowanie nowej metody sekwencjonowania końców 3' RNA z zastosowaniem technologii Nanopore; 2021/05/X/NZ2/00795	dr inż. A. Kajdasz	2021-2022	49 999
93.	Wpływ niskocząsteczkowych ligandów, specyficznie oddziałujących z potrójną helisą RNA MALAT1, na tworzenie kompleksu MALAT1/ METTL16; 2021/05/X/NZ1/00948	dr A. Ruszkowska	2021-2022	49 940
94.	Uzyskanie nowego modelu komórkowego opartego na technologii CRISPR-Cas	dr P. Śledziński	2021-2022	49 965

	(enChIP) w celu badania mechanizmów naprawy rejonów mikrosatelitarnych DNA; 2021/05/X/NZ2/00063			
95.	Poznanie strukturalnych uwarunkowań oddziaływań pomiędzy kasetą PPC ludzkiej rybonukleazy Dicer a cząsteczkami RNA i DNA przyjmującymi struktury G-kwadrupeksu; 2021/05/X/NZ1/01778	dr K. Szpotkowski	2021–2022	49 995
96.	Badania wstępne do opracowania uniwersalnej strategii wydłużania czasu związania i zwiększania selektywności znanych inhibitorów o szerokim spektrum działania na przykładzie inhibitorów cyklinozależnych kinaz (CDK); 2021/05/X/NZ7/01440	dr inż. M. Jakubczyk	2021–2022	49 731
NORWESKI MECHANIZM FINANSOWY NA LATA 2014–2021				
Projekty GRIEG				
97.	Granice życia: różnorodność, strategie adaptacyjne oraz potencjał biotechnologiczny drobnoustrojów żyjących w głębinach morskich Arktyki; 2019/32/H/NZ2/00584. Zadania ICHB PAN ⁹¹ : 1. Klonowanie genów i nadprodukcja białek; 2. Charakterystyka enzymatyczna białek; 3. Analiza strukturalna białek; – projekt realizowany w konsorcjum (lider – Uniwersytet Gdański)	prof. dr hab. W. Rypniewski (kierownik zadań z ramienia ICHB PAN); prof. dr hab. T. Kaczorowski (kierownik projektu, Uniwersytet Gdański)	2021–2024	6 389 850 850 500 ⁹²
PROGRAMY MINISTRA NAUKI I SZKOLNICTWA WYŻSZEGO				
98.	Wkład krajowy na rzecz udziału we wspólnym międzynarodowym przedsięwzięciu pn. European Infrastructure of Open Screening Platforms for Chemical Biology European Research Infrastructure Consortium (EU-OPENSREEN ERIC) Zadania ICHB PAN: 1. Zakup Czytnika Płytek, Systemu HCA, Systemu dozującego minimalne ilości płynów, elementów usprawniających automatyzację procesów, systemu usprawnienia hodowli komórkowej i akcesoriów wspomagających;	prof. dr hab. M. Figlerowicz (kierownik zadań z ramienia ICHB PAN); prof. dr hab. Z. Leśnikowski	2018–2023	39 273 625 12 760 000 ⁹³

⁹¹ Zadania realizowane wspólnie z Uniwersytetem Gdańskim.

⁹² Wartość zadań realizowanych przez ICHB PAN.

⁹³ Wartość zadań realizowanych przez ICHB PAN.

	2. Zakup aparatury i zapewnienie sterylności systemu; 3. Zakup aparatury i stworzenie systemu inteligentnego magazynowania i zarządzania próbkami; 4. Zatrudnienie i przeszkolenie personelu, walidacja procedur pomiarowych i dostosowanie ich do standardów EU-Openscreen, wypracowanie formatu działania HTS-ICHB i stworzenie społeczności lokalnej (m.in. obecni i przyszli partnerzy w POL-Openscreen i spoza) i międzynarodowej (np. poprzez EU-Openscreen) zaangażowanej w podtrzymywanie i korzystanie z platformy. – projekt realizowany w konsorcjum POL-OPENSREEN (lider – Instytut Biologii Medycznej PAN)	(kierownik projektu, IBM PAN)		
Program Diamentowy Grant				
99.	Badanie początkowych ścieżek patogenezы DRPLA w modelu ludzkich prekursorów neuronalnych; 0043/DIA/2020/49	inż. B. Nowak	2020–2022	166 100
PROGRAMY NARODOWEJ AGENCJI WYMIANY AKADEMICKIEJ				
Program POLSKIE POWROTY				
100.	Deciphering networks of regulatory RNAs in the central nervous system; PPN/PPO/2019/1/00035/U/1	dr M. Piwecka	2019–2023	1 583 750
PROJEKTY NARODOWEGO CENTRUM BADAŃ I ROZWOJU				
Program E-Rare				
101.	Terapia genowa ataksji rdzeniowo-mózdkowych: przywracanie prawidłowego metabolizmu cholesterolu poprzez mózgową nadekspresję 24-hydroksylazy cholesterolowej (CYP46A1); ERA-NET-E-RARE- 3/III/SCA-CYP/09/2018 Zadania ICHB PAN: 1. Lipidomiczna charakterystyka mózgu modelu SCA3/MJD Ki91; 2. Indukcja fenotypu przypominającego SCA3 i pogorszenie łagodnego fenotypu SCA3 poprzez wyciszenie ekspresji CYP46A1 w mózgu na drodze wstrzyknięcia AAVCYP46A1.	dr hab. M. Figiel (kierownik zadań z ramienia ICHB PAN); dr. N. Cartier (kierownik projektu, INSERM)	2018–2022	858 470,38 ⁹⁴

⁹⁴ Wartość realizowanych zadań przez ICHB PAN.

	- projekt realizowany w konsorcjum międzynarodowym (lider – Institut National de la Sante et de la Recherche Medicale, Francja)			
102.	Allelo-specyficzne obniżenie poziomu białek polyQ jako strategia terapeutyczna dla choroby Huntingtona oraz ataksji rdzeniowo-mózdkowych typu 3 i 7; ERA-NET-E-RARE- 3/III/TreatPolyQ/08/2018 Zadania ICHB PAN: 1. Testowanie wyciszających reagentów RNA w aspekcie ich toksyczności, dystrybucji w centralnym układzie nerwowym oraz ich efektywności w obniżaniu ekspresji zmutowanego genu; 2. Redukcja fenotypu patologicznego za pomocą RNAi w wybranych mysich modelach chorobowych oraz analiza długoterminowych efektów ubocznych. - projekt realizowany w konsorcjum międzynarodowym (lider – Eberhard Karls Universität Tübingen, Niemcy)	dr hab. M. Figiel prof. dr hab. W.J. Krzyżosiak (kierownik zadań z ramienia ICHB PAN); Dr. H.H.P. Nguyen (kierownik projektu, EKUT)	2018–2022	900 100 ⁹⁵
Program LIDER				
103.	Wykorzystanie enzymów AID/APOBEC w mapowaniu modyfikacji cytozyny w kwasach nukleinowych; LIDER/30/0111/L-9/17/NCBR/2018	dr L. Budźko	2019–2022	1 199 000
TANGO				
104.	Wdrożenie metody wytworzenia 5'trifosforylowanych kwasów nukleinowych; TANGO-IV-A/0045/2019-00	dr hab M. Chmielewski	2021–2022	224 323,75
EuroHPC Joint Undertaking				
105.	Adaptacyjne wielopoziomowe inteligentne zarządzanie danymi dla systemów eksaskalowych – ADMIRE; EuroHPCU/ADMIRE/03/2021 Zadania ICHB PAN: WP 6 – Intelligent controller WP 7 – Application co-design	dr hab. inż. A. Oleksiak (kierownik zadań z ramienia PCSS)	2021–2024	7 968 786,25 EUR 275 250 EUR ⁹⁶ 1 169 041,80 ⁹⁷

⁹⁵ Wartość zadań realizowanych przez ICHB PAN.

⁹⁶ Wartość zadań realizowanych przez Instytut i PCSS dofinansowanych z Komisji Europejskiej.

⁹⁷ Wartość zadań realizowanych przez Instytut i PCSS dofinansowanych z NCBR.

	- projekt realizowany w konsorcjum międzynarodowym (lider – Universidad Carlos III De Madrid, Hiszpania)	dr hab. M. Figiel (kierownika zadań z ramienia ICHB PAN)		
PROJEKTY ZAGRANICZNE				
106.	Cell fate plasticity in animal development and tissue homeostasis; EMBO IG 3615/EMBO SG	dr hab. R. Ciosk	2017–2022	622 515 37 532,70 ⁹⁸
107.	Ensuring long-term sustainability of excellence in chemical biology within Europe and beyond – EU-OPENSCREEN-DRIVE; GA No 823893 – projekt realizowany w konsorcjum międzynarodowym: lider – European Infrastructure of Open Screening Platforms for Chemical Biology European Research Infrastructure Consortium (EU-OPENSCREEN ERIC, EU-OS), Niemcy	dr J. Kolanowski	2019–2023	4 999 563,50 EUR 141 862,50 EUR ⁹⁸
108.	Allele selective, CAG-targeted RNAi-based strategy to lower mutant polyQ proteins in polyglutamine ataxias – National Ataxia Foundation; 688790	dr hab. M. Figiel	2020–2022	60 000 USD
109.	Connect and align ELIXIR Nodes to deliver sustainable FAIR life-science data management services – ELIXIR – CONVERGE; 871075 Zadania ICHB PAN: Zadanie 9. Coordinate nascent and established national data hubs focusing on brokering services to mobilise data and define and foster common best practices w ramach pakietu W9 Mobilisation of SARS-CoV-2 variant surveillance data tracking services and tools ⁹⁹ – projekt realizowany w konsorcjum (lider – European Molecular Biology Laboratory)	dr P. Zmora	2021–2023	45 164 111,74 135 751,01 ¹⁰⁰

⁹⁸ EMBO Small Grant – wsparcie realizacji EMBO Instalation Grant.

⁹⁹ Zadanie realizowane wspólnie przez Instytut i PCSS.

¹⁰⁰ Wartość zadań realizowanych przez Instytut i PCSS.

PROGRAM OPERACYJNY INTELIGENTNY ROZWÓJ 2014–2020				
Oś priorytetowa I Wsparcie prowadzenia prac B+R przez przedsiębiorstwa				
Działanie 1.1. Projekty B+R przedsiębiorstw				
110.	Opracowanie wielkoskalowej syntezy kwasów nukleinowych z wykorzystaniem podłoży hybrydowych; POIR.01.01.01-00-1877/20 Zadania ICHB PAN: Badania przemysłowe: etap 1; etap 3; – projekt realizowany w konsorcjum (lider – FutureSynthesis Sp. z o. o.)	dr hab. M. Chmielewski (kierownik zadań z ramienia ICHB PAN);	2021–2023	4 490 006,26 2 097 712,90 ¹⁰¹
111.	Opracowanie wysokoprzepustowego systemu umożliwiającego szybką ocenę aktywności biologicznych związków nakierowanych na kompleks replikacyjny SARS-CoV-2, wytypowanie związków o najwyższym potencjale terapeutycznym i ocena ich cytotoksyczności wobec komórek ludzkich; POIR.01.01.01-00-2450/20 Zadania ICHB PAN: 1. Badania przemysłowe: etap 1, etap 2, etap 5; 2. Eksperymentalne prace rozwojowe: etap 6; – projekt realizowany w konsorcjum (lider - ideas4biology Sp. z o. o.)	dr hab. A. Kurzyńska-Kokorniak (kierownik zadań z ramienia ICHB PAN)	2021–2023	3 817 093,75 1 783 906,25 ¹⁰²
Oś priorytetowa IV Zwiększenie potencjału naukowo-badawczego				
Działanie 4.1. Badania naukowe i prace rozwojowe				
112.	Mapa Mikrobiomu Polski; POIR.04.01.02-00-0025/17-00 – projekt realizowany w konsorcjum (lider – ICHB PAN)	dr A. Philips	2018–2022	6 546 285,88 3 502 832,74 ¹⁰³
Działanie 4.2. Rozwój nowoczesnej infrastruktury badawczej sektora nauki POIR				
113.	ECBiG – Europejskie Centrum Bioinformatyki i Genomiki; POIR.04.01.02-30-A004/16-00 Zadania ICHB PAN:	prof. dr hab. M. Figlerowicz	2016–2023	68 000 000 27 134 114 ¹⁰⁴

¹⁰¹ Wartość zadań realizowanych przez ICHB PAN.

¹⁰² Wartość zadań realizowanych przez ICHB PAN.

¹⁰³ Wartość zadań realizowanych przez ICHB PAN.

¹⁰⁴ Wartość dofinansowania zadań realizowanych przez Instytut i PCSS.

	1. Stworzenie bazy danych genomicznych; 2. Narzędzia bioinformatyczne. – projekt realizowany w konsorcjum (lider – ICHB PAN)			
114.	NEBI – Krajowy Ośrodek Badań Obrazowych w Naukach Biologicznych i Biomedycznych; POIR.04.02.00-00-C004/19-00 – projekt realizowany w konsorcjum (lider konsorcjum: Instytut Biologii Doświadczalnej im. M. Nenckiego PAN, Warszawa)	prof. dr hab. M. Figlerowicz (kierownik z ramienia ICHB PAN); prof. dr hab. Agnieszka Dobrzyń (kierownik projektu, IBD PAN)	2019–2023	172 035 386,31 84 490 129,65 ¹⁰⁵
115.	ECBiG – Europejskie Centrum Bioinformatyki i Genomiki – MOSAIC; POIR.04.02.00-00-D017/20 Zadania ICHB PAN: 1. Wytworzenie infrastruktury do pozyskiwania biomedycznych danych uczących; 2. Wytworzenie infrastruktury do integracji i analizy danych z wykorzystaniem AI oraz do udostępniania zasobów i usług; – projekt realizowany w konsorcjum (lider – ICHB PAN)	prof. dr hab. M. Figlerowicz	2021–2023	186 830 423 129 167 853,77 ¹⁰⁶
Działanie 4.4. Zwiększanie potencjału kadrowego sektora B+R (Programy Fundacji na Rzecz Nauki Polskiej)				
116.	Regulation of body fat: from novel mechanisms to therapeutic targets; TEAM/2016-2/11; POIR.04.04.00-00-203A/16-00	dr hab. R. Ciosk	2017–2021	3 492 243
117.	MultiGATE: dual-analyte responsive fluorescent probes for a real-time multi-parametric sensing in cellular models; HOMING/2017-4/33; POIR.04.04.00-00-441F/17-00	dr J. Kolanowski	2018–2021	799 933

¹⁰⁵ Wartość dofinansowania zadań realizowanych przez Instytut i PCSS.

¹⁰⁶ Wartość dofinansowania zadań realizowanych przez Instytut i PCSS.

PROGRAM OPERACYJNY WIEDZA EDUKACJA ROZWÓJ 2014–2020

Oś priorytetowa III Szkolnictwo wyższe dla gospodarki i rozwoju

Działanie 3.2. Studia doktoranckie

118.	Środowiskowe interdyscyplinarne studia doktoranckie w zakresie nanotechnologii; POWR.03.02.00-00-I032/16 Zadania ICHB PAN: 1. Przygotowanie, otwarcie i realizacja nowego programu studiów doktoranckich z nanotechnologii; 2. Organizacja staży i wyjazdów konferencyjnych. – projekt realizowany w konsorcjum (lider – Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu)	dr hab. M. Sobkowski (kierownik zadań z ramienia ICHB PAN); prof. dr hab. Stefan Jurga (kierownik projektu, UAM)	2018–2022	2 475 777,50 469 556,50 ¹⁰⁷
119.	Interdyscyplinarne studia doktoranckie NanoBioTech; POWR.03.02.00-00-I0011/16 – projekt realizowany w konsorcjum (lider – Politechnika Poznańska)	dr hab. M. Sobkowski (kierownik zadania z ramienia ICHB PAN); prof. dr hab. inż. Teofil Jesionowski (kierownik projektu, PP)	2018–2022	2 549 895,00 752 272,50 ¹⁰⁶
Działanie 3.3. Umiejzynarodowienie polskiego szkolnictwa wyższego				
Projekt Welcome to Poland				
120.	Zwiększenie kompetencji i przygotowanie kompleksowej oferty obsługi i wsparcia studentów i kadry międzynarodowej w ICHB PAN; PPI/WTP/2019/1/00055/U/00001	dr hab. M. Ruszkowski	2019–2021	225 643,00

¹⁰⁷ Wartość zadań realizowanych przez ICHB PAN.

WIELKOPOLSKI REGIONALNY PROGRAM OPERACYJNY NA LATA 2014–2020

Oś priorytetowa II Społeczeństwo informacyjne				
Działanie 2.1. Rozwój elektronicznych usług publicznych				
121.	REGIONAL COVID-HUB; RPWP.02.01.01-30-0001/20	prof. dr hab. M. Figlerowicz	2020–2022	2 387 587,10 ¹⁰⁸

AGENCJA BADAŃ MEDYCZNYCH

Komercyjne badania kliniczne				
122.	<p>Opracowanie uniwersjalnej platformy szybkiego reagowania, opartej na technologii RNA, zapewniającej krajowe bezpieczeństwo lekowe i epidemiologiczne; 2021/ABM/05/00004 Zadania ICHB PAN:</p> <ol style="list-style-type: none"> 1. Design of therapeutic RNAs and creation of bioinformatic tools and databases; 2. Platform for chemical and biotechnological synthesis of short and long RNAs; 3. Design and testing of delivery strategies for short and long RNAs; 4. Assessment of therapeutic RNAs biological activity <i>in vitro</i>; 5. Pre-clinical evaluation of the therapeutic RNA in animal models. <p>- projekt realizowany w ramach umowy konsorcjum (lider - Warszawskie Zakłady Farmaceutyczne POLFA S. A.)</p>	<p>prof. M. Figlerowicz (kierownika zadań z ramienia ICHB PAN); Małgorzata Korczyk (kierownik projektu, Warszawskie Zakłady Farmaceutyczne POLFA S.A.)</p>	2021–2027	<p>93 852 588,56 35 207 716,16¹⁰⁹</p>

¹⁰⁸ Wartość realizowanych zadań przez Instytut i PCSS.

¹⁰⁹ Wartość dofinansowania zadań realizowanych przez Instytut i PCSS.

Projekty realizowane w PCSS w 2021 roku

Lp.	Tytuł projektu, nr umowy	Kierownik projektu	Okres realizacji (rok) od-do	Przyznane środki
PROJEKTY NARODOWEGO CENTRUM NAUKI				
1.	PROVIDEDH – Progresywne wizualne metody podejmowania decyzji w humanistyce cyfrowej	dr inż. C. Mazurek	2018–2021	951 012
PROJEKTY NARODOWEGO CENTRUM BADAŃ I ROZWOJU				
2.	Adaptacyjne wielopoziomowe inteligentne zarządzanie danymi dla systemów eksaskalowych – ADMIRE; EuroHPCU/ADMIRE/03/2021 Zadania ICHB PAN: WP 6 – Intelligent controller WP 7 – Application co-design – projekt realizowany w konsorcjum międzynarodowym (lider – Universidad Carlos III De Madrid, Hiszpania)	dr hab. inż. A. Oleksiak (kierownik projektu z ramienia PCSS) dr hab. M. Figiel (kierownika zadań z ramienia ICHB PAN)	2021–2024	1 169 041,80 ¹¹⁰
3.	PELOSHA – Personalizable services for supporting healthy ageing	mgr inż. M. Kosiedowski	2018–2022	1 465 198,44
4.	AGROBANK - Stworzenie bioinformatycznego systemu zarządzania narodowymi zasobami genowymi roślin użytkowych oraz rozwój kapitału społecznego i gospodarczego Polski poprzez ochronę i wykorzystanie tych zasobów w procesie świadczenia usług doradztwa rolniczego	mgr inż. J. Pukacki	2018–2022	2 980 477,69
5.	MediaEstimator – Estymacja skuteczności działań sponsoringowych i lokowania produktów z wykorzystaniem rozwiązań technologicznych automatyzacji procesów akwizycji, przetwarzania i wartościowania ekspozycji marek i produktów w przekazach medialnych	mgr inż. R. Cecko	2019–2021	3 446 187,50
6.	syMEC – System MEC dla wspierania zaawansowanych aplikacji w środowisku sieci przewodowych i bezprzewodowych 3G/4G/5G	mgr inż. B. Belter	2019–2022	1 829 669,40

¹¹⁰ Wartość realizowanych zadań przez ICHB PAN i PCSS dofinansowanych z NCBR.

7.	MALWINA – Opracowanie narzędzi pozwalających na analizę wyrafinowanych technicznie przestępstw popełnianych z użyciem szkodliwego oprogramowania	mgr inż. G. Frankowski	2019–2022	3 628 270
8.	AssSyst – Budowa platformy do prowadzenia testów, eksperymentów procesowych oraz neutralizacji materiałów i urządzeń wybuchowych	mgr inż. T. Piontek	2019–2022	2 430 000
9.	SELF – Inteligentne koszulki zwiększające komfort życia	mgr inż. M. Kosiedowski	2020–2022	467 328
10.	Safe-Home – Inteligentny monitoring bezpieczeństwa i stanu zdrowia osób starszych w środowisku domowym	mgr inż. M. Kosiedowski	2021–2024	498 286,77
11.	QATM – Zastosowania technologii kwantowych w zarządzaniu ruchem lotniczym SZ RP	dr hab. inż. K. Kurowski	2021–2024	4 078 750
12.	MEDICS – System Zarządzania Informacją Medyczną oraz Wspomagania Procesu Ewakuacji Medycznej Na Polu Walki	mgr inż. G. Frankowski	2021–2024	4 898 875
13.	SYGPAST – Skonstruowanie wielofunkcyjnej hybrydowej drukarki 3D z systemem kontroli jakości w czasie rzeczywistym	mgr inż. M. Głowiak	2020–2023	2 781 562,50
14.	eFlows4HPC – Rozwój inteligentnych scenariuszy aplikacyjnych w środowisku obliczeniowym EuroHPC	dr inż. N. Meyer	2021–2023	235 719,60
15.	Rozwój akceleratorów i technologii wielkiej skali dla aplikacji eksaskalowych (TEXTAROSSA)	dr hab. inż. A. Oleksiak	2021–2024	1 514 763,80
PROGRAMY MINISTRA EDUKACJI I NAUKI				
16.	EOSC-hub – hub – Integrating and managing services for the European Open Science Cloud	dr inż. N. Meyer	2018–2021	630 592
17.	PRACE-6IP – PRACE 6th Implementation Phase Project	dr inż. N. Meyer	2019–2022	975 702
18.	EoCoE-II – Energy Oriented Center of Excellence: toward exascale for energy	dr inż. N. Meyer	2019–2022	1 221 617
19.	GEANT2020 (GN4-3) – Horizon 2020: H2020-SGA-INFRA-GEANT-2018 (Topic [a] Research and Education Networking)	mgr inż. A. Binczewski	2019–2022	5 718 723
20.	Inkubator Innowacyjności 4.0 – Akcelerator Innowacyjności dla przemysłu 4.0	dr inż. C. Mazurek	2020–2022	699 300,00
CENTRUM PROJEKTÓW POLSKA CYFROWA				
21.	AMUNATCOLL	dr inż. N. Meyer	2018–2021	2 470 620,10

22.	OZwRCIN	dr inż. C. Mazurek	2018–2021	3 974 222,22
23.	eDWIN	dr inż. N. Meyer	2019–2022	4 159 652,17
24.	FBC-TENE: Zwiększenie dostępności cyfrowych zasobów nauki i kultury w federacji bibliotek cyfrowych poprzez pozyskiwanie reprezentacji tekstowej i nutowej	mgr inż. T. Parkoła	2021–2023	1 301 609,40
PROJEKTY ZAGRANICZNE				
25.	Connect and align ELIXIR Nodes to deliver sustainable FAIR life-science data management services – ELIXIR – CONVERGE; 871075 – projekt realizowany w konsorcjum (lider – European Molecular Biology Laboratory)	dr P. Zmora	2021–2023	45 164 111,74 135 751,01 ¹¹¹
26.	Fed4Fireplus – Federation for FIRE Plus	mgr inż. B. Belter	2017–2022	50 000,00 EUR
27.	DEW-COOL-4-CDC – Low Energy Dew Point Cooling for Computing Data Centres	dr inż. A. Oleksiak	2017–2021	153 000,00 EUR
28.	EOSC-hub – Integrating and managing services for the European Open Science Cloud	dr inż. N. Meyer	2018–2021	332 063,00 EUR
29.	INSESION – Personalized intelligent platform enabling interaction with digital services to individuals with profound and multiple learning disabilities	mgr inż. M. Kosiedowski	2018–2021	667 500,00 EUR
30.	ASPIDE – ASPIDE: exAScale ProgramIng models for extreme Data procEssing	dr inż. A. Oleksiak	2018–2021	313 750,00 EUR
31.	RECIPE – RELiable power and time-ConstraInts-aware Predictive management of heterogeneous Exascale systems	dr inż. A. Oleksiak	2018–2021	397 250,00 EUR
32.	VECMA – Verified Exascale Computing for Multiscale Applications	mgr inż. T. Piontek	2018–2021	367 381,25 EUR
33.	SMARTAGRIHUBS - Connecting the dots to unleash the innovation potential for digital transformation of the European agri-food sector	dr R. Palma de Leon	2018–2022	100 000,00 EUR
34.	PRACE-6IP – PRACE 6th Implementation Phase Projec	dr inż. N. Meyer	2019–2022	267 468 EUR
35.	HIDALGO – HPC and Big Data Technologies for Global Systems	dr inż. N. Meyer	2018–2022	652 500,00 EUR
36.	EoCoE-II – Energy Oriented Center of Excellence: toward exascale for energy	dr inż. N. Meyer	2019–2022	530 750,00 EUR
37.	Cybele – Fostering Precision Agriculture And Livestock Farming Through Secure Access To Large-Scale Hpc-Enabled Virtual Industrial Experimentation Environment Empowering Scalable Big Data Analytics	dr R. Palma de Leon	2019–2022	468 875,00 EUR

¹¹¹ Wartość realizowanych zadań przez ICHB PAN i PCSS.

38.	SSHOC – Social Sciences & Humanities Open Cloud	mgr inż. T. Parkoła	2019–2022	411 250,00 EUR
39.	SIEUSOIL – Sino-EU Soil Observatory for intelligent Land Use Management	dr R. Palma de Leon	2019–2022	208 875,00 EUR
40.	GEANT2020 (GN4-3) – Horizon 2020: H2020-SGA-INFRA-GEANT-2018 (Topic [a] Research and Education Networking)	mgr inż. A. Binczewski	2019–2021	4 709 735,00 EUR
41.	TIFOON	mgr inż. A. Binczewski	2019–2022	57 000,00 EUR
42.	STARGATE – reSilient fARminG by Adaptive microclimaTe managEment	dr R. Palma de Leon	2019–2023	180 500,00 EUR
43.	Fair4Fusion – Fair for Fusion – open access for fusion data in Europe	dr inż. N. Meyer	2019–2022	335 750,00 EUR
44.	EOSC-synergy – European Open Science Cloud – Expanding Capacities by building Capabilities	dr inż. N. Meyer	2019–2022	402 500,00 EUR
45.	PJ13 – W2 ERICA – Enable RPAS Insertion in Controlled Airspace	dr hab. inż. K. Kurowski	2019–2022	126 237,04 EUR
46.	DEMETER – Building an Interoperable, Data-Driven, Innovative and Sustainable European Agri-Food Sector	dr R. Palma de Leon	2019–2023	333 500,00 EUR
47.	OPENQKD – Open European Quantum Key Distribution Testbed	mgr inż. A. Binczewski	2019–2022	363 375,00 EUR
48.	eLaryng	dr inż. C. Mazurek	2019–2022	104 650,00 EUR
49.	Open IACS	dr R. Palma de Leon	2019–2022	405 262,00 EUR
50.	DIH4CPS – Fostering DIHs for Embedding Interoperability in Cyber-Physical Systems of European SMEs	dr inż. N. Meyer	2020–2022	171 625,00 EUR
51.	CS3MESH4EOSC – Interactive and agile/responsive sharing mesh of storage, data and applications for EOSC	dr inż. N. Meyer	2020–2022	786 500,00 EUR
52.	EUHubs4Data – European Federation of Data Driven Innovation Hubs	dr inż. N. Meyer	2020–2023	200 500,00 EUR
53.	SLICES-DS – Scientific Large-scale Infrastructure for Computing/Communication Experimental Studies – Design Study	mgr inż. B. Belter	2020–2022	310 000,00 EUR
54.	CLONETS-DS – Clock Network Services – Design Study	mgr inż. A. Binczewski	2020–2022	312 751,25 EUR
55.	Change2Twin – Create and Harvest Offerings to support Manufacturing SMEs to become Digital Twin Champions	dr inż. C. Mazurek	2020–2024	388 100,00 EUR
56.	illuMINEation – illuMINEation – Bright concepts for a safe and sustainable digital mining future	dr inż. N. Meyer	2020–2023	321 500,00 EUR

57.	EuroCC – National Competence Centres in the framework of EuroHPC	dr hab. inż. K. Kurowski	2020–2022	377 850,00 EUR
58.	RENERgetic – Community-empowered Sustainable Multi-Vector Energy Islands	dr hab. inż. A. Oleksiak	2020–2024	751 500,00 EUR
59.	NIGHTFOREARTH - Scientists from various fields teach us how to care for the planet on a daily basis	mgr D. Niemir	2020–2021	12 375,00 EUR
60.	SHOP4CF – Smart Human Oriented Platform for Connected Factories	mgr A. Olszewski	2020–2023	529 500,00 EUR
61.	EOSC Enhance – Enhancing the EOSC portal and connecting thematic clouds	mgr inż. A. Binczewski	2019–2021	19 656,25 EUR
62.	MARVEL – Multimodal Extreme Scale Data Analytics for Smart Cities Environments	dr inż. N. Meyer	2021–2023	224 000,00 EUR
63.	eFlows4HPC – Enabling dynamic and Intelligent workflows in the future EuroHPCecosystem	dr inż. N. Meyer	2021–2023	55 500,00 EUR
64.	EOSC FUTURE	R. Tuminauskas	2021–2023	968 312,50 EUR
65.	RELIANCE – REsearch Lifecycle mAnagement for Earth Science Communities and CopErnicus users in EOSC	dr R. Palma de Leon	2021–2022	314 250,00 EUR
66.	GOF2.0 – GOF2.0 Integrated Urban Airspace VLD	mgr inż. T. Piontek	2021–2022	296 500,00 EUR
67.	SLICES-S.C. – Scientific Large-scale Infrastructure for Computing/Communication Experimental Studies – Starting Community	mgr inż. B. Belter	2021–2024	303 750,00 EUR
68.	TEXTAROSSA – Towards EXtreme scale Technologies and Accelerators for euROhpc hw/Sw Supercomputing Applications for exascale	dr hab. inż. A. Oleksiak	2021–2024	152 850,00 EUR
69.	SOSNIGHT – In science we trust – scientists sound the alarm and show how to save the Earth!	mgr inż. D. Niemir	2021–2022	15 812,50 EUR
70.	SUCCESS – Supporting success for all – Universal Design Principles in Digital Learning for students with disabilities	mgr inż. T. Piontek	2021–2023	61 995,00 EUR
71.	EnrichEuropeana+ Enriching Europeana through citizen science and artificial intelligence – Unlocking the 19th Century	mgr inż. T. Parkoła	2021–2022	142 524,00 EUR
72.	Adaptacyjne wielopoziomowe inteligentne zarządzanie danymi dla systemów eksaskalowych – ADMIRE; EuroHPCU/ADMIRE/03/2021 Zadania ICHB PAN: WP 6 – Intelligent controller	dr hab. inż. A. Oleksiak (kierownik projektu z ramienia PCSS)	2021–2024	7 968 786,25 EUR 275 250,00 EUR ¹¹²

¹¹² Wartość realizowanych zadań przez Instytut i PCSS dofinansowanych z Komisji Europejskiej.

	WP 7 – Application co-design – projekt realizowany w konrosjum międzynarodowym (lider – Universidad Carlos III De Madrid, Hiszpania)	dr hab. M. Figiel (kierownika zadań z ramienia ICHB PAN)		
--	---	---	--	--

PROGRAM OPERACYJNY INTELIGENTNY ROZWÓJ 2014–2020

Oś priorytetowa IV Zwiększenie potencjału naukowo-badawczego				
Działanie 4.2. Rozwój nowoczesnej infrastruktury badawczej sektora nauki POIR				
73.	DARIAH-PL – Cyfrowa infrastruktura badawcza dla humanistyki i nauk o sztuce DARIAH-PL	mgr inż. T. Parkoła	2021–2023	99 800 000,00 54 420 635,68 ¹¹³
74.	KMD – Krajowy Magazyn Danych. Uniwersalna infrastruktura dla składowania i udostępniania danych oraz efektywnego przetwarzania dużych wolumenów danych w modelach HPC, BigData i sztucznej inteligencji	dr inż. N. Meyer	2021–2023	153 540 119,74 50 572 430,93 ¹¹⁴
75.	PIONIER-LAB – Krajowa Platforma Integracji Infrastruktury Badawczej z Ekosystemami Innowacji	mgr inż. A. Binczewski	2018–2023	305 541 574,00 171 994 552,63 ¹¹⁵
76.	PRACE LAB – Współpraca w zakresie zaawansowanych obliczeń w Europie	dr inż. N. Meyer	2019–2023	168 639 915,50 60 372 651,42 ¹¹⁶
77.	PRACE-LAB2 – Współpraca w zakresie zaawansowanych obliczeń w Europie	dr inż. N. Meyer	2020–2023	168 957 280,00 96 372 800,00 ¹¹⁷
78.	EuroHPC PL – Narodowa Infrastruktura Superkomputerowa dla EuroHPC – EuroHPC PL	dr hab. inż. K. Kurowski	2021–2023	160 102 219,69 11 379 326,96 ¹¹⁸
79.	5G-PL – Krajowe laboratorium sieci i usług 5G wraz z otoczeniem	mgr inż. B. Belter	2021–2023	166 599 999,79 38 740 326,67 ¹¹⁹

¹¹³ Wartość dofinansowania zadań realizowanych przez PCSS.

¹¹⁴ Wartość dofinansowania zadań realizowanych przez PCSS.

¹¹⁵ Wartość dofinansowania zadań realizowanych przez PCSS.

¹¹⁶ Wartość dofinansowania zadań realizowanych przez PCSS.

¹¹⁷ Wartość dofinansowania zadań realizowanych przez PCSS.

¹¹⁸ Wartość dofinansowania zadań realizowanych przez PCSS.

¹¹⁹ Wartość dofinansowania zadań realizowanych przez PCSS.

80.	NLPQT – Narodowe Laboratorium Fotoniki i Technologii Kwantowych	mgr inż. A. Binczewski	2018–2023	145 161 566,30 49 234 000 ¹²⁰
-----	---	------------------------	-----------	---

WIELKOPOLSKI REGIONALNY PROGRAM OPERACYJNY NA LATA 2014–2020

81.	AEROSFERA	mgr inż. M. Czyrnek	2019–2022	4 831 440
82.	REGIONAL COVID-HUB	prof. dr hab. M. Figlerowicz (kierownik z ramienia ICHB PAN); mgr inż. T. Piontek (kierownik z ramienia PCSS)	2020–2022	2 387 587,10 ¹²¹

¹²⁰ Wartość dofinansowania zadań realizowanych przez PCSS

¹²¹ Wartość dofinansowania zadań realizowanych przez Instytut i PCSS

Współpraca naukowa z partnerami krajowymi

- 1. Związki małowcząsteczkowe zawierające klastry boru**
Dr hab. Agnieszka Kiliszek, prof. dr hab. Wojciech Rypniewski; Zakład Struktury i Funkcji Biomolekuł
Dr hab. Agnieszka Olejniczak; Instytut Biologii Medycznej PAN, Łódź
- 2. Badania strukturalne peptydowych foldamerów**
Dr Magdalena Bejger, prof. dr hab. Wojciech Rypniewski; Zakład Struktury i Funkcji Biomolekuł
Dr hab. Łukasz Berlicki; Politechnika Wrocławska, Wrocław
- 3. Badania organizmów eksterofilnych w ramach międzynarodowego konsorcjum INDEPTH, w ramach programu NCN GRIEG finansowanego w ramach Funduszy Norweskich**
Dr Magdalena Bejger, mgr Katarzyna Biniak-Antosiak, prof. dr hab. Wojciech Rypniewski; Zakład Struktury i Funkcji Biomolekuł
Prof. dr hab. Tadeusz Kaczorowski; Uniwersytet Gdański, Gdańsk
- 4. Badanie molekularnego mechanizmu hamowania syntazy tymidylanowej przez N(4)-hydrokso-dCMP**
Prof. dr hab. Wojciech Rypniewski; Zakład Struktury i Funkcji Biomolekuł
Prof. dr hab. Wojciech Rode, dr hab. Adam Jarmuła; Instytut Biologii Doświadczalnej im. M. Nenckiego PAN, Warszawa
- 5. Właściwości fotochemiczne układów białkowych**
Dr Marta Grzechowiak, prof. dr hab. Mariusz Jaskólski; Zakład Biologii Strukturalnej Eukariontów
Prof. dr hab. Bronisław Marciniak, dr Marta Ignasiak; Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu, Poznań
- 6. Enzymologia strukturalna asparaginaz**
Dr hab. Mirosław Gilski, prof. dr hab. Mariusz Jaskólski; Zakład Biologii Strukturalnej Eukariontów
Dr Joanna Śliwiak; Pracownia Inżynierii Białek
Dr Joanna Loch; Uniwersytet Jagielloński, Kraków
- 7. Zmodyfikowana charakterystyka Eulera**
Prof. dr hab. Mariusz Jaskólski; Zakład Biologii Strukturalnej Eukariontów
Dr Bartosz Naskręcki; Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu, Poznań
- 8. Charakterystyka strukturalna białka HISN5 metodą mikroskopii krioelektronowej (Cryo-EM)**
Dr hab. Miłosz Ruszkowski; Zakład Biologii Strukturalnej Eukariontów
Dr inż. Paulina Indyka, dr Michał Rawski; Uniwersytet Jagielloński, Kraków
- 9. Badania samoorganizacji cząstek wirusopodobnych**
Dr hab. Anna Urbanowicz; Pracownia Inżynierii Białek
Dr hab. Miłosz Ruszkowski; Zakład Biologii Strukturalnej Eukariontów
Mgr Aleksander Strugała; Pracownia Spektrometrii Mas,
Prof. dr hab. Marek Figlerowicz; Zakład Biologii Molekularnej i Systemowej
Dr inż. Paulina Indyka; Uniwersytet Jagielloński, Kraków
- 10. Produkcja i charakterystyka cząstek wirusopodobnych**
Dr hab. Anna Urbanowicz; Pracownia Inżynierii Białek
Mgr Aleksander Strugała; Pracownia Spektrometrii Mas,
Prof. dr hab. Marek Figlerowicz; Zakład Biologii Molekularnej i Systemowej
Dr inż. Marcin Radom; Zakład Bioinformatyki Strukturalnej

- Dr Karol Kamel; Zakład Bioinformatyki
Dr Grzegorz Nowaczyk, mgr inż. Jakub Jagielski; Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu, Poznań
11. **Określenie udziału mikroRNA (*miRNA*) i ich genów docelowych w odporności na zimno czterech odmian soi**
Mgr inż. Jakub Kuczyński, prof. dr hab. Tomasz Twardowski; Zespół Biogospodarki i Zrównoważonego Rozwoju;
Dr Agata Tyczewska; Pracownia Modelowych Organizmów Zwierzęcych
Dr Joanna Gracz-Bernaciak, prof. dr hab. Wojciech Karłowski; Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu, Poznań
12. **Analiza praca w kontekście rozwoju edycji genów**
Prof. dr hab. Tomasz Twardowski; Zespół Biogospodarki i Zrównoważonego Rozwoju
Dr Sławomir Sowa; Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin – Państwowy Instytut Badawczy, Radzików
Dr Tomasz Zimny; Instytut Nauk Prawnych PAN, Warszawa
13. **Kompilacja danych omicznych w celu scharakteryzowania odpowiedzi *Nicotiana benthamiana* na infekcję wirusem karłowatości orzecha ziemnego**
Dr hab. Agnieszka Żmieńko; Zakład Genomiki Roślin
Dr hab. Aleksandra Obrepalska-Stęplowska; Instytut Ochrony Roślin – Państwowy Instytut Badawczy, Poznań
14. **Analiza transkryptomyczna w badaniu udziału kinaz *SNRK2.4* i *SNRK2.10* w zmianach procesu fotosyntezy obserwowanych w odpowiedzi na stres solny**
Dr hab. Agnieszka Żmieńko; Zakład Genomiki Roślin
Dr Anna Kulik; Instytut Biochemii i Biofizyki PAN, Warszawa
15. **Badania strukturalne małowcząsteczkowych związków biologicznie czynnych**
Dr hab. Krzysztof Brzeziński, dr Paweł Drożdżał; Zakład Biologii Strukturalnej Organizmów Prokariotycznych
Prof. dr hab. Marta Płońska-Brzezińska, prof. dr hab. Marcin Moniuszko; Uniwersytet Medyczny w Białymstoku
Prof. dr hab. Ryszard Łażny; Uniwersytet w Białymstoku
16. **Badania strukturalne i biologiczne oligomerów i polimerów syntetycznych**
Dr hab. Krzysztof Brzeziński, dr Paweł Drożdżał; Zakład Biologii Strukturalnej Organizmów Prokariotycznych
Prof. dr hab. Marta Płońska-Brzezińska; Uniwersytet Medyczny w Białymstoku
17. **Długoterminowa analiza przeciwciał przeciwko *SARS-CoV-2* wśród pracowników medycznych**
Dr Paweł Zmora; Zakład Wirusologii Molekularnej
Prof. dr hab. Magdalena Figlerowicz; Uniwersytet Medyczny im. Karola Marcinkowskiego w Poznaniu, Poznań
Prof. dr hab. Magdalena Pisarska-Krawczyk; Akademia Kaliska im. Prezydenta Stanisława Wojciechowskiego, Kalisz
18. **Badania strukturalne ramienia antykodonu tRNA zawierającego S-geranylową pochodną 2-tiourydyny**
Dr Witold Andrałójć, prof. dr hab. Zofia Gdaniec; Zakład Biomolekularnego NMR
Dr Karol Pasternak; Pracownia NMR
Dr hab. inż. Grażyna Leszczyńska, prof. dr hab. inż. Elżbieta Sochacka; Politechnika Łódzka, Łódź
19. **Projektowanie kwadrupleksów o określonej topologii**
Mgr Amadeusz Woś, dr Witold Andrałójć, dr Dorota Gudanis, prof. dr hab. Zofia Gdaniec; Zakład Biomolekularnego NMR
Dr Karol Pasternak; Pracownia NMR
Dr hab. inż. Jacek Czub; Politechnika Gdańska, Gdańsk

20. **Identyfikacja RNA oddziałujących z rybonukleazą Dicer w ludzkich komórkach HEK293T i liniach pochodnych z wykorzystaniem techniki *irCLIP***
 Mgr inż. Agnieszka Szczepańska, mgr. Kinga Ciechanowska, dr hab. Anna Kurzyńska-Kokorniak; Zakład Biochemii Rybonukleoprotein
 Dr Paweł Wołkow, dr Justyna Totoń-Żurańska; Uniwersytet Jagielloński, Kraków
 Dr Michał Seweryn; Uniwersytet Łódzki, Łódź
21. **Analiza związku pomiędzy występowaniem powtarzającej się mutacji w genie *BARD1* a ryzykiem wystąpienia raka prostaty**
 Dr Malwina Suszyńska, prof. dr hab. Piotr Kozłowski; Zakład Genetyki Molekularnej
 Prof. dr hab. Cezary Cybulski, prof. dr hab. Jan Lubiński; Pomorski Uniwersytet Medyczny w Szczecinie, Szczecin
22. **Analiza mutacji germinalnych w *BARD1*, *PRDM9*, *RCC1*, i *RECQL* w materiale pochodzącym od pacjentek z rakiem jajnika**
 Dr Malwina Suszyńska, prof. dr hab. Piotr Kozłowski, dr Paulina Gałka-Marciniak; Zakład Genetyki Molekularnej
 Prof. dr hab. Cezary Cybulski; Pomorski Uniwersytet Medyczny w Szczecinie, Szczecin
 Prof. dr hab. Bartosz Wasąg; Gdański Uniwersytet Medyczny, Gdańsk
23. **Analiza CNV genów *JAK2*, *PDL1* oraz *PDL2* u pacjentów z nadpłytkowością samoistną**
 Mgr Paulina Nawrocka, prof. dr hab. Piotr Kozłowski; Zakład Genetyki Molekularnej
 Prof. dr hab. Krzysztof Lewandowski; Uniwersytet Medyczny im. Karola Marcinkowskiego w Poznaniu, Poznań
24. **Analiza występowania mutacji w genie *miR-142* w chorobach mieloproliferacyjnych**
 Dr Paulina Gałka-Marciniak, prof. dr hab. Piotr Kozłowski; Zakład Genetyki Molekularnej
 Prof. dr hab. Krzysztof Lewandowski; Uniwersytet Medyczny im. Karola Marcinkowskiego w Poznaniu, Poznań
25. **Opracowanie sposobu izolacji kwasów nukleinowych drobnoustrojów z kału**
 Dr Anna Philips; Pracownia Bioinformatyki
 Dr Kaja Milanowska; Ardigen S.A., Kraków
26. **Analiza ekspresji genów w grochu porażonych grzybem**
 Dr Aneta Sawikowska; Pracownia Bioinformatyki
 Dr Magdalena Gawłowska; Instytut Genetyki Roślin PAN, Poznań
27. **Estymacja nieznanych struktur kowariancyjnych w modelach wielowymiarowych**
 Dr Aneta Sawikowska; Pracownia Bioinformatyki
 Dr Monika Mokrzycka; Instytut Genetyki Roślin PAN, Poznań
 Mgr Adam Mieldzioc; Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu, Poznań
28. **Analiza części zmiennych integronów oporności w rezystomie kriosfery archipelagu Svalbard**
 Dr Nicoletta Makowska-Zawierucha; Pracownia Bioinformatyki
 Dr hab. Joanna Mokracka; Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu, Poznań
29. **Określenie wpływu ścieków nieoczyszczonych na zwiększenie rezystomu wodnego w archipelagu Svalbard**
 Dr Nicoletta Makowska-Zawierucha; Pracownia Bioinformatyki
 Dr Piotr Bałazy; Instytut Oceanologii PAN, Sopot
30. **Identyfikacja kolistych RNA (*circRNA*) i ich związek z komórkami macierzystymi nowotworu**
 Dr hab. Katarzyna Rolle, dr Dariusz Wawrzyniak, mgr Żaneta Zarębska, mgr Konrad Kuczyński, mgr Julia Latowska-Łysiak, mgr Adriana Grabowska; Zakład Neuroonkologii Molekularnej
 Dr Sławomir Smół, dr Rafał Piestrzeniewicz, dr Tomasz Blok; Wielospecjalistyczny Szpital Miejski im. J. Strusia z Zakładem Opiekuńczo Leczniczym, Poznań

- Dr hab. Anna Maria Barciszewska; Uniwersytet Medyczny im. Karola Marcinkowskiego w Poznaniu, Poznań
31. **Identyfikacja niekodujących RNA związanych z chorobami narządu wzroku**
Dr hab. Katarzyna Rolle, dr Dariusz Wawrzyniak, mgr Żaneta Zarębska; Zakład Neuroonkologii Molekularnej
Dr hab. Anna Gotz-Więckowska, lek. med. Olga Wawrzyniak, dr hab. Iwona Rospond-Kubiak, dr Wojciech Adamski; Uniwersytet Medyczny im. K. Marcinkowskiego w Poznaniu, Poznań
 32. **Wykorzystanie nanocząstek magnetycznych jako nowych nośników w terapii przeciwnowotworowej**
Dr hab. Katarzyna Rolle, mgr Małgorzata Grabowska, mgr Konrad Kuczyński, prof. dr hab. Jan Barciszewski; Zakład Neuroonkologii Molekularnej
Prof. dr hab. Stefan Jurga, dr hab. Radosław Mrówczyński, dr Bartosz Grześkowiak; Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu, Poznań
 33. **Wykorzystanie nanocząstek lipidowych jako nośników terapeutycznych kwasów nukleinowych**
Dr hab. Katarzyna Rolle, dr Dariusz Wawrzyniak; Zakład Neuroonkologii Molekularnej
Dr Paulina Skupin-Mrugalska; Uniwersytet Medyczny im. Karola Marcinkowskiego w Poznaniu, Poznań
 34. **Odwrócenie fenotypu ataksji Friedreicha w komórkach macierzystych oraz badanie znaczenia szlaku sygnałowego Notch dla komórek nowotworowych**
Dr hab. Katarzyna Rolle, dr Julia Misiorek; Zakład Neuroonkologii Molekularnej
Dr hab. Adolfo Rivero-Müller, dr Matthias Nees, Uniwersytet Medyczny w Lublinie
 35. **Ciałka retikulum endoplazmatycznego i metabolizm glukozyolanów w *Arabidopsis thaliana***
Prof. dr hab. Paweł Bednarek, dr Paweł Czerniawski; Zakład Metabolomiki Funkcjonalnej Roślin
Dr Kenji Yamada; Uniwersytet Jagielloński, Kraków
 36. **Przygotowanie nowej wersji bazy danych RNA FRABASE (3.0)**
Dr hab. inż. Maciej Antczak, dr Mariusz Popena, prof. dr hab. inż. Marta Szachniuk; Zakład Bioinformatyki Strukturalnej
Dr inż. Paweł Boiński; Politechnika Poznańska, Poznań
 37. **Modelowanie i analiza metabolizmu cholesterolu w procesie rozwoju miażdżycy**
Prof. dr hab. inż. Piotr Formanowicz, dr hab. inż. Agnieszka Rybarczyk; Zakład Bioinformatyki
Dr inż. Marcin Radom; Zakład Bioinformatyki Strukturalnej
Dr hab. Dorota Formanowicz; Uniwersytet Medyczny im. Karola Marcinkowskiego w Poznaniu, Poznań
 38. **Modelowanie i analiza wpływu wirusa SARS-CoV-2 na układ RAA w organizmie pacjenta z nadciśnieniem samoistnym**
Prof. dr hab. inż. Piotr Formanowicz; Zakład Bioinformatyki
Dr hab. Dorota Formanowicz; Uniwersytet Medyczny im. Karola Marcinkowskiego w Poznaniu, Poznań
Mgr Kaja Gutowska, mgr inż. Bartłomiej Szawulak; Politechnika Poznańska, Poznań
 39. **Wykorzystanie systemu wieloagentowego do symulowania populacji replikaz i syntaz**
Prof. dr hab. Jacek Błażewicz, dr hab. inż. Agnieszka Rybarczyk; Zakład Bioinformatyki
Mgr inż. Jarosław Synak; Politechnika Poznańska, Poznań
 40. **Symulacja dynamiki populacyjnej za pomocą równań różniczkowych**
Prof. dr hab. Jacek Błażewicz, dr hab. inż. Agnieszka Rybarczyk; Zakład Bioinformatyki
Mgr inż. Jarosław Synak; Politechnika Poznańska, Poznań
 41. **Analiza migracji wybranych miRNA pomiędzy komórkami raka piersi**
Dr hab. inż. Agnieszka Rybarczyk; Zakład Bioinformatyki
Dr Tomasz Lehmann; Uniwersytet Medyczny im. Karola Marcinkowskiego w Poznaniu, Poznań

42. **Badanie modyfikacji potranslacyjnych rybosomu**
 Dr Karol Kamel; Zakład Bioinformatyki
 Dr Przemysław Grela; Uniwersytet Marii Curie-Skłodowskiej w Lublinie, Lublin
43. **Genomiczna Mapa Polski – stworzenie baz danych i narzędzi do analiz genomicznych niewielkich populacji, np. mieszkańców Polski należących do mniejszości etnicznych i narodowych**
 Prof. dr hab. Marek Figlerowicz, dr Natalia Koralewska; Zakład Biologii Molekularnej i Systemowej
 Damian Jureczko; Górnośląskie Towarzystwo Genealogiczne „Silius Radicum”, Piekary Śląskie
44. **Genomiczna Mapa Polski – tworzenie Mapy Zmienności Genetycznej mieszkańców Polski**
 Prof. dr hab. Marek Figlerowicz; Zakład Biologii Molekularnej i Systemowej
 Dr Luiza Handschuh; Pracownia Genomiki
 Prof. dr hab. Tomasz Hryniewiecki, dr hab. Anna Lutyńska, dr Jerzy Piwoński;
 Narodowy Instytut Kardiologii Stefana kardynała Wyszyńskiego – Państwowy Instytut Badawczy, Warszawa
45. **Analiza zmienności genetycznej i rozprzestrzeniania się wirusa SARS-CoV-2 w Polsce przy wykorzystaniu sekwencjonowania nowej generacji**
 Dr Luiza Handschuh, dr Barbara Szutkowska, dr Jan Podkowiński; Pracownia Genomiki;
 Mgr Michał Zeńczak, mgr Katarzyna Nowis, dr Ireneusz Stolarek, prof. dr hab. Marek Figlerowicz; Zakład Biologii Molekularnej i Systemowej
 Dr Elżbieta Lenartowicz Onyeka; Pracownia Diagnostyki Molekularnej WGW ICHB PAN
 Mgr Katarzyna Łasińska; Wojewódzka Stacja Sanitarno-Epidemiologiczna w Poznaniu, Poznań
 Mgr Marcelina Jaworska; Szpital Pomnik Chrztu Polski w Gnieźnie, Gniezno
 Dr hab. Aleksander Jamsheer, Centra Genetyki medycznej GENESIS Sp. z o.o., Poznań,
 Mgr Łukasz Madej; Regionalne Centrum Naukowo-Technologiczne, Podzamcze
 Dr Marzena Ciechomska; Narodowy Instytut Geriatrii, Reumatologii i Rehabilitacji im. prof. dr hab. med. Eleonory Reicher, Warszawa
46. **Współpraca w zakresie analizy i udostępniania danych genomowych SARS-CoV-2**
 Prof. dr hab. Marek Figlerowicz, dr Natalia Koralewska, dr Ireneusz Stolarek, mgr Katarzyna Nowis; Zakład Biologii Molekularnej i Systemowej
 Dr Cezary Mazurek, dr hab. Krzysztof Kurowski, mgr inż. Tomasz Piontek, mgr inż. Marek Błazewicz, mgr inż. Paweł Rostecki; Poznańskie Centrum Superkomputerowo-Sieciowe
 Emilia Morawiec, Paweł Czerwiński; Gyncentrum Sp. z o.o., Katowice
47. **Badania archeogenomiczne populacji zamieszkujących obszar współczesnej Polski w okresie wpływów rzymskich i średniowiecza**
 Prof. dr hab. Marek Figlerowicz, dr Małgorzata Marcinkowska-Swojak, dr Ireneusz Stolarek, mgr inż. Michał Zeńczak; Zakład Biologii Molekularnej i Systemowej
 Dr Luiza Handschuh; Pracownia Genomiki
 Prof. dr hab. Janusz Piontek, dr inż. Anna Juras, dr Maciej Chyleński, prof. dr hab. Hanna Kóčka-Krenz, prof. dr hab. Józef Dobosz, prof. dr hab. Tomasz Jasiński, dr hab. Marzena Matla, dr Magdalena Biniś-Szkopek, mgr Artur Dębski; Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu, Poznań
48. **Kompleksowa analiza poziomu ekspresji genów kodujących białka z rodziny *BCL2* w ostrej białaczce szpikowej**
 Dr Luiza Handschuh, dr Paweł Wojciechowski; Pracownia Genomiki
 Prof. dr hab. Krzysztof Lewandowski, dr hab. Maciej Kaźmierczak; Uniwersytet Medyczny im. Karola Marcinkowskiego w Poznaniu, Poznań

49. **Komercjalizacja modelu lekoopornych komórek raka jajnika**
Dr Luiza Handschuh, dr hab. Aleksandra Świercz; Pracownia Genomiki
Dr Jolanta Szenajch; Wojskowy Instytut Medyczny w Warszawie, Warszawa
50. **Dynamika molekularna transporterów ABCG**
Prof. dr hab. Michał Jasiński, dr inż. Wanda Biała-Leonhard, mgr inż. Konrad Pakuła; Zakład Fizjologii Molekularnej Roślin
Dr hab. Jan Brezovsky, mgr Carlos Borja; Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu, Poznań
51. **Ekspresja wirusowego białka w systemie heterologicznym *Medicago truncatula***
Prof. dr hab. Michał Jasiński, dr Aleksandra Paweła; Zakład Fizjologii Molekularnej Roślin
Prof. dr hab. Jacek Henning; Instytut Biochemii i Biofizyki PAN, Warszawa
52. **Synteza nukleozydo 5'-amidofosforanów**
Dr Joanna Romanowska, dr Justyna Gołębowska; Zakład Chemii Komponentów Kwasów Nukleinowych
Dr hab. Małgorzata Pietrowska-Borek, prof. dr hab. Andrzej Guranowski; Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu, Poznań
53. **Synteza, identyfikacja oraz określenie skuteczności herbicydowych cieczy jonowych**
Dr Grzegorz Framski; Zakład Chemii Komponentów Kwasów Nukleinowych
Dr hab. inż. Łukasz Chrzanowski; Politechnika Poznańska, Poznań
54. **Ocena sorpcji oraz mobilności modelowych herbicydowych cieczy jonowych z anionem dikamby w matrycy glebowej**
Dr Grzegorz Framski; Zakład Chemii Komponentów Kwasów Nukleinowych
Dr inż. Anna Parus; Politechnika Poznańska, Poznań
55. **Biodegradacja wybranych związków nootropowych oraz określenie ich szlaków metabolicznych w kontekście epidemiologii ścieków**
Dr Grzegorz Framski; Zakład Chemii Komponentów Kwasów Nukleinowych
Dr inż. Marta Woźniak-Karczewska; Politechnika Poznańska, Poznań
56. **Opracowanie metody pomiaru aktywności równowagowego transportera nukleozydów *ENT1***
Dr hab. Tomasz Ostrowski; Zakład Chemii Komponentów Kwasów Nukleinowych
Prof. dr hab. Andrzej Ciechanowicz; Pomorski Uniwersytet Medyczny w Szczecinie, Szczecin
57. **Analiza proteomiczna LC-MS/MS próbek surowicy w badaniach nad odpowiedzią zwierząt na zakażeniem włośnicą**
Dr hab. Magdalena Łuczak, mgr inż. Joanna Tracz; Zakład Proteomiki Biomedycznej
Dr Michał Gondek; Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie, Lublin
58. **Badania kluczowych mechanizmów nabytej oporności na inhibitory proteasomów w szpiczaku plazmocytowym**
Dr hab. Magdalena Łuczak, mgr inż. Joanna Tracz; Zakład Proteomiki Biomedycznej
Dr Dominik Dytfeld; Uniwersytet Medyczny im. Karola Marcinkowskiego w Poznaniu, Poznań
59. **Wykorzystanie nowych podejść metodycznych w identyfikacji produktów naturalnych pochodzenia roślinnego technikami spektrometrii mas**
Dr Łukasz Marczak; Pracownia Spektrometrii Mas
Dr hab. Robert Malinowski; Instytut Genetyki Roślin PAN, Poznań
60. **Wykorzystanie metod MS w badaniach proteomicznych i metabolomicznych korzeni topoli traktowanych grzybem *Paxillus involutus***
Dr Łukasz Marczak; Pracownia Spektrometrii Mas
Dr Agnieszka Szuba; Instytut Dendrologii PAN, Kórnik
61. **Egzosomy jako predyktory odpowiedzi na radioterapię u pacjentów z rakiem odbytnicy**
Dr Łukasz Marczak, dr Anna Wojakowska; Pracownia Spektrometrii Mas

- Dr hab. Monika Pietrowska, dr Marcin Zeman, dr Mykola Chekan, dr Ewa Zembala-Nożyńska; Narodowy Instytut Onkologii im. Marii Skłodowskiej-Curie – Państwowy Instytut Badawczy, Oddział w Gliwicach, Gliwice
Dr Łukasz Mielanńczyk; Śląski Uniwersytet Medyczny w Katowicach, Katowice
62. **Proteomiczne znaczniki egzosomów pochodzących z komórek czerniaka w osoczu pacjentów jako potencjalne biomarkery progresji**
Dr Łukasz Marczak; Pracownia Spektrometrii Mas
Dr hab. Monika Pietrowska; Narodowy Instytut Onkologii im. Marii Skłodowskiej-Curie – Państwowy Instytut Badawczy, Oddział w Gliwicach, Gliwice
63. **Egzosomy jako potencjalny biomarker dla monitorowania i prognozowania odrzucania nerki przeszczepionej**
Dr Anna Wojakowska; Pracownia Spektrometrii Mas
Dr hab. Justyna Gołębiowska; Gdański Uniwersytet Medyczny, Gdańsk
Dr hab. Monika Pietrowska; Narodowy Instytut Onkologii im. Marii Skłodowskiej-Curie – Państwowy Instytut Badawczy, Oddział w Gliwicach, Gliwice
64. **Metabolomika hipokampu i kory mózgu myszy poddanych wysiłkowi fizycznemu**
Dr Łukasz Marczak, dr Anna Wojakowska; Pracownia Spektrometrii Mas
Dr Arkadiusz Liśkiewicz; Śląski Uniwersytet Medyczny w Katowicach, Katowice
65. **Proteomiczne i strukturalne przejawy kardiomiopatii w szczurzych modelach otyłości i utraty wagi**
Dr Łukasz Marczak; Pracownia Spektrometrii Mas
Dr Arkadiusz Liśkiewicz; Śląski Uniwersytet Medyczny w Katowicach, Katowice
66. **Proteomika mózgow myszy poddanych wpływowi stresu i zachodniej diety**
Dr Łukasz Marczak, dr Anna Wojakowska; Pracownia Spektrometrii Mas
Dr Daniela Liśkiewicz, dr Marta Nowacka-Chmielewska; Akademia Wychowania Fizycznego im. Jerzego Kukuczki w Katowicach, Katowice
67. **Analiza metylacji RNA w liniach komórkowych raka płaskonabłonkowego głowy i szyi**
Dr Łukasz Marczak; Pracownia Spektrometrii Mas
Dr Agnieszka Rawłuszko-Wieczorek; Uniwersytet Medyczny im. Karola Marcinkowskiego w Poznaniu, Poznań
68. **Badania zawiesin komórkowych paproci drzewiastych, analiza struktury komórkowej i metabolitów w komórkach i pożywkach pochodowlanych**
Dr Łukasz Marczak; Pracownia Spektrometrii Mas
Prof. dr hab. Maciej Stobiecki; Zakład Biochemii Produktów Naturalnych
Prof. dr hab. Jan Rybczyński; Polska Akademia Nauk, Ogród Botaniczny – Centrum Zachowania Różnorodności Biologicznej w Powsinie, Warszawa
69. **Mechanizmy molekularne choroby zwyrodnieniowej kolana**
Mgr inż. Kamila Pełowska, mgr Anna Wasilewska-Burczyk, mgr inż. Julian Zacharjasz, dr hab. Kamilla Grzywacz; Zakład Transkryptomiki Funkcjonalnej
Dr hab. Tomasz Piontek, dr Paweł Bąkowski; Centrum Rehasport – Klinika Medycyny Ruchu, Poznań
70. **Realizacja projektu NCN OPUS nr 2017/25/B/NZ6/00642, pt. „Sieci regulatorowe RNA jako nowe cele terapeutyczne w bakteriach lekoopornych”**
Mgr inż. Klementyna Marciniak, dr hab. Kamilla Grzywacz; Zakład Transkryptomiki Funkcjonalnej
Dr hab. Marek Żywicki (kierownik projektu); Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu, Poznań
71. **Analiza niekodujących RNA w gruczolakach przysadki mózgowej**
Dr Monika Piwecka, dr Ewelina Kałużna, mgr Adrian Sobusiak; Zakład Niekodujących RNA
Dr Norbert Wąsik, prof. dr hab. Włodzimierz Liebert; Uniwersytet Medyczny im. Karola Marcinkowskiego w Poznaniu, Poznań
72. **Zastosowanie metody XRNAX do identyfikacji interaktomu RNA w mózgu**
Dr Monika Piwecka, mgr inż. Marta Pietras; Zakład Niekodujących RNA
Dr Remigiusz Serwa; Międzynarodowy Instytut Mechanizmów i Maszyn Molekularnych PAN, Warszawa

73. **Wpływ długoterminowego przechowywania nasion dębu szypułkowego na zmiany zachodzące w ich epigenomie**
 Prof. dr hab. Mirosława Z. Naskręt-Barciszewska; Zakład Biologii Medycznej
 Prof. dr hab. Paweł Chmielarz; Instytut Dendrologii PAN, Kórnik
74. **Opracowanie preparatu bakteriofagowego wykorzystywanego w leczeniu oraz profilaktyce zgnilców czerwii pszczoły miodnej**
 Dr Agnieszka Belter; Zakład Biologii Medycznej
 Dr Ewa Jończyk-Matysiak; Instytut Immunologii i Terapii Doświadczalnej im. Ludwika Hirszfelda PAN, Wrocław
 Dr Ewa Popiela-Pleban; Uniwersytet Przyrodniczy we Wrocławiu, Wrocław
 Dr Kinga Światała-Jeleń; Pure Biologics S.A., Wrocław
 Dr Wojciech Fortuna; Uniwersytet Medyczny im. Piastów Śląskich we Wrocławiu, Wrocław
 Dr Mirosława Skupińska; BioScientia Sp. z o.o., Poznań
 Dr hab. Sławomir Letkiewicz; Uniwersytet Humanistyczno-Przyrodniczy im. Jana Długosza w Częstochowie, Częstochowa
75. **Badanie zależności struktury wybranych miRNA od jonów jednowartościowych**
 Dr Agnieszka Belter; Zakład Biologii Medycznej
 Dr Marta Fik-Jaskółka; Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu, Poznań
76. **Opracowanie szybkiego testu do wykrywania SARS-CoV-2 polegającego na reakcji LAMP-PCR**
 Dr Agnieszka Belter; Zakład Biologii Medycznej
 Dr hab. Marcin K. Chmielewski; FutureSynthesis Sp. z o. o., Poznań
77. **Współpraca z Centrum NanoBioMedycznym Uniwersytetu im. Adama Mickiewicza w Poznaniu w ramach projektu „Środowiskowe interdyscyplinarne studia doktoranckie w zakresie nanotechnologii”**
 Dr hab. Marcin K. Chmielewski mgr Magdalena Paluch; Zakład Chemii Biopolimerów
 Dr Marcin Jarek, dr Mikołaj Lewandowski; Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu, Poznań
78. **Oznaczanie poziomu żelaza w ekstraktach z *C. elegans* metodą SEC-ICP-MS**
 Dr Daria Sobańska; Zespół Biologii Integratywnej
 Dr hab. Marcin Frankowski; Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu, Poznań
79. **Analiza właściwości biologicznych pochodnych 3-karboranylo-1,8-naftalamidów**
 Dr Dorota Gurda-Woźna, Marta mgr Orlicka-Płocka, dr Agnieszka Fedoruk-Wyszomirska; Pracownia Analiz Struktur Subkomórkowych
 Dr hab. Agnieszka B. Olejniczak; Instytut Biologii Medycznej PAN, Łódź
80. **Analiza poziomu lipidów w zróżnicowanych wiekowo osobnikach niesporczaków**
 Dr Agnieszka Fedoruk-Wyszomirska; Pracownia Analiz Struktur Subkomórkowych
 Prof. dr hab. Hanna Kmita; Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu, Poznań
81. **Analiza zmian intensywności sondy *pHSO* w hodowlach komórkowych w obecności wybranych leków**
 Dr Agnieszka Fedoruk-Wyszomirska, dr Dorota Gurda-Woźna; Pracownia Analiz Struktur Subkomórkowych
 Dr hab. Anna Dembska; Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu, Poznań
82. **Walidacja *in cellulo* maskowanych substratów bioluminogennych dla lucyferaz**
 Mgr Masroor Khan, dr Dorota Jakubczyk, dr Jacek Kolanowski; Zakład Sond Molekularnych i Proleków
 Dr hab. Natalia Rozwadowska; Instytut Genetyki Człowieka PAN, Poznań
83. **Hodowla ciekłych kultur grzyba *Ramularia collo-cygni***
 Dr Dorota Jakubczyk; Zakład Sond Molekularnych i Proleków
 Prof. dr hab. Małgorzata Jędrzycka, Instytut Genetyki Roślin PAN, Poznań
84. **Charakterystyka spektroskopowa płynu celomatycznego z dżdżownic**
 Dr Jacek Kolanowski, dr Dorota Kwiatek; Zakład Sond Molekularnych i Proleków
 Oskar Szelest, Piotr Kasprzycki; Raytech, Kraków
85. **Hodowla ryb *Danio* przegony**
 Mgr Monika Kwiatkowska; Zakład Biologii Obliczeniowej Niekodującego RNA

Dr Joanna Dodzian; Międzynarodowy Instytut Biologii Molekularnej i Komórkowej w Warszawie, Warszawa

86. **Funkcjonalna charakterystyka lncRNA w genomie danio przegowanego**

Mgr Monika Kwiatkowska; Zakład Biologii Obliczeniowej Niekodującego RNA

Prof. dr hab. Jacek Kuźnicki; Międzynarodowy Instytut Biologii Molekularnej i Komórkowej w Warszawie, Warszawa

Współpraca naukowa z partnerami zagranicznymi

1. **Analiza zmiany liczby kopii (CNV) genu *BARD1*, przy wykorzystaniu MLPA**
Dr Malwina Suszyńska, prof. dr hab. Piotr Kozłowski; Zakład Genetyki Molekularnej
Prof. Eric Hahnen; University of Cologne, Kolonia, Niemcy
2. **Analiza mutacji germinalnych w *BARD1*, *PRDM9*, *RCC1* i *RECQL* w materiale pochodzącym od pacjentek z rakiem jajnika**
Dr Malwina Suszyńska, prof. dr hab. Piotr Kozłowski; Zakład Genetyki Molekularnej
Dr hab. Magdalena Ratajska; University of Otago, Dunedin, Nowa Zelandia
3. **Analiza mutacji somatycznych w materiale pochodzącym od pacjentów z rakiem podstawonokomórkowym skóry (BCC, ang. *Basal Cell Carcinoma*)**
Mgr Paulina Nawrocka, prof. dr hab. Piotr Kozłowski; Zakład Genetyki Molekularnej
Dr. Michael Sand; Ruhr University Bochum, Bochum, Niemcy
4. **Analiza mutacji w genach miRNA oraz w genach biogenezy miRNA w złośliwych nowotworach osłonek nerwów obwodowych (MPNST)**
Dr Paulina Gałka-Marciniak, prof. dr hab. Piotr Kozłowski; Zakład Genetyki Molekularnej
Dr Natalia Szóstak; Pracownia Bioinformatyki
Dr David T. Miller; Harvard Medical School, Boston, Stany Zjednoczone
5. **Badanie genów *PorX* i *Cas10* u *P. gingivalis***
Dr Anna Philips; Pracownia Bioinformatyki
Prof. Jan Potempa; University of Louisville, Louisville, Stany Zjednoczone
6. **Analiza danych onkogenomicznych w kontekście roli genów *AAMDC* i *REB12* w raku piersi, raku jajnika i w kontekście pancancer**
Prof. dr hab. Piotr Kozłowski; Zakład Genetyki Molekularnej
Dr. Pilar Blancafort; University of Western Australia, Perth, Australia
7. **Opracowanie nowej metody do analizy wydajności rekombinacji homologicznej (HR) w żywych komórkach**
Mgr Paulina Nawrocka, prof. dr hab. Piotr Kozłowski; Zakład Genetyki Molekularnej
Dr. Maria Simarro-Grande; University of Valladolid, Valladolid, Hiszpania
8. **Określenie rodzaju i częstości występowania integronów w metagenomie kriosfery archipelagu Svalbard**
Dr Nicoletta Makowska-Zawierucha; Pracownia Bioinformatyki
Dr. Dariusz Ignatiuk; University Center in Svalbard, Longyearbyen, Norwegia
Prof. Andrea Franzetti; University of Milan, Mediolan, Włochy
9. **Badania strukturalne kompleksów RNA z syntetycznymi ligandami**
Dr hab. Agnieszka Kiliszek, dr Leszek Błaszczyk; Zakład Struktury i Funkcji Biomolekuł
Prof. Kazuhiko Nakatani; Osaka University, Osaka, Japonia
10. **Struktura i funkcja enzymów z organizmów ekstremofilnych**
Dr Magdalena Bejger, mgr Katarzyna Biniak-Antosiak, prof. dr hab. Wojciech Rypniewski; Zakład Struktury i Funkcji Biomolekuł
Prof. Ida Helene Steen; University of Bergen, Bergen, Norwegia
Prof. Constantinos Vorgias; National and Kapodistrian University of Athens, Ateny, Grecja
11. **Struktura RNA**
Dr hab. Miłosz Ruszkowski; Zakład Biologii Strukturalnej Eukariontów

- Dr. Jia Sheng; State University of New York at Albany, Albany, Stany Zjednoczone
12. **Badania enzymów**
Dr hab. Miłosz Ruszkowski; Zakład Biologii Strukturalnej Eukariontów
Prof. Giuseppe Forlani; University of Ferrara, Ferrara, Włochy
 13. **Badania hydroksymetylotransferaz serynowych**
Dr hab. Miłosz Ruszkowski; Zakład Biologii Strukturalnej Eukariontów
Dr. Roberto Contestabile; Sapienza University of Rome, Rzym, Włochy
Dr. Isabel Nogues; Italian National Research Council – Research Institute of Terrestrial Ecosystems, Rzym, Włochy
 14. **Problem walidacji wyników w biologii strukturalnej**
Dr hab. Dariusz Brzeziński, dr hab. Mirosław Gilski, prof. dr hab. Mariusz Jaskólski; Zakład Biologii Strukturalnej Eukariontów
Prof. Wladek Minor; University of Virginia, Charlottesville, Stany Zjednoczone
Dr hab. inż. Zbigniew Dauter; Argonne National Laboratory, Lemont, Stany Zjednoczone
Dr. Bernhard Rupp; Medical University Innsbruck, Innsbruck, Austria
 15. **Aspekty topologiczne krystalografii**
Prof. dr hab. Mariusz Jaskólski; Zakład Biologii Strukturalnej Eukariontów
Dr hab. inż. Zbigniew Dauter; Argonne National Laboratory, Lemont, Stany Zjednoczone
 16. **Badania strukturalne cząstek wirusopodobnych**
Dr hab. Anna Urbanowicz; Pracownia Inżynierii Białek
Dr hab. Miłosz Ruszkowski; Zakład Biologii Strukturalnej Eukariontów
Dr. Guillaume Tresset; Université Paris-Saclay, Paryż, Francja
 17. **Współpraca w ramach COST Action**
Prof. dr hab. Tomasz Twardowski, dr Ewa Woźniak-Gientka; Zespół Biogospodarki i Zrównoważonego Rozwoju
Dr. Dennis Eriksson; Swedish University of Agricultural Sciences, Uppsala, Szwecja
 18. **Analiza rozwoju biogospodarki w krajach UE**
Prof. dr hab. Tomasz Twardowski; Zespół Biogospodarki i Zrównoważonego Rozwoju
Prof. Alfredo Aguilar; European Federation of Biotechnology, Barcelona, Hiszpania
Prof. Ronald Wohlgenuth; Swiss Coordination Committee for Biotechnology, Zurych, Szwajcaria
 19. **Badania strukturalne chitynaz**
Dr Piotr Małeck; Zakład Biologii Strukturalnej Organizmów Prokariotycznych
Dr. Manfred Weiss; Helmholtz-Zentrum Berlin, Niemcy
 20. **Badania strukturalne małowcząsteczkowych związków biologicznie czynnych**
Dr hab. Krzysztof Brzeziński; Zakład Biologii Strukturalnej Organizmów Prokariotycznych
Prof. Rupam Dinda, National Institute of Technology Rourkela, Indie
 21. **Określenie parametrów termodynamicznych RNA zawierających N6-metyloadeninę**
Prof. dr hab. Elżbieta Kierzek, dr Marta Szabat; Zakład Genomiki Strukturalnej RNA
Prof. dr hab. Ryszard Kierzek; Zakład Chemii i Biologii Strukturalnej Kwasów Nukleinowych
Prof. David H. Mathews; University of Rochester, Rochester, Stany Zjednoczone
 22. **Molekularne podstawy aktywacji wirusów grypy przez transbłonowe proteazy serynowe typu II**
Dr Paweł Zmora; Zakład Wirusologii Molekularnej
Prof. Stefan Pöhlmann; Leibniz Institute for Primate Research, Getynga, Niemcy
 23. **Nowe mechanizmy kontroli liczby kopii retrotranspozonów eukariotycznych w komórce**
Dr hab. Katarzyna Pachulska-Wieczorek, mgr Julita Gumna, mgr inż. Angelika Andrzejewska-Romanowska, mgr Małgorzata Zawadzka; Zakład Struktury i Funkcji Retrotranspozonów
Prof. David J. Garfinkel; University of Georgia, Athens, Stany Zjednoczone
 24. **Analiza struktury RNA w komórce i jej kompartmentach w skali transkryptomowej w *S. cerevisiae***

- Dr hab. Katarzyna Pachulska-Wieczorek, mgr Julita Gumna, mgr inż. Angelika Andrzejewska-Romanowska; Zakład Struktury i Funkcji Retrotranspozonów
Prof. David J. Garfinkel; University of Georgia, Athens, Stany Zjednoczone
25. **Mechanizm R2-zależnego wyciszania RNA. Badanie właściwości RNA, które warunkują jego wyciszenie za pośrednictwem R2.**
Dr hab. Katarzyna Pachulska-Wieczorek, mgr Julita Gumna; Zakład Struktury i Funkcji Retrotranspozonów
Dr hab. Rafał Ciosk; University of Oslo, Oslo, Norwegia
26. **Badanie modyfikowanych gapmerów pod kątem efektywności wyciszania genów**
Dr inż. Jolanta Lisowiec-Wąchnicka, mgr Eugenie Abi Nader, dr hab. Anna Pasternak; Zakład Bioinżynierii Kwasów Nukleinowych
Prof. Jesper Wengel; University of Southern Denmark, Odense, Dania
27. **Projektowanie i charakterystyka aktywności inhibitorów RNA, specyficznych wobec wybranych pre-miRNA w układzie modelowym *Xenopus laevis***
Dr hab. Anna Kurzyńska-Kokorniak; Zakład Biochemii Rybonukleoprotein
Dr Natalia Koralewska, prof. dr hab. Marek Figlerowicz; Zakład Biologii Molekularnej i Systemowej
Prof. Marie-Laure Baudet, Dr. Eloina Corradi, Linda Masante, MSc; University of Trento, Trydent, Włochy
28. **Identyfikacja kolistych RNA (circRNA) w guzach mózgu oraz w komórkach macierzystych nowotworu**
Dr hab. Katarzyna Rolle, mgr Żaneta Zarębska; Zakład Neuroonkologii Molekularnej
Dr. Agnieszka Rybak-Wolf; Berlin Institute for Medical Systems Biology, Max Delbrück Center for Molecular Medicine in the Helmholtz Association, Berlin, Niemcy
29. **Opracowanie i charakterystyka nowego modelu badawczego guzów mózgu**
Dr hab. Katarzyna Rolle, mgr Żaneta Zarębska; Zakład Neuroonkologii Molekularnej
Dr. Agnieszka Rybak-Wolf, Dr. Anna Löwa, Miriam Wanders; Berlin Institute for Medical Systems Biology, Max Delbrück Center for Molecular Medicine in the Helmholtz Association, Berlin, Niemcy
30. **Wyjazd stażowy w celu realizacji badań naukowych dotyczących wykorzystania narzędzi genetycznych w eksperymentalnej terapii chorób poliglutaminowych**
Mgr Magdalena Dąbrowska; Zakład Inżynierii Genomowej
Dr. Jacob Corn; Swiss Federal Institute of Technology in Zurich (ETH), Zurych, Szwajcaria
31. **Funkcja roślinnych metabolitów wtórnych w promocji wzrostu indukowanej przez endofity grzybowe**
Prof. dr hab. Paweł Bednarek, dr Anna Piasecka; Zakład Metabolomiki Funkcjonalnej Roślin
Dr Mariola Piślewska-Bednarek; Pracownia Hodowli Komórkowych i Tkankowych
Dr. Kenji Yamada; Uniwersytet Jagielloński, Kraków
Dr. Stephane Hacquard, Dr. Ryohei Thomas Nakano; Max Planck Institute for Plant Breeding Research, Kolonia, Niemcy
32. **Ewolucja odpowiedzi immunologicznej w gatunkach *Brassicaceae***
Prof. dr hab. Paweł Bednarek, dr Anna Piasecka; Zakład Metabolomiki Funkcjonalnej Roślin
Prof. Kenichi Tsuda; Huazhong Agricultural University, Wuhan, Chiny; Max Planck Institute for Plant Breeding Research, Kolonia, Niemcy
33. **Rola glukozyolanów w żywieniu mineralnym roślin**
Prof. dr hab. Paweł Bednarek; Zakład Metabolomiki Funkcjonalnej Roślin
Dr. Masmai Hirai; Institute of Physical and Chemical Research (RIKEN), Tokio, Japonia
Dr. Thomas Nakano; Max Planck Institute for Plant Breeding Research, Kolonia, Niemcy
34. **Walidacja i parametryzacja addytywnego pola siłowego AMBER do dokładnego modelowania modyfikowanych reszt RNA**
Dr Joanna Sarzyńska; Zakład Bioinformatyki Strukturalnej
Prof. Ansuman Lahiri; University of Calcutta, Kolkata, Indie

35. **Przewidywanie miejsc oddziaływania hnRNP2/B1 na podstawie danych fSHAPE**
Dr hab. inż. Maciej Antczak; Zakład Bioinformatyki Strukturalnej
Dr. Meredith Corley; Ionis Pharmaceuticals, Carlsbad, Stany Zjednoczone; University of California San Diego School of Medicine, San Diego, Stany Zjednoczone
36. **Ewaluacja przewidywanych modeli 3D RNA**
Dr hab. inż. Maciej Antczak, prof. dr hab. inż. Marta Szachniuk; Zakład Bioinformatyki Strukturalnej
Dr. Zhichao Miao; European Molecular Biology Laboratory-European Bioinformatics Institute (EMBL-EBI), Cambridge, Wielka Brytania
Prof. Eric Westhof; University of Strasbourg, Strasbourg, Francja
37. **Analiza sekwencji kwadrupleksów**
Prof. dr hab. inż. Marta Szachniuk; Zakład Bioinformatyki Strukturalnej
Prof. Thomas Villmann; Mittweida University of Applied Sciences, Mittweida, Niemcy
38. **Badania termodynamiczne modyfikowanych dupleksów RNA zawierających N6-metylo-adenozynę**
Prof. dr hab. Elżbieta Kierzek; Zakład Genomiki Strukturalnej RNA
Prof. dr hab. Ryszard Kierzek; Zakład Chemii i Biologii Strukturalnej Kwasów Nukleinowych
Prof. David Mathews; University of Rochester, Rochester, Stany Zjednoczone
39. **Wykorzystanie peptydowych kwasów nukleinowych (PNA) w inhibicji namnażania wirusa grypy**
Prof. dr hab. Elżbieta Kierzek, dr Julita Piasecka; Zakład Genomiki Strukturalnej RNA
Prof. Gang Chen; University of Hong Kong, Hong Kong, Chiny
40. **Analiza wydajności systemów komputerowych dla kryterium średniej wartości czasu opóźnienia wykonania zadań**
Prof. dr hab. Jacek Błazewicz; Zakład Bioinformatyki
Dr. Xin Chen, Prof. Wen Wang; Liaoning University of Technology, Jinzhou, Chiny
Dr. Sergey Kovalev; INSEEC Business School, Lyon, Francja
41. **Konsorcjum LifeTime**
Prof. dr hab. Marek Figlerowicz, dr hab. Paulina Jackowiak, dr Natalia Koralewska; Zakład Biologii Molekularnej i Systemowej
Prof. Nikolaus Rajewsky; Berlin Institute for Medical Systems Biology, Max Delbrück Center for Molecular Medicine in the Helmholtz Association, Berlin, Niemcy
Prof. Geneviève Almouzni; Institut Curie, Paryż, Francja
42. **Europejska Platforma Danych dot. COVID-19 (European COVID-19 Data Platform)**
Prof. dr hab. Marek Figlerowicz, dr Natalia Koralewska, dr Ireneusz Stolarek; Zakład Biologii Molekularnej i Systemowej
Dr Cezary Mazurek, dr hab. Krzysztof Kurowski; Poznańskie Centrum Superkomputerowo-Sieciowe
Dr. Rolf Apweiler; European Molecular Biology Laboratory-European Bioinformatics Institute (EMBL-EBI), Cambridge, Wielka Brytania
43. **Analiza funkcjonalna transportera cytokinin MtABCG56**
Prof. dr hab. Michał Jasiński, dr Joanna Banasiak, dr Aleksandra Pawela, mgr inż. Tomasz Jarmuszka; Zakład Fizjologii Molekularnej Roślin
Dr. Ondřej Novák; Palacký University Olomouc, Olomuniec, Czechy
44. **Analiza funkcjonalna transportera cytokinin MtABCG40**
Prof. dr hab. Michał Jasiński, dr Wanda Biała-Leonhard, mgr inż. Tomasz Jarmuszka; Zakład Fizjologii Molekularnej Roślin
Dr. Ondřej Novák; Palacký University Olomouc, Olomuniec, Czechy
45. **Analiza funkcjonalna transporterów cytokinin MtABCG56 i MtABCG40**
Prof. dr hab. Michał Jasiński, dr Joanna Banasiak, dr Aleksandra Pawela, mgr inż. Tomasz Jarmuszka; Zakład Fizjologii Molekularnej Roślin
Prof. Markus Geisler; University of Fribourg, Fryburg, Szwajcaria

46. **Analiza aktywności ATPazowej wybranych białek ABCG**
Prof. dr hab. Michał Jasiński, mgr inż. Konrad Pakuła; Zakład Fizjologii Molekularnej Roślin
Prof. Markus Geisler; University of Fribourg, Fryburg, Szwajcaria
47. **Identyfikacja oraz analiza filogenetyczna pełnych białek ABCB zaangażowanych w transport auksyn**
Prof. dr hab. Michał Jasiński, dr Joanna Banasiak; Zakład Fizjologii Molekularnej Roślin
Prof. Markus Geisler; University of Fribourg, Fryburg, Szwajcaria
48. **Rola transporterów błonowych w oddziaływaniach symbiotycznych**
Prof. dr hab. Michał Jasiński, dr Joanna Banasiak, mgr inż. Tomasz Jarmuszka; Zakład Fizjologii Molekularnej Roślin
Prof. Jeremy D. Murray; John Innes Centre, Norwich, Wielka Brytania
49. **Analiza funkcjonalna transportera LaMATE2**
Prof. dr hab. Michał Jasiński, dr Wanda Biała-Leonhard, mgr inż. Tomasz Jarmuszka; Zakład Fizjologii Molekularnej Roślin
Prof. Nicola Tomasi; University of Udine, Udine, Włochy
50. **Opracowanie protokołów do generowania mutantów *Medicago truncatula* przy wykorzystaniu technologii CRISPR/Cas9**
Prof. dr hab. Michał Jasiński, dr Aleksandra Paweła; Zakład Fizjologii Molekularnej Roślin
Dr. Praveen Awasthi; Institute of Plant Molecular Biology, Czeskie Budziejowice, Czechy
51. **Wykorzystanie mikroorganizmów glebowych dla zrównoważonego rolnictwa**
Dr Joanna Banasiak; Zakład Fizjologii Molekularnej Roślin
Dr. Benoit Lefebvre; French National Institute for Agriculture, Food and Environment, Paryż, Francja
52. **Badania nad P-selenowymi analogami nukleotydów**
Dr Joanna Romanowska, dr Justyna Gołębowska, dr hab. Michał Sobkowski, prof. dr hab. Jacek Stawiński, prof. dr hab. Adam Kraszewski; Zakład Chemii Komponentów Kwasów Nukleinowych
Dr. Frank Sicheri, Dr. Salima Daou, Dr. Jonah Beenstock, University of Toronto, Toronto, Kanada
53. **Oddziaływania RNA-RNA w kontekście badania zaburzeń molekularnych w chorobach poliglutaminowych**
Dr hab. Agnieszka Fiszer; Zakład Biotechnologii Medycznej
Dr. Grzegorz Kudła; University of Edinburgh, Edynburg, Wielka Brytania
54. **Rozwijanie strategii terapeutycznej celowania w region powtórzeń CAG dla chorób poliglutaminowych**
Dr hab. Maciej Figiel; Zakład Neurobiologii Molekularnej
Dr hab. Agnieszka Fiszer; Zakład Biotechnologii Medycznej
Dr. Yvon Trotter; Institute of Genetics and Molecular and Cellular Biology, Illkirch-Graffenstaden, Francja
Dr Nicholas Caron; University of British Columbia, Vancouver, Kanada
Dr. Nicole Deglon; Lausanne University Hospital, Lozanna, Szwajcaria
Dr. Huu Phuc Nguyen; Ruhr University Bochum, Bochum, Niemcy
55. **Poznanie mechanizmów molekularnych odpowiedzialnych za rozwój SCA7**
Dr Paweł Świtoński; Zakład Biotechnologii Medycznej
Dr. Albert La Spada; University of California Irvine, Irvine, Stany Zjednoczone
56. **Symbionty ryzosfery poprawiają tolerancję na stres wodny w balsamie mołdawskim poprzez modulację osmolitów**
Prof. dr hab. Maciej Stobiecki; Zakład Biochemii Produktów Naturalnych
Dr Łukasz Marczak; Pracownia Spektrometrii Mas
Dr. Hajar Zamani; Shiraz University, Shiraz, Iran
57. **Proteomiczne znaczniki egzosomów pochodzących z komórek czerniaka w osoczu pacjentów jako potencjalne biomarkery progresji**
Dr Łukasz Marczak; Pracownia Spektrometrii Mas

- Dr. Theresa L. Whiteside; University of Pittsburgh, Pittsburgh, Stany Zjednoczone
58. **Podejście multiomiczne w analizie egzosomów jako predyktorów odpowiedzi na radioterapię u pacjentów z rakiem odbytnicy**
Dr Anna Wojakowska; Pracownia Spektrometrii Mas
Dr. Krzysztof Polanski; Wellcome Trust Sanger Institute, Cambridge, Wielka Brytania
59. **Identyfikacja aktywnych w próbkach pochodzących z kopalnych gatunków gąbek szklanych**
Dr hab. Magdalena Łuczak; Zakład Proteomiki Biomedycznej
Prof. Hermann Ehrlich; Technical University of Bergakademie Freiberg, Freiberg, Niemcy
60. **Analizy profili metabolitów w roślinach traktowanych mikroorganizmami symbiotycznymi**
Dr Łukasz Marczak; Pracownia Spektrometrii Mas
Prof. dr hab. Maciej Stobiecki; Zakład Biochemii Produktów Naturalnych
Dr. Zohreh Ghanbarzadeh; Shiraz University, Shiraz, Iran
61. **Sekwencjonowanie RNA w pojedynczych komórkach przysadki mózgowej**
Dr Monika Piwecka; Zakład Niekodujących RNA
Prof. Nikolaus Rajewsky; Max Delbrück Center for Molecular Medicine in the Helmholtz Association, Berlin, Niemcy
62. **Badanie circRNA w kontekście regulacji pracy mózgu i rytmu okołodobowego**
Dr Monika Piwecka; Zakład Niekodujących RNA
Dr. Andranik Ivanov; Charité Medical University, Berlin, Niemcy
63. **Badania struktury i funkcji G-kwadrupleksów miRNA**
Dr Agnieszka Belter; Zakład Biologii Medycznej
Dr. Grzegorz Kudła; University of Edinburgh, Edynburg, Wielka Brytania
64. **Realizacja projektu pt. „Allelo-specyficzne obniżenie poziomu białka polyQ jako strategia terapeutyczna dla choroby Huntingtona oraz ataksji rdzeniowo-mózdkowej typu 3 i 7” (akronim: TreatPolyQ)**
Dr hab. Maciej Figiel, dr Magdalena Surdyka, mgr Ewelina Jesion, mgr Żaneta Kalinowska-Pośka; Zakład Neurobiologii Molekularnej
Dr. Yvon Trottier; Institute of Genetics and Molecular and Cellular Biology, Illkirch-Graffenstaden, Francja
Dr. Nicole Deglon; Lausanne University Hospital, Lozanna, Szwajcaria
Dr. Huu Phuc Nguyen; Ruhr University Bochum, Bochum, Niemcy
Dr. Emmanuel Brouillet; François Jacob Institute of Biology, Fontenay-aux-Roses, Francja
Dr. Michael Hayden; University of British Columbia, Vancouver, Kanada
65. **Realizacja projektu NAF Pioneer Award pt. *“Allele selective, CAG-targeted RNAi-based strategy to lower mutant polyQ proteins in polyglutamine ataxias”***
Dr hab. Maciej Figiel, dr Magdalena Surdyka; Zakład Neurobiologii Molekularnej
Dr. Yvon Trottier; Institute of Genetics and Molecular and Cellular Biology, Illkirch-Graffenstaden, Francja
66. **Realizacja projektu pt. „Terapia genowa ataksji rdzeniowo-mózdkowych: przywrócenie prawidłowego metabolizmu cholesterolu poprzez mózgową nadekspresję 24-hydroksylazy cholesterolowej” (akronim: SCA-CYP)**
Dr hab. Maciej Figiel, dr Łukasz Przybył, dr Magdalena Surdyka, Zakład Neurobiologii Molekularnej
Dr. Nathalie Cartier, Dr. Alexandra Durr; French National Institute of Health and Medical Research (INSERM), Paryż, Francja
Dr. Thorsten Schmidt; University of Tübingen, Tybinga, Niemcy
Luís Pereira de Almeida; University of Coimbra, Coimbra, Portugalia
67. **System biomarkerów z oligodendrocytów, neuronów i istoty białej mózgu do wczesnej inicjacji terapii choroby Huntingtona**
Dr hab. Maciej Figiel; Zakład Neurobiologii Molekularnej
Dr. Emmanuel Brouillet; François Jacob Institute Of Biology, Fontenay-aux-Roses, Francja

- Dr. Mahmoud Pouladi, University of British Columbia, Vancouver, Kanada
 Dr. Huu Phuc Nguyen; Ruhr University Bochum, Bochum, Niemcy
 Dr. Åsa Petersén; Lund University, Lund, Szwecja
 Prof. Trygve Brauns Leergaard, University of Oslo, Oslo, Norwegia
68. **Metabolizm lipidów w chorobie Huntingtona**
 Dr hab. Maciej Figiel, mgr Karolina Switońska-Kurkowska; Zakład Neurobiologii Molekularnej
 Dr. Vittorio Maglione; Neuromed Mediterranean Neurological Institute, Venafro, Włochy
69. **Staż doktorancki w ramach projektu "Designing the novel thermo-responsive polymers"**
 Dr hab. Marcin Chmielewski, mgr Magdalena Paluch; Zakład Chemii Biopolimerów
 Prof. Michael R. Buchmeiser; University of Stuttgart, Stuttgart, Niemcy
70. **Określenie wpływu deadenylaz na regulację mRNA ets-4 w *C. elegans***
 Dr Daria Sobańska; Zespół Biologii Integratywnej
 Dr. Pooja Kumari; University of Oslo, Oslo, Norwegia
71. **Analiza metabolomiczna w *C. elegans***
 Dr hab. Rafał Ciosk; Zespół Biologii Integratywnej
 Prof. Nils J. Færgeman; University of Southern Denmark, Odense, Dania
72. **Analiza bioinformatyczna sekwencji RNA i DNA w *C. elegans***
 Dr Agnieszka Chabowska-Kita, mgr Aneta Dyczkowska; Zespół Biologii Integratywnej
 Dr. Yanwu Guo; University of Oslo, Oslo, Norwegia
73. **Odkrycie i zbadanie ścieżki biosyntetycznej rubelin, metabolitów grzyba *Ramularia collo-cygni***
 Dr Dorota Jakubczyk; Zakład Sond Molekularnych i Proleków
 Dr. Francois Dussart; Scotland's Rural College, Aberdeen, Wielka Brytania
74. **Tworzenie infrastruktury do bio-obrazowania i analizy obrazu z wykorzystaniem mikroskopii ultra-wysokorozdzielczej w technologii MINFLUX**
 Dr Dorota Kwiatek, dr Michał Gładysz, dr Dorota Jakubczyk, dr Jacek Kolanowski; Zakład Sond Molekularnych i Proleków
 Dr. Benjamin Harke; Abberior GmbH, Getynga, Niemcy
75. **Miniaturyzacja i adaptacja testów molekularnych do oceny właściwości biochemicznych pilotowej biblioteki związków EU-OPENSREEN**
 Inż. Jan Sadoch, mgr Monika Pyc, dr Radosław Pilarski; Pracownia Analiz Wysokoprzepustowych
 Dr Magdalena Otrocka; Pracownia Testów Molekularnych
 Dr Jacek Kolanowski; Zakład Sond Molekularnych i Proleków
 Dr. Wolfgang Fecke; Konsorcjum EU-OPENSREEN ERIC, Berlin, Niemcy
76. **Transfer testu molekularnego „cell painting” do wymiaru nanokropelek**
 Mgr Monika Pyc; Pracownia Analiz Wysokoprzepustowych
 Dr Joanna Kosman, dr Magdalena Otrocka; Pracownia Testów Molekularnych
 Dr Jacek Kolanowski; Zakład Sond Molekularnych i Proleków
 Dr. Aleksandra Matzke-Ogi, Dr. Maximilian Benz; Aquarray GmbH, Eggenstein-Leopoldshafen, Niemcy
77. **Analiza zachowawczości ewolucyjnej lncRNA**
 Dr Barbara Uszczyńska-Ratajczak; Zakład Biologii Obliczeniowej Niekodującego RNA
 Prof. Rory Johnson; University College Dublin, Dublin, Irlandia
78. **Optymalizacja protokołu CLS**
 Dr hab. Barbara Uszczyńska-Ratajczak, mgr Monika Kwiatkowska; Zakład Biologii Obliczeniowej Niekodującego RNA
 Prof. Roderic Guigó Serra, Dr. Silvia Carbonell-Sala; Center for Genomic Regulation, Barcelona, Hiszpania

Spis publikacji

* wg Komunikatu Ministra Edukacji i Nauki z dnia 21 grudnia 2021 r. o zmianie i sprostowaniu komunikatu w sprawie wykazu czasopism naukowych i recenzowanych materiałów z konferencji międzynarodowych wraz z przypisaną liczbą punktów

Lp.	Nazwa czasopisma	Autor/Autorzy	Tytuł, rok, tom, strony / nr artykułu	5-letni IF	Punkty MEiN*	Q
1.	ACTA BIOCHIMICA POLONICA	M. Jaskolski , A. Wlodawer, Z. Dauter, I. Shabalin, M. Chruszcz	Celebrating the 75th birthday of Professor Wladek Minor, one of the most accomplished Polish-American structural biologists, 2021, 68, 1-4	2,175	70	Q4
2.	ACTA BIOCHIMICA POLONICA	M. Grzechowiak , B. Sekula, M. Jaskolski , M. Ruszkowski	Serendipitous crystallization of <i>E. coli</i> HP11 catalase, a sequel to "the tale usually not told", 2021, 68, 29-31	2.175	70	Q4
3.	ACTA BIOCHIMICA POLONICA	J.F. Barciszewski , K. Szpotkowski , J. Wisniewski, R. Kolodziejczyk, D. Rakus, M. Jaskolski , A. Dzugaj	Structural studies of human muscle FBPase, 2021, 68, 5-14	2,175	70	Q4
4.	ACTA CRYSTALLOGRAPHICA A-FOUNDATIONS AND ADVANCES	B. Naskrecki, Z. Dauter, M. Jaskolski	Arithmetic proof of the multiplicity-weighted Euler characteristic for symmetrically arranged space-filling polyhedra, 2021, 71, 126-129	3,28	200	Q2
5.	ACTA CRYSTALLOGRAPHICA A-FOUNDATIONS AND ADVANCES	B. Naskrecki, Z. Dauter, M. Jaskolski	A topological proof of the modified Euler characteristic based on the orbifold concept, 2021, 77, 317-326	3,28	200	Q2

6.	ACTA CRYSTALLOGRAPHICA SECTION B- STRUCTURAL SCIENCE CRYSTAL ENGINEERING AND MATERIALS	P. Drozdal, M. Gilski, M. Jaskolski	Crystal structure of Z-DNA in complex with the polyamine putrescine and potassium cations at ultra-high resolution, 2021, B77, 331–338	4,711	140	Q3
7.	ADVANCED SYNTHESIS & CATALYSIS	S. Mkrtychyan, M. Jakubczyk , S. Lanka, M. Yar, K. Ayub, M. Shkoor, M. Pittelkow, V.O. Iaroshenko	Mechanochemical Transformation of CF3 Group: Synthesis of Amides and Schiff Bases, 2021, 363, 5448–5460	5,112	140	Q1
8.	ANIMALS	M. Rybska, M. Wozna-Wysocka , B. Wasowska, M. Skrzypski, M. Kubiak, B. Blaszak, A. Lukomska, T. Nowak, J.M. Jaskowski	Expression of Transforming Growth Factor Beta Isoforms in Canine Endometrium with Cystic Endometrial Hyperplasia-Pyometra Complex, 2021, 11, 1844	2,942	100	Q1
9.	ANTIBIOTICS-BASEL	P. Szczeblewski, J. Gorska, W. Andralojc , P. Janke, K. Wasik, T. Laskowski	Iso-Partricin, an Aromatic Analogue of Amphotericin B: How Shining Light on Old Drugs Might Help Create New Ones, 2021, 10, 1102	4,849	70	Q2
10.	ANTIOXIDANTS	M. Orlicka-Plocka, A. Fedoruk- Wyszomirska, D. Gurda-Wozna, P. Pawelczak , P. Krawczyk, M. Giel-Pietraszuk, G. Framski, T. Ostrowski, E. Wyszko	Implications of Oxidative Stress in Glioblastoma Multiforme Following Treatment with Purine Derivatives, 2021, 10, 950	6,649	100	Q1
11.	APPLIED SCIENCES- BASEL	M. Rachwalak, J. Romanowska, M. Sobkowski, J. Stawinski	Nucleoside Di- and Triphosphates as a New Generation of Anti-HIV Pronucleotides. Chemical and Biological Aspects, 2021, 11, 2248	2,736	100	Q2
12.	APPLIED SCIENCES- BASEL	P. Bakowski, K. Ciemieniewska- Gorzela, K. Bakowska-Zywicka , L. Stolarski, T. Piontek	Similar Outcomes and Satisfaction of the Proprioceptive versus Standard Training on the Knee Function and Proprioception, Following	2,736	100	Q2

			the Anterior Cruciate Ligament Reconstruction, 2021, 11, 3494			
13.	APPLIED SCIENCES-BASEL	K. Marciniak-Lukasiak, A. Zbikowska, M. Kupiec, M. Brzezinska, I. Szymanska, P. Lukasiak	The Influence of Rice Protein, Hemp Protein and Transglutaminase Addition on the Quality of Instant Fried Noodles, 2021, 11, 9070	2,736	100	Q2
14.	ASIA-PACIFIC JOURNAL OF OPERATIONAL RESEARCH	J. Li, Y. Lan, F. Chen, X. Han, J. Blazewicz	A Fast Algorithm for Knapsack Problem with Conflict Graph, 2021, 38, 2150010	1,186	40	Q4
15.	BIOINFORMATICS	S. Swat, A. Laskowski, J. Badura, W. Frohberg, P. Wojciechowski, A. Swiercz , M. Kasprzak, J. Blazewicz	Genome-scale de novo assembly using ALGA, 2021, 37, 1644–1651	8,47	200	Q1
16.	BIOMEDICINES	D. Baraniak, J. Boryski	Triazole-Modified Nucleic Acids for the Application in Bioorganic and Medicinal Chemistry, 2021, 9, 628	5,718	100	Q1
17.	BIOMOLECULES	D. Gudanis, K. Zielinska, D. Baranowski, R. Kierzek, P. Kozlowski, Z. Gdaniec	Impact of a Single Nucleotide Change or Non-Nucleoside Modifications in G-Rich Region on the Quadruplex-Duplex Hybrid Formation, 2021, 11, 1236	5,362	100	Q2
18.	BIOMOLECULES	K. Romanowska, A.A. Rawluszko-Wieczorek, L. Marczak , A. Kosinska, W.M. Suchorska, W. Golusinski	The m6A RNA Modification Quantity and mRNA Expression Level of RNA Methylation-Related Genes in Head and Neck Squamous Cell Carcinoma Cell Lines and Patients, 2021, 11, 908	5,362	100	Q2
19.	BIOSCIENCE REPORTS	E. Wyszko, M. Popenda, D. Gudanis, J. Sarzynska, A. Belter, P. Perrigue , P. Skowronek, K. Rolle, J. Barciszewski	The model structure of the hammerhead ribozyme formed by RNAs of reciprocal chirality, 2021, 41, BSR20203424	4,059	70	Q3

20.	BIOTECHNOLOGY ADVANCES	P. Sledzinski, M. Dabrowska, M. Nowaczyk, M. Olejniczak	Paving the way towards precise and safe CRISPR genome editing, 2021, 49, 1077737	16,301	200	Q1
21.	BIOTECHNOLOGY AND BIOENGINEERING	J. Sadoch, M. Pyc, A. Urbanowicz, A. Iglewski, R. Pilarski	High-throughput evolutionary optimization of the induction medium towards recombinant protein production in BY-2 tobacco, 2021, 118, 676–689	4,63	100	Q2
22.	BMC CANCER	A. Majchrzak-Celinska, J. Misiorek, N. Kruhlenia, L. Przybyl, R. Kleszcz, K. Rolle, V. Krajka-Kuzniak	COXIBs and 2,5-dimethylcelecoxib counteract the hyperactivated Wnt/ β -catenin pathway and COX-2/PGE2/EP4 signaling in glioblastoma cells, 2021, 21, 493	4,372	100	Q2
23.	BMC INFECTIOUS DISEASES	A.E. Grzegorzewska, A. Mostowska, M.K. Swiderska, W. Marcinkowski, I. Stolarek, M. Figlerowicz, P.P. Jagodzinski	Polymorphism rs368234815 of interferon lambda 4 gene and spontaneous clearance of hepatitis C virus in haemodialysis patients: a case-control study, 2021, 21, 102	3,401	100	Q3
24.	BMC VETERINARY RESEARCH	M. Wozna-Wysocka, M. Rybska, B. Blaszk, B.M. Jaskowski, M. Kulus, J.M. Jaskowski	Morphological changes in bitches endometrium affected by cystic endometrial hyperplasia – pyometra complex – the value of histopathological examination, 2021, 17, 174	2,955	140	Q1
25.	BRAIN BEHAVIOR AND IMMUNITY	A. Liskiewicz, D. Liskiewicz, L. Marczak, M. Przybyla, K. Grabowska, S. Student, M. Debiec, A. Slugocka, J. Lewin-Kowalik	Obesity-associated deterioration of the hippocampus is partially restored after weight loss, 2021, 96, 212–226	8,118	140	Q1
26.	BRAZILIAN JOURNAL OF MEDICAL AND BIOLOGICAL RESEARCH	A. Nowak-Terpilowska, P. Sledzinski, J. Zeyland	Impact of cell harvesting methods on detection of cell surface proteins and apoptotic markers, 2021, 54, e10197	2,524	70	Q2
27.	BRIEFINGS IN BIOINFORMATICS	J. Miskiewicz, J. Sarzynska, M. Szachniuk	How bioinformatics resources work with G4 RNAs, 2021, 22, 1–14	10,288	140	Q1
28.	CANCERS	K. Stempa, D. Wokolorczyk, W. Kluzniak, E. Rogoza-Janiszewska,	Do BARD1 Mutations Confer an Elevated Risk of Prostate Cancer?, 2021, 13, 5464	6,999	140	Q1

		K. Malinska, H. Rudnicka, T. Huzarski, J. Gronwald, K. Gliniewicz, T. Debniak, A. Jakubowska, M. Lener, J. Tomiczek-Szwiec, P. Domagala, M. Suszynska, P. Kozlowski , T. Kluz, M. Naczka, J. Lubinski, S.A. Narod, M.R. Akbari, C. Cybulski, Polish Hereditary Prostate Cancer Consortium				
29.	CANCERS	L. Lepkes, M. Kayali, B. Blumcke, J. Weber, M. Suszynska , S. Schmidt, J. Borde, K. Klonowska , B. Wappenschmidt, J. Hauke, P. Kozlowski , R.K. Schmutzler, E. Hahnen, C. Ernst	Performance of In Silico Prediction Tools for the Detection of Germline Copy Number Variations in Cancer Predisposition Genes in 4208 Female Index Patients with Familial Breast and Ovarian Cancer, 2021, 13, 118	6,999	140	Q1
30.	CANCERS	J. Kalafut, A. Czerwonka, A. Anameric, A. Przybyszewska-Podstawka, J.O. Misiorek , A. Rivero-Muller, M. Nees	Shooting at moving and hidden targets – tumour cell plasticity and the Notch signaling pathway in head and neck squamous cell carcinomas, 2021, 13, 6219	6,999	140	Q1
31.	CANCERS	L. Handschuh, P. Wojciechowski , M. Kazmierczak, K. Lewandowski	Transcript-Level Dysregulation of BCL2 Family Genes in Acute Myeloblastic Leukemia, 2021, 13, 3175	6,999	140	Q1
32.	CELL REPORTS	P.M. Switonski , J.R. Delaney, L.C. Bartelt, C.Niu, M. Ramos-Zapatero, N.J. Spann, A. Alaghatta, T. Chen, E.N. Griffin, J. Bapat, B.L. Sopher, A.R. La Spada	Altered H3 Histone acetylation impairs high-fidelity DNA repair to promote cerebellar degeneration in spinocerebellar ataxia type 7, 2021, 37, 110062	10,394	200	Q1
33.	CELL STRUCTURE AND FUNCTION	I. Aygun, T.S. Miki	Nuclear RNA regulation by XRN2 and XTBD family proteins, 2021, 46, 73–78	3,059	70	Q4

34.	CELLS	U. Kozłowska, A. Klimczak, K.A. Bernatowicz, T. Zalewski, N. Rozwadowska, K. Chojnacka , S. Jurga, E.R. Barnea, M.K. Kurpisz	Assessment of Immunological Potential of Glial Restricted Progenitor Graft In Vivo-Is Immunosuppression Mandatory?, 2021, 10, 1804	6,663	140	Q2
35.	CELLS	J.O. Misiolek , A. Przybyszewska-Podstawka, J. Kalafut, B. Paziowska, K. Rolle , A. Rivero-Muller, M. Nees	Context Matters: NOTCH Signatures and Pathway in Cancer Progression and Metastasis, 2021, 10, 94	6,663	140	Q2
36.	CELLS	J.E. Golebiewska, A. Wardowska, M. Pietrowska, A. Wojakowska , A. Debska-Slizien	Small Extracellular Vesicles in Transplant Rejection, 2021, 10, 2989	6,663	140	Q2
37.	CELLULAR AND MOLECULAR LIFE SCIENCES	A. Ciesiolka, A. Stroynowska-Czerwinska, P. Joachimiak, A. Ciolak, E. Kozłowska, M. Michalak, M. Dabrowska, M. Olejniczak , K.D. Raczynska, D. Zielinska, M. Wozna-Wysocka, W.J. Krzyzosiak, A. Fiszer	Artificial miRNAs targeting CAG repeat expansion in ORFs cause rapid deadenylation and translation inhibition of mutant transcripts, 2021 78, 1577–1596	9,074	140	Q1
38.	CELLULAR AND MOLECULAR LIFE SCIENCES	N. Koralewska, A. Szczepanska, K. Ciechanowska, M. Wojnicka, M. Pokornowska, M.C. Milewski, D. Gudanis, D. Baranowski , C. Nithin, J.M. Bujnicki, Z. Gdaniec, M. Figlerowicz, A. Kurzynska-Kokorniak	RNA and DNA G-quadruplexes bind to human dicer and inhibit its activity, 2021, 78, 3709–3724	9,074	140	Q1
39.	CHEMICAL COMMUNICATIONS	M. Bejger , P. Fortuna, M. Drewniak-Switalska, J. Plewka, W. Rypniewski , L. Berlicki	A computationally designed beta-amino acid-containing miniprotein, 2021, 57, 6015–6018	6,008	200	Q1
40.	CHEMMEDCHEM	V.N.K.B. Adusumalli, L. Mrowczynska, D. Kwiatek , L. Piosik, A. Lesicki, S. Lis	Ligand-Sensitised LaF ₃ :Eu ³⁺ and SrF ₂ :Eu ³⁺ Nanoparticles and in Vitro Haemocompatibility Studies, 2021, 16, 1640–1650	3,573	100	Q2

41.	DATABASE: THE JOURNAL OF BIOLOGICAL DATABASES AND CURATION	K. Nowis, P. Jackowiak, M. Figlerowicz, A. Philips	At-C-RNA database, a one-stop source for information on circRNAs in <i>Arabidopsis thaliana</i> in a unified format, 2021, 2021, baab074	4,159	100	Q1
42.	DISCRETE APPLIED MATHEMATICS	X. Chen, S. Kovalev, Y. Liu, M. Sterna, I. Chalamon, J. Blazewicz	Semi-online Scheduling on Two Identical Machines with a Common Due Date to Maximize Total Early Work, 2021, 290, 71–78	1,179	70	Q3
43.	DISEASE MODELS & MECHANISMS	A.F. Fusco, L.A. Pucci, P.M. Switonski , D.D. Biswas, A.L. McCall, A.F. Kahn, J.S. Dhindsa, L.M. Strickland, A.R. La Spada, M.K. ElMallah	Respiratory dysfunction in a mouse model of spinocerebellar ataxia type 7, 2021, 14, dmm048893	6,479	100	Q1
44.	ECOTOXICOLOGY AND ENVIRONMENTAL SAFETY	A.Parus, J. Homna, D. Radonski, G. Framski , M. Wozniak-Karczewska, A. Syguda, L. Lawniczak, L. Chrzanowski	Novel esterquat-based herbicidal ionic liquids incorporating MCPA and MCPP for simultaneous stimulation of maize growth and fighting cornflower, 2021, 208, 111595	6,393	100	Q1
45.	ELIFE	U. Nowicka, P. Chroscicki, K. Stroobants, M. Sladowska, M. Turek, B. Uszczyńska-Ratajczak , R. Kundra, T. Goral, M. Perni, C.M. Dobson, M. Vendruscolo, A. Chacinska	Cytosolic aggregation of mitochondrial proteins disrupts cellular homeostasis by stimulating the aggregation of other proteins, 2021, 10, e65484	9,059	200	Q1
46.	ELIFE	R. Venz, T. Pekec, I. Katic, R. Ciosk , C.Y. Ewald	End-of-life targeted degradation of DAF-2 insulin/IGF-1 receptor promotes longevity free from growth-related pathologies, 2021, 10, e71335	9,059	200	Q1
47.	ELIFE	I. Setyawati, W.K. Stanek , M. Majsnerowska, L.J.Y.M. Swier,	In vitro reconstitution of dynamically interacting integral membrane subunits of	9,059	200	Q1

		E. Pardon, J. Steyaert, A. Guskov, D.J. Slotboom	energy-coupling factor transporters, 2021, 9, e64389			
48.	EXPERT SYSTEMS WITH APPLICATIONS	A. Czyzewski, F. Krawiec, D. Brzezinski , P.J. Porebski, W. Minor	Detecting anomalies in X-ray diffraction images using convolutional neural networks, 2021, 174, 114740	6,789	140	Q1
49.	FEBS JOURNAL	W. Minor, M. Jaskolski , S.J. Martin, Z. Dauter	Dr. Alexander Wlodawer-celebrating five decades of service to the structural biology community, 2021, 288, 4160–4264	5,5	100	Q1
50.	FEBS LETTERS	P. Horbowicz-Drozdal, K. Kamel , S. Kmiecik, L. Borkiewicz, N.E. Tumer, P.C. Shaw, M. Tchorzewski, P. Grela	Phosphorylation of the conserved C-terminal domain of ribosomal P-proteins impairs the mode of interaction with plant toxins, 2021, 595, 2221–2236	3,814	100	Q1
51.	FORESTS	B. Plitta-Michalak, M.Z. Naskret-Barciszewska , J. Barciszewski , P. Chmielarz, M. Michalak	Epigenetic Integrity of Orthodox Seeds Stored under Conventional and Cryogenic Conditions, 2021, 12, 288	2,804	100	Q1
52.	FOUNDATIONS OF COMPUTING AND DECISION SCIENCES	P. Wojciechowski , K. Krause, P. Lukasiak , J. Blazewicz	The correctness of large scale analysis of genomic data, 2021, 46, 423–436	-	40	Q4
53.	FREE RADICAL BIOLOGY AND MEDICINE	M. Ignasiak, K. Nowicka-Bauer, M. Grzechowiak , M. Sikorski , B. Shashikadze , M. Jaskolski , B. Marciniak	Sensitized photo-oxidation of plant cytokinin-specific binding protein-Does the environment of the thioether group influence the oxidation reaction? From primary intermediates to stable products, 2021, 165, 411–420	7,934	140	Q1
54.	FRONTIERS IN CELL AND DEVELOPMENTAL BIOLOGY	K. Switonska-Kurkowska , B. Krist , J. Delimata , M. Figiel	Juvenile Huntington's Disease and Other PolyQ Diseases, Update on Neurodevelopmental Character and Comparative Bioinformatic Review of Transcriptomic and Proteomic Data, 2021, 9, 642773	7,219	100	Q1

55.	FRONTIERS IN ENDOCRINOLOGY	A.D. Liskiewicz, L. Marczak , K. Bogus, D. Liskiewicz, M. Przybyla, J. Lewin-Kowalik	Proteomic and Structural Manifestations of Cardiomyopathy in Rat Models of Obesity and Weight Loss, 2021, 12, 568197	5,456	100	Q1
56.	FRONTIERS IN MOLECULAR NEUROSCIENCE	K. Wiatr, L. Marczak , J-B Perot, E. Brouillet, J. Flament, M. Figiel	Broad Influence of Mutant Ataxin-3 on the Proteome of the Adult Brain, Young Neurons, and Axons Reveals Central Molecular Processes and Biomarkers in SCA3/MJD Using Knock-In Mouse Model, 2021, 14, 658339	5,76	140	Q1
57.	FRONTIERS IN MOLECULAR NEUROSCIENCE	T. Vanaveski, S. Molchanova, D.D. Pham, A. Shafer, C. Pajanoja, J. Narvik, V. Srinivasan, M. Urb, M. Koivisto, E. Vasar, T. Timmusk, R. Minkeviciene, O. Eriksson, M. Lalowski , T. Taira, L. Korhonen, V. Voikar, D. Lindholm	PGC-1 α Signaling Increases GABA(A) Receptor Subunit α 2 Expression, GABAergic Neurotransmission and Anxiety-Like Behavior in Mice, 2021, 14, 588230	5,76	140	Q1
58.	FRONTIERS IN ONCOLOGY	P.M. Nawrocka, P. Galka-Marciniak, M.O. Urbanek-Trzeciak, I. Thirusenthilarasan, N. Szostak, A. Philips, L. Susok, M. Sand, P. Kozlowski	Profile of basal cell carcinoma mutations and copy number alterations -focus on gene-associated noncoding variants, 2021, 11, 752579	6,264	100	Q2
59.	FRONTIERS IN PLANT SCIENCE	L.H. Tran, A. Urbanowicz, M. Jasinski, M. Jaskolski, M. Ruszkowski	3D domain swapping dimerization of the receiver domain of cytokinin receptor CRE1 from <i>Arabidopsis thaliana</i> and <i>Medicago truncatula</i> , 2021, 12, 756341	6,612	100	Q1
60.	FRONTIERS IN PLANT SCIENCE	W. Biała-Leonhard , L. Zanin, S. Gottardi, R. de Brito Francisco, S. Venuti, F. Valentinuzzi, T. Mimmo, S. Cesco, B. Bassin, E. Martinoia, R. Pinton, M. Jasinski , N. Tomasi	Identification of an isoflavonoid transporter required for the nodule establishment of the Rhizobium-Fabaceae symbiotic interaction 2021, 12, 758213	6,612	100	Q1

61.	FUTURE GENERATION COMPUTER SYSTEMS	M. Ciznicki, K. Kurowski, J. Weglarz	Energy and performance improvements in stencil computations on multi-node HPC systems with different network and communication topologies, 2021, 115, 45–58	6,644	140	Q1
62.	GENOME	J. J. Liu, H. Fernandes , A. Zamany, M. Sikorski, M. Jaskolski , R.A. Sniezko	In-vitro anti-fungal assay and association analysis reveal a role for the Pinus monticola PR10 gene (PmPR10-3.1) in quantitative disease resistance to white pine blister rust, 2021, 64, 693–704	2,474	70	Q3
63.	INORGANIC CHEMISTRY COMMUNICATIONS	W. Porolnik, M. Kasprzycka, A. Teubert , J. Piskorz	Serendipitous synthesis of unsymmetrical porphyrazine: Incomplete transesterification during macrocyclization, 2021, 133, 108953	1,887	40	Q2
64.	INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES	J. Tracz, M. Luczak	Applying Proteomics and Integrative „Omics” Strategies to Decipher the Chronic Kidney Disease-Related Atherosclerosis, 2021, 22, 7492	6,132	140	Q1
65.	INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES	W. Kotkowiak, A. Pasternak	Beyond G-Quadruplexes – The Effect of Junction with Additional Structural Motifs on Aptamers Properties, 2021, 22, 9948	6,132	140	Q1
66.	INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES	P. Sledzinski , A. Nowak-Terpilowska, J. Zeyland	Cannabinoids in Medicine: Cancer, Immunity, and Microbial Diseases, 2021, 22, 263	6,132	140	Q1
67.	INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES	S. Rykowski, D. Gurda-Wozna, M. Orlicka-Plocka, A. Fedoruk-Wyszomirska, M. Giel-Pietraszuk, E. Wyszko , A. Kowalczyk, P. Staczek, A. Bak, A. Kiliszek, W. Rypniewski , A.B. Olejniczak	Design, Synthesis, and Evaluation of Novel 3-Carboranyl-1,8-Naphthalimide Derivatives as Potential Anticancer Agents, 2021, 22, 2772	6,132	140	Q1
68.	INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES	V. Sikorski, P. Karjalainen, D. Blokhina, K. Oksaharju, J. Khan, S. Katayama, H. Rajala, S. Suihko,	Epitranscriptomics of Ischemic Heart Disease-The IHD-EPITRAN Study Design and Objectives, 2021, 22, 6630	6,132	140	Q1

		S. Tuohinen, K. Teittinen, A. Nummi, A. Nykanen, A. Eskin, C. Stark, F. Biancari, J. Kiss, J. Simpanen, J. Rapponen, K. Lemstrom, K. Savinainen, M. Lalowski , M. Kaarne, M. Jormalainen, O. Elomaa, P. Koivisto, P. Raivio, P. Backstrom, S. Dahlbacka, S. Syrjala, T. Vainikka, T. Vahasilta, N. Tuncbag, M. Karelson, E. Mervaala, T. Juvonen, M. Laine, J. Laurikka, A. Vento, E. Kankuri				
69.	INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES	C. Roxo, W. Kotkowiak, A. Pasternak	G4 Matters-The Influence of G-Quadruplex Structural Elements on the Antiproliferative Properties of G-Rich Oligonucleotides, 2021, 22, 4941	6,132	140	Q1
70.	INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES	K. Ciechanowska, M. Pokornowska, A. Kurzynska-Kokorniak	Genetic Insight into the Domain Structure and Functions of Dicer-Type Ribonucleases, 2021, 22, 616	6,132	140	Q1
71.	INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES	M. Tomaszewska, M. Szabat, K. Zielinska, R. Kierzek	Identification and Structural Aspects of G-Quadruplex-Forming Sequences from the Influenza A Virus Genome, 2021, 22, 6031	6,132	140	Q1
72.	INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES	M. Kazimierczyk, J. Wrzesinski	Long Non-Coding RNA Epigenetics, 2021, 22, 6166	6,132	140	Q1
73.	INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES	A. Ruszkowska	METTL16, Methyltransferase-Like Protein 16: Current Insights into Structure and Function, 2021, 22, 2176	6,132	140	Q1
74.	INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES	K. Fiedorowicz, W. Wargocka-Matuszewska, K.A. Ambrozkiwicz, A. Rugowska, L. Cheda,	Molecular Imaging of Human Skeletal Myoblasts (huSKM) in Mouse Post-Infarction Myocardium, 2021, 22, 10885	6,132	140	Q1

		M. Fiedorowicz, A. Zimna, M. Drabik, S. Borkowski, M. Swiatkiewicz, P. Bogorodzki, P. Grieb, P. Hamankiewicz, T.J. Kolanowski, N. Rozwadowska, U. Kozłowska , A. Klimczak, J. Kolasinski, Z. Rogulski, M. Kurpisz				
75.	INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES	P. Maj, A. Jarmula, P. Wilk, M. Prokopowicz, W. Rypniewski , Z. Zielinski, A. Dowiercial, A. Bzowska, W. Rode	Molecular Mechanism of Thymidylate Synthase Inhibition by N-4-Hydroxy-dCMP in View of Spectrophotometric and Crystallographic Studies, 2021, 22, 4758	6,132	140	Q1
76.	INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES	D.Pawelski, A. Walewska, S. Ksiezak, D. Sredzinski, P. Radziwon, M. Moniuszko, A. Eljaszewicz, R. Lazny, K. Brzezinski , M.E. Plonska-Brzezinska	Monocarbonyl Analogs of Curcumin Based on the Pseudopelletierine Scaffold: Synthesis and Anti-Inflammatory Activity, 2021, 22, 11384	6,132	140	Q1
77.	INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES	M. Pietrowska-Borek, J. Dobrogojski, A.M. Wojdyla-Mamon, J. Romanowska, J. Golebiewska , S. Borek, K. Murata, A. Ishihara, M.A. Pedreno, A. Guranowski	Nucleoside 5'-Phosphoramidates Control the Phenylpropanoid Pathway in Vitis vinifera Suspension – Cultured Cells, 2021, 22, 13567	6,132	140	Q1
78.	INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES	A. Szuba, L. Marczak , R. Kozłowski	Pb Stress and Ectomycorrhizas: Strong Protective Proteomic Responses in Poplar Roots Inoculated with <i>Paxillus involutus</i> Isolate and Characterized by Low Root Colonization Intensity, 2021, 22, 4300	6,132	140	Q1
79.	INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES	D.M. Janecki, A. Swiatkowska, J. Szpotkowska, A. Urbanowicz, M. Kabacinska, K. Szpotkowski, J. Ciesiolka	Poly(C)-binding Protein 2 Regulates the p53 Expression via Interactions with the 5'-Terminal Region of p53 mRNA, 2021, 22, 13306	6,132	140	Q1

80.	INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES	D. Butkiewicz, M. Krzesniak, A. Gdowicz-Klosk, M. Giglok, M. Marszalek-Zenczak , R. Suwinski	Polymorphisms in EGFR Gene Predict Clinical Outcome in Unresectable Non-Small Cell Lung Cancer Treated with Radiotherapy and Platinum-Based Chemoradiotherapy, 2021, 22, 5605	6,132	140	Q1
81.	INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES	E. Koscianska, E. Kozłowska, A. Fiszer	Regulatory Potential of Competing Endogenous RNAs in Myotonic Dystrophies, 2021, 22, 6089	6,132	140	Q1
82.	INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES	J. Gumna, A. Andrzejewska- Romanowska , D.J. Garfinkel, K. Pachulski-Wieczorek	RNA Binding Properties of the Ty1 LTR-Retrotransposon Gag Protein, 2021, 22, 9103	6,132	140	Q1
83.	INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES	J. Zacharjusz , A.M. Mleczko, P. Bakowski, T. Piontek, K. Bakowska-Zywicka	Small Noncoding RNAs in Knee Osteoarthritis: The Role of MicroRNAs and tRNA-Derived Fragments, 2021, 22, 5711	6,132	140	Q1
84.	INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES	D. Formanowicz, K. Gutowska, B. Szawulak, P. Formanowicz	The Crosstalk Between SARS-CoV-2 Infection and the RAA System in Essential Hypertension - Analyses Using Systems Approach, 2021, 22, 10518	6,132	140	Q1
85.	INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES	A. Chelkowska-Pauszek, J.G. Kosinski, K. Marciniak , M. Wysocka, K. Bakowska-Zywicka , M. Zywicki	The Role of RNA Secondary Structure in Regulation of Gene Expression in Bacteria, 2021, 22, 7845	6,132	140	Q1
86.	INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES	A. Szczepanska, M. Wojnicka, A. Kurzynska-Kokorniak	The significance of the DUF283 Domain for the Activity of Human Ribonuclease Dicer, 2021, 22, 8690	6,132	140	Q1
87.	INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES	A. Strugala , J. Jagielski, K. Kamel , G. Nowaczyk, M. Radom , M. Figlerowicz, A. Urbanowicz	Virus-Like Particles Produced Using the Brome Mosaic Virus Recombinant Capsid Protein Expressed in a Bacterial System, 2021, 22, 3098	6,132	140	Q1
88.	INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES	L. Przybyl, M. Wozna-Wysocka, E. Kozłowska, A. Fiszer	What, When and How to Measure-Peripheral Biomarkers in Therapy of Huntington's Disease, 2021, 22, 1561	6,132	140	Q1

89.	IUCRJ	M. Jaskolski , Z. Dauter, I.G. Shabalin, M. Gilski , D. Brzezinski , M. Kowiel , B. Rupp, A. Wlodawer	Crystallographic models of SARS-CoV-2 3CL(pro): in-death assessment of structure quality and validation, 2021, 8 238–256	5,75	140	Q1
90.	IUCRJ	M. Grabowski, J.M. Macnar, M. Cymborowski, D.R. Cooper, I.G. Shabalin, M. Gilski , D. Brzezinski , M. Kowiel , Z. Dauter, B. Pupp, A. Wlodawer, M. Jaskolski , W. Minor	Rapid response to emerging biomedical challenges and threats, 2021, 8, 395–407	5,75	140	Q1
91.	JOURNAL OF APPLIED GENETICS	A. Tyczewska , J. Gracz-Bernaciak , J. Szymkowiak , T. Twardowski	Herbicide stress-induced DNA methylation changes in two Zea mays inbred lines differing in Roundup (R) resistance, 2021, 62, 235–248	2,756	140	Q2
92.	JOURNAL OF BIOLOGICAL CHEMISTRY	M. Soszynska-Jozwiak , M. Pszczola, J. Piasecka, J.M. Peterson, W.N. Moss, K. Taras-Goslinska, R. Kierzek , E. Kierzek	Universal and strain specific structure features of segment 8 genomic RNA of influenza A virus – application of 4-thiouridine photocrosslinking, 2021, 297, 101245	5,041	100	Q2
93.	JOURNAL OF CLINICAL AND EXPERIMENTAL HEPATOLOGY	P. Malecki, A. Mania, J. Tracz , M. Luczak , K. Mazur-Milewska, M. Figlerowicz	Adipocytokines as Risk Factors for Development of Nonalcoholic Fatty Liver Disease in Children, 2021, 11, 646–653	–	70	Q3
94.	JOURNAL OF CLOUD COMPUTING-ADVANCES SYSTEMS AND APPLICATIONS	N.W.L. Zhou, Y. Georgiou, M. Pospieszny , L. Zhong, C. Niethammer, B. Pejak, O. Marko, D. Hoppe	Container orchestration on HPC systems through Kubernetes, 2021, 10, 16	3,151	100	Q2
95.	JOURNAL OF ETHNOPHARMACOLOGY	J. Kolodziejczyk-Czepas, M. Ponczek, M. Sady-Janczak, R. Pilarski , B. Bukowska	Extracts from Uncaria tomentosa as antiplatelet agents and thrombin inhibitors – The in vitro and in silico study, 2021, 267, 113494	4,489	140	Q1
96.	JOURNAL OF EXTRACELLULAR VESICLES	M. Pietrowska, A. Zebrowska, M. Gawin, L. Marczak , P. Sharma, S. Mondal, J. Mika, J. Polanska,	Proteomic profile of melanoma cell-derived small extracellular vesicles in patients' plasma: a potential correlate of melanoma progression, 2021, 10, e12063	26,52	200	Q1

		S. Ferrone, J.M. Kirkwood, P. Widlak, T.L. Whiteside				
97.	JOURNAL OF IMMUNOLOGY RESEARCH	F. Ebner, K. Lindner, K. Janek, A. Niewianda, P.H. Malecki , M.S. Weiss, T.E. Sutherland, A. Heuser, A.A. Kuhl, J. Zentek, A. Hofmann, S. Hartmann	A Helminth-Derived Chitinase Structurally Similar to Mammalian Chitinase Displays Immunomodulatory Properties in Inflammatory Lung Disease, 2021, 6234836	4,849	100	Q2
98.	JOURNAL OF CLOUD COMPUTING	N. Zhou, Y. Georgiou, M. Pospieszny , L. Zhong, H. Zhou, C. Niethammer, B. Pejak, O. Marko, D. Hoppe	Container orchestration on HPC systems through Kubernetes, 2021, 10, 16	3,151	100	Q2
99.	JOURNAL OF COMPUTATIONAL SCIENCE	D. Suleimenova, H. Arabnejad, W.N. Edeling, D. Coster, O.O. Luk, J. Lakhli, V. Jancauskas, M. Kulczewski , L. Veen, D. Ye, P. Zun, V. Krzhizhanovskaya, A. Hoekstra, D. Crommelin, P. V. Coveney, D. Groen	Tutorial applications for Verification, Validation and Uncertainty Quantification using VECMA toolkit, 2021, 53, 101402	3,483	100	Q1
100.	JOURNAL OF LIGHTWAVE TECHNOLOGY	M. Scaffardi, M. N. Malik, N. Zhang, P. Rydlichowski , V. Toccafondo, Ch. Klitis, M. P. J. Lavery, J. Zhu, X. Cai, S. Yu, G. Preve, M. Sorel	10 Oam × 16 wavelengths two-layer switch based on an integrated mode multiplexer for 19.2 tb/s data traffic, 2021, 39, 3217–3224	3,764	140	Q1
101.	JOURNAL OF MEDICINAL CHEMISTRY	D.M. Carter, E. Specker, P.H. Malecki , J. Przygodda, K. Dudaniec, M.S. Weiss, U. Heinemann, M. Nazare, U. Gohlke	Enhanced Properties of a Benzimidazole Benzylpyrazole Lysine Demethylase Inhibitor: Mechanism-of-Action Binding Site Analysis, and Activity in Cellular Models of Prostate Cancer, 2021, 64, 14266–14282	7,319	200	Q1
102.	JOURNAL OF MOLECULAR BIOLOGY	E.M. Malecka, D. Sobanska , M. Olejniczak	Bacterial chaperone protein Hfq facilitates the annealing of sponge RNAs to small regulatory RNAs, 2021, 433, 167291	5,469	140	Q2

103.	JOURNAL OF MOLECULAR STRUCTURE	A. Pyrih, M. Jaskolski , A.K. Gzella, R. Lesyk	Synthesis, structure and evaluation of anticancer activity of 4-amino-1,3-thiazolinone/pyrazoline hybrids, 2021, 1224, 129059	2,618	70	Q3
104.	JOURNAL OF NUTRITIONAL BIOCHEMISTRY	D. Liskiewicz, A. Liskiewicz, M. Grabowski, M.M. Nowacka-Chmielewska, K. Jablonska, A. Wojakowska, L. Marczak , J.J. Barski, A. Malecki	Upregulation of hepatic autophagy under nutritional ketosis, 2021, 93, 108620	6,116	100	Q1
105.	JOURNAL OF PHARMACEUTICAL ANALYSIS	D. Pluskota-Karwatka, M. Hoffmann, J. Barciszewski	Reducing SARS-CoV-2 pathological protein activity with small molecules, 2021, 11, 383–397	4,769	140	Q2
106.	JOURNAL OF PROTEOME RESEARCH	J. Tracz, L. Handschuh, M. Lalowski, L. Marczak , K. Kostka-Jeziorny, B. Perek, M. Wanic-Kossowska, A. Podkowinska, A. Tykarski, D. Formanowicz, M. Luczak	Proteomic Profiling of Leukocytes Reveals Dysregulation of Adhesion and Integrin Proteins in Chronic Kidney Disease-Related Atherosclerosis, 2021, 20, 3053–3067	4,352	100	Q1
107.	JOURNAL OF SCHEDULING	X. Chen, S. Kovalev, M. Sterna, J. Blazewicz	Mirror scheduling problems with early work and late work criteria, 2021, 24, 483–487	2,097	70	Q3
108.	JOURNAL OF SCHEDULING	J. Blazewicz , B. Moseley, E. Pesch, D. Trystram, G.C. Zhang	New Perspectives in Scheduling Theory, 2021, 24, 455-457, (SI) DOI: 10.1007/s10951-021-00693-8	2,097	70	Q3
109.	JOURNAL OF TRANSLATIONAL MEDICINE	K. Zaorska, P. Zawierucha , M. Swierczewska, D. Ostalska-Nowicka, J. Zachwieja, M. Nowicki	Prediction of steroid resistance and steroid dependence in nephrotic syndrome children, 2021, 19, 130	5,76	100	Q2
110.	KNOWLEDGE-BASED SYSTEMS	M. Kadzinski, K. Martyn , M. Cinelli, R. Slowinski, S. Corrente, S. Greco	Preference disaggregation method for value-based multi-decision sorting problems with	7,842	200	Q1

			a real-world application in nanotechnology, 2021, 218, 106879			
111.	MATERIALS	E. Frydrych-Tomczak, T. Ratajczak , L. Kosciński, A. Ranecka, N. Michalak, T. Lucinski, H. Maciejewski, S. Jurga, M. Lewandowski, M.K. Chmielewski	Structure and Oligonucleotide Binding Efficiency of Differently Prepared Click Chemistry-Type DNA Microarray Slides Based on 3-Azidopropyltrimethoxysilane, 2021, 14, 2855	3,92	140	Q1
112.	METABOLITES	L. Marczak , J. Idkowiak , J. Tracz , M. Stobiecki , B. Perek, K. Kostka-Jeziorny, A. Tykarski, M. Wanic-Kossowska, M. Borowski, M. Osuch , D. Formanowicz, M. Luczak	Mass Spectrometry-Based Lipidomics Reveals Differential Changes in the Accumulated Lipid Classes in Chronic Kidney Disease, 2021, 11, 275	4,98	100	Q2
113.	METABOLITES	A. Sawikowska , A. Piasecka , P. Kachlicki, P. Krajewski	Separation of Chromatographic Co-Eluted Compounds by Clustering and by Functional Data Analysis, 2021, 11, 214	4,98	100	Q2
114.	MOLECULAR BIOLOGY REPORTS	G. Forlani, B. Nocek, M. Ruzzkowski	Peculiar substrate specificity of delta(1)-pyrroline-5-carboxylate reductase in the obligately fermentative bacterium <i>Zymomonas mobilis</i> , 2021, 48, 6205–6211	2,357	70	Q4
115.	MOLECULAR PLANT	M. Pastorczyk-Szlenkier , P. Bednarek	UGT76B1 controls the growth-immunity trade-off during systemic acquired resistance, 2021, 14, 544–546	16,357	140	Q1
116.	MOLECULAR PLANT-MICROBE INTERACTIONS	H. Frerigmann, M. Piotrowski, R. Lemke, P. Bednarek , P. Schulze-Lefert	A network of phosphate starvation and immune-related signaling and metabolic pathways controls the interaction between <i>Arabidopsis thaliana</i> and the beneficial fungus <i>Colletotrichum tofieldiae</i> , 2021, 34, 560–570	4,836	140	Q1

117.	MOLECULES	P. Duchnowicz, R. Pilarski , J. Michalowicz, B. Bukowska	Changes in Human Erythrocyte Membrane Exposed to Aqueous and Ethanolic Extracts from <i>Uncaria tomentosa</i> , 2021, 26, 3189	4,588	140	Q2
118.	MOLECULES	S. Mkrtychyan, M. Jakubczyk , S. Lanka, M. Pittelkow, V.O. Iaroshenko	Cu-Catalyzed Arylation of Bromo-Difluoro-Acetamides by Aryl Boronic Acids, Aryl Trialkoxysilanes and Dimethyl-Aryl-Sulfonium Salts: New Entries to Aromatic Amides, 2021, 26, 2957	4,588	140	Q2
119.	MOLECULES	D. Zielinska, K. Marciniak-Lukasiak, M. Karbowski, P. Lukasiak	Effects of Fructose and Oligofructose Addition on Milk Fermentation Using Novel <i>Lactobacillus</i> Cultures to Obtain High-Quality Yogurt-like Products, 2021, 26, 5730	4,588	140	Q2
120.	MOLECULES	P. Szczebleski, W. Andralojc , J. Polit, A. Zabka, K. Winnicki, T. Laskowski	Ipertrofan Revisited – The Proposal of the Complete Stereochemistry of Mepartricin A and B, 2021, 26, 5533	4,588	140	Q2
121.	MOLECULES	T. Koczorowski, W. Szczolko, A. Teubert , T. Goslinski	Sulfanyl Porphyrazines with Morpholinylethyl Periphery-Synthesis, Electrochemistry, and Photocatalytic Studies after Deposition on Titanium(IV) Oxide P25 Nanoparticles, 2021, 26, 2280	4,588	140	Q2
122.	NATURE COMMUNICATIONS	J.I. Loch, B. Imiolczyk , J. Sliwiak , A. Wantuch, M. Bejger , M. Gilski , M. Jaskolski	Crystal structures of the elusive <i>Rhizobium etli</i> l-asparaginase reveal a peculiar active site, 2021, 12, 6717	15,805	200	Q1
123.	NATURE COMMUNICATIONS	E. Golden, R. Rashwan, E.A. Woodward, A. Sgro, E. Wang, A. Sorolla, C. Waryah, W.J. Tie, E. Cuyas, M. Ratajska, I. Kardas, P. Kozłowski , E.K.M. Johnstone, H.B. See, C. Duffy, J. Parry, K.A. Lagerborg, P. Czapiewski, J.A. Menendez, A. Gorczyński,	The oncogene AAMDC links PI3K-AKT-mTOR signaling with metabolic reprogramming in estrogen receptor-positive breast cancer, 2021, 12, 1920	15,805	200	Q1

		B. Wasag, K.D.G. Pflieger, C. Curtis, B.K. Lee, J. Kim, J. Cursons, N.J. Pavlos, W. Biernat, M. Jain, A.J. Woo, A. Redfern, P. Blancafort				
124.	NATURE PLANTS	K. Jarzyniak, J. Banasiak, T. Jamruszka, A. Pawela, M. Di Donato, O. Novak, M. Geisler, M. Jasinski	Early stages of legume-rhizobia symbiosis are controlled by ABCG-mediated transport of active cytokinins, 2021, 7, 428–436	17,349	200	Q1
125.	NEW BIOTECHNOLOGY	E. Wozniak, A Tyczewska, T. Twardowski	Bioeconomy development factors in the European Union and Poland, 2021, 60, 2-8	5,423	100	Q1
126.	NEW BIOTECHNOLOGY	R. Wohlgemuth, T. Twardowski, A. Aguilar	Bioeconomy moving forward step by step – A global journey, 2021, 61-22-28	5,423	100	Q1
127.	NEW BIOTECHNOLOGY	A. Aguilar, R. Wohlgemuth, T. Twardowski	Introduction to the special issue: Trends in bioeconomy, 2021, 61, 9–10	5,423	100	Q1
128.	NEW BIOTECHNOLOGY	S. Sowa, T. Twardowski, E. Wozniak, T. Zimny	Legal and practical challenges to authorization of gene edited plants, 2021, 60, 183–188	5,423	100	Q1
129.	NEW PHYTOLOGIST	J. Banasiak, M. Jasinski	ATP-binding cassette transporters in nonmodel plants, 2021, 233, 1597–1612	10,476	140	Q1
130.	NUCLEAR FUSION	L. Frassinetti, S. Saarelma, G. Verdoolaege, M. Groth, J.C. Hillesheim, P. Bilkova, P. Bohm, M. Dunne, R. Fridstrom, E. Giovannozzi, F. Imbeaux, B. Labit, E. De La Luna, C. Maggi, M. Owsiak, R. Scannell	Pedestal structure, stability and scalings in JET-ILW: The EUROfusion JET-ILW pedestal database, 2021, 61, 016001	3,173	140	Q1
131.	NUCLEAR INSTRUMENTS & METHODS IN PHYSICS RESEARCH SECTION B-BEAM INTERACTIONS	M. Grabowski, D.R. Cooper, D. Brzezinski, J.M. Macnar, I.G. Shabalin, M. Cymborowski, Z. Otwinowski, W. Minor	Synchrotron radiation as a tool for macromolecular X-Ray Crystallography: A XXI century perspective, 2021, 489, 30–40	1,312	70	Q3

	WITH MATERIALS AND ATOMS					
132.	NUCLEIC ACIDS RESEARCH	P. Galka-Marciniak, M.O. Urbanek-Trzeciak, P.M. Nawrocka, P. Kozlowski	A pan-cancer atlas of somatic mutations in miRNA biogenesis genes, 2021, 49, 601–620	15,542	200	Q1
133.	NUCLEIC ACIDS RESEARCH	A. Kiliszek, L. Blaszczyk, M. Bejger, W. Rypniewski	Broken symmetry between RNA enantiomers in a crystal lattice, 2021, 49, 12535–12539	15,542	200	Q1
134.	NUCLEIC ACIDS RESEARCH	M. Popenda, T. Zok, J. Sarzynska, A. Korpeta, R.W. Adamiak, M. Antczak, M. Szachniuk	Entanglements of structure elements revealed in RNA 3D models, 2021, 49, 9625–9632	15,542	200	Q1
135.	NUCLEIC ACIDS RESEARCH	A. Andrzejewska, M. Zawadzka, J. Gumna, D.J. Garfinkel, K. Pachulska-Wieczorek	<i>In vivo</i> structure of the Ty1 retrotransposon RNA genome, 2021, 49, 2878–2893	15,542	200	Q1
136.	NUCLEIC ACIDS RESEARCH	D. Brzezinski, P.J. Porebski, M. Kowiel, J.M. Macnar, W. Minor	Recognizing and validating ligands with CheckMyBlob, 2021, 49, W86–W92	15,542	200	Q1
137.	NUTRIENTS	M.M. Nowacka-Chmielewska, D. Liskiewicz, K. Grabowska, A. Liskiewicz, L. Marczak, A. Wojakowska , N. Pondel, M. Grabowski, J.J. Barski, A. Malecki	Effects of Simultaneous Exposure to a Western Diet and Wheel-Running Training on Brain Energy Metabolism in Female Rats, 2021, 13, 4242	6,352	140	Q1
138.	ORGANIC AND BIOMOLECULAR CHEMISTRY	J. Nowak-Karnowska, K. Zielinska , J. Milecki, B. Skalski	Thermally reversible and irreversible interstrand photocrosslinking of 5-chloro-2'-deoxy-4-thiouridine modified DNA oligonucleotides, 2021, 19, 1292–1295	3,397	100	Q1
139.	OXIDATIVE MEDICINE AND CELLULAR LONGEVITY	K. Drygalski, K. Siewko, A. Chomentowski, C. Odrzygozdz , A. Zalewska, A. Kretowski, M. Maciejczyk	Phloroglucinol Strengthens the Antioxidant Barrier and Reduces Oxidative/Nitrosative Stress in Nonalcoholic Fatty Liver Disease (NAFLD), 2021, 2021, 8872702	7,454	100	Q2

140.	PHARMACEUTICALS	W. Kotkowiak, Z. Jahnz-Wechmann, A. Pasternak	A Comprehensive Analysis of the Trombin Binding Aptamer Containing Functionalized Pyrrolo-2'-deoxycytidines, 2021, 14, 1326	5,85	100	Q1
141.	PHILOSOPHICAL TRANSACTIONS OF THE ROYAL SOCIETY. A: MATHEMATICAL, PHYSICAL AND ENGINEERING SCIENCES	D. Groen, H. Arabnejad, V. Jancauskas, W. N. Edeling, F. Jansson, R. A. Richardson, J. Lakhilili, L. Veen, B. Bosak, P. Kopta , D. W. Wright, N. Monnieri, P. Karlshoefler, D. Suleimenova, R. Sinclair, M. Vassaux, A. Nikishova, M. Bieniek, O. O. Luk, M. Kulczewski , E. Raffin, D. Crommelin, O. Hoenen, D.P. Coster, T. Piontek , P.V. Coveney	VECMatK: a scalable verification, validation and uncertainty quantification toolkit for scientific simulations, 2021, 379, 20200221	4.542	100	Q1
142.	PHYTOCHEMISTRY	P. Czerniawski, A. Piasecka, P. Bednarek	Evolutionary changes in the glucosinolate biosynthetic capacity in species representing Capsella, Camelina and Neslia genera, 2021, 181, 112571	4,132	100	Q1
143.	PLANT CELL	T.M. Winkelmueller, F. Entila, S. Anver, A. Piasecka , B.X. Song, E. Dahms, H. Sakakibara, X.C. Gan, K. Kulak, A. Sawikowska , P. Krajewski, M. Tsiantis, R. Garrido-Oter, K. Fukushima, P. Schulze-Lefert, S. Laurent, P. Bednarek , K. Tsuda	Gene expression evolution in pattern-triggered immunity within <i>Arabidopsis thaliana</i> and across Brassicaceae species, 2021, 33, 1863–1887	12,061	200	Q1
144.	PLANT CELL REPORTS	B. Wrzesinska, A. Zmienko , L.D. Vu, I. De Smet, A. Obrepalska-Stepłowska	Multiple cellular compartments engagement in <i>Nicotiana benthamiana</i> -peanut stunt virus-satRNA interactions revealed by systems biology approach, 2021, 40, 1247–1267	4,463	100	Q1

145.	PLANT JOURNAL	S. Blicharz, G.T.S. Beemster, L. Ragni, N. De Diego, L. Spichal, A.E. Hernandez, L. Marczak , M. Olszak, D. Perlikowski, A. Kosmala, R. Malinowski	Phloem exudate metabolic content reflects the response to water-deficit stress in pea plants (<i>Pisum sativum L.</i>), 2021, 106, 1338–1355	7,666	140	Q1
146.	PLANT PHYSIOLOGY	J. Banasiak , T. Jamruszka , J.D. Murray, M. Jasinski	A roadmap of plant membrane transporters in arbuscular mycorrhizal and legume–rhizobium symbioses, 2021, 187, 2071–2091	8,972	140	Q1
147.	PLANT PHYSIOLOGY	R. Mazur, J. Maszkowska, A. Anielska-Mazur, M. Garstka, L. Polkowska-Kowalczyk, A. Czajkowska, A. Zmienko , G. Dobrowolska, A. Kulik	The SnRK2.10 kinase mitigates the adverse effects of salinity by protecting photosynthetic machinery, 2021, 187, 2785–2802	8,972	140	Q1
148.	PLASMA PHYSICS AND CONTROLLED FUSION	A. Gutierrez-Milla, T. Zok , M. Owsiak , M. Plociennik , M. Mantsinen	Progress in the transferability of fusion workflows across HPC systems, 2021, 63, 084004	2.48	100	Q2
149.	PLOS ONE	Y.Guo, C. Tocchini, R. Ciosk	CLK-2/TEL2 is a conserved component of the nonsense-mediated mRNA decay pathway, 2021, 16, e0244505	3,788	100	Q2
150.	PLOS ONE	A. Bernardi, D. Gobelli, J. Serna, P. Nawrocka , G. March-Rossello, A. Orduna, P. Kozlowski , M. Simarro, M.A. de la Fuente	Novel fluorescent-based reporter cell line engineered for monitoring homologous recombination events, 2021, 16, e0237413	3,788	100	Q2
151.	PLOS ONE	P. Zydowicz-Machtel , M. Dutkiewicz , A. Swiatkowska , D. Gurda-Wozna , J. Ciesiolka	Translation of human $\Delta 133p53$ mRNA and its targeting by antisense oligonucleotides complementary to the 5'-terminal region of this mRNA, 2021, 16, e0256938	3,788	100	Q2

152.	PROCEEDINGS OF THE NATIONAL ACADEMY OF SCIENCES OF THE UNITED STATES OF AMERICA	R. Sugiyama, R. Li, A. Kuwahara, R. Nakabayashi, N. Sotta, T. Mori, T. Ito, N. Ohkama-Ohtsu, T. Fujiwara, K. Saito, R.T. Nakano, P. Bednarek , M.Y. Hirai	Retrograde sulfur flow from glucosinolates to cysteine in <i>Arabidopsis thaliana</i> , 2021, 118, e2017890118	12,291	200	Q1
153.	PROCEEDINGS OF THE NATIONAL ACADEMY OF SCIENCES OF THE UNITED STATES OF AMERICA	K. W. Wolinska, N. Vannier, T. Thiergart, B. Pickel, A. Piasecka , M. Pislewska-Bednarek , S. Gremmen, R. T. Nakano, Y. Belkhadir, P. Bednarek , S. Hacquard	Tryptophan metabolism and bacterial commensals prevent fungal dysbiosis in <i>Arabidopsis</i> roots, 2021, 118, e2111521118	12,291	200	Q1
154.	PROTEIN SCIENCE	D. Brzezinski , M. Kowiel , D.R. Cooper, M. Cymborowski, M. Grabowski, A. Wlodawer, Z. Dauter, I.G. Shabalin, M. Gilski , B. Rupp, M. Jaskolski , W. Minor	Covid-19.bioreproducibility.org: A web resource for SARS-CoV-2-related structural models, 2021, 30, 115–124	4,316	100	Q1
155.	PROTEIN SCIENCE	S. Wosicki, M. Kazmierczyk, M. Gilski , H. Zabranska, I. Pichova, M. Jaskolski	Crystal structures of inhibitor complexes of M-PMV protease with visible flap loops, 2021, 30, 1258–1263	4,316	100	Q1
156.	RADIOCARBON	P. Makarowicz, T. Goslar, J. Gorski, H. Taras, A. Szczepanek, L. Pospieszny, M.O. Jagodinska, V. Ilchyshyn, P. Wlodarczak, A. Juras, M. Chylenski, P. Muzolf, A. Lasota-Kus, I. Wojcik, A. Matoga, M. Nowak, M.M. Przybyla, M. Marcinkowska-Swojak , M. Figlerowicz , R. Grygiel, J. Czebreszuk, I.T. Kochkin	The absolute chronology of collective burials from the 2nd Millennium BC in East Central Europe, 2021, 63, 669–692	2,143	140	Q3

157.	RHIZOSPHERE	Z. Ghanbarzadeh, H. Zamani, S. Mohsenzadeh, L. Marczak , M. Stobiecki , M. Zarei	Rhizosphere symbionts improve water stress tolerance in Moldavian balm through modulation of osmolytes, 2021, 19, 100367	3,129	40	Q2
158.	SCIENCE OF THE TOTAL ENVIRONMENT	N. Makowska , K. Bresa, R. Koczura, A. Philips , K. Nowis , J. Mokracka	Urban wastewater as a conduit for pathogenic Gram-positive bacteria and genes encoding resistance to β -lactams and glycopeptides, 2021, 765, 144176	7,842	200	Q1
159.	SCIENTIFIC REPORTS	W. Witek, J. Sliwiak , M. Ruszkowski	Structural and mechanistic insights into the bifunctional HISN2 enzyme catalyzing the second and third steps of histidine biosynthesis in plants, 2021, 11, 9647	5,134	140	Q1
160.	SCIENTIFIC REPORTS	A. Kosaka, M. Pastorczyk , M. Pislewska-Bednarek , T. Nishiuci, E. Ono, H. Suemoto, A. Ishikawa, H. Frerigmann, M. Kaido, K. Mise, P. Bednarek , Y. Takano	Tryptophan-derived metabolites and BAK1 separately contribute to <i>Arabidopsis</i> postinvasive immunity against <i>Alternaria brassicicola</i> , 2021, 11, 1488	5,134	140	Q1
161.	SENSORS	M. Lapegna, W. Balzano, N. Meyer , D. Romano	Clustering Algorithms on Low-Power and High-Performance Devices for Edge Computing Environments, 2021, 21, 5395	3,735	100	Q1
162.	SEPARATIONS	A. Mieldzioc, M. Mokrzycka, A. Sawikowska	Identification of Block-Structured Covariance Matrix on an Example of Metabolomic Data, 2021, 8, 205	2,777	20	Q3
163.	SYNTHESIS-STUTTGART	M. Rachwalak , J. Golebiewska , T. Jakubowski , J. Stawinski	Synthesis of Pyridiniumboranephosphonate Diesters and Related Compounds using Trityl Cation as a Borane Hydride Acceptor, 2021, 53, 509–517	2,743	70	Q2
164.	TICKS AND TICK-BORNE DISEASES	P. Bierwagen , J. Sliwiak , M. Jaskolski , A. Urbanowicz	Strong interactions between Salp15 homologues from the tick <i>I. ricinus</i> and distinct	3,693	100	Q2

			types of the outer surface OspC protein from <i>Borrelia</i> , 2021, 12, 2			
165.	TRENDS IN BIOTECHNOLOGY	E. Wozniak, A. Tyczewska, T. Twardowski	A shift towards biotechnology: Social perception in the EU, 2021, 39, 214–218	19,599	200	Q1
166.	TRENDS IN PLANT SCIENCE	A.L. Harfouch, V. Petousi, R. Meilan, J. Sweet, T. Twardowski , A. Altman	Promoting Ethically Responsible Use of Agricultural Biotechnology, 2021, 26, 546–559	20,034	200	Q1
167.	VACCINES	D. Lorent, R. Nowak, C. Roxo, E. Lenartowicz, A. Makarewicz, B. Zaremba , S. Nowak, L. Kuszel, J. Stefaniak, R. Kierzek, P. Zmora	Prevalence of Anti-SARS-CoV-2 Antibodies in Poznan, Poland, after the First Wave of the COVID-19 Pandemic, 2021, 9, 541	5,513	140	Q2
168.	VIRUSES-BASEL	P. Michalak, J. Piasecka, B. Szutkowska, R. Kierzek, E. Biala , W.N. Moss, E. Kierzek	Conserved structural motifs of two distant IAV subtypes in genomic segment 5 RNA, 2021, 13, 525	5,127	100	Q2
169.	VIRUSES-BASEL	E. Jonczyk-Matysiak, B. Owczarek, E. Popiela, K. Switala-Jelen, P. Migdal, M. Cieslik, N. Lodej, D. Kula, J. Neuberg, K. Hodyra-Stefaniak, M. Kaszowska, F. Orwat, N. Baginska, A. Mucha, A. Belter , M. Skupinska, B. Bubak, W. Fortuna, S. Letkiewicz, P. Chorbinski, B. Weber-Dabrowska, A. Roman, A. Gorski	Isolation and Characterization of Phages Active against <i>Paenibacillus</i> larvae Causing American Foulbrood in Honeybees in Poland, 2021, 13, 1217	5,127	100	Q2
170.	WIRES RNA	A. Kotowska-Zimmer, M. Pewinska, M. Olejniczak	Artificial miRNAs as therapeutic tools: Challenges and opportunities, 2021, 12, e1640	8,247	140	Q1

1.B. Recenzowane artykuły w czasopismach z listy MEiN nieindeksowane w Journal Citation Reports

Lp.	Nazwa czasopisma	Autor/Autorzy	Tytuł, rok, tom, strony / nr artykułu	Punkty MEiN*
1.	BIOTECHNOLOGIA	A.A. Dyczkowska, A. Chabowska-Kita	Caenorhabditis elegans as a model organism in obesity research, 2021, 102, 337–362	70
2.	BIOTECHNOLOGIA	M.M. Surdyka, M. Figiel	Retrograde capabilities of adeno-associated virus vectors in the central nervous system, 2021, 102 (4), 473–478	70
3.	BIOTECHNOLOGIA	J. Lewandowski, A. Komur, D. Sobanska	Structural and functional relationship of mammalian and nematode ferritins, 2021, 102 (4), 457–471	70
4.	COMPUTATIONAL METHODS IN SCIENCE AND TECHNOLOGY	K. Kurowski, M. Slysz, M. Subocz, R. Rozycki	Applying a Quantum Annealing Based Restricted Boltzmann Machine for MNIST Handwritten Digit Classification, 2021, 27, 99–107	20
5.	COMPUTATIONAL METHODS IN SCIENCE AND TECHNOLOGY	R. Cecko, J. Jamrozy, W. Jesko, E. Kusmierk, M. Lange, M. Owsiany	Automatic Speech Recognition and its Application to Media Monitoring, 2021, 27, 41–55	20
6.	COMPUTATIONAL METHODS IN SCIENCE AND TECHNOLOGY	P. Pawlewski, A. Olszewski	Integration of Digital Twin with Simulation in Order to Meet Factory Expectations, 2021, 27, 121–128	20
7.	EFB BIOECONOMY	E. Wozniak, A. Tyczewska	Bioeconomy during the COVID-19 and perspectives for the post-pandemic world: Example from EU, 2021, 1, 10013	5
8.	EUROPEAN RESEARCH STUDIES JOURNAL	P. Pawlewski, A. Olszewski	Fast Simulation Modelling to Check New Layout for Material Flows, XXIV, 2021, 1084–1094	100
9.	PRZEGLĄD EPIDEMIOLOGICZNY	B. Tymoniuk, P. Zmora, J. Latowska, A. Grabowska, A. Ciesiolka, P. Joachimiak, G. Figura, M. Borowiec, K. Rolle, L. Handschuh, A. Fiszer	Genetic tests based on the RT-PCR reaction in the diagnostics of SARS-CoV-2 infection, 2021, 75, 14–26	40

1.C. Nierecenzowane artykuły konferencyjne w wydaniach specjalnych czasopism naukowych

Lp.	Nazwa czasopisma	Autor/Autorzy	Tytuł, rok, tom, strony/nr artykułu	IF	Punkty MEiN*
1.	JOURNAL OF NEUROLOGY NEUROSURGERY AND PSYCHIATRY	M. Wozna-Wysocka, L. Przybyl, M. Jazurek-Ciesiolka, P.M. Switonski, J. Suszynska-Zajczyk, P. Sobieszczanska, D. Wronka, J.O. Misiorek, G. Figura, A. Ciesiolka, W.J. Krzyzosiak, M. Figiel, A. Fiszer	B03 Novel HD mouse models enabling new pathogenic mechanisms discovery, 2021, 92, S1, A10	10,116	140
2.	JOURNAL OF NEUROLOGY, NEUROSURGERY AND PSYCHIATRY	M. Olejniczak, A. Kotowska-Zimmer, L. Przybyl, M. Pewinska, J. Suszynska-Zajczyk, D. Wronka, M. Figiel	I02 A CAG repeat-targeting artificial miRNA lowers the mutant huntingtin level in the YAC128 model of huntington's disease, 2021, 92, S1, A48	10,116	140

182

1.D. Recenzowane artykuły w innych czasopismach naukowych

Lp.	Nazwa czasopisma	Autor/Autorzy	Tytuł, rok, tom, strony/nr artykułu	Punkty MEiN*
1.	FORUM AKADEMICKIE	W. Rypniewski	Wychodzimy z kompleksów, 2021, 9, 26-29	5
2.	NATURE COMPUTATIONAL SCIENCE	W. Edeling, H. Arabnejad, R. Sinclair, D. Suleimenova, K. Gopalakrishnan, B. Bosak , D. Groen, I. Mahmood, D. Crommelin, P. V. Coveney	The impact of uncertainty on predictions of the CovidSim epidemiological code, 2021, 1, 128-135	-
3.	NEWSWEEK POLSKA	P. Zmora , D. Romanowska	Jak manipulują antyszczepionkowcy? 2021, 22	5
4.	POSTĘPY BIOCHEMII	E. Korczmar, A. Belter, M. Naskret-Barciszewska , S. Jurga, J. Barciszewski	100 lat RNA. Diamentowy Jubileusz informacyjnego RNA, 2021, 67, 212-220	70

5.	SMPTE MOTION IMAGING JOURNAL	M. Alvarez-Mesa, S. Sanz-Rodriguez, C.C. Chi, M. Glowiak , R. Haring	8K/16K Video and 3D Audio Coding and Playback for Large-Screen Immersive Spaces, 2021, 130, 50–58	-
----	------------------------------	---	---	---

1.E. Recenzowane artykuły konferencyjne z listy MEiN

Lp.	Nazwa czasopisma	Autor/rzy	Tytuł, rok, tom, strony /artykuł	Punkty
1.	LECTURE NOTES IN COMPUTER SCIENCE	B. Bosak, T. Piontek , P. Karlshoefer, E. Raffin, J. Lakhilili, P. Kopta	Verification, Validation and Uncertainty Quantification of Large-Scale Applications with QCG-PilotJob, 12746 LNCS, 2021, 21st International Conference on Computational Science, ICCS 2021, 495–501	140
2.	PROCEEDINGS OF 22ND ANNUAL CONFERENCE OF THE INTERNATIONAL SPEECH COMMUNICATION ASSOCIATION	W. Jesko	Vocalization Recognition of People with Profound Intellectual and Multiple Disabilities (PIMD) Using Machine Learning Algorithms [w:] Interspeech 2021, Brno, Czechia 2021, 2921–2925	140

2.A. Rozdziały w monografiach lub podręcznikach akademickich

Lp.	Wydawca monografii	Autor	Tytuł rozdziału, tytuł monografii	Rok, tom, strony	Punkty MEiN*
1.	IEEE	J. Vojtech, L. Altmannova, V. Smotlacha, R. Velc, R. Vohnout, H. Schnatz, T.C. Liebisch, V. Capone, T. Chiotis, G. Roberts, D. Vicinanza, A. Binczewski , W. Bogacki , K. Turza , P.E. Pottie, P. Tuckey, D. Calonico, R. Holzwarth, B. Sprenger, O. Cip, L. Pravdova, S. Rerucha, J.D. Alonso, E.R. Vidal, T. Garcia, J. Kodet, U. Schreiber, J. Kusche, D. Meschede, S. Schroder,	CLONETS-DS – Clock Network Services-Design study Strategy and Innovation for Clock Services Over Optical-fibre Networks [w:] Proceedings of the 52nd Annual Precise Time and Time Interval Systems and Applications Meeting, 2021, 204–208	2021, 204–208	80

		S. Stellmer, P. Nogas, R. Urbaniak, P. Krehlik, L. Sliwczyski, A. Amy-Klein, N. Quintin, A. Seeds, B. Desruelle, J. Lautier-Gaud, V. Menoret, M. Rabault			
2.	IEEE	M. Plociennik, R. Palma, Sz. Mueller, Sz. Kupinski, M. Blaszcak, S. Brahma, A. Radziuk, A. Swiatkowski	Leveraging Agri-food IoT Solutions to Connect Apiary Owners and Farmers [w:] Proceedings of the 16th International Conference on Telecommunications	2021, 152-157	80
3.	IEEE	P. Anastasiadis, S. Gogolenko, N. Papadopoulou, M. Lawenda , H. Arabnejad, A. Jahani, I. Mahmood, D. Groen	P-Flee: An Efficient Parallel Algorithm for Simulating Human Migration [w:] 2021 IEEE International Parallel and Distributed Processing Symposium Workshops (IPDPSW)	2021, 1008-1011	80
4.	IOS PRESS	M. Narwocki, K. Kurowski, R. Gorzenski	Cyber space and aviation 4.0 - new testing facilities for next generation of cyber-physical, autonomous and air traffic control systems [w:] Modern Technologies Enabling Safe and Secure UAV Operation in Urban Airspace, red. P. Sniatala, S. Sitharama Iyengar, A. Bendarma, M. Klosak	2021, 70-84	80
5.	POLITECHNIKA WROCLAWSKA (OFICYNA) WYDAWNICZA POLITECHNIKI WROCLAWSKIEJ)	J. Skorupa, M. Glowiak	Produkcja dźwięku immersyjnego. Praktyczne metody i zastosowania dźwięku ambisonicznego wyższego rzędu do tworzenia produkcji audiowizualnych VR/360° [w:] Postępy badań w inżynierii dźwięku i obrazu: nowe trendy i zastosowania technologii dźwięku wielokanałowego oraz badania jakości dźwięku	2021, 30-45	80

6.	SPRINGER	S.C. Sala, B. Uszczyńska-Ratajczak , J. Lagarde, R. Johnson, R. Guigo	Annotation of Full-length Long Noncoding RNAs with Capture Long-Read Sequencing [w:] Functional Analysis of Long Non-Coding RNAs, Methods in Molecular Biology, red. H. Cao	2021, 2254, 133–159	80
7.	SPRINGER	P. Formanowicz , M. Kasprzak, P. Wawrzyniak	Labeled Graphs in Life Sciences – Two Important Applications [w:] Graph-Based Modelling in Science, Technology and Art, red. S. Zawislak, J. Rysinski	2021, 201–217	80
8.	SPRINGER	Ch. Zinke-Wehlmann, A. Kirschenbaum, R. Palma , S. Brahma , K. Charvat, K. Charvat Jr., T. Reznik	Linked Data and Metadata [w:] Big Data in Bioeconomy	2021, 79–90	80
9.	SPRINGER	R. Palma , S. Brahma , Ch. Zinke-Wehlmann, A. Kirschenbaum, K. Charvat, K. Charvat Jr., T. Reznik	Linked Data Usages in DataBio [w:] Big Data in Bioeconomy	2021, 91–111	80
10.	SPRINGER	M. Grabowska , B.F. Grzeskowiak, K. Rolle , R. Mrowczynski	Magnetic Nanoparticles as a Carrier of dsRNA for Gene Therapy [w:] Bio-Carrier Vectors, Methods in Molecular Biology, red. K. Narayanan	2021, 2211, 69–81	80
11.	SPRINGER	B. Walter , B. Marovic, I. Garnizov, M. Wolski , A. Todosijevic	Monitoring the Adoption of SPI-Related Best Practices. An Experience Report [w:] Communications in Computer and Information Science	2021, 475–484	80
12.	THE OPTICAL SOCIETY	J. Vojtech, L. Altmannova, V. Smotlacha, R. Velc, R. Vohnout, H. Schnatz, T.C. Liebisch, V. Capone, T. Chiotis, G. Roberts, D. Vicinanza, A. Binczewski , W. Bogacki , K. Turza , P. Pottie, P. Tuckey, D. Calonico, R. Holzwarth,	CLONETS-DS – Clock Network Services-Design Study Strategy and innovation for clock services over optical-fibre networks in Europe [w:] Conference on Lasers and Electro-Optics, red. J. Kang, S. Tomasulo, I. Ilev, D. Muller, N. Litchinitser,	2021, JTu3A.30	-

		B. Sprenger, O. Cip, L. Pravdova, S. Rerucha, J.D. Alonso, E.R. Vidal, T. Garcia, J. Kodet, U. Schreiber, J. Kusche, D. Meschede, S. Schroder, S. Stellmer, P. Nogas, R. Urbaniak, P. Krehlik, L. Sliwczynski, A. Amy-Klein, N. Quintin, A. Seeds, B. Desruelle, J. Lautier-Gaud, V. Menoret, M. Rabault	S. Polyakov, V. Podolskiy, J. Nunn, C. Dorrer, T. Fortier, Q. Gan, C. Saraceno		
13.	WYDAWNICTWO MIEJSKIE POSNANIA	P. Zmora, L. Handschuh, M. Figlerowicz	Instytut Chemii Bioorganicznej Polskiej Akademii Nauk w czasie pandemii COVID-19 [w:] Kronika Miasta Poznania, Poznań morowy, red. P. Matusik	2021, 2, 199-211	5
14.	WYDAWNICTWO NAUKOWE UAM	J. Barciszewski	Epigenetyka. DNA to za mało [w:] Uniwersytet. Wspólnota różnorodności i różnicy, red. K. Przyszczypkowski, I. Cytlak	2021, 77-96	5

2.B. Redakcja monografii lub podręcznika akademickiego

Lp.	Wydawca monografii/podręcznika	Redaktorzy	Tytuł, rok, tom/strony	Punkty MEiN*
1.	SPRINGER	S. Jurga, J. Barciszewski	Seria RNA Technologies. Epitranscriptomics, 2021, 12	20

3. Artykuły popularnonaukowe:

1. **A. Pasternak, W. Kotkowiak**
Therapeutic Potential of G-quadruplex Structural Junctions
SCHOLARLY COMMUNITY ENCYCLOPEDIA, 2021, Category: Chemistry, Medicinal
Biochemistry & Molecular Biology (Entry ID: 16140, <https://encyclopedia.pub/16140>)
2. **K. Szpotkowski**
Miód, jego powstanie, struktura a las
PRZEGLĄD LEŚNICZY, 2021, 1, 29–32
3. **K. Szpotkowski**
Bukowa spizarnia, czyli o znaczeniu i sposobach wykorzystania zasobów przyrodniczych
Puszczy Bukowej
WYDAWNICTWO CHRONICON 2021, 271–307, ISBN 978-83-960840-4-0
4. S. Buddenbohm, L. Barbot, C. Concordia, E. Gray, **T. Parkola, M. Kozak, J. Wytrazek,**
K. Illmayer
Human vs. machine vs. social interfaces – The SSH Open Marketplace [w:] DARIAH
Annual Event 2021: Interfaces, Online Conference, 2021
5. **B. Betanski, T. Parkola, N. Jeszke**
RCIN – Digital Repository of Scientific Institutes in Poland [w:] Book of Abstracts of the
13th Qualitative and Quantitative Methods in Libraries International Conference, ISAST:
International Society for the Advancement of Science and Technology, Virtual, 2021
6. D. Pleiter, S. Varrette, E. Krishnasamy, E. Ozdemir, **M. Pilc**
Security in an evolving European HPC Ecosystem, www.prace-ri.eu

ZAŁĄCZNIKI

Załącznik 1. Skład Rady Naukowej kadencji 2019–2022

Przewodniczący Rady Naukowej: prof. dr hab. Andrzej B. Legocki

Zastępcy Przewodniczącego: prof. dr hab. Ryszard W. Adamiak, prof. dr hab. Adam Szewczyk,
Instytut Biologii Doświadczalnej im. M. Nenckiego PAN, Warszawa

Sekretarz: dr Joanna Banasiak

Członkowie z ICHB PAN

Prof. dr hab. Ryszard Adamiak

Dr Joanna Banasiak

przedstawiciel adiunktów

Prof. dr hab. Jan Barciszewski

Dr hab. Kamilla Grzywacz, prof. ICHB

Prof. dr hab. Paweł Bednarek

Prof. dr hab. Jacek Błażewicz

członek rzeczywisty PAN

Prof. dr hab. Jerzy Boryski (do 30.09.2021)

Dr hab. Marcin Chmielewski, prof. ICHB

Prof. dr hab. Jerzy Ciesiołka (do 31.12.2021)

Dr hab. Mariola Dutkiewicz

Dr hab. Maciej Figiel, prof. ICHB

Prof. dr hab. Marek Figlerowicz

członek korespondent PAN

Prof. dr hab. Zofia Gdaniec

Prof. dr hab. Michał Jasiński

Prof. dr hab. Mariusz Jaskólski

członek rzeczywisty PAN

Prof. dr hab. Elżbieta Kierzek

Prof. dr hab. Ryszard Kierzek (do 28.02.2021)

Prof. dr hab. Piotr Kozłowski

Prof. dr hab. Adam Kraszewski (do 30.06.2021)

Dr hab. Anna Kurzyńska-Kokorniak, prof. ICHB

Prof. dr hab. Andrzej B. Legocki

członek rzeczywisty PAN

Dr hab. Magdalena Łuczak, prof. ICHB

Dr Julia Misiorek

przedstawiciel adiunktów

Dr hab. Marta Olejniczak, prof. ICHB

Dr hab. Anna Pasternak, prof. ICHB

Dr hab. Katarzyna Rolle, prof. ICHB

Prof. dr hab. Wojciech Rypniewski

Dr hab. Michał Sobkowski, prof. ICHB

Prof. dr hab. Jan Węglarz

członek rzeczywisty PAN

Mgr Marta Wojnicka

przedstawiciel doktorantów

Prof. dr hab. Eliza Wyszko, prof. ICHB

Członkowie zewnątrzni

Prof. dr hab. Ewa Bartnik
Wydział Biologii, Uniwersytet Warszawski
Instytut Biochemii i Biofizyki PAN, Warszawa

Prof. dr hab. Janusz M. Bujnicki
Międzynarodowy Instytut Biologii
Molekularnej i Komórkowej, Warszawa
Wydział Biologii, Uniwersytet
im. Adama Mickiewicza, Poznań

Prof. dr hab. Agnieszka Chacińska
członek korespondent PAN
Międzynarodowy Instytut Mechanizmów
i Maszyn Molekularnych PAN

Prof. dr hab. Agnieszka Dobrzyń
członek korespondent PAN
Instytut Biologii Doświadczalnej
im. M. Nenckiego PAN, Warszawa

Prof. dr hab. Marcin Drąg
Wydział Chemii, Politechnika Wrocławska

Prof. dr hab. Andrzej Dziembowski
Wydział Biologii, Uniwersytet Warszawski
Instytut Biochemii i Biofizyki PAN

Prof. dr hab. Jacek Gawroński
członek korespondent PAN
Wydział Chemii, Uniwersytet
im. Adama Mickiewicza, Poznań

Dr hab. Magdalena Konarska
członek korespondent PAN
Międzynarodowy Instytut Mechanizmów i
Maszyn Molekularnych PAN

Prof. dr hab. Izabela Makałowska
Wydział Biologii, Uniwersytet
im. Adama Mickiewicza, Poznań

Prof. dr hab. Bronisław Marciniak
Wydział Chemii oraz Centrum Zaawansowanych
Technologii, Uniwersytet im. Adama Mickiewicza,
Poznań

Dr hab. Jan Milecki
Wydział Chemii, Uniwersytet
im. Adama Mickiewicza, Poznań

Prof. dr hab. Barbara Nawrot
Centrum Badań Molekularnych
i Makromolekularnych PAN, Łódź

Prof. dr hab. Krzysztof W. Nowak
członek korespondent PAN
Wydział Medycyny Weterynaryjnej
i Nauk o Zwierzętach,
Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu,

Prof. dr hab. Grażyna Stochel
członek rzeczywisty PAN
Wydział Chemii, Uniwersytet Jagielloński

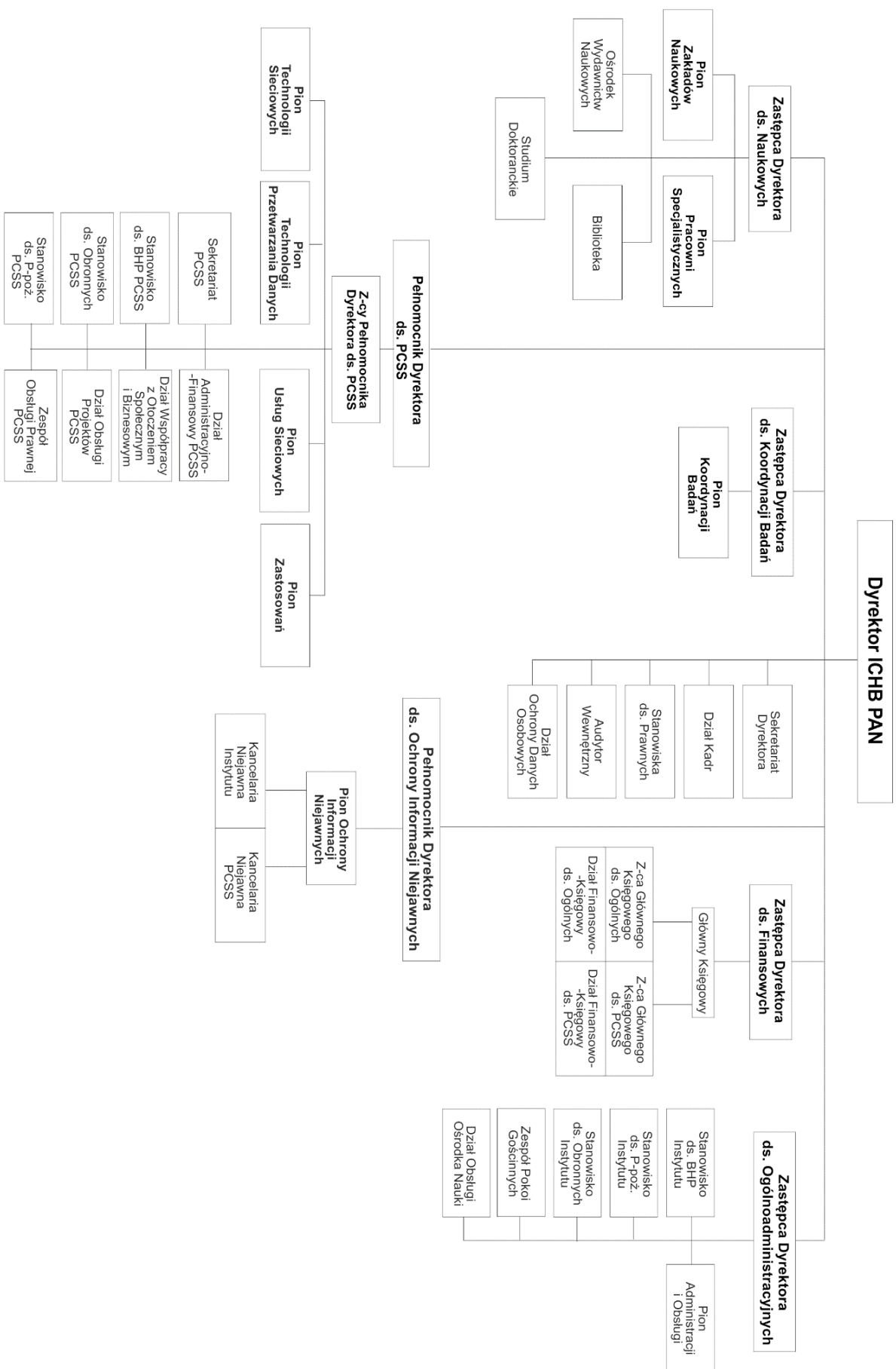
Prof. dr hab. Adam Szewczyk
Instytut Biologii Doświadczalnej
im. M. Nenckiego PAN, Warszawa

Prof. dr hab. Michał Witt
Instytut Genetyki Człowieka PAN, Poznań

Prof. dr hab. Bogdan Wolko
Instytut Genetyki Roślin PAN, Poznań

Prof. dr hab. Piotr Zielenkiewicz
Instytut Biochemii i Biofizyki PAN, Warszawa

Załącznik 2. Schemat organizacyjny ICHB PAN (2021)



Załącznik 3. Struktura organizacyjna zakładów naukowych ICHB PAN (2021)

Nazwa zakładu	Kierownik	Typ zakładu
Zakład Bioinformatyki	prof. dr hab. Jacek Błazewicz	ZW
Zakład Bioinformatyki Strukturalnej	prof. dr hab. Marta Szachniuk	ZW
Zakład Biologii Molekularnej i Systemowej	prof. dr hab. Marek Figlerowicz	ZW
Zakład Biomolekularnego NMR	prof. dr hab. Zofia Gdaniec	ZW
Zakład Chemii Komponentów Kwasów Nukleinowych	dr hab. Michał Sobkowski, prof. ICHB PAN	ZW
Zakład Fizjologii Molekularnej Roślin	prof. dr hab. Michał Jasiński	ZW
Zakład Genetyki Molekularnej	prof. dr hab. Piotr Kozłowski	ZW
Zakład Genomiki Strukturalnej RNA	prof. dr hab. Elżbieta Kierzek	ZW
Zakład Metabolomiki Funkcjonalnej Roślin	prof. dr hab. Paweł Bednarek	ZW
Zakład Struktury i Funkcji Biomolekuł	prof. dr hab. Wojciech Rypniewski	ZW
Zakład Biologii Medycznej	prof. dr hab. Mirosława Naskręt-Barciszewska	ZS
Zakład Biochemii RNA	prof. dr hab. Jerzy Ciesiołka	ZS
Zakład Chemii i Biologii Strukturalnej Kwasów Nukleinowych	prof. dr hab. Ryszard Kierzek	ZS
Zakład Biochemii Rybonukleoprotein	dr hab. Anna Kurzyńska-Kokorniak, prof. ICHB PAN	ZML
Zakład Bioinżynierii Kwasów Nukleinowych	dr hab. Anna Pasternak, prof. ICHB PAN	ZML
Zakład Biologii Obliczeniowej Niekodującego RNA	dr hab. Barbara Uszczyńska-Ratajczak, prof. ICHB PAN	ZML
Zakład Biologii Rozwoju	dr hab. Takashi Miki, prof. ICHB PAN	ZML
Zakład Biologii Strukturalnej Eukariotów	dr hab. Miłosz Ruszkowski	ZML
Zakład Biologii Strukturalnej Organizmów Prokariotycznych	dr hab. Krzysztof Brzeziński, prof. ICHB PAN	ZML
Zakład Biotechnologii Medycznej	dr hab. Agnieszka Fiszer, prof. ICHB PAN	ZML
Zakład Chemii Biopolimerów	dr hab. Marcin K. Chmielewski, prof. ICHB PAN	ZML
Zakład Genomiki Roślin	dr hab. Agnieszka Żmieńko	ZML
Zakład Inżynierii Genomowej	dr hab. Marta Olejniczak, prof. ICHB PAN	ZML
Zakład Metabolizmu RNA	dr hab. Zbigniew Warkocki, prof. ICHB PAN	ZML
Zakład Neurobiologii Molekularnej	dr hab. Maciej Figiel, prof. ICHB PAN	ZML
Zakład Neuroonkologii Molekularnej	dr hab. Katarzyna Rolle, prof. ICHB PAN	ZML
Zakład Niekodujących RNA	dr Monika Piwecka	ZML
Zakład Proteomiki Biomedycznej	dr hab. Magdalena Łuczak, prof. ICHB PAN	ZML
Zakład Sond Molekularnych i Proleków	dr Jacek Kolanowski	ZML
Zakład Struktury i Funkcji Retrotranspozonów	dr hab. Katarzyna Pachulska-Wieczorek, prof. ICHB PAN	ZML
Zakład Transkryptomiki Funkcjonalnej	dr hab. Kamilla Grzywacz, prof. ICHB PAN	ZML
Zakład Wirusologii Molekularnej	dr Paweł Zmora	ZML

ZW – zakłady wiodące; **ZS** – zakłady senioralne; **ZML** – zakłady młodych liderów

Załącznik 4. SeminaRIA Instytutu Chemii Bioorganicznej PAN

Prowadzenie: prof. dr hab. Jerzy Boryski, dr Paweł Zmora

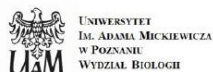
Data	Prezentujący	Temat
11.01.2021	Dr Paweł Zmora	Into the unknown? – Antibodies against SARS-CoV2 in Polish population
18.01.2021	Dr hab. Krzysztof Brzeziński	Perturbation of the enzyme dynamics: a novel strategy for the development of inhibitors targeting S-adenosyl-L-homocysteine hydrolase
25.01.2021	Dr hab. Barbara Uszczyńska-Ratajczak	Profiling subcellular localization of nuclear-encoded mitochondrial gene products in zebrafish
01.02.2021	Mgr Barbara Szutkowska	Struktura drugorzędowa vRNA wirusa grypy A/H1N1 w warunkach biologicznych
15.02.2021	Dr hab. Mirosław Gilski	Big data
22.02.2021	Mgr inż. Marta Pietras	Circular RNA and RNA-binding protein interactions in the mouse brain
01.03.2021	Mgr Dmytro Pandakov	Investigation of the roles of TUT4 and TUT7 in RNA metabolism
08.03.2021	Dr Paweł Śledziński	The use of CRISPR-Cas system to study mechanisms of DNA repair in microsatellite regions
15.03.2021	Mgr Paweł Czerniawski	Loss of a transcription factor prevents from hormone overproduction and supports devolution of a specialized metabolic pathway in a subclade of cabbage family (<i>Brassicaceae</i>) plants
29.03.2021	Mgr Żaneta Zarębska Mgr Julia Latowska	Circular RNAs in brain tumors
12.04.2021	Dr Maciej Łałowski	Assessing the brain proteome dynamics in neurodegenerative states using omics and imaging mass spectrometry
19.04.2021	Mgr Francesca Canyelles I Font	Development of fluorescent probes for the simultaneous detection of multiple analytes in live cells: detection of iron(II) and hypoxia
26.04.2021	Prof. dr hab. Wojciech Rypniewski	Broken symmetry between RNA enantiomers in a crystal lattice
10.05.2021	Mgr Małgorzata Zwadzka	Zmiany w strukturze drugorzędowej Ty1 RNA w trakcie jego podróży przez kompartmenty komórki
17.05.2021	Mgr inż. Marta Wojnicka	Niepoznane obszary aktywności ludzkiej rybonukleazy Dicer
24.05.2021	Dr Agata Świątkowska	The role of the 5'-terminal region of p53 mRNA in <i>TP53</i> gene expression – interactions with protein factors

31.05.2021	Mgr inż. Jarosław Synak	RNA World simulation using partial differential equations
07.06.2021	Dr inż. Tomasz Żok	ONQUADRO: baza danych eksperymentalnie rozwiązanych kwadrupleksów
14.06.2021	Mgr Natalia Bartyś	Dwufunkcyjne oligonukleotydy antysensowe jako narzędzia molekularne regulujące alternatywny splicing
21.06.2021	Dr Ewa Woźniak-Gientka	Społeczeństwo a biotechnologia: badanie opinii publicznej w UE (ze szczególnym uwzględnieniem Polski)
05.07.2021	Dr Paweł Świtoński	Increased DNA damage activates PARP1 to deplete cerebellar neurons of NAD ⁺ and promote SCA7 disease pathogenesis
30.09.2021	Dr Łukasz Jaremko King Abdullah University of Science and Technology, Arabia Saudyjska	Deciphering the molecular mechanisms of action
04.10.2021	Dr Karolina Jarzyniak Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu	Increased DNA damage activates PARP1 to deplete cerebellar neurons of NAD ⁺ and promote SCA7 disease pathogenesis
11.10.2021	Mgr inż. Sylwester Swat Politechnika Poznańska	Genome-scale de novo assembly using ALGA
18.10.2021	Dr Francisco Carrascoza Politechnika Poznańska	How much can we trust computer models: on the quality of predicted 3D RNA structures
08.11.2021	Dr Justyna Gołębiowska	Boranephosphonates. Unraveling the chemistry of the P-BH3 functionality
15.11.2021	Dr Dorota Gudanis	Charakterystyka strukturalna i funkcjonalna układów hybrydowych typu kwadrupleks-dupleks
17.11.2021	Dr Praveen Awasthi Institute of Plant Molecular Biology, Czechy	CRISPR/Cas based genome editing approach toward crop improvement
22.11.2021	Dr Malwina Suszyńska	BARD1 - cancer predisposition gene
29.11.2021	Mgr Aleksandra Jarmołowicz	High-throughput approach towards new small molecule inhibitors of influenza virus replication
06.12.2021	Prof. dr hab. Paweł Bednarek	Tryptophan metabolism and bacterial commensals prevent fungal dysbiosis in <i>Arabidopsis</i> roots
13.12.2021	Francisco Enguita, PhD Uniwersytet w Lizbonie, Portugalia	A primer on molecular art

Załącznik 5. Program RNA Salon Poznań

Organizacja: dr hab. Zbigniew Warkocki, prof. ICHB

Data	Prezentujący	Temat
15.01.2021	Prof. Claudia Höbartner Universität Würzburg, Institut für Organische Chemie, Würzburg, Niemcy	Ribozymes for RNA modification and labeling
12.03.2021	Dr hab. Agnieszka Fiszer Instytut Chemii Bioorganicznej PAN, Poznań	Biology of RNAs containing CAG repeat tracts in the context of rare neurological disease
11.06.2021	Prof. Ling-Ling Chen Shanghai Institute of Bichemistry and Cell Biology, Chinese Academy of Sciences, Chiny	Lnc-ing RNA processing and function
8.10.2021	Dr Mateusz Mendel University of Geneva, Szwajcaria	Regulation of pre-mRNA splicing by RNA methylation
19.11.2021	Dr hab. Anna Kurzyńska-Kokorniak Instytut Chemii Bioorganicznej PAN, Poznań	Revealing the yet unknown areas of activities of Dicer ribonucleases



Załącznik 6. Program RNA goes viral

'RNA goes viral'

Conference program

1.07.2021

10:00 - 10:30 Registration of participants | Rejestracja uczestników

Sesja urodzinowa | Birthday session [held in Polish]

10:30 - 11:00 Powitanie uczestników oraz rozpoczęcie konferencji

Paweł Zmora Institute of Bioorganic Chemistry PAS, Poznań, Poland

Marek Figlerowicz Institute of Bioorganic Chemistry PAS, Poznań, Poland

11:00 - 12:15 Gratulacje oraz życzenia dla Prof. dr hab. Ryszarda Kierzka

12:15 - 13:00 Lunch break

Session 1 - *From thermodynamics of nucleic acids...*

Chairs: Tomasz Czapik, Marta Szabat

13:00 - 13:50 Keynote lecture Gang Chen

School of Life and Health Sciences,

The Chinese University of Hong Kong, Shenzhen (CUHK-Shenzhen), PR China

Binders selective for double-stranded RNAs over single-stranded RNAs and their biotech applications

13:50 - 14:15 Witold Andrałojć

Institute of Bioorganic Chemistry PAS, Poznań, Poland

Lanthanide binding aptamer as a tool for paramagnetic NMR spectroscopy of nucleic acids

14:15 - 14:40 Carolina Roxo

Institute of Bioorganic Chemistry PAS, Poznań, Poland

G4 Matters—the Influence of G-Quadruplex Structural Elements on the Antiproliferative Properties of G-Rich Oligonucleotides

14:40 - 14:55 Maria Tomaszewska

Institute of Bioorganic Chemistry PAS, Poznań, Poland

RNA G-quadruplexes – intriguing structures from the influenza A virus genome

14:55 - 15:10 Justyna Gołębiewska

Institute of Bioorganic Chemistry PAS, Poznań, Poland

Boranephosphonates - not so boring at all!

15:10 - 15:30 Coffee break

15:30 - 15:55 Agnieszka Ruskowska

University of Notre Dame, Notre Dame, USA

Institute of Bioorganic Chemistry PAS, Poznań, Poland

Molecular structure of a U•A-U-rich RNA triple helix



- 15:55 – 16:20 Julita Piasecka
Institute of Bioorganic Chemistry PAS, Poznań, Poland
Conserved RNA secondary structure motifs as targets for the influenza A virus inhibition.
- 16:20 – 16:45 Arkadiusz BibiŃo
4M Genomics, Cupertino, USA
Silicon Valley startup culture, several practical lessons from the perspective of a scientist and co-founder
- 16:45 – 17:00 Coffee break
- 17:00 – 18:00 Poster session
- Leszek Błaszczuk
Institute of Bioorganic Chemistry PAS, Poznan, Poland
Long range RNA-RNA interaction in the p53 mRNA
- Mariola Dutkiewicz
Institute of Bioorganic Chemistry PAS, Poznan, Poland
Translation of human $\Delta 133p53$ mRNA and its targeting by antisense oligonucleotides complementary to the 5'-terminal region of this mRNA
- Agata Świątkowska
Institute of Bioorganic Chemistry PAS, Poznan, Poland
Poly(rC)-binding protein 2 regulates the p53 expression via interactions with the 5' terminus of p53 mRNA
- Monisha Krishnan
Rathnavel Subramanian College of Arts and Science, Sullur, India
Blood Group Susceptibility Shifts in the COVID-19 Variant Transitions
- Pratiksha Tiwari
Amity Institute of Virology and Immunology, Noida, India
Account from a therapeutic standpoint on status of the bacteriophages that infect bacteria of Vibrio family (V. cholera, V. parahaemolyticus and V. vulnificus)
- Mariola Dutkiewicz
Institute of Bioorganic Chemistry PAS, Poznan, Poland
Finding New Structural Elements in the Coding Region of the Coxsackie B3 Virus RNA Genome
- Aleksandra JarmoŃowicz
Institute of Bioorganic Chemistry PAS, Poznan, Poland
Discovering new influenza inhibitors through high throughput screening
- Klaudia Wieczorek
Institute of Bioorganic Chemistry PAS, Poznan, Poland
Plant and fungi extracts as natural anti-influenza therapeutics
- Angelika Andrzejewska
Institute of Bioorganic Chemistry PAS, Poznan, Poland
The life cycle of retrovirus-like Ty1 transposon: the structure of genomic RNA in the cell and Gag function
- Magdalena Otrocka
Institute of Bioorganic Chemistry PAS, Poznan, Poland
Establishing High Throughput Screening platform for studying small molecule RNA binders
- 18:00 – 19:00 Keynote lecture Douglas H. Turner
University of Rochester, Rochester, USA
NMR Spectra and Molecular Dynamics Simulations of Single Stranded, Short RNAs Provide Insight into Strengths and Weaknesses of Force Fields for Predicting 3D Structure
- 19:30 Dinner

2.07.2021

Session 2 – ...through biology of viruses...

Chairs: Agnieszka Ruskowska, Paweł Zmora

- 10:00 – 10:50 Keynote lecture Stefan Pöhlmann
German Primate Center Leibniz Institute for Primate Research, Goettingen, Germany
SARS-CoV-2 entry into cells and its inhibition
- 10:50 – 11:15 Ireneusz Stolarek
Institute of Bioorganic Chemistry PAS, Poznań, Poland
SARS-CoV-2 quasispecies composition and its epidemiological implications
- 11:15 – 11:50 Krzysztof Pyrc
Jagiellonian University, Kraków, Poland
tba
- 11:50 – 12:05 Coffee break
- 12:05 – 12:30 Hans Bluysen
Adam Mickiewicz University, Poznań, Poland
Time-dependent Interferon-induced transcription shapes the antiviral response
- 12:30 – 12:45 Kaja Gutowska
Poznań University of Technology, Poznań, Poland
Virxicon - a database for RNA and DNA virus sequences
- 12:45 – 13:00 Daria Sobanska
Institute of Bioorganic Chemistry PAS, Poznań, Poland
Dissecting the mechanism of REGE-1 mediated mRNA silencing
- 13:00 – 13:30 Lunch

Session 3 – ...to efficient anti-SARS-CoV-2 strategies.

Chairs: Elżbieta Lenartowicz, Julita Piasecka

- 13:30 – 13:55 Luiza Handschuh & Katarzyna Rolle
Institute of Bioorganic Chemistry PAS, Poznań, Poland
Positive impact of the COVID-19 pandemic
- 13:55 – 14:05 Cezary Kilczewski
Medicofarma SA
Business partner's talk
- 14:05 – 14:30 Jakub Rybka
Center for Advanced Technology, Adam Mickiewicz University, Poznań, Poland
Immunodiagnosics of COVID-19
- 14:30 – 14:55 Paweł Zmora
Institute of Bioorganic Chemistry PAS, Poznań, Poland
Into the unknown - antibodies against SARS-CoV-2
- 14:55 – 15:10 Coffee break
- 15:10 – 15:35 Pravin Sehgal
New York Medical College, New York, USA
Phase-separated biomolecular condensates in cell biology and virology
- 15:35 – 16:00 Paweł Mątecki
Poznan University of Medical Sciences, Poznań Poland
Moderately effective, poorly available or expensive - COVID-19 treatment in a nutshell
- 16:00 – 16:50 Keynote lecture Luis Martínez-Sobrido
Texas Biomedical Research Institute, San Antonio, USA
Imaging SARS-CoV-2 infection in vitro and in vivo
- 16:50 – 17:00 Closing remarks
Paweł Zmora
Institute of Bioorganic Chemistry PAS, Poznań, Poland

15-19 marca 2021
godz. 17.00-19.00

**12. Tydzień
MÓZGU
w Poznaniu**

Zapraszamy na wykłady w wersji online na żywo:
poznan.pan.pl
www.facebook.com/OPANPoznan
www.youtube.com/channel/UCDFWTcT7AZay2Y4v-gnIdmQ



Organizatorzy:



Polska Akademia Nauk, Oddział w Poznaniu
Instytut Chemii Bioorganicznej PAN w Poznaniu
Instytut Genetyki Człowieka PAN w Poznaniu

PROGRAM

- 15.03** **Poniedziałek: Inauguracja Tajemnice mózgu**
Otwarcie: Prof. dr hab. Marek Świński, czł. koresp. PAN, Prezes Oddziału PAN w Poznaniu
- 17.00 **Mózg, mikroskop i meduza. Krótka historia badań nad neuroanatomią**
Dr Marzena Stefaniuk, Instytut Biologii Doświadczalnej im. M. Nenckiego PAN w Warszawie
- 18.00 **Autoimmunologiczne zapalenia mózgu u dzieci – nowe wyzwania w pediatrii**
Prof. dr hab. n. med. Magdalena Figlerowicz
Uniwersytet Medyczny im. K. Marcinkowskiego w Poznaniu
- 16.03** **Wtorek: Mózg oczami farmakologa i terapeuty**
Prowadzenie: Prof. dr hab. n. med. Michał Witt, IGCz PAN
- 17.00 **Czy w przyszłości będziemy mogli skuteczniej leczyć choroby neurodegeneracyjne?**
Dr hab. n. med. Grzegorz Kreiner
Instytut Farmakologii im. J. Maja PAN w Krakowie
- 18.00 **Współczesne poglądy na przyczyny i rozwój autyzmu**
Prof. dr hab. Ewa Mojs, Uniwersytet Medyczny im. K. Marcinkowskiego w Poznaniu
- 17.03** **Środa: Mózg w laboratorium**
Prowadzenie: Prof. dr hab. Marek Figlerowicz, IChB PAN
- 17.00 **Czy mózg można zrobić ze skóry?**
Prof. dr hab. Jacek Jaworski, Międzynarodowy Instytut Biologii Molekularnej i Komórkowej w Warszawie
- 18.00 **Od hodowli komórek nerwowych do rozwoju mini mózgow w probówce**
Prof. IChB PAN dr hab. Maciej Figiel
Instytut Chemii Bioorganicznej PAN w Poznaniu
- 18.03** **Czwartek: Widzieć i słyszeć**
Prowadzenie: Prof. IChB PAN dr hab. Michał Jasiński, IChB PAN
- 17.00 **Na co była chora Alicja z Krainy Czarów?**
Prof. dr hab. n. med. Barbara Steinborn, Uniwersytet Medyczny im. K. Marcinkowskiego w Poznaniu
- 18.00 **Słuch # mózg – jak zatrzymać proces starzenia mózgu**
Prof. dr hab. n. med. Małgorzata Wierzbicka
Dr hab. n. med. Anna Bartochowska
Uniwersytet Medyczny im. K. Marcinkowskiego w Poznaniu
- 19.03** **Piątek: Ulepszyć pamięć, odzyskać wzrok**
Prowadzenie: Dr hab. n. med. Natalia Rozwadowska, IGCz PAN
- 17.00 **Biologiczne i psychologiczne sposoby usprawniania pamięci**
Dr Anna Ziółkowska, Uniwersytet SWPS w Poznaniu
- 18.00 **Dziedziczne zaniki nerwów wzrokowych**
Prof. dr hab. n. med. Maciej Krawczyński – Uniwersytet Medyczny im. K. Marcinkowskiego w Poznaniu

Organizatorzy:



Patronat honorowy:



Partnerzy:



Patronat medialny:





ICHB PAN