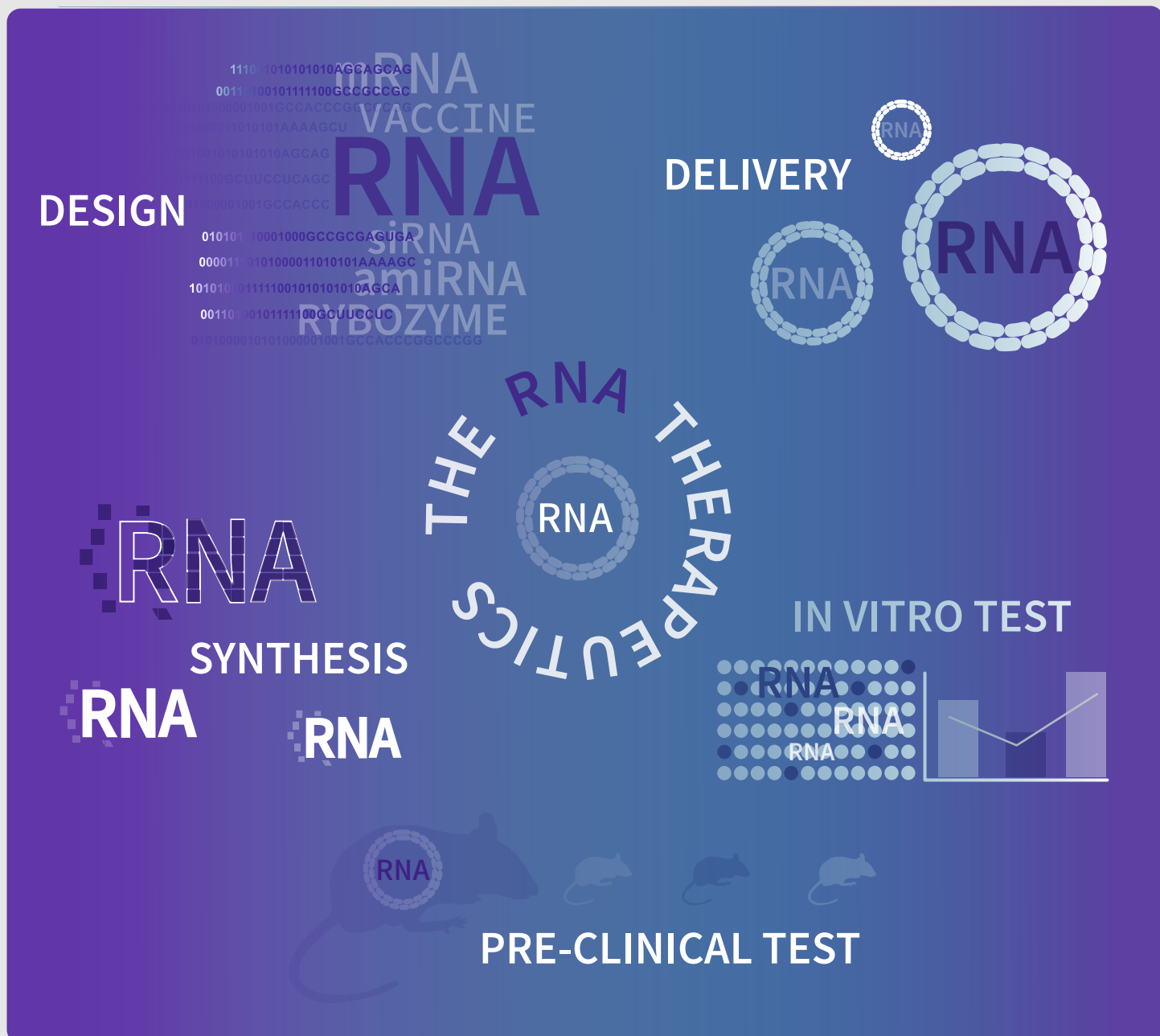




INSTYTUT CHEMII BIOORGANICZNEJ  
Polskiej Akademii Nauk



**Sprawozdanie z działalności w roku 2022**

**Poznań, marzec 2023**

# **SPRAWOZDANIE**

## **z działalności w roku 2022**

**Instytut Chemii Bioorganicznej Polskiej Akademii Nauk**  
**Ośrodek Wydawnictw Naukowych • Poznań, marzec 2023**

**Instytut Chemii Bioorganicznej Polskiej Akademii Nauk  
Sprawozdanie z działalności w roku 2022**

*Przygotowanie*

**Julia Brzoska-Karwat, Luiza Handschuh,  
Elżbieta Adamczyk, Paweł Goderski, Agnieszka Konrad,  
Karolina Korycka, Bartosz Szubiński**

*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

---

|  |           |
|--|-----------|
| <b>WSTĘP</b> .....   | <b>5</b>  |
| <b>INFORMACJE OGÓLNE</b> .....   | <b>9</b>  |
| Dyrekcja .....   | 9         |
| Uprawiane specjalności naukowe .....   | 9         |
| Struktura organizacyjna.....   | 9         |
| Zatrudnienie.....  | 12        |
| Międzynarodowy Zespół Doradczy .....   | 12        |
| Działalność publikacyjna .....   | 13        |
| Działalność naukowa.....   | 13        |
| Projekty strategiczne.....   | 14        |
| Dotacje, finansowanie projektów badawczych, inwestycyjnych i innych .....  | 21        |
| Rozwój kadry naukowej.....   | 21        |
| Kształcenie doktorantów.....   | 24        |
| Uczestnicy innych form kształcenia .....   | 24        |
| Wynalazki.....   | 25        |
| Działalność wydawnicza .....   | 25        |
| Nagrody i wyróżnienia.....   | 26        |
| Organizacja seminariów i konferencji naukowych .....   | 28        |
| Najważniejsze osiągnięcia .....  | 29        |
| Pozostałe ważne wyniki .....   | 31        |
| HR Excellence in Research .....  | 49        |
| <b>Działalność statutowa</b> .....   | <b>50</b> |
| Tematy statutowe realizowane w roku 2022.....  | 50        |
| Informacja o wykorzystaniu dotacji na finansowanie kosztów związanych z utrzymaniem specjalnego urządzenia badawczego (SPUB) ..... | 52        |
| <b>Opis działalności naukowej</b> .....  | <b>54</b> |
| Zakład Bioinformatyki Strukturalnej.....   | 54        |
| Zakład Biologii Molekularnej i Systemowej.....   | 57        |
| Zakład Biomolekularnego NMR .....  | 61        |
| Zakład Chemii Komponentów Kwasów Nukleinowych .....  | 65        |
| Zakład Fizjologii Molekularnej Roślin .....  | 67        |
| Zakład Genetyki Molekularnej.....  | 69        |
| Zakład Genomiki Strukturalnej RNA.....   | 72        |
| Zakład Metabolomiki Funkcjonalnej Roślin.....  | 75        |
| Zakład Struktury i Funkcji Biomolekuł.....   | 77        |
| Zakład Biochemii Rybonukleoprotein.....  | 79        |
| Zakład Bioinżynierii Kwasów Nukleinowych.....  | 80        |
| Zakład Biologii Obliczeniowej Niekodującego RNA.....   | 82        |
| Zakład Biologii Rozwoju.....   | 84        |

|  |            |
|--|------------|
| Zakład Biologii Strukturalnej Eukariontów .....                              | 85         |
| Zakład Biologii Strukturalnej Organizmów Prokariotycznych .....              | 89         |
| Zakład Biotechnologii Medycznej.....   | 91         |
| Zakład Chemii Biopolimerów.....  | 93         |
| Zakład Chorób Rzadkich .....   | 94         |
| Zakład Genomiki Roślin.....  | 96         |
| Zakład Inżynierii Genomowej.....   | 97         |
| Zakład Metabolizmu RNA.....  | 99         |
| Zakład Neurobiologii Molekularnej.....                                       | 101        |
| Zakład Neuroonkologii Molekularnej.....                                      | 104        |
| Zakład Niekodujących RNA.....  | 106        |
| Zakład Proteomiki Biomedycznej .....   | 108        |
| Zakład Sond Molekularnych i Proleków .....                                   | 111        |
| Zakład Struktury i Funkcji Retrotranspozonów.....                            | 114        |
| Zakład Transkryptomiki Funkcjonalnej .....                                   | 116        |
| Zakład Wirusologii Molekularnej.....   | 118        |
| Zakład Biologii Medycznej.....   | 120        |
| Zakład Biochemii RNA .....   | 122        |
| Zakład Chemii i Biologii Strukturalnej Kwasów Nukleinowych.....              | 123        |
| Zespół Biogospodarki i Zrównoważonego Rozwoju .....                          | 125        |
| Zespół Biologii Integratywnej.....   | 127        |
| Zespół Automatyki i Robotyki Laboratoryjnej.....                             | 129        |
| Pracownia Analiz Struktur Subkomórkowych.....                                | 129        |
| Pracownia Modelowych Organizmów Ssaczych .....                               | 130        |
| Pracownia Modelowych Organizmów Zwierzęcych.....                             | 130        |
| <b>Projekty realizowane w Instytucie w 2022 roku.....</b>                    | <b>132</b> |
| <b>Projekty realizowane w PCSS w 2022 roku.....</b>                          | <b>154</b> |
| <b>Współpraca naukowa z partnerami krajowymi.....</b>                        | <b>162</b> |
| <b>Współpraca naukowa z partnerami zagranicznymi .....</b>                   | <b>170</b> |
| <b>Spis publikacji.....</b>  | <b>178</b> |
| <b>ZAŁĄCZNIKI.....</b>   | <b>208</b> |
| Załącznik 1. Skład Rady Naukowej kadencji 2019–2022 .....                    | 208        |
| Załącznik 2. Schemat organizacyjny ICHB PAN (2022).....                      | 210        |
| Załącznik 3. Struktura organizacyjna zakładów naukowych ICHB PAN (2022)..... | 211        |
| Załącznik 4. Seminaria Instytutu Chemii Bioorganicznej PAN.....              | 212        |
| Załącznik 5. Program RNA Salon Poznań .....                                  | 214        |
| Załącznik 6. Program NeuroRNA.....   | 216        |
| Załącznik 7. Program 13. Tydzień Mózgu .....                                 | 219        |
| Załącznik 8. Program RNA goes viral.....                                     | 220        |
| Załącznik 9. Program Nauki Społeczne wobec kryzysu pandemii COVID-19 .....   | 221        |

## WSTĘP

---

Szanowni Państwo,

z satysfakcją składamy na Państwa ręce kolejne sprawozdanie z działalności Instytutu Chemii Bioorganicznej Polskiej Akademii Nauk. Rok 2022 postawił nas w obliczu nowych nieoczekiwanych wyzwań. Inwazja Rosji na Ukrainę, która przerodziła się w długotrwałą wojnę, odcisnęła swoje piętno również na naszym życiu, burząc stabilizację mocno już nadwyrężoną dwoma latami pandemii. Wspierając sąsiadów w walce z agresorem, staraliśmy się funkcjonować możliwie normalnie. Stawiając czoła kolejnym podwyżkom, zakończyliśmy remont pomieszczeń przeznaczonych do niedawna na pokoje gościnne. W ich miejsce powstały nowe przestronne laboratoria. Nie bez problemów kontynuowaliśmy prace związane z rewitalizacją willi przy ul. Wieniawskiego 21/23. Przyjęliśmy od władz PAN pałac rodziny Chłapowskich w Turwi, do niedawna siedzibę Stacji Badawczej Instytutu Środowiska Rolniczego i Leśnego PAN. Planujemy przywrócić temu zabytkowemu obiektowi dawny blask i wypełnić go nowymi aktywnościami, dobrze wpisującymi się w ideę pracy organicznej, której twórcą i popularyzatorem był Generał Dezydery Chłapowski.

Miniony rok przyniósł także długo oczekiwane wyniki kategoryzacji naukowej. Wyniki ewaluacji okazały się dla naszej jednostki wyjątkowo pomyślne. W dwóch wiodących dyscyplinach – naukach biologicznych i naukach chemicznych – uzyskaliśmy kategorię A+, natomiast w informatyce technicznej i telekomunikacji, w której byliśmy ewaluowani po raz pierwszy, kategorię A. Nie byłoby to możliwe bez Państwa pracy i zaangażowania. Sukces, który udało nam się wspólnie osiągnąć, cieszy, ale i zobowiązuje nas do tego, by utrzymać wysoką pozycję także w kolejnych latach. Wierzymy, że pomoże w tym realizacja strategicznych projektów, w ramach których powstają:

- platforma do wysokoprzepustowych badań przesiewowych (HTS, projekty EU-OPENSREEN i POL-OPENSREEN);
- krajowa platforma bioobrazowania (projekt NEBI);
- Genomiczna Mapa Polski (GMP, projekt ECBiG);
- platforma MOSAIC wykorzystująca sztuczną inteligencję do integracji i analizy danych multiomicznych i klinicznych (projekt ECBiG II);
- uniwersalna platforma szybkiego reagowania do projektowania i wytwarzania terapeutyków bazujących na technologii RNA (projekt ABM).

Mimo coraz większej konkurencji, udało się pozyskać nowe projekty zarówno z NCN, jak i NCBR. Warto dodać, że wskaźniki sukcesu pracowników Instytutu w większości konkursów były znacznie wyższe od przeciętnych. Na przykład z ostatniego raportu NCN wynika, że wynosił on 43% i zaliczał się do trzech najlepszych w kraju. Efektem realizacji projektów są przede wszystkim publikacje naukowe. W roku 2022 opublikowano ich blisko 200, w tym w takich czasopismach jak *Nature Communications*, *Nucleic Acid Research*, *Molecular Therapy-Nucleic Acids* czy *Advanced Science*.

Afiliowane przy Instytucie Poznańskie Centrum Superkomputerowo-Sieciowe (PCSS) dołączyło do IBM Quantum Network, przyjmując rolę pierwszego w Europie Środkowo-Wschodniej węzła

obliczeń kwantowych. PCSS uruchomiło także wspomagającą rolnictwo krajową platformę internetową eDWIN (<https://www.edwin.gov.pl/>) oraz przekazało przedstawicielom Centralnego Biura Zwalczenia Cyberprzestępczości (jednostka podległa Komendantowi Głównemu Policji) dostęp do testowego użytkowania instalacji systemu MALWINA.

Jak co roku w Instytucie nastąpiły pewne zmiany organizacyjne. Rozwiązano jeden zakład senioralny, jeden zespół i dwie pracownie. Powołano jeden zakład młodego lidera, jeden zespół i trzy pracownie specjalistyczne. Trzy postępowania habilitacyjne zostały pomyślnie zakończone nadaniem w 2022 r. stopnia doktora habilitowanego. Prace doktorskie obroniło 14 doktorantów. Jesienią w Instytucie odbyły się dwie międzynarodowe konferencje naukowe pt. *RNA regulation in Brain Function and Disease* oraz *RNA goes viral*. Gościliśmy również znakomite osobistości świata nauki, prezentujące swoje osiągnięcia w ramach cyklu seminariów na zaproszenie. Wśród zaproszonych gości znaleźli się m.in. prof. Nikolaus Rajewsky z Max Delbrück Center w Berlinie, prof. Gaël Cristofari z Instytutu Badań nad Rakiem i Starzeniem w Nicei oraz dr Liran Shlush z Instytutu Weizmanna w Tel Awiwie.

Spśród nagród i wyróżnień zdobytych przez Instytut w roku 2022 warto wspomnieć o:

- Nagrodzie Prezesa Rady Ministrów w kategorii osiągnięcie w zakresie działalności naukowej, w tym twórczości artystycznej lub działalności wdrożeniowej – za badania struktury makromolekuł ważnych dla biologii i medycyny oraz rozwój metodyki krystalograficznej (nauki chemiczne) dla prof. dr. hab. Mariusza Jaskólskiego;
- dwóch nagrodach DIAMENTY 2022 przyznanych przez Komitet Krystalografii Polskiej Akademii Nauk zespołowi krystalografów pod kierunkiem prof. dr. hab. Mariusza Jaskólskiego: (1) w kategorii Krystalografia biologiczna i medyczna za publikację pt. *Crystal structures of the elusive Rhizobium etli l-asparaginase reveal a peculiar active site* w *Nature Communications* (2021) autorstwa dr Barbary Imiołczyk, dr Joanny Śliwiak, dr Magdaleny Bejger, dr. hab. Mirosława Gilskiego, prof. dr. hab. Mariusza Jaskólskiego et al.; (2) w kategorii Teoria, metodyka i dydaktyka krystalografii za publikację *Arithmetic proof of the multiplicity-weighted Euler characteristic for symmetrically arranged space-filling polyhedral* oraz *A topological proof of the modified Euler characteristic based on the orbifold concept* w *Acta Crystallographica Section A* (2021) autorstwa prof. dr. hab. Mariusza Jaskólskiego et al.;
- Nagrodzie Wydziału II Nauk Biologicznych i Rolniczych PAN za wybitne osiągnięcie badawcze pt. *Poznanie mechanizmu dystrybucji cytokinin w procesie biologicznego wiązania azotu u roślin bobowatych* dla zespołu w składzie: prof. dr hab. Michał Jasiński, dr Karolina Jarzyński, dr Joanna Banasiak, mgr Tomasz Jamruszka i dr Aleksandra Paweła;
- wyróżnieniu w konkursie o Nagrodę im. Prof. Kazimierza Bassalika dla tego samego zespołu za pracę pt. *Early stages of legume-rhizobia symbiosis are controlled by ABCG-mediated transport of active cytokinins*, w czasopiśmie *Nature Plants* (2021);
- wyróżnieniu w konkursie Oddziału PAN w Poznaniu na najlepszą pracę badawczą opublikowaną w 2021 roku, której wiodącym autorem jest doktorant, dla mgr Pauliny Nawrockiej-Muszyńskiej;
- trzech zagranicznych nagrodach dla systemu robotycznego AGAMEDE (złota statuetka w kategorii MUSE Design w konkursie MUSE Creative and Design Awards 2022; tytuł „Honorable Mention” w kategorii „Other Interior Designs” konkursu The International Design Awards (IDA) w USA; trzecia nagroda w kategorii „Wnętrza – miejsce pracy (zbudowane)”).

W roku 2022 ICHB PAN dysponował środkami finansowymi w łącznej wysokości 385 mln zł. Środki pozyskane przez ICHB PAN z subwencji i dotacji rządowych stanowiły 25,6 mln zł. Główne składniki tej kwoty to subwencja na utrzymanie potencjału badawczego w wysokości 24,48 mln zł (wzrost o 0,4 mln zł w stosunku do 2021 r.). Dodatek stanowiła dotacja na utrzymanie specjalnego urządzenia badawczego (SPUB) – 0,8 mln zł. Kwota pozyskana z grantów NCN wyniosła 24,23 mln

zł. Znacząco wzrosła kwota finansowania z projektów strukturalnych: 42,65 mln zł, to o ponad 8,91 mln więcej niż rok wcześniej. Łącznie finansowanie z projektów wynosiło 73,75 mln zł. Dodatkowo afiliowane przy ICHB PAN Poznańskie Centrum Superkomputerowo-Sieciowe pozyskało na swoją działalność z różnego typu grantów (głównie unijnych) ponad 285 mln zł.

Przedstawione wyżej dane pozwalają nam optymistycznie patrzeć w przyszłość. Wierzymy, że wbrew wszelkim przeciwnościom losu, będziemy w stanie realizować ambitne cele, jakie przed sobą zawsze stawiamy.

Z-ca Dyrektora  
ICHB PAN  
ds. Naukowych



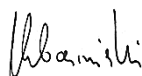
dr hab.  
Luiza Handschuh

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. Ogólnoadministracyjnych



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. LUIZA HANDSCHUH, 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 2022 r.**

1. Powołano Zakład Chorób Rzadkich (dr hab. Marzena Wojciechowska, prof. ICHB PAN, 01.01.2022 r.).
2. Powołano Pracownię Analiz Pojedynczych Komórek (dr hab. Paulina Jackowiak, prof. ICHB PAN, 01.01.2022 r.).
3. Powołano Pracownię Chemii Medycznej (dr Dorota Jakubczyk, 01.08.2022 r.).
4. Powołano Pracownię Testów i Obrazowania Molekularnego (dr Dorota Kwiatek, 01.08.2022 r.).
5. Powołano Zespół Automatyki i Robotyki Laboratoryjnej (dr Radosław Pilarski, 01.08.2022 r.).
6. Rozwiązano Pracownię Analiz Wysokoprzepustowych (dr Radosław Pilarski, 31.07.2022 r.).
7. Rozwiązano Pracownię Testów Molekularnych (dr Magdalena Otrocka, 31.07.2022 r.).
8. Rozwiązano Zakład Biochemii RNA (prof. dr hab. Jerzy Ciesiołka, 31.12.2022 r.).
9. Rozwiązano Zespół Biologii Integratywnej (dr hab. Rafał Ciosk, prof. ICHB PAN, 14.11.2022 r.).

W wyniku przeprowadzonych zmian na koniec 2022 r. w Instytucie działały 32 zakłady (9 ZW, 3 ZS i 20 ZML), 13 pracowni specjalistycznych oraz 2 zespoły merytoryczne.

W skład Instytutu Chemii Bioorganicznej PAN w 2022 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 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 Eukariontów (dr hab. Miłosz Ruszkowski, prof. ICHB PAN),
- 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 Chorób Rzadkich (dr hab. Marzena Wojciechowska, 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, prof. ICHB PAN),
- 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 Automatyki i Robotyki Laboratoryjnej (dr Radosław Pilarski),
- Zespół Biogospodarki i Zrównoważonego Rozwoju (dr Ewa Woźniak-Gientka).

## **3. Pion Pracowni Specjalistycznych (zgrupowane w cztery centra)**

### *Centrum Biologii Strukturalnej*

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

### *Centrum Multiomiczne*

- Pracownia Analiz Pojedynczych Komórek (dr hab. Paulina Jackowiak, prof. ICHB PAN),
- Pracownia Bioinformatyki (dr hab. Anna Philips),
- Pracownia Genomiki (dr hab. Luiza Handschuh, prof. ICHB PAN),
- Pracownia Diagnostyki Molekularnej WGW ICHB PAN (dr Elżbieta Lenartowicz Onyekaa),
- Pracownia Spektrometrii Mas (dr Łukasz Marczak).

### *Centrum Wysokoprzepustowych Badań Przesiewowych*

- Pracownia Chemii Medycznej (dr Dorota Jakubczyk),
- Pracownia Testów i Obrazowania Molekularnego (dr Dorota Kwiatek).

### *Centrum Układów Modelowych*

- Pracownia Hodowli Komórkowych i Tkankowych (dr Paweł Stróżycki),
- Pracownia Modelowych Organizmów Ssaczych (dr Łukasz Przybył),
- Pracownia Modelowych Organizmów Zwierzęcych (dr Agata Tyczevska).

## **4. Studium Doktoranckie (dr hab. Mariola Dutkiewicz, prof. ICHB PAN).**

## **5. Poznańska Szkoła Doktorska Instytutów Polskiej Akademii Nauk (dr hab. Mariola Dutkiewicz, prof. ICHB PAN).**

## **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.

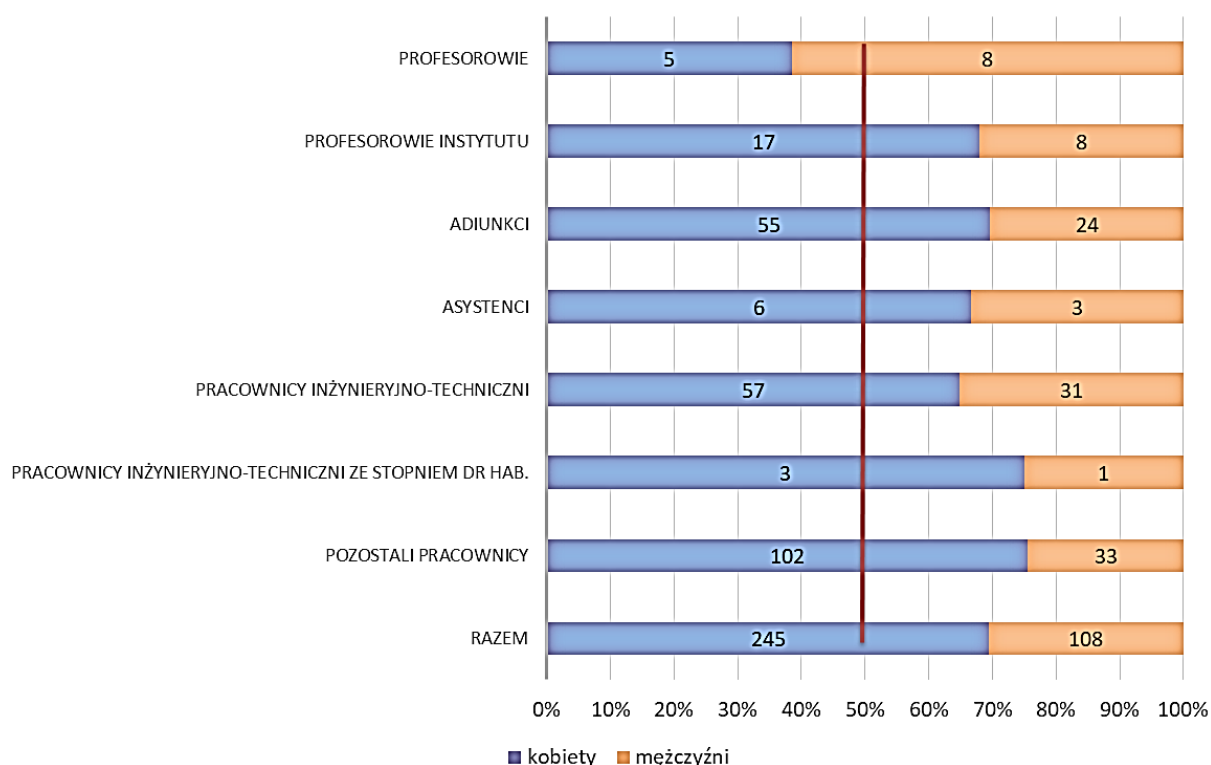
## Zatrudnienie

Zgodnie ze stanem z dnia 31.12.2022 roku, w ICHB PAN pracowało 879 osób, w tym 379 kobiet. Liczba ta obejmuje: 353 pracowników i 66 doktorantów Instytutu (w sumie 419 osób) oraz 460 pracowników afiliowanego przy Instytucie Poznańskiego Centrum Superkomputerowo-Sieciowego (PCSS).

Wśród zatrudnionych w Instytucie było:

- 13 profesorów,
- 25 profesorów Instytutu,
- 79 adiunktów (w tym 7 ze stopniem doktora habilitowanego),
- 9 asystentów (w tym 3 ze stopniem doktora),
- 227 pozostałych (w tym 92 pracowników inżynieryjno-technicznych i technicznych w Zakładach i Pracowniach, 4 z nich ze stopniem doktora habilitowanego).

Zatrudnienie średnioroczne (nieuwzględniające doktorantów studium doktoranckiego i szkoły doktorskiej): Instytut – 313 etatów, PCSS – 372,93 etatu.



Ryc. 1. Zatrudnienie w Instytucie Chemii Bioorganicznej Polskiej Akademii Nauk według stanowisk i płci (stan na 31.12.2022 r.)

## 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 2022 r. pracownicy ICHB PAN opublikowali łącznie 196 prac naukowych, w tym:

- artykuły, rozprawy w czasopismach naukowych – 159 (w tym 147 w czasopismach recenzowanych, wyróżnionych przez *Journal Citation Reports*);
- materiały z konferencji zamieszczone w wykazie czasopism – 20;
- książki i rozdziały – 14;
- redakcja monografii lub podręcznika – 1;
- artykuły popularnonaukowe – 2.

## Działalność naukowa

---

W roku sprawozdawczym w Instytucie realizowano:

- 35 zadań statutowych,
- 129 projektów finansowanych, w tym w ramach:
  - a) Narodowego Centrum Nauki (NCN) – 99,
  - b) Narodowego Centrum Badań i Rozwoju (NCBR) – 2 (Program Lider oraz TANGO),
  - c) Narodowej Agencji Wymiany Akademickiej (NAWA) – 1 (Program Polskie Powroty),
  - d) Ministerstwa Edukacji i Nauki (MEiN) – 3 (POL-OPENSSCREEN, Diamentowy Grant oraz Doskonała Nauka),
  - e) Programu Operacyjnego Inteligentny Rozwój (POIR) – 7 (3 za pośrednictwem NCBR, 1 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 – 12 (6 w ramach programu Komisji Europejskiej Horyzont 2020, 2 w ramach programu E-Rare, 1 w ramach EuroHPC Joint Undertaking, 2 za pośrednictwem European Molecular Biology Organisation (EMBO), 1 za pośrednictwem National Ataxia Foundation).

Szczegółowy wykaz projektów znajduje się na s. 132.

Z kolei w Poznańskim Centrum Superkomputerowo-Sieciowym realizowano 88 projektów, finansowanych w ramach:

- a) Narodowego Centrum Badań i Rozwoju (NCBR) – 15,
- b) Ministerstwa Edukacji i Nauki (MEiN) – 5,
- c) Centrum Projektów Polska Cyfrowa – 2,
- d) inicjatyw międzynarodowych – 54,
- e) Programu Operacyjnego Inteligentny Rozwój (POIR) – 10, za pośrednictwem Ośrodka Przetwarzania Informacji (OPI),
- f) Wielkopolskiego Regionalnego Programu Operacyjnego (WRPO 2014+) – 2, za pośrednictwem Urzędu Marszałkowskiego Województwa Wielkopolskiego.

Szczegółowy wykaz projektów PCSS znajduje się na s. 154.

Pięć projektów było realizowanych wspólnie przez Instytut i PCSS.

### Genomiczna Mapa Polski



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;
- 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.

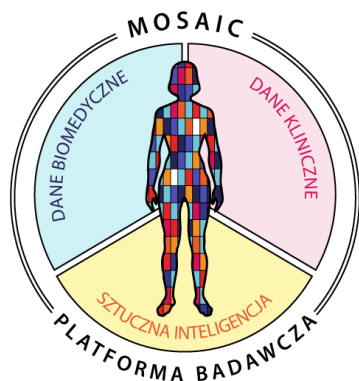
W roku 2022 zakończono prace związane z (i) tworzeniem Genomu Referencyjnego, (ii) zbieraniem próbek od przedstawicieli mniejszości etnicznych oraz (iii) sekwencjonowaniem 5 tys. próbek w ramach Mapy Zmienności Genetycznej (3 tys.), Fen-Genu (1 tys.) oraz Et-Genu (1 tys.). Et-Gen składa się z podzbiorów opisujących pod względem genetycznym następujące mniejszości: Ślązacy, Kaszubi, Górale, Łemkowie i Bąbrzy poznańscy. Najliczniejszy zbiór danych pochodzi od Górali, reprezentowanych przez Górali podhalańskich, pienińskich, orawskich, spiskich i ochotnickich.

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.

## 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.

Platforma 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 ECBiG-MOSAIC 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 Kardjologii Stefana kardynała Wyszyńskiego Państwowy Instytut Badawczy. Kierownikiem projektu jest prof. Marek Figlerowicz. Planowany termin zakończenia realizacji projektu to grudzień 2023 r.

### **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 Krajowe Centrum Zaawansowanych Analiz Obrazowania w Naukach Biologicznych i Biomedycznych. Infrastruktura ta obejmuje zaawansowane zasoby informatyczne i obliczeniowe do gromadzenia i przetwarzania danych oraz zintegrowaną platformę do wielowymiarowego obrazowania procesów biologicznych warunkujących zarówno prawidłowe funkcjonowanie organizmu. Dotychczas utworzono komponenty platformy 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:

- ponadregionalna infrastruktura badawcza złożona z trzech rozproszonych Laboratoriów w Mikołajkach i Poznaniu połączonych budowaną w ramach projektu magistralą światłowodową;
- fizyczne i wirtualne kanały komunikacji wraz z architekturą integrującą rozproszone infrastruktury teleinformatyczne nowej Stacji Badawczej Instytutu Nenckiego w Mikołajkach z krajową siecią naukową PIONIER i infrastrukturą PCSS;
- zwirtualizowana infrastruktura obliczeniowa i przechowywania danych Instytutu Nenckiego i PCSS, zoptymalizowana pod kątem zaawansowanej wizualizacji obrazów wysokiej rozdzielczości;
- dedykowana platforma umożliwiająca integrację rozwiązań usługowych, narzędziowych, repozytoryjnych i aplikacyjnych udostępniająca stanowiska pracy;
- 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 zagranicy. 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.

### **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 aktywnych substancji na

drodze wysokoprzepustowej analizy setek tysięcy związków chemicznych (tzw. bibliotek). W momencie przystąpienia Polski jako członka-założyciela do sieci EU-OPENSSCREEN 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 przedstawicielom w EU-OPENSSCREEN celową dotację finansową (lata 2018–2023) na rozbudowę i uruchomienie infrastruktury badawczej.

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.

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 małowymiarowych dostępnych w ramach projektu EU-OPENSSCREEN 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 formie 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).

### **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.

Pod koniec 2021 roku rozpoczęto realizację projektu przyznanego w ramach konkursu Agencji Badań Medycznych na rozwój innowacyjnych rozwiązań terapeutycznych z wykorzystaniem technologii RNA (ABM/2021/5). ICHB PAN realizuje 6-letni projekt pt. „Stworzenie uniwersalnej platformy szybkiego reagowania, bazującej na technologii RNA, zapewniającej bezpieczeństwo lekowe i epidemiologiczne kraju” w konsorcjum z Warszawskimi Zakładami Farmaceutycznymi Polfa S.A. (lider projektu). Wykorzystywane jest w ten sposób wieloletnie doświadczenie Instytutu w badaniach RNA oraz możliwości produkcyjne największej w Polsce firmy farmaceutycznej. 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.

### IBM Quantum Hub

W ramach inicjatywy polskiego węzła obliczeń kwantowych w lutym 2022 r. uruchomiony został w PCSS dostęp do sieci komputerów kwantowych IBM Quantum. Sieć IBM Quantum Network ma na celu optymalne wykorzystanie potencjału komputerów kwantowych i wykorzystanie ich do rozwiązania realnych problemów. Organizacje zrzeszone w ramach tej sieci mają dostęp do najbardziej zaawansowanych i nowocześniejszych systemów kwantowych w zasobach chmury firmy IBM. Ekosystem ten jest systematycznie rozwijany przez IBM od wielu lat, a ubiegłoroczna premiera 127-kubitowego komputera IBM Eagle jest kolejnym etapem w drodze do stworzenia ponad 1000-kubitowego systemu. Firma IBM w listopadzie 2022 zaprezentowała komputer kwantowy z procesorem klasy Osprey z 433 kubitami, co jest krokiem milowym do uruchomienia systemu kwantowego Condor już z 1121 kubitami. Sieć IBM Quantum Network Hub to wysokiej klasy społeczność globalna, skupiająca firmy z listy Fortune 500, start-upy, instytucje akademickie i laboratoria badawcze, które pracują nad rozwojem obliczeń kwantowych i badają ich praktyczne zastosowania. Członkowie sieci i zespoły IBM Quantum wspólnie badają i analizują, w jaki sposób obliczenia kwantowe mogą pomóc i zmienić nowoczesne IT

w wielu branżach i dyscyplinach, m.in. w finansach, energetyce, chemii, materiałoznawstwie, optymalizacji i uczeniu maszynowym. Do sieci IBM Quantum Network w roku 2022 w ramach polskiego węzła obliczeń kwantowych dołączył Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu. Firma IBM zaakceptowała również w roku 2022 wnioski dwóch innych krajowych jednostek badawczo-rozwojowych o włączenie do sieci IBM Quantum Network Hub.

Z końcem roku 2022 zrealizowano pierwszy etap funkcjonowania Polskiego Węzła Obliczeń Kwantowych, który podsumowany został dodatkowym raportem. Raport jest wynikiem współpracy wielu zespołów naukowo-badawczych oraz wskazuje, na bazie zebranych doświadczeń, potencjalne obszary zastosowań obliczeń kwantowych ([quantum.psnc.pl](http://quantum.psnc.pl)).



## System zintegrowanych usług zarządzania kompleksowymi danymi i informacjami morskimi – ILIAD

Celem projektu ILIAD jest stworzenie i zademonstrowanie interoperacyjnego, wydajnego pod względem kosztów i przetwarzanych danych cyfrowego bliźniaka oceanu. W ramach prac projektowych opracowywany jest wirtualny model morza, który połączy obserwacje Ziemi, modelowanie i infrastrukturę cyfrową, aby zapewnić wiarygodne prognozy przyszłego rozwoju sytuacji na morzu.

ILIAD wykorzystuje synergię danych dostarczanych przez wiele różnych źródeł obserwacji Ziemi i zaawansowanej infrastruktury obliczeniowej (przetwarzanie w chmurze, HPC, Internet of Things, Big Data, sieci społecznościowe i inne), aby w holistyczny sposób adresować i sprostać wszystkim wyzwaniom związanym z danymi o Ziemi w kontekście mórz i oceanów. ILIAD będzie realizował podejście System of Systems, integrując możliwie wszystkie istniejące unijne cyfrowe infrastruktury i urządzenia do obserwacji i modelowania Ziemi oraz stworzy platformę promocji i udostępniania aplikacji i usług związanych z naukami o Ziemi.

Kluczowym jest, że Cyfrowy bliźniak integruje ogromne ilości danych (rzędu zettabajtów) z wykorzystaniem technologii semantycznych i agnostycznym podejściem do samych danych, aby umożliwić jednoczesną komunikację z rzeczywistymi systemami i modelami. PCSS w szczególności odpowiada za zapewnienie semantycznych mechanizmów interoperacyjności, które umożliwią różnym systemom w obszarze badań oceanicznych dostarczanie i wymianę danych o ściśle określonym znaczeniu. Zostanie to osiągnięte poprzez stworzenie modelu informacji o oceanach (OIM) i przyjęcie podejścia opartego na połączonych semantycznie danych.



Photo: Shaun Dakin, unsplash.com

ILIAD wniesie wkład w implementację programu „Green Deal” oraz strategii cyfrowej Unii Europejskiej, a także w osiągnięcie wyznaczonych celów Dekady Oceanografii dla Zrównoważonego Rozwoju Organizacji Narodów Zjednoczonych. Wartość cyfrowego bliźniaka dla danych oceanicznych zostanie zademonstrowana w formie pilotaży z różnych obszarów zastosowań, w tym w energetyce wiatrowej, monitorowaniu zanieczyszczeń morskich, odnawialnej energii oceanu, metadanych oceanicznych, rybołówstwie, monitorowaniu i ocenie różnorodności biologicznej, transporcie morskim i bezpieczeństwie nabrzeży oraz ubezpieczeniach. W obszarze energii, celem pilotażu związanego z energetyką wiatrową będzie stworzenie kompleksowej informacji o potencjale rozwoju tańszej, bardziej efektywnej i zrównoważonej energii wiatrowej. Przykładowo w ramach pilotażu dotyczącego energii odnawialnej oceanu, połączone zostaną modele prądów, fal oraz nasłonecznienia z danymi meteorologicznymi z mórz. Kolejny pilotaż związany ze zmianami klimatu ma na celu zrozumienie i przewidywanie zachowania oceanu i zmian klimatycznych. W ramach tego pilotażu zostanie zapewniony dostęp do danych klimatycznych i obserwacyjnych w celu zwiększenia przestrzennej i czasowej rozdzielczości operacyjnych modeli fal przybrzeżnych i pływów.

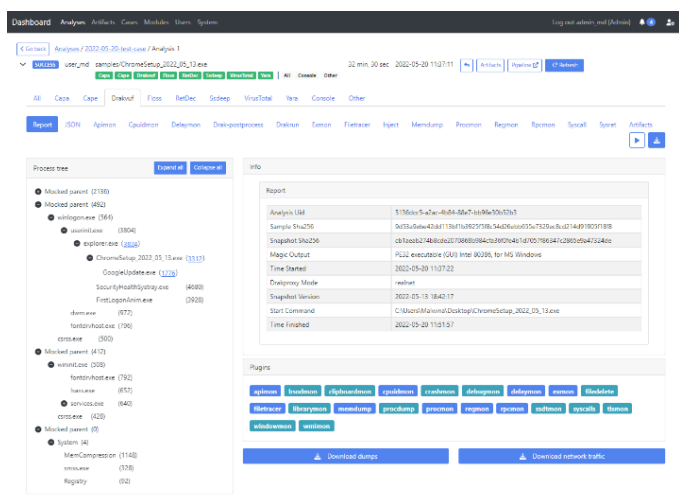


## MALWINA (MALware IN A box) – Opracowanie narzędzi pozwalających na analizę wyrafinowanych technicznie przestępstw popełnianych z użyciem szkodliwego oprogramowania

MALWINA jest projektem badawczo-rozwojowym, realizowanym od lipca 2019 r. do stycznia 2023 r. w ramach konkursu nr 9/2018 w programie „Bezpieczeństwo i obronność Państwa”. Konsorcjum projektowe składa się z Instytutu Chemii Bioorganicznej PAN – Poznańskiego Centrum Superkomputerowo-Sieciowego (lider) oraz poznańskiej firmy ITTI Sp. z o.o. Gestorem głównym projektu jest Komenda Główna Policji, zaś jako Gestorów pomocniczych zdefiniowano: Siły Zbrojne, ABW oraz Straż Graniczną.



Celem projektu było utworzenie systemu na poziomie gotowości technologicznej TRL9, zdolnego do złożonej, wieloaspektowej i wydajnej analizy dużych zbiorów danych nt. funkcjonowania systemów (w szczególności Microsoft Windows) oraz sieci IT w celu detekcji symptomów mogących świadczyć o infekcji złośliwym oprogramowaniem lub trwającym cyberataku, oraz zdolnego do analizy różnego rodzaju artefaktów w systemie dzięki wykorzystaniu mechanizmu „piaskownicy” (ang. *sandbox*). Wykorzystano przy tym metodologie uczenia maszynowego i heurystyczne z zastosowaniem autorskich mechanizmów parametryzacji i optymalizacji.



System MALWINA integruje szereg dostępnych narzędzi (w tym dostępnych usług *online* wykorzystywanych przez analityków zwalczających zjawisko cyberprzestępczości), będąc zdolnym do tworzenia przepływów pracy, w których wynik działania jednego narzędzia stanowi dane wejściowe do innych. W ramach projektu powstały autorskie rozszerzenia do wybranych narzędzi, a także mechanizmy analityczne, wykorzystujące uczenie maszynowe i zdolne do ekstrakcji wiedzy z przechowywanych próbek oraz wykorzystania tej wiedzy w dalszych analizach.

Możliwe jest m.in. stwierdzenie, czy takie samo albo podobne złośliwe oprogramowanie zostało już wykorzystane w innym, analizowanym wcześniej przez system przypadku. MALWINA implementuje niezbędne mechanizmy dostępne do danych, odzwierciedlające specyfikę zarządzania sprawami przez Gestora, a także funkcje umożliwiające dzielenie się wiedzą przez różnych analityków – przy zachowaniu obowiązujących w organizacji reguł dostępu do spraw. System tworzono w ciągłej konsultacji z przedstawicielami Gestora i na bieżąco prezentowano nowe funkcje. W ramach projektu powstała instalacja sprzętowo-programowa, gotowa do przekazania Gestorowi.

System MALWINA niesie za sobą duży potencjał rozwojowy – szczegóły tego procesu zależą od rezultatu planowanych negocjacji z Gestorem w zakresie licencji zwrotnej, umożliwiającej bezpośrednie działanie na przekazanych wynikach projektu. W szczególności planowane jest uruchomienie rozbudowanej wersji usługi w formule „As a Service” dla Gestora, a także – w odpowiednio dostosowanej postaci – dla użytkowników instytucjonalnych i korporacyjnych (a konkretnie ich zespołów SOC, CERT czy CSIRT). Zespół projektowy planuje również poszukiwanie możliwości radykalnego rozszerzenia funkcjonalności projektu, np. z uwzględnieniem mobilnych systemów operacyjnych (przede wszystkim Google Android) oraz poszukiwania, w porozumieniu z Gestorem, środków projektowych na ten cel.

## **Dotacje, finansowanie projektów badawczych, inwestycyjnych i innych**

---

Subwencja MEiN – utrzymanie potencjału badawczego: 24 479 215,38 zł, w tym:

Subwencja podstawowa: 24 202 100 zł

Subwencja na finansowanie Poznańskiej Szkoły Doktorskiej: 277 115,38 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: 300 000 zł

Stypendia MEiN dla Wybitnych Młodych Naukowców : 129 360 zł

Projekty: 73 751 626,72 zł, w tym:

Projekty MEiN: 163 710 zł

Projekty NCN: 24 228 704,47 zł

Projekty NCBR: 178 014,21 zł

Projekty NAWA: 377 404 zł

Program MEiN Premia na Horyzoncie 2: 69 017,36 zł

Program ABM: 2 383 053,78 zł

Projekty strukturalne: 42 654 885,75 zł, w tym:

– Program Operacyjny Inteligentny Rozwój (projekty badawcze): 2 536 752,82zł

– Program Operacyjny Inteligentny Rozwój (projekty infrastrukturalne): 39 863 822,99 zł

– Program Operacyjny Wiedza Edukacja Rozwój: 254 309,94 zł

Projekty z Wielkopolskiego Regionalnego Programu Operacyjnego 2014+: 168 779,95 zł

Projekty z Funduszy Norweskiego Mechanizmu Finansowego: 344 000 zł

Projekty Horyzont 2020: 392 276,88 zł

Projekty Horizon Europe: 2 547 633,80 zł

Projekty zagraniczne inne: 221 835 zł

Pozostałe: 22 311,52 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 2022 wyniosły 285 540 804,88 zł (w tym na dotacje na inwestycje i projekty inwestycyjne 178 925 755,61 zł). PCSS posiada wyodrębnione rachunki bankowe, na których księgowane są wszystkie wpływy i wydatki związane z jego działalnością.

Szczegółowe sprawozdanie PCSS za 2022 r. stanowi osobny dokument pt. Raport 2022. Cyfrowa nauka, gospodarka i społeczeństwo.

## **Rozwój kadry naukowej**

---

Stopień naukowy doktora habilitowanego uzyskali:

### **Luiza Handschuh**

Tytuł ocenianego osiągnięcia: Charakterystyka molekularna ostrej białaczki szpikowej z wykorzystaniem badań transkryptomicznych

Nadany przez: Instytut Chemii Bioorganicznej PAN

Dyscyplina: nauki biologiczne

Data nadania: 14.04.2022 r.

**Anna Philips**

Tytuł ocenianego osiągnięcia: Opracowanie metod i narzędzi analizy ilościowej i jakościowej kolistych RNA oraz ich wykorzystanie w różnych układach biologicznych

Nadany przez: Instytut Chemii Bioorganicznej PAN

Dyscyplina: nauki biologiczne

Data nadania: 24.06.2022 r.

**Aneta Sawikowska**

Tytuł ocenianego osiągnięcia: Chemometria w metabolomice roślin

Nadany przez: Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu

Dyscyplina: rolnictwo i ogrodnictwo

Data nadania: 10.05.2022 r.

**Anna Wojakowska**

Tytuł ocenianego osiągnięcia: Identyfikacja metabolomicznych i proteomicznych składników molekularnych związanych z chorobą nowotworową technikami spektrometrii mas

Nadany przez: Instytut Chemii Bioorganicznej PAN

Dyscyplina: nauki biologiczne

Data nadania: 07.11.2022 r.

Stopień naukowy doktora uzyskali:

**Magdalena Dąbrowska - wyróżnienie**

Tytuł rozprawy: Optymalizacja technologii CRISPR-Cas9 w kontekście celowania w sekwencje powtarzające się

Promotor: dr hab. Marta Olejniczak, prof. ICHB PAN

Nadany przez: Instytut Chemii Bioorganicznej PAN

Dyscyplina: nauki biologiczne

Data obrony: 11.07.2022 r.

Data nadania: 07.09.2022 r.

**Aneta Dyczkowska**

Tytuł rozprawy: Characterizing the roles of ETS-4 transcription factor in fat metabolism

Promotor: dr hab. Rafał Ciosk, prof. ICHB PAN

Promotor pomocniczy: dr. Agnieszka Chabowska-Kita

Nadany przez: Instytut Chemii Bioorganicznej PAN

Dyscyplina: nauki biologiczne

Data obrony: 04.11.2022 r.

Data nadania: 07.11.2022 r.

**Małgorzata Grabowska - wyróżnienie**

Tytuł rozprawy: Wykorzystanie niekodujących RNA i nanotechnologii w regulacji ekspresji wybranych białek macierzy zewnątrzkomórkowej glejaka i raka piersi

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

Nadany przez: Instytut Chemii Bioorganicznej PAN

Dyscyplina: nauki biologiczne

Data obrony: 23.11.2022 r.

Data nadania: 07.12.2022 r.

**Julita Gumna - wyróżnienie**

Tytuł rozprawy: Identyfikacja i charakterystyka elementów strukturalnych genomowego RNA retrotranspozonu Ty1 oraz jego oddziaływań z białkiem Gag kluczowych dla dimeryzacji i pakowania genomu do cząstek wirusopodobnych

Promotor: dr hab. Katarzyna Pachulska-Wieczorek, prof. ICHB PAN

Nadany przez: Instytut Chemii Bioorganicznej PAN

Dyscyplina: nauki biologiczne

Data obrony: 15.02.2022 r.

Data nadania: 16.03.2022 r.

### **Tomasz Hoffmann**

Tytuł rozprawy: Rozwiązywanie równania Poissona w zwykłej i skierowanej arytmetyce przedziałowej/Solving the Poisson equation in proper and directed interval arithmetic

Promotor: prof. dr hab. Andrzej Marciniak

Nadany przez: Politechnika Poznańska

Dyscyplina: informatyka techniczna i telekomunikacja

Data obrony: 01.02.2022 r.

Data nadania: 28.02.2022 r.

### **Anna Kotowska-Zimmer – wyróżnienie**

Tytuł rozprawy: Opracowanie allelo-selektywnej strategii terapeutycznej dla chorób poliglutaminowych z wykorzystaniem wektorowych narzędzi technologii interferencji RNA

Promotor: dr. hab. Marta Olejniczak, prof. ICHB PAN

Nadany przez: Instytut Chemii Bioorganicznej PAN

Dyscyplina: nauki biologiczne

Data obrony: 28.11.2022 r.

Data nadania: 07.12.2022 r.

### **Marta Nolka-Szaszner – wyróżnienie**

Tytuł rozprawy: Analiza proteomiczna i metabolomiczna procesów indukcji pluripotencji w mioblastach oraz różnicowania indukowanych komórek macierzystych w kierunku komórek kardialnych

Promotor: prof. dr hab. Maciej Kurpisz, dr hab. Magdalena Łuczak, prof. ICHB PAN

Nadany przez: Instytut Chemii Bioorganicznej PAN

Dyscyplina: nauki biologiczne

Data obrony: 18.10.2022 r.

Data nadania: 07.12.2022 r.

### **Anna Stasińska**

Tytuł rozprawy: Cystamine-modified RNA oligonucleotides: synthesis and application in cross linking and conjugation via disulfide bond

Promotor: dr hab. Marcin K. Chmielewski, prof. ICHB PAN

Nadany przez: Instytut Chemii Bioorganicznej PAN

Dyscyplina: nauki chemiczne

Data obrony: 29.06.2022 r.

Data nadania: 07.09.2022 r.

### **Aleksander Strugała**

Tytuł rozprawy: Projektowanie i wytwarzanie cząstek wirusopodobnych jako nośników nanomateriałów

Promotor: prof. dr hab. Marek Figlerowicz

Promotor pomocniczy: dr hab. Anna Urbanowicz

Nadany przez: Instytut Chemii Bioorganicznej PAN

Dyscyplina: nauki biologiczne

Data obrony: 15.07.2022 r.

Data nadania: 07.09.2022 r.

### **Krzysztof Turza**

Tytuł rozprawy: Dystrybucja ultraprecyzyjnych sygnałów czasu i częstotliwości w sieci optycznej DWDM/Distribution of ultra-precise time and frequency signals in the optical DWDM network

Promotor: dr hab. inż. Przemysław Krehlik, prof. AGH im. Stanisława Staszica w Krakowie



Nadany przez: Akademia Górniczo-Hutnicza im. Stanisława Staszica w Krakowie

Dyscyplina: automatyka, elektronika i elektrotechnika

Data obrony: 29.04.2022 r.

Data nadania: 05.05.2022 r.

### **Joanna Watral – wyróżnienie**

Tytuł rozprawy: Proteomiczna, metabolomiczna i lipidomiczna analiza krwi w poszukiwaniu mechanizmów progresji miażdżycy w przewlekłej chorobie nerek

Promotor: dr hab. Magdalena Łuczak, prof. ICHB PAN

Nadany przez: Instytut Chemii Bioorganicznej PAN

Dyscyplina: nauki biologiczne

Data obrony: 02.02.2022 r.

Data nadania: 16.03.2022 r.

### **Małgorzata Zawadzka – wyróżnienie**

Tytuł rozprawy: Charakterystyka struktury genomowego RNA retrotranspozonu Ty1 w warunkach *in vitro* oraz na wybranych etapach replikacji w drożdżach

Promotor: dr hab. Katarzyna Pachulska-Wieczorek, prof. ICHB PAN

Nadany przez: Instytut Chemii Bioorganicznej PAN

Dyscyplina: nauki biologiczne

Data obrony: 09.12.2022 r.

Data nadania: 12.12.2022 r.

## **Kształcenie doktorantów**

---

Środowiskowe Studium Doktoranckie działające przy ICHB PAN w 2022 roku liczyło 43 słuchaczy. Spośród nich w ICHB PAN doktoraty przygotowywało 39 osób, z których 2 ma otwarty przewód doktorski.

Od 2019 roku w Instytucie działa Poznańska Szkoła Doktorska Instytutów Polskiej Akademii Nauk (PSD IPAN). 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 12 koordynatorów dyscyplin naukowych oraz ich zastępców. 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 2022 w wyniku otwartych konkursów o zasięgu międzynarodowym przyjęto 28 osób. Obecnie PSD IPAN liczy 67 doktorantów, przy czym zdecydowaną większość (73%) stanowią kobiety (49). Cudzoziemcy stanowią ok. 28% doktorantów (19 osób) z: Albanii (1), Indii (7), Kamerunu (1), Libanu (1), Nigerii (2), Pakistanu (2), Turcji (1), Ukrainy (2), Wielkiej Brytanii (1), Wietnamu (1). Najwięcej doktorantów kształci się w ICHB PAN – 37 osób (ok. 55% wszystkich doktorantów PSD IPAN)

## **Uczestnicy innych form kształcenia**

---

W 2022 roku 94 uczniów szkół średnich i 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 2022 r. dokonano dwóch zgłoszeń wynalazków (1 krajowe, 1 międzynarodowe).

Numer zgłoszenia krajowego: P.440687

Data zgłoszenia: 18.03.2022 r.

Tytuł: Związek niskocząsteczkowy do zastosowania w leczeniu ataksji rdzeniowo-mózdkowej typu 3.

Numer zgłoszenia międzynarodowego: EP22461629.2

Data zgłoszenia: 7.11.2022 r.

Tytuł: Żelazo zerowartościowe, zwłaszcza starzone do zastosowania jako środek przeciwwirusowy, sposób wytwarzania żelaza zerowartościowego oraz żelazo zerowartościowe wytworzone tym sposobem.

Zgłoszono i uzyskano prawo ochrony na znak towarowy słowno-graficzny *GENOMICZNA MAPA POLSKI* dla ICHB PAN i Politechniki Poznańskiej.

Numer: 354657

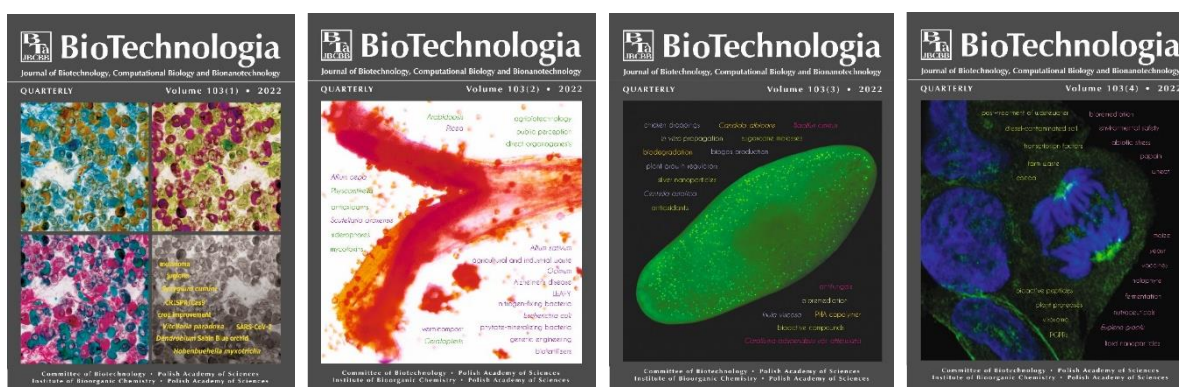
Data zgłoszenia: 11.01.2022 r.

Data uzyskania: 25.05.2022 r.

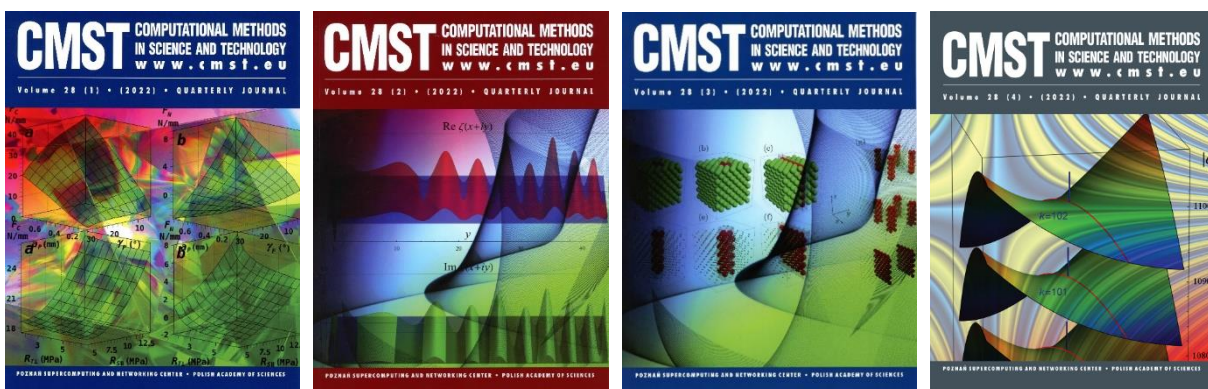
## Działalność wydawnicza

Działalnością wydawniczą zajmuje się Ośrodek Wydawnictw Naukowych Instytutu Chemii Bioorganicznej PAN (OWN). W 2022 r. wydawał 2 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 31 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 na zasadzie Open Access na platformie Termedii.



**Computational Methods in Science and Technology**, to czasopismo (kwartalnik) wydawane przez OWN i Poznańskie Centrum Superkomputerowo-Sieciowe. 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 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:

- Nagroda Prezesa Rady Ministrów w kategorii Osiągnięcie w zakresie działalności naukowej, w tym twórczości artystycznej lub działalności wdrożeniowej – za badania w zakresie krystalografii białek, a zwłaszcza za odkrycie i opis struktury proteazy i domeny integrazy wirusa HIV oraz przeciwbiałczkowej asparaginazy bakteryjnej; wyjaśnienie mechanizmu agregacji białka odpowiedzialnego za ameloidozę krwotoczną mózgu oraz określenie struktury DNA z rekordową rozdzielczością dla prof. dr. hab. Mariusza Jaskólskiego;
- Nagroda Wydziału II Nauk Biologicznych i Rolniczych PAN za wybitne osiągnięcie badawcze pt.: „Poznanie mechnizmu dystrybucji cytokinin w procesie biologicznego wiązania azotu u roślin bobowatych” dla zespołu: prof. dr. hab. Michał Jasiński, dr Joanna Banasiak, mgr. inż. Tomasz Jamruszka, dr Aleksandra Pawela *et al.*;
- Nagroda Oddziału Polskiej Akademii Nauk w Poznaniu w konkursie na najlepszą publikację badawczą opublikowaną w 2021 roku, której wiodącym autorem jest doktorant, w zakresie nauk medycznych dla dr Magdaleny Derbis;
- Wyróżnienie Oddziału Polskiej Akademii Nauk w Poznaniu w konkursie na najlepszą publikację badawczą opublikowaną w 2021 roku, której wiodącym autorem jest doktorant, w zakresie nauk medycznych dla mgr Pauliny Nawrockiej-Muszyńskiej;
- Nagroda Rektora Politechniki Poznańskiej za wybitne osiągnięcia naukowe w roku 2021 przyznane prof. dr. hab. Marcie Szachniuk;
- Nagroda Rektora Politechniki Poznańskiej za wybitne osiągnięcia organizacyjne w roku 2021 przyznane dr. hab. Maciejowi Antczakowi;
- Wyróżnienie w XVIII edycji Nagrody Miasta Poznania za wyróżniającą się pracę magisterską i doktorską w kategorii prac magisterskich za pracę „Charakterystyka transgenicznego modelu mysiego choroby Huntingtona z wykorzystaniem testów behawioralnych” dla mgr Doroty Wronki;
- Stypendium dla młodych badaczek i badaczy z poznańskiego środowiska naukowego, przyznawane przez Miasto Poznań, dla dr Dominiki Czerwonki;
- Stypendium START FNP przyznane przez Fundację na rzecz Nauki Polskiej dla mgr inż. Angeliki Andrzejewskiej-Romanowskiej;
- Nagroda im. Prof. Włodzimierza Krzyżosiaka przyznawana przez Komitet Biologii Molekularnej Komórki PAN za najlepszą w roku 2021 pracę doświadczalną w zakresie badań nad kwasami nukleinowymi wykonaną w polskim laboratorium: *Short antisense oligonucleotides alleviate the pleiotropic toxicity of RNA harboring expanded CGG repeats* opublikowany w czasopiśmie *Nature Communications* 2021 dla dr Magdaleny Derbis *et al.*;
- Wyróżnienie w konkursie im. Prof. Kazimierza Bessalika przyznane przez Komitet Biologii Molekularnej Komórki PAN za artykuł *Early stages of legume-rhizobia symbiosis are controlled by ABCG-mediated transport of active cytokinins* opublikowany w czasopiśmie *Nature Plants*

- 2021 dla zespołu w składzie: prof. dr hab. Michał Jasiński, dr Joanna Banasiak, mgr inż. Tomasz Jamruszka, dr Aleksandra Paweła *et al.*;
- Wyróżnienie (równorzędne) przyznane przez Radę Naukową Instytutu Biochemii i Biofizyki Polskiej Akademii Nauk za najlepszy artykuł opublikowany w roku 2021 w kategorii prac eksperymentalnych: *The SnRK2.10 kinase mitigates the adverse effects of salinity by protecting photosynthetic machinery* opublikowany w *Plant Physiology* 2021 dla dr hab. Agnieszki Żmieńko *et al.*;
  - Nagroda DIAMENTY 2022 przyznana przez Komitet Krystalografii Polskiej Akademii Nauk
    - w kategorii *Krystalografia biologiczna i medyczna* dla autorów pracy w *Nature Communications*, *Crystal structures of the elusive Rhizobium etli l-asparaginase reveal a peculiar active site*: dr Barbary Imiołczyk, dr Joanny Śliwiak, dr Magdaleny Bejger, dr. hab. Mirosława Gilskiego, prof. dr. hab. Mariusza Jaskólskiego *et al.*;
    - w kategorii *Teoria, metodyka i dydaktyka krystalografii* dla autorów prac w *Acta Crystallographica Section A*, *Arithmetic proof of the multiplicity-weighted Euler characteristic for symmetrically arranged space-filling polyhedral* oraz *A topological proof of the modified Euler characteristic based on the orbifold concept*: prof. dr. hab. Mariusza Jaskólskiego *et al.*;
  - Nominacja do GÉANT Community Award 2022 w ramach wyróżniającego się zaangażowania i wkładu pracy przyznana przez Stowarzyszenie GÉANT dla dr. inż. Ivany Golub;
  - Nominacja do Rady Doradztwa Strategicznego dla inicjatywy Destination Earth przyznana przez Dyрекcję Generalną ds. Sieci, Treści i Technologii Komisji Europejskiej (DG-CNECT) dla dr. hab. inż. Krzysztofa Kurowskiego;
  - Nagrody Dyrektora ICHB PAN:
    - za najlepszą w roku 2021 rozprawę doktorską dla dr Kaliny Wiatr (*Poszukiwanie nowych mechanizmów neurodegeneracji w czasie rozwoju ataksji rdzeniowo-mózdkowej typu 3 w mysim modelu knock-in SCA3 Ki9*);
    - za najlepszą pracę przeglądową w 2021 r.:
      - dla dr. Pawła Śledzińskiego, dr Magdaleny Dąbrowskiej, mgr. Mateusza Nowaczyka, dr hab. Marty Olejniczaka (*Paving the way towards precise and safe CRISPR genome editing*);
    - za najlepsze prace eksperymentalne w 2021 r.:
      - dla dr Barbary Imiołczyk, dr Joanny Śliwiak, dr Magdaleny Bejger, dr. hab. Mirosława Gilskiego, prof. dr. hab. Mariusza Jaskólskiego (*Crystal structures of the elusive Rhizobium etli l-asparaginase reveal a peculiar active site*);
      - dla dr Karoliny Jarzyniak, dr Joanny Banasiak, mgr. inż. Tomasza Jamruszki, dr Aleksandry Paweli, prof. dr. hab. Michała Jasińskiego (*Early stages of legume-rhizobia symbiosis are controlled by ABCG-mediated transport of active cytokinins*);
      - dla dr Pauliny Gałki-Marciniak, dr Martyny Urbanek-Trzeciak, mgr Pauliny Nawrockiej, prof. dr. hab. Piotra Kozłowskiego (*A pan-cancer atlas of somatic mutations in miRNA biogenesis genes*);
  - Nagroda Młodych Naukowców Akademii Grupy Wyszehradzkiej 2021 za osiągnięcia w dziedzinie wirusologii (Visegrad Group Academies Young Researcher Award 2021 for the achievements in the field of virology) dla dr. Pawła Zmory;
  - Nagroda za wybitne osiągnięcia w pracy naukowo-badawczej i dydaktycznej ICHB PAN oraz za zasługi dla rozwoju i promowania nauki polskiej w świecie przyznana przez Region Wielkopolski BGK dla prof. dr. hab. Marka Figlerowicza;
  - Wybór na przewodniczącego Poznańskiego Oddziału Polskiego Towarzystwa Biochemicznego w kadencji 2022–2025 dla dr. hab. Zbigniewa Warkockiego;
  - Wybór na członkinię Zarządu Poznańskiego Oddziału Polskiego Towarzystwa Biochemicznego w kadencji 2022–2025 dla dr. hab. Anny Kurzyńskiej-Kokorniak;

- Wyróżnienie Global Architecture & Design Awards 2022, III. nagroda w kategorii „Wnętrza – miejsce pracy (zbudowane)” za projekt AGAMEDE – Laboratorium badań przesiewowych o wysokiej wydajności przyznane Instytutowi Chemii Bioorganicznej PAN;
- Wyróżnienie złotą statuetką w konkursie MUSE Creative and Design Awards 2022, w kategorii MUSE Design za AGAMEDE – przełomową technologię łączącą wysokoprzepustową automatykę i sztuczną inteligencję, opracowaną we współpracy z partnerami: Mitsubishi Electric, Labomatica i Perlan Technologies dla Instytutu Chemii Bioorganicznej PAN;
- Wyróżnienie – *Czterolistna koniczynka* przyznawane przez Komitet Organizacyjny Polskiego Kongresu Genetyki za plakat w sekcji Genetyka Roślin (VI Polski Kongres Genetyki) dla mgr inż. Anastasii Satyr;
- Nagroda za najlepsze wystąpienie podczas konferencji 1<sup>st</sup> Polish Yeast Conference (Rzeszów), przyznana przez Komitet Naukowy Konferencji dla dr hab. Kamilli Grzywacz;
- Nagroda za najlepszy poster podczas konferencji 1st Polish Yeast Conference (Rzeszów), przyznana przez Komitet Naukowy Konferencji dla mgr. Piotra Pietrasa;
- Wyróżnienie do prezentacji ustnej na konferencji 8th European Synapse Meeting (Coimbra, Portugalia), przyznana przez Komitet Naukowy Konferencji dla mgr. Ayca Olcay;
- Wyróżnienie abstraktu na konferencji EHDN 2022 w Bolonii – ustna prezentacja wyników na sesji Short Communication przyznane przez European Huntington’s Disease Network dla mgr inż. Karoliny Świtońskiej-Kurkowskiej;
- Wyróżnienie abstraktu na konferencji 8th EUROBIOTECH Congress w Krakowie dla mgr. inż. Jakuba Kubisia.

## Organizacja seminariów i konferencji naukowych

---

### Instytutowe Seminaria Naukowe

Organizacja i prowadzenie: dr Paweł Zmora (program w załączeniu, s. 212).

### Poznański Salon RNA

Spotkania dyskusyjne poświęcone naukom o życiu, organizowane cyklicznie w ICHB PAN (18 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. 214).

### Neuro RNA pt. “RNA regulation in brain function and disease”

20-21.10.2022 r. konferencja międzynarodowa (online), organizatorzy: Instytut Chemii Bioorganicznej PAN, ok. 217 uczestników, 30 referatów (program z załączeniu, s. 216).

### 13. Tydzień Mózgu

14–18.03.2022 r. Poznań, organizatorzy: Polska Akademia Nauk – Oddział w Poznaniu, Instytut Chemii Bioorganicznej PAN, Instytut Genetyki Człowieka w Poznaniu, ok. 4 000 uczestników, 10 referatów (program w załączeniu, s. 219).

Konferencje naukowe zorganizowane przez Fundację ICHB PAN:

### RNA goes viral

20.–21.10.2022 r. konferencja międzynarodowa (online), organizatorzy: Instytut Chemii Bioorganicznej PAN, ok. 90 uczestników, 12 referatów (program w załączeniu, s. 220).

### Nauki społeczne wobec kryzysu pandemii COVID-19

27-28.10.2022 r. konferencja krajowa, organizatorzy: Fundacja ICHB PAN, ok. 200 uczestników, 13 referatów (program w załączeniu, s. 221).

## Najważniejsze osiągnięcia

---

### Odkrycie mechanizmów odpowiedzialnych za ochronę przed zimnem

Mechanizmy obronne uruchamiane w komórkach zwierzęcych pod wpływem stresu zimna są nadal stosunkowo słabo poznane. Badając proces imitujący hibernację u wolnożyjących nicieni *Caenorhabditis elegans* odkryto nową ścieżkę regulacyjną, w którą zaangażowane są czynniki transkrypcyjne DAF-16/FOXO i PQM-1. Zwiększają one tolerancję nicieni na chłód aktywując ekspresję genu kodującego ferrytynę – białko wiążące żelazo. Dowiedziono, że w trakcie hibernacji ferrytyna, wiążąc wolne dwuwartościowe jony żelaza, chroni komórki przed uszkodzeniami wywoływanymi przez reaktywne formy tlenu, powstające w wyniku akumulacji nadmiernej ilości niezwiązanego żelaza. Wykazano, że podobny mechanizm służy do ochrony przed zimnem również neuronów ssaczy, komórek szczególnie wrażliwych na hipotermię. Uzyskane wyniki wskazują, że obecność ferrytyny w czasie hibernacji wpływa na obniżenie stresu oksydacyjnego, co wytycza potencjalne strategie terapeutycznej hipotermii.

#### Publikacja:

T. Pekec, J. Lewandowski, A.A. Komur, D. Sobanska, Y. Guo, K. Switonska-Kurkowska, J.M. Malecki, A.A. Dubey, W. Pokrzywa, M. Frankowski, M. Figiel, R. Ciosk  
Ferritin-mediated iron detoxification promotes hypothermia survival in *Caenorhabditis elegans* and murine neurons  
*NATURE COMMUNICATIONS* 2022, 13, 4883

#### Współpraca:

University of Oslo, Norwegia  
Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu

#### Finansowanie:

projekt FNP TEAM nr TEAM/2016-2/11; POIR.04.04.00-00-203A/16-00  
(kierownik projektu: Rafał Ciosk)  
projekt EMBO INSTALLATION GRANT nr 3615 (kierownik projektu: Rafał Ciosk)  
projekt NCN MAESTRO nr 2019/34/A/NZ3/00223 (kierownik projektu: Rafał Ciosk)

### Terapeutyczne zastosowania RNA

Od kilku lat prowadzone są intensywne badania nad możliwością terapeutycznego wykorzystania cząsteczek RNA. Jednym z obiektów tego typu prac realizowanych w Instytucie są choroby poliglutaminowe (poliQ). Zaliczają się one do rzadkich chorób genetycznych o charakterze neurodegeneracyjnym. U ich podłoża leżą mutacje polegające na zwiększeniu liczby powtórzeń trójki nukleotydów CAG kodujących aminokwas glutaminę. W mijającym roku sukcesem zakończyły się działania zmierzające do opracowania allelo-selektywnej strategii leczenia jednej z chorób poliQ – choroby Huntingtona. W tym celu wykorzystano interferencję RNA (RNAi) oraz sztuczne cząsteczki mikroRNA, tzw. amiRNA, celujące w powtórzenia CAG w genie huntingtyny (HTT). Skuteczność zaproponowanego podejścia potwierdzają obiecujące wyniki badań przedklinicznych wykonane na modelu mysim. Równolegle, w ramach poszukiwań skutecznych czynników przeciwwirusowych, zaproponowano nowe warianty rybozymów typu *hammerhead* ukierunkowanych na konserwatywne motywy strukturalne wirusa grypy A. Rybozimy zawierające zmodyfikowane nukleotydy przebadano pod kątem zdolności do hydrolizy wirusowego RNA oraz hamowania replikacji wirusa w komórkach.

#### Publikacje:

a) A. Kotowska-Zimmer, L. Przybyl, M. Pewinska, J. Suszynska-Zajczyk, D. Wronka, M. Figiel, M. Olejniczak

A CAG repeat-targeting artificial miRNA lowers the mutant huntingtin level in the YAC128 model of Huntington's disease

*MOLECULAR THERAPY-NUCLEIC ACIDS* 2022, 28, 702–715

b) T. Czapik, J. Piasecka, R. Kierzek, E. Kierzek

Structural variants and modifications of hammerhead ribozymes targeting influenza A virus conserved structural motifs

*MOLECULAR THERAPY – NUCLEIC ACIDS* 2022, 29, 64–74

#### **Współpraca:**

Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu

#### **Finansowanie:**

projekt NCN SONATA BIS nr 2015/18/E/NZ2/00678 (kierownik projektu: Marta Olejniczak)

projekt NCN SONATA nr 2016/21/D/NZ4/00478 (kierownik projektu: Joanna Suszyńska-Zajczyk)

projekt NCN PRELUDIUM BIS nr 2019/35/O/NZ1/03535 (kierownik projektu: Marta Olejniczak)

subwencja MEiN

#### **Przewidywanie struktur modyfikowanych RNA**

Jak powszechnie wiadomo wiele naturalnie występujących RNA zawiera zmodyfikowane nukleotydy, których funkcja nie została jak dotąd poznana. We współpracy z University of Rochester (USA) wyznaczono parametry termodynamiczne dla cząsteczek RNA zawierających N<sup>6</sup>-metyloadenozynę (m<sup>6</sup>A) – najczęściej występującą w naturze modyfikację RNA. Występuje ona zarówno w genomach wirusów RNA (np. wirusa grypy, dengi, Zika, Zachodniego Nilu, HCV, HIV, SARS-CoV-2), jak i RNA człowieka, gdzie jej obecność wiązana jest z chorobami nowotworowymi, zaburzeniami metabolizmu, immunoregulacją oraz neurodegradacją. Stwierdzono, że N<sup>6</sup>-metylacja adenozyiny umiejscowionej w środku helisy zmniejsza jej stabilność termodynamiczną. Analogiczny efekt nie jest obserwowany w przypadku adenozyin ułożonych na końcach helisy. Zwiększenie stabilności dupleksu zawierającego m<sup>6</sup>A zaobserwowano także, gdy modyfikacja znajdowała się w obrębie niesparowanych końców. Parametry termodynamiczne uzyskane dla RNA zawierających w różnych pozycjach m<sup>6</sup>A, wprowadzono do programu RNAstructure. W rezultacie program ten będzie mógł przewidywać struktury RNA zawierających modyfikowane nukleotydy.

#### **Publikacja:**

E. Kierzek, H.J. Zhang, R.M. Watson, S.D. Kennedy, M. Szabat, R. Kierzek, D.H. Mathews

Secondary structure prediction for RNA sequences including N<sup>6</sup>-methyladenosine

*NATURE COMMUNICATIONS* 2022, 13, 1271

#### **Współpraca:**

University of Rochester, Stany Zjednoczone

#### **Finansowanie:**

projekt NCN SZYBKA ŚCIEŻKA DOSTĘPU DO FUNDUSZY NA BADANIA NAD COVID-19

nr 2020/01/0/NZ6/00137 (kierownik projektu: Elżbieta Kierzek)

projekt NCN OPUS nr 2019/33/B/ST4/01422 (kierownik projektu: Ryszard Kierzek)

#### **Odkrycie tajemnic budowy kopalnych gąbek**

Od wielu lat trwała ożywiona dyskusja dotycząca czynników kształtujących złożone, trójwymiarowe struktury szkieletów gąbek szklanych. Szkielety te wykazują wysoki stopień uporządkowania i charakteryzują się sześciosiową symetrią. We współpracy z kilkoma ośrodkami zagranicznymi przeprowadzono interdyscyplinarne badania kilkunastu gatunków gąbek szklanych liczących ponad 500 mln lat. Wykazano, że złożone struktury gąbek tworzone są na podstawie

organicznych szablonów białkowych tworzonych przez włókna o hierarchicznej architekturze, niezmiętej od późnego prekambriu. Analizy strukturalne oraz biochemiczne dowiodły, iż włókna te są zbudowane z białka beta-aktyny. Wykazano, że są to najdłuższe i najgrubsze wiązki włókien aktynowych, jakie dotychczas zidentyfikowano. Uzyskane wyniki otwierają również nowe możliwości wykorzystania włókien aktynowych do tworzenia biomateriałów o wyrafinowanej trójwymiarowej strukturze.

**Publikacja:**

H. Ehrlich, M. Luczak, R. Ziganshin, I. Miksik, M. Wysokowski, P. Simon, I. Baranowska-Bosiacka, P. Kupnicka, A. Ereskovsky, R. Galli, S. Dyshlovoy, J. Fisher, K.R. Tabachnick, I. Petrenko, T. Jesionowski, A. Lubkowska, M. Figlerowicz, V.N. Ivanenko, A.P. Summers  
Arrested in Glass: Actin within Sophisticated Architectures of Biosilica in Sponges  
*ADVANCED SCIENCE* 2022, 9, 2105059

**Współpraca:**

Freiberg University of Mining and Technology, Niemcy  
Institute of Bioorganic Chemistry, Russian Academy of Sciences, Rosja  
Institute of Physiology, The Czech Academy of Sciences, Czechy  
Max Planck Institute for Chemical Physics of Solids, Niemcy  
Uniwersytet Szczeciński  
Mediterranean Institute of marine and terrestrial Biodiversity and Ecology, Francja  
Politechnika Poznańska

**Finansowanie:**

subwencja MEiN

**Badania cząstek wirusopodobnych – potencjalnych nośników związków bioaktywnych**

Cząstki wirusopodobne (VLP) przyciągają uwagę naukowców ze względu na możliwość ich zastosowania jako nośników substancji biologicznie aktywnych, np. leków. Aby opracować skuteczne strategie dostarczania leków do komórek za pośrednictwem VLP, konieczne jest dokładne poznanie procesu ich samoorganizacji. W badaniach VLP składanych *in vitro* z rekombinowanego białka kapsydu wirusa mozaiki stokłosa (BMV), wykorzystano kriomikroskopię elektronową (Cryo-EM). Metoda ta umożliwi nie tylko obrazowanie makromolekuł z bardzo wysoką rozdzielczością, ale także wizualizację zmian konformacyjnych. Przeprowadzona analiza pozwoliła zobrazować kilka klas cząstek na różnych etapach organizacji, w tym dojrzałe formy ikozaedryczne, praktycznie identyczne z natywnymi wirionami i nieikozaedryczne formy pośrednie.

**Publikacja:**

M. Ruszkowski, A. Strugała, P. Indyka, G. Tresset, M. Figlerowicz, A. Urbanowicz  
Cryo-EM reconstructions of BMV-derived virus-like particles reveal assembly defects in the icosahedral lattice structure  
*NANOSCALE* 2022, 14, 3224–3233

**Finansowanie:**

subwencja MEiN

## **Pozostałe ważne wyniki**

---

**Wykorzystanie kwasu walproinowego w terapii guzów mózgu**

A.M. BARCISZEWSKA, A. BELTER, I. GAWROŃSKA, M. GIEL-PIETRASZUK, M.Z. NASKRĘT-BARCISZEWSKA

Kwas walproinowy (VPA), inhibitor deacetylazy histonowej, stosowany jest w epizodach padaczkowych w guzach mózgu, szczególnie glejaka wielopostaciowego (GBM). Przeanalizowano po-



ziom markera epigenetycznego DNA ( $m^5C$ ) oraz znacznika komórkowego uszkodzenia oksydacyjnego (8-oksodeoksyguanozyna), na które wpływ ma podawanie oddzielnie VPA oraz VPA w połączeniu z temodalem (TMZ) do komórek glejowych i normalnych. Wykazano, że VPA jako inhibitor HDAC indukuje nie tylko zmiany w acetylacji histonów, ale także zmiany w poziomie metylacji DNA. Pokazano reaktywność krzyżową między przebudową chromatyny spowodowaną acetylacją histonów a metylacją DNA. Wzrost całkowitej metylacji cytozyny DNA oraz niewielki poziom utleniania guanozyny w liniach komórkowych glejaka pod wpływem VPA sugerują nowy epigenetyczny mechanizm działania tego leku. Wyniki opublikowano we *Frontiers in Oncology*.

### **Przegląd społecznego postrzegania nowoczesnych technologii edycji genów na całym świecie w ciągu ostatnich 20 lat**

E. WOŹNIAK-GIENTKA, A. TYCZEWSKA, M. PERISIC, A. BENIERMANN, D. ERIKSSON, N. VANGHELUWE, G. GHEYSEN, S. CETINER, N. ABIRI, T. TWARDOWSKI

Wyniki badania pokazały, że spośród wszystkich regionów świata społeczeństwo europejskie wydaje się mieć najsilniejsze negatywne nastawienie do żywności GM (choć z istotnymi różnicami regionalnymi) oraz bardzo rygorystyczne przepisy dotyczące żywności/paszy GMO i GM. Społeczeństwa w Ameryce Północnej i Południowej, światowi liderzy w rozwoju i komercjalizacji upraw GM, w większym stopniu wspierają GM i edycję genów u roślin. Ponadto stwierdzono, że poziom wykształcenia ma ogromny wpływ na społeczne postrzeganie technologii genów roślinnych. Opinia publiczna we wszystkich regionach świata zgodziła się, że znakowanie produktów GMO jest ważne i konieczne, ponieważ konsumenci chcą informacji o rodzaju technologii genetycznej stosowanej do produkcji żywności. Wyniki opublikowano w *GM Crops & Food-Biotechnology in Agriculture and The Food Chain*.

### **Poznanie aktualnej opinii Polaków oraz zmian w postrzeganiu biotechnologii i inżynierii genetycznej w latach 2000–2019**

E. WOŹNIAK-GIENTKA, A. TYCZEWSKA, T. TWARDOWSKI

Wyniki badania pokazały, iż ponad połowa Polaków zauważyła, że na rynku dostępne są produkty otrzymane technikami inżynierii genetycznej. Mimo obaw, badania z zakresu biotechnologii i inżynierii genetycznej popierane były przez 39–69% Polaków (w zależności od przedmiotu badań). Co trzeci badany uważał, że zastosowanie nowoczesnej biotechnologii w produkcji żywności jest przydatne (33%), powinno być wspierane (31%) i może być akceptowane (32%). Ponadto 61% respondentów stwierdziło, że stosowanie nowych metod biotechnologii w produkcji i przetwarzaniu żywności może wiązać się z zagrożeniem dla zdrowia ludzi lub środowiska. Około 69% respondentów stwierdziło, że wykorzystanie mikroorganizmów do oczyszczania ścieków i innych odpadów powinno być realizowane i wspierane. Wyniki opublikowano w *Biotechnologii*.

### **Optymalizacja dwufunkcyjnych oligonukleotydów antysensowych w celu regulacji alternatywnego splicingu genu PKM w komórkach nowotworowych**

N. BARTYŚ, A. PASTERNAK, J. LISOWIEC-WĄCHNICKA

Projekt zakładał regulację alternatywnego splicingu genu *PKM* w linii komórkowej HeLa z wykorzystaniem dwufunkcyjnych oligonukleotydów antysensowych tak, aby zmniejszyć ilość powstającej izofory PKM2 i zwiększyć ilość PKM1 w komórce. Zaprojektowano sekwencję regulatorową wzmacniającą splicing (oddziałującą z *SRSF1*) w pobliżu eksonu 9 oraz sekwencję regulatorową obniżającą splicing (oddziałującą z *hnRNPA1*) w rejonie eksonu 10. Dla linii komórkowej HeLa zoptymalizowano ilość komórek, które zostały poddane transfekcji, stężenie BASO oraz długość czasu hodowli komórek po podaniu BASO. Badania pokazały, że do zwiększenia ekspresji izofory PKM1 niezbędne są co najmniej trzy powtórzenia sekwencji regulatorowej. Ekspresja PKM2 może być natomiast hamowana przez mniejszą liczbę powtórzeń sekwencji regulatorowych. Co ważne, opracowano nowy, rozgałęziony typ BASO, który znacznie zwiększył efektywność regulacji splicingu. Wyniki opublikowano w *Molecules*.

## **Porównanie właściwości fizykochemicznych i biologicznych izosekwencyjnych G-kwadrupleksów DNA i RNA**

W. KOTKOWIAK, C. ROXO, A. PASTERNAK

W ramach przeprowadzonego projektu zaprojektowano i zsyntetyzowano serię izosekwencyjnych G-kwadrupleksów DNA oraz RNA różniących się długością pętli, liczbą G-tetrad oraz jednorodnością struktury rdzenia. Badania pokazały, że nawet niewielkie zmiany w sekwencji oligonukleotydów mogą zainicjować pewne zmiany właściwości G-kwadrupleksów. G-kwadrupleksy DNA okazały się mniej stabilne termicznie niż ich odpowiedniki RNA, bardziej zróżnicowane topologicznie i posiadające lepsze zdolności inhibitorowe proliferacji komórek nowotworowych. Najskuteczniejsze działanie antyproliferacyjne w obrębie badanej grupy cząsteczek zaobserwowano dla dwóch G-kwadrupleksów DNA z jednolitym rdzeniem i mniejszą zawartością reszt tymidyny w obrębie pętli, prowadzące do zmniejszenia żywotności komórek do 65% i 33% odpowiednio dla linii komórkowych HeLa i MCF-7. Wyniki opublikowano w *ACS Medicinal Chemistry Letters*.

## **Określenie właściwości fizykochemicznych oraz przeciwnowotworowych modyfikowanych chemicznie G-kwadrupleksów**

C. ROXO, A. PASTERNAK

Badania polegały na analizie wpływu modyfikacji LNA, UNA oraz 2'-O-metylo-RNA (2'-O-Me-RNA) na stabilność termiczną, topologię łańdowania struktury, aktywność biologiczną i oporność enzymatyczną trzech powiązanych sekwencyjnie G-kwadrupleksów DNA. W celu lepszego zrozumienia mechanizmu działania badanych modyfikacji zostały one wprowadzone w pętlach lub G-tetradach. Przeanalizowano łącznie dwadzieścia siedem zmodyfikowanych wariantów G-kwadrupleksów. Badania wykazały, że wpływ każdej modyfikacji na właściwości fizykochemiczne G-kwadrupleksów jest pozycyjnie zależny, ze względu na wzajemne oddziaływania między G-tetradami, pętlami i dodatkową guanozyną na końcu 5' lub 3'. UNA okazały się skutecznymi modyfikatorami stabilności termodynamicznej G-kwadrupleksów bez znaczącej zdolności do poprawy właściwości przeciwnowotworowych. Natomiast struktury zawierające LNA i 2'-O-Me-RNA wykazały pewien potencjał antyproliferacyjny użyteczny do projektowania nowych leków opartych na G-kwadrupleksach. Wyniki opublikowano w *Plos One*.

## **Opracowanie nowej metody bezpośredniej identyfikacji i bezwzględnej kwantyfikacji zdarzeń przedwczesnej terminacji transkrypcji – PTT-quant**

P. MACHTEL, A. WASILEWSKA-BURCZYK, J. ZACHARJASZ, K. GRZYWACZ

Regulacja ekspresji genów przez przedwczesną terminację transkrypcji jest obecna we wszystkich domenach życia. Chociaż dostępne są metody identyfikacji takich zdarzeń, badania biochemiczne są utrudnione z powodu braku ilościowych metod eksperymentalnych. Zaproponowaliśmy zatem nową metodę bezwzględnej kwantyfikacji zdarzeń przedwczesnej terminacji transkrypcji, PTT-quant. Opiera się ona na dwuetapowym protokole: emulsyjnym PCR połączonym ze znormalizowaną syntezą cDNA uzyskaną poprzez miejscowo specyficzne cięcie transkryptów za pomocą RNazy H. W konsekwencji nasza metoda umożliwia wiarygodną i czułą ocenę ilościową obu, przedwcześnie zakończonych i pełnej długości transkryptów. Dzięki zastosowaniu naszej metody do badania ryboprzełączników transkrypcyjnych u *Bacillus subtilis*, byliśmy w stanie precyzyjnie zmierzyć dynamikę indukcji ryboprzełącznika S-adenozylometioniny (SAM), która okazała się ~23% wyższa w porównaniu z wynikami uzyskanymi bez normalizacji syntezy cDNA. Wyniki opublikowano w *Applied Microbiology and Biotechnology*.

### **Ocena efektywności leczenia choroby zwyrodnieniowej stawu kolanowego po autologicznym wstrzyknięciu tkanki tłuszczowej lub osocza bogatopłytkowego**

J. KASZYŃSKI, P. BĄKOWSKI, B. KIEDROWSKI, Ł. STOŁOWSKI, A. WASILEWSKA-BURCZYK, K. GRZYWACZ, T. PIONTEK

Celem pracy była ocena skuteczności i potencjału terapeutycznego osocza bogatopłytkowego (PRP) i autologicznej tkanki tłuszczowej (AAT) w leczeniu choroby zwyrodnieniowej stawu kolanowego. Do badania włączono 60 uczestników: 20 zdrowych i 40 chorych. Chorzy zostali losowo przydzieleni do grupy PRP lub do grupy AAT. Podawane preparaty scharakteryzowano pod względem molekularnym: (i) próbki PRP wykazywały niski poziom ekspresji genu CCL5 zależnego od szlaku NF- $\kappa$ B i wysoki poziom ekspresji genów klasycznych szlaków prozapalnych TNF-1 i INF1; (ii) dla preparatu AAT zbadano potencjał regeneracyjny oraz zdolność do namnażania mezenchymalnych komórek macierzystych w warunkach hodowli komórkowej. Wykonano ocenę stanu pacjentów z użyciem subiektywnych skali VAS, KOOS, WOMAC i IKDC 2000 oraz parametrów czynnościowych. Dostawowe wstrzyknięcia AAT lub PRP zmniejszyły ból i niekorzystne objawy oraz poprawiły jakość życia i wydolność funkcjonalną pacjentów. Wyniki opublikowano w *Biomedicines*.

### **Ocena skuteczności metody AMIC (autologicznej chondrogeny indukowanej macierzą) w leczeniu ogniskowych zmian chrzęstnych stawu kolanowego**

P. BĄKOWSKI, K. GRZYWACZ, A. PRUSIŃSKA, K. CIEMNIEWSKA-GORZELA, J. GILLE, T. PIONTEK

Autologiczna chondrogena indukowana macierzą (AMIC) jest bio-ortopedyczną metodą leczenia uszkodzeń chrząstki stawowej. Łączy chirurgię mikrołamań z aplikacją membrany kolagenowej. Celem niniejszej pracy było przedstawienie średniookresowej obserwacji pacjentów leczonych AMIC z powodu ogniskowych zmian chrzęstnych. Do badania włączono 48 pacjentów leczonych chirurgicznie i 21 uczestników z grupy kontrolnej. Membranę kolagenową scharakteryzowano pod względem molekularnym w warunkach hodowli komórkowej. Dokonano oceny czynnościowej pacjentów z użyciem pomiarów propriocepcji, siły i wytrzymałości mięśni (badania izokinetyczne) i skali subiektywnych Lysholma i IKDC. W porównaniu z wartościami przed operacyjnymi, w ciągu pierwszych 2 lat po interwencji u pacjentów nastąpiła znacząca poprawa, zarówno pod względem funkcjonalnym, jak i subiektywnym. Wyniki opublikowano w *Journal of Functional Biomaterials*.

### **Wyznaczenie struktury przestrzennej aptameru wiążącego lantanowce**

W. ANDRAŁOJĆ, J. WIERUSZEWSKA, K. PASTERNAK, Z. GDANIEC

Metodami spektroskopii NMR rozwiązano strukturę przestrzenną aptameru DNA wiążącego jony lantanowców. Celem badań było wyznaczenie dokładnego położenia i geometrii miejsca specyficznego wiązania jonu metalu. Wyniki eksperymentów NMR pokazały, że badany aptamer zawiera w swojej strukturze trzy elementy helikalne. Dwa z nich oddziałują ze sobą współosiowo, zaś trzeci jest do nich sztywno zadokowany, w przybliżeniu pod kątem prostym. Miejsce wiązania metalu okazało się być ulokowane na styku elementów helikalnych – w miejscu, w którym fragment łańcucha fosforanowo-cukrowego jest sztywno „wkleszczony” pomiędzy dwie oddziałujące helisy. Prowadzi to do dużej koncentracji ładunku ujemnego i grup zawierających wolne pary elektronowe, tworząc idealne miejsce wiązania jonów trójwartościowych. Dokładna analiza sposobu wiązania metodami dynamiki molekularnej pokazała, że jon lantanowca oddziałuje bezpośrednio z dwiema grupami fosforanowymi, jak również krawędzią Hoogsteena reszty guanozyny. Wyniki opublikowano w *Chemistry-a European Journal*.

### **RNAspider – system do wykrywania zapętleń w strukturach RNA**

K. LUWAŃSKI, V. HLUSHCHENKO, M. POPENDA, T. ŻOK, J. SARZYŃSKA, D. MARTSICH, M. SZACHNIUK, M. ANTCZAK

Opracowany system obliczeniowy RNAspider pozwala na automatyczną identyfikację, klasyfikację i wizualizację splątanych pierwszego i wyższego rzędu występujących w strukturach trzeciorzędowych RNA. Program wspomaga proces oceny modeli 3D RNA uzyskiwanych eksperymentalnie lub z wykorzystaniem szeroko stosowanych metod obliczeniowych. Wspiera analizę nietypowych topologii zachodzących w strukturach RNA obejmujących pseudowęzły. RNAspider został udostępniony publicznie w postaci aplikacji internetowej charakteryzującej się wydajnością obliczeniową i przyjaznym interfejsem użytkownika. Wyniki opublikowano w *Nucleic Acids Research*.

### **RNAloops – baza danych pętli rozgałęzionych**

J. WIEDEMANN, J. KACZOR, M. MIŁOSTAN, T. ŻOK, J. BŁAŻEWICZ, M. SZACHNIUK, M. ANTCZAK

RNAloops to samoaktualizująca się baza danych przechowująca struktury pętli wieloramiennych występujących w eksperymentalnie określonych strukturach 3D RNA. Każda przechowywana pętla opisana jest przez dane kątowe, a mianowicie kąty płaskie oraz kąty Eulera wyznaczone pomiędzy parami sąsiadujących ze sobą fragmentów dwuniciowych, aby dość precyzyjnie odwzorowywać ich wzajemne ułożenie w przestrzeni kartezjańskiej. System umożliwia wyszukiwanie i analizę wieloramiennych pętli, przedstawia szczegóły opisujące ich strukturę w postaci tekstowej, jak i specjalizowanych wizualizacji. RNAloops jest wyposażony w moduł prezentujący szczegółowe statystyki bieżącego stanu repozytorium. Wyniki opublikowano w *Bioinformatics*.

### **DrawTetrado – program do tworzenia diagramów warstwowych kwadrupleksów**

M. ŻURKOWSKI, T. ŻOK, M. SZACHNIUK

DrawTetrado to program zaimplementowany w języku Python. Jest on również dostępny jako samodzielne narzędzie. Program rysuje statyczne wielowarstwowe diagramy, które reprezentują dane strukturalne w perspektywie pseudo-3D. Możliwość ustawienia schematów kolorystycznych, etykiet dla nukleotydów tworzących tetradę, odległości pomiędzy rozpatrywanymi elementami, czy kąta widzenia pozwala na elastyczne dostosowywanie diagramu wynikowego do potrzeb użytkownika. Wyniki opublikowano w *Bioinformatics*.

### **Odkrycie roli białek REGE-1 i RLE-1 w procesie wyciszania mRNA**

D. SOBAŃSKA, A.A. KOMUR, A. CHABOWSKA-KITA, J. GUMNA, P. KUMARI, K. PACHULSKA-WIECZOREK, R. CIOSK

Regnaza-1 jest ewolucyjnie zachowaną rybonukleazą, która degraduje różne cząsteczki mRNA zaangażowane m.in. w utrzymanie homeostazy procesów immunologicznych, rozwojowych oraz kancerogenezy. Istnieją dwa konkurencyjne modele opisujące mechanizm wyciszania mRNA przez Regnazę-1. Jeden z nich postuluje udział innego białka wiążącego RNA – Roquin-1. Z kolei alternatywny model zakłada, że oba białka działają niezależnie. Badając ortolog Regnazy-1 u *C. elegans* – REGE-1, odkryto funkcjonalną zależność pomiędzy REGE-1 oraz RLE-1 – odpowiednikiem Roquin-1 u nicienia. Wykazano, że pomimo iż REGE-1 i RLE-1 oddziałują z mRNA niezależnie od siebie, oba białka są niezbędne w procesie wyciszania mRNA. Co ciekawe, funkcjonalna zależność REGE-1 i RLE-1 przypomina współpracę ssaczej Regnazy-1 i Roquin-1, co może wskazywać na istnienie prototypowego mechanizmu wyciszania mRNA angażującego oba białka. Wyniki opublikowano w *Nucleic Acids Research*.

### **Właściwości antystarzeniowe 4-N-furfurylocytozyny w modelu drożdżowym BY4741**

P. PAWELCZAK, A. FEDORUK-WYSZOMIRSKA, E. WYSZKO

4-N-furfurylocytozyna (FC) jest nietoksycznym związkiem niskocząsteczkowym wykazującym silne właściwości antyoksydacyjne. Ze względu na fakt, że proces starzenia związany jest ze stresem oksydacyjnym, niektóre związki antyoksydacyjne ograniczają negatywne skutki starzenia. W opublikowanej pracy przedstawiono wyniki analizy właściwości antystarzeniowych FC

w modelu drożdży BY4741, uzyskane przy użyciu technik cytometrii przepływowej, mikroskopii konfokalnej, PCR w czasie rzeczywistym oraz pomiaru zużycia tlenu za pomocą oksygrafu. Wykazano, że FC wydłuża chronologiczną długość życia drożdży (CLS), jednocześnie zwiększając aktywność mitochondriów oraz obniżając poziom reaktywnych form tlenu. Ponadto zmiany poziomu ekspresji wybranych genów (CCS1, ECL1, FOB1, GTR1, HAP4, RIM15, SCH9, SOD2) wskazują na zahamowanie szlaku TORC1, który jest kluczowy w procesie starzenia, a jego inhibicja spowalnia starzenie. Uzyskane wyniki ewidentnie wskazują na antystarzeniowy potencjał FC. Wyniki opublikowano w *Antioxidants*.

### **Synteza nowych pochodnych 4-karboranylo-1,8-naftalamidów oddziałujących z DNA o potencjalnych właściwościach przeciwnowotworowych**

S. RYKOWSKI, D. GURDA-WOŻNA, M. ORLICKA-PŁOCKA, A. FEDORUK-WYSZOMIRSKA, M. GIEL-PIETRASZUK, E. WYSZKO, A. KOWALCZYK, P. STĄCZEK, K. BINIEK-ANTOSIAK, W. RYPNIEWSKI, A.B. OLEJNICZAK

1,8-naftalimidy należą do grupy związków małowcząsteczkowych wykazujących właściwości przeciwwirusowe, przeciwbakteryjne, przeciwbólowe i przeciwnowotworowe. Stosując reakcje redukcyjnego aminowania i amidacji, Mitsunobu oraz „click chemistry” otrzymano szereg nowych pochodnych 4-karboranylo-1,8-naftalamidów. Przeanalizowano ich właściwości biologiczne i przeciwnowotworowe w komórkach raka wątrobowokomórkowego (HepG2) oraz ich zdolność interkalacji do DNA. Spośród analizowanych związków, do dalszych badań w komórkach HepG2 wybrano te, które wykazywały silne oddziaływanie z DNA (54–61). Wykazano, że wyselekcjonowane związki mają wpływ na cykl komórkowy, powodując jego zatrzymanie w fazie G0/G1, a także hamują migrację komórek oraz indukują stres oksydacyjny, w konsekwencji prowadząc do śmierci komórek na drodze apoptozy. Przy pomocy mikroskopii konfokalnej pokazano lokalizację badanych związków wewnątrz lizosomów komórek HepG2. Analizowane związki okazały się również słabymi inhibitorami topoizomerazy II. Wyniki opublikowano w *International Journal of Molecular Sciences*.

### **Udział miRNA w przebudowie macierzy zewnątrzkomórkowej**

M. GRABOWSKA, K. KUCZYŃSKI, M. PIWECKA, A. RABIASZ, J. ZEMŁA, P. GŁODOWICZ, D. WAWRZYŃIAK, M. LEKKA, K. ROLLE

Wykazano, że miR-218 może działać jako potencjalny supresor nowotworzenia w komórkach glejaka oraz jego bezpośredni wpływ na poziom ekspresji dwóch białek ECM: SDC-2 i TN-C. Ponadto zidentyfikowano także geny ulegające pośredniej deregulacji w wyniku działania miR-218. Metodami biologii molekularnej oraz biofizycznymi (we współpracy z IFJ PAN) potwierdzono, iż miR-218 wpływa na właściwości biomechaniczne komórek GBM, takie jak adhezja, migracja i sztywność oraz bierze udział w przebudowie cytoszkieletu. Obniżając tempo migracji komórek, powoduje jednocześnie wzrost szybkości ich proliferacji, zgodnie z hipotezą *go or grow*. Zwiększenie przyczepności do podłoża, a zarazem zmniejszenie ruchliwości indukuje powstanie fenotypu nienowotworowego komórek, co bezpośrednio obniża potencjał inwazyjny nowotworu. Wyniki opublikowano w *Journal of Cellular and Molecular Medicine*.

### **Liposomalne systemy dostarczania leków w spersonalizowanej terapii raka jajnika**

A. NOWICKI, D. WAWRZYŃIAK, M. CZAJKOWSKI, M. JÓZKOWIAK, M. PAWLAK, M. WIERZCHOWSKI, K. ROLLE, P. SKUPIN-MRUGALSKA, H. PIOTROWSKA-KEMPISTY

Celem projektu była ocena skuteczności przeciwnowotworowej DMU-214, metabolitu metylowego analogu resweratrolu DMU-212, w spersonalizowanej terapii raka jajnika. Badania przeprowadzono z wykorzystaniem komórek pochodzących od pacjentek z rakiem jajnika w modelach hodowli komórkowej 3D. Ze względu na zwiększoną lipofilność i ograniczoną rozpuszczalność metoksystilbeny wymagają strategii solubilizacji umożliwiającej podawanie DMU-214 do środowiska wodnego. Po raz pierwszy opracowano 3 systemy liposomalne do dostarczania DMU-214, a ich działanie przeciwnowotworowe przetestowano na modelu raka jajnika. Zbadano aktywność

DMU-214 w postaci wolnej lub związanej z liposomami w hodowlach płaskich oraz sferoidów pochodzących od pacjentów i linii komercyjnej SK-OV-3. Stwierdzono, że preparaty liposomalne DMU-214 są silniejsze niż wolny DMU-214 zarówno w hodowli płaskiej, jak i w obu badanych modelach sferoidalnych, wskazując na znaczenie dalszego rozwoju liposomalnych form DMU-214 w leczeniu raka jajnika. Wyniki opublikowano w *Drug Delivery*.

### **Struktura i właściwości deacetylazy diacetylochitobiozy z *Pyrococcus chitonophagus***

K. BINIEK-ANTOSIAK, M. BEJGER, J. ŚLIWIAK, D. BARANOWSKI, A. MOHAMMED, D. SVERGUN, W. RYPNIEWSKI

Porównanie struktur deacetylazy z ligandem i bez ligandu wykazało, że substrat oddziałuje z białkiem tworząc sieć wiązań wodorowych, a grupa acetylowa wiąże się z kationem cynku wypierając pojedynczą cząsteczkę wody. W strukturze nie zlokalizowano „hydrolitycznej” cząsteczki wody, co może wskazywać, że reakcja deacetylacji zachodzi raczej przez bezpośredni atak nukleofilowy enzymu (przez resztę kwasu glutaminowego), niż przez aktywowaną cząsteczkę wody. Zbadano też specyficzność substratową enzymu i wykazano, że głównym substratem jest diacetylochitobioza, ale deacetylacji ulega też, z mniejszą wydajnością, N-acetyloglukozamina oraz trimer N-acetyloglukozaminy. Deacetylacji ulega tylko nieredukujący koniec oligomeru. Aktywność enzymu rośnie z temperaturą i największą aktywność zanotowano w górnej granicy wydolności aparatury pomiarowej, przy 65°C. Przypuszczalnie enzym jest jeszcze wydajniejszy w wyższych temperaturach. Zmierzono temperaturę topnienia enzymu, wynosi ona 110°C. Wyniki opublikowano w *International Journal of Molecular Sciences*.

### **Struktura i termodynamika motywu UGG RNA w kompleksach z kationami metali**

A. KILISZEK, M. PLUTA, M. BEJGER, W. RYPNIEWSKI

Strukturalny motyw UGG w duplesie RNA wykazuje powinowactwo do kationów baru i kationów innych metali. Zbadano struktury krystalograficzne kompleksów oligomeru RNA zawierającego sekwencję UGG, w kompleksach z Ba<sup>2+</sup>, Sr<sup>2+</sup>, Ca<sup>2+</sup>, Cd<sup>2+</sup> i Cs<sup>+</sup>. Prześladowano wpływ tych kationów na strukturę, a także na stabilność termodynamiczną RNA. Zauważono też, że w obecności kationów Ba<sup>2+</sup> tworzą się nieopisane dotąd pary nukleozad G(*syn*)-G(*syn*). Spośród badanych kationów Ba<sup>2+</sup> wiąże się najmocniej i znajduje aż dwa miejsca wiązania przy motywie UGG. Kationy baru najbardziej też stabilizują strukturę duplesu RNA. Wyniki te można rozważać w kontekście tworzenia gąbek molekularnych bądź detektorów kationów metali. Warto też rozważyć powinowactwo Ba<sup>2+</sup> do RNA jako czynnik ryzyka w badaniach medycznych, gdyż sekwencje UGG występują w funkcjonalnych cząsteczkach RNA w komórkach człowieka, a sole baru używane są w medycznym obrazowaniu kontrastowym. Wyniki opublikowano w *RNA*.

### **Przegląd najnowszych metodologii badawczych opartych o system CRISPR-Cas13**

M. KORDYŚ, R. SEN, Z. WARKOCKI

Bakteryjny system obrony przeciwvirusowej CRISPR-Cas13 budzi szerokie zainteresowanie ze względu na potencjał jego wykorzystania do opracowania nowych podejść badawczych, narzędzi diagnostyki molekularnej oraz nowych, specyficznych względem określonych bakterii, antybiotyków. W związku z pandemią COVID usystematyzowano wiedzę na temat opracowanych nowatorskich podejść badawczych, diagnostycznych i medycznych z wykorzystaniem CRISPR-Cas13. Wyniki opublikowano w *Wiley Interdisciplinary Reviews-RNA*.

### **Badania transkryptomyczne raka nerki w celu opracowania skutecznej terapii**

A. KAJDASZ, A. FILIPAK-DULIBAN, A. MAJEWSKA, K. BRODACZEWSKA, C. KIEDA

Prowadzone we współpracy badania obejmowały analizy transkryptomiczne zmian ekspresji miRNA w zależności od poziomu ekspresji białka PTEN. Analizy wykonano w modelowych komórkach raka nerki w warunkach normoksji i hipoksji, oraz w materiale pozyskanym od pacjentów, cechującym się różnym poziomem białka PTEN. Wykazano specyficzne zmiany ekspresji kilku miRNA, w tym miR-221-3p, miR-10b-5p, miR-206-3p i innych. Wykazano także zależność

ekspresji miRNA od mikrośrodowiska w obrębie nowotworu. W kolejnym badaniu analizowano różnice na poziomie transkryptomycznym w dwu- (2D) i trójwymiarowych (3D) modelach raka nerki (kultura komórkowa w porównaniu z modelem sferoidowym). Wykazano, że model 3D lepiej odzwierciedla warunki panujące w obrębie guza niż model kultury komórkowej 2D. Wyniki opublikowano w *International Journal of Molecular Sciences, Biomolecules*.

#### **Charakterystyka metabolomów wybranych traw**

A. PIASECKA, A. SAWIKOWSKA, N. WITASZAK, A. WAŚKIEWICZ, M. KAŃCZURZEWSKA, J. KACZMAREK, J. LALAK-KAŃCUGOWSKA, N. JEDRZEJCZAK-REY, M. PIŚLEWSKA-BEDNAREK, P. BEDNAREK

W ramach prowadzonych doświadczeń dokonano charakterystyki konstytutywnego metabolomu modelowej trawy *Brachypodium distachyon*. Opisano też zmiany zachodzące w metabolomie tego gatunku oraz w metabolomach pszenicy i jęczmienia podczas odpowiedzi na infekcję patogenem grzybowym *Fusarium culmorum*. Porównanie odpowiedzi metabolomicznej odpornych i podatnych na infekcję genotypów badanych gatunków pozwoliło wyłonić grupę metabolitów, w tym pochodnych tryptofanu, które mogą być związane z odpornością. Przeprowadzone analizy pozwoliły na identyfikację zakonserwowanej w badanych gatunkach odpowiedzi metabolomicznej na infekcję. Wśród metabolitów, których biosynteza zachodziła zamiennie podczas odpowiedzi odpornościowej znalazły się głównie fenylopropanoidy i flawonoidy. Uzyskane wyniki wykazały również, że modelowa trawa *B. distachyon* może być wykorzystana w badaniach nad rolą metabolitów wtórnych w odporności zbóż na infekcję. Wyniki opublikowano w *Cells*.

#### **Identyfikacja roli czynnika transkrypcyjnego MYB34 w konserwacji biosyntezy glukozyolanów indolowych w roślinach kapustowatych**

P. CZERNAWSKI, M. PIŚLEWSKA-BEDNAREK, A. PIASECKA, K. KUŁAK, P. BEDNAREK

Wykazano, że utrata funkcji przez czynnik transkrypcyjny MYB34 jest jedną z podstaw prawie całkowitej utraty zdolności do produkcji glukozyolanów indolowych w gatunku *Capsella rubella*. Uzyskane wyniki pokazały, że MYB34 kontroluje sprzężenie zwrotne w biosyntezie tych metabolitów. W przypadku utraty genów/enzymów związanych z biosyntezą glukozyolanów indolowych mechanizm sprzężenia zwrotnego jest odpowiedzialny za nadprodukcję auksyn, co z kolei prowadzi do silnych zaburzeń wzrostu. W ten sposób MYB34 przyczynia się do utrwalenia szlaku biosyntezy glukozyolanów indolowych w gatunkach *Brassicaceae*. Wyniki opublikowano w *Plant and Cell Physiology*.

#### **Kompleksowa analiza końca 5' najczęściej występującego mysiego transkrypty p53 mRNA**

J. SZPOTKOWSKA, K. SZPOTKOWSKI, J. CIESIOŁKA

Zaproponowano przestrzenne pofałdowanie regionu 5'-końcowego mysiego mRNA p53 i jego wybranych fragmentów na podstawie wyników otrzymanych metodą SAXS i programu RNAComposer. Następnie zastosowano chromatografię powinowactwa do identyfikacji białek, obecnych w lizatach komórek mysich fibroblastów, które są zdolne do wiązania 5'-końcowego regionu mysiego p53 mRNA. Zaproponowano możliwe miejsca, z którymi mogą wiązać się wybrane, zidentyfikowane białka. Co ciekawe, większość tych miejsc wiązania pokrywa się z miejscami określonymi jako dostępne dla hybrydyzacji komplementarnych oligonukleotydów. Potwierdzono wysokie powinowactwo hnRNP K i PCBP2 do regionu 5'-końcowego mysiego mRNA p53 i zaproponowano możliwe miejsca wiązania tych białek. Wyniki opublikowano w *International Journal of Molecular Sciences*.

#### **Nowe, regulacyjne funkcje fragmentów tRNA (tRF)**

M. KAZIMIERCZYK, M. WOJNICKA, E. BIAŁA, P. ŻYDOWICZ-MACHTEL, B. IMIOŁCZYK, T. OSTROWSKI, A. KURZYŃSKA-KOKORNIAK, J. WRZESINSKI

Wykazano, że angiogenina oraz nukleaza Dicer generują cząsteczki tRF poprzez przecięcie dojrzałej cząsteczki tRNA w regionach pętlowych. Powstałe małe niekodujące RNA mogą regulować

biosyntezę białek w ludzkich nerkach wiążąc się do ich mRNA, podobnie jak cząsteczki mikroRNA. Wyniki opublikowano w *International Journal of Molecular Sciences*.

### **Analiza seroprewalencji SARS-CoV-2 wśród pracowników medycznych w Polsce oraz identyfikacja czynników wpływających na poziom przeciwciał przeciwko SARS-CoV-2 w klasie IgG po zakażeniu koronawirusem i szczepieniu**

D. LORENT, R. NOWAK, D. LUWAŃSKI, M. PISARSKA-KRAWCZYK, M. FIGLEROWICZ, P. ZMORA

Seroprewalencja wśród pracowników medycznych wzrosła z 0% w 09.2020 r. do 37,8% w 12.2020 r., osiągnęła 100% w 02.2021 r. po szczepieniu BNT126b2 (Pfizer) i spadła do 94,3% w 09.2021 r. Zaobserwowaliśmy istotne różnice w seroprewalencji między pracownikami o wysokim i niskim ryzyku infekcji, z najwyższą seropozytywnością u położnych i pielęgniarek Oddziału Ginekologiczno-Położniczego. Odkryliśmy, że poziom przeciwciał IgG anty-SARS-CoV-2 był skorelowany z przebiegiem zakażenia SARS-CoV-2. Najniższe poziomy przeciwciał stwierdzono u osób bezobjawowych, a najwyższe u osób z ciężkim przebiegiem COVID-19. Podobnie odpowiedź po szczepieniu zależała od przebiegu zakażenia SARS-CoV-2. Ponadto odnotowaliśmy spadek poziomu przeciwciał o 90–95% w ciągu 7 miesięcy po szczepieniu. Nasze wyniki pokazują, że pracownicy medyczni są najbardziej narażeni na zakażenie SARS-CoV-2 i wymagają szkoleń do pracy z pacjentami zakaźnymi, a ze względu na spadek poziomu przeciwciał należy podjąć dodatkowe środki ochronne. Wyniki opublikowano w *Vaccines*.

### **Określenie drugo- i trzeciorzędowej struktury IRES wirusa biegunki bydła (Bovine Viral Diarrhea, BVDV)**

D. GOSAVI, I. WOWER, I. BECKMANN, I. HOFACKER, J. WOWER, M. WOLFINGER, J. SZTUBA-SOLIŃSKA

Wewnętrzne miejsce wejścia rybosomu (IRES) wirusa biegunki bydła (BVDV) jest wymagane do niezależnej od czapeczki translacji wirusowego genomowego RNA i niezbędne do replikacji wirusa. Dzięki zastosowaniu kombinacji mapowania struktury RNA (SHAPE-MaP) i modelowania *in silico* uzyskano wgląd w drugo- i trzeciorzędowe struktury RNA BVDV IRES. Nasze badania wykazały, że RNA BVDV IRES tworzy modułową architekturę złożoną z trzech odrębnych domen strukturalnych (I-III). Dwa regiony w domenie III tworzą pseudowęzeł typu H. Modelowanie komputerowe motywu pseudowęzła dostarczyło szczegółowego obrazu struktury trzeciorzędowej i lokalnego układu helis w BVDV IRES. Co więcej, wykazano, że pseudowęzeł jest konserwatywny ewolucyjnie wśród wielu gatunków pestiwirusów. Badania te pozwoliły na określenie struktury pseudowęzła BVDV IRES RNA typu H, który prawdopodobnie przyczynia się do optymalnej funkcjonalności elementu translacyjnego wirusa niezależnego od czapeczki. Wyniki opublikowano w *RNA Biology*.

### **Zaburzony splicing w dystrofii mięśniowej typu pierwszego (DM1)**

S. SEDEHIZADEH, M. WOJCIECHOWSKA, A. KETLEY, J.D. BROOK, P. MADDISON

We współpracy z partnerem zagranicznym (Uniwersytet Nottingham, Wielka Brytania) zbadano wzory splicingowe dwóch genów w mięśni szkieletowym *vastus lateralis*, pochodzącym od pacjentów z DM1 o różnym stopniu zaawansowania zmian chorobowych. Ponadto przeanalizowano czy te wzorce splicingu korelują z klinicznym fenotypem pacjentów oraz czy zmieniają się w czasie 18-miesięcznej obserwacji. W ten sposób dokonano oceny użyteczności zaburzonego splicingu tych genów jako biomarkerów DM1. Wyniki opublikowano w *Journal of Neurology*.

### **Przyczyny i konsekwencje retencji intronów w dojrzałych transkryptach w chorobach neurodegeneracyjnych**

A. KUMARI, S. SEDEHIZADEH, J.D. BROOK, P. KOZŁOWSKI, M. WOJCIECHOWSKA

We współpracy z partnerem zagranicznym (Uniwersytet Nottingham, Wielka Brytania) dokonano przeglądu mechanizmów zaangażowanych w proces kanonicznego i niekanonicznego usuwania intronów podczas splicingu pre-mRNA oraz konsekwencji retencji intronów w dojrzałych mRNA.



Przeanalizowano biologiczne znaczenie sekwencji intronowych dla rozwoju organizmów oraz w procesach chorobowych. W szczególności zwrócono uwagę na pulę intronów, które nie ulegają kanonicznej degradacji i funkcjonują w komórkach jako koliste cząsteczki RNA, których funkcja pozostaje niewyjaśniona. Wyniki opublikowano w *Human Genetics*.

### **Analiza ekspresji cyrkularnych RNA w trakcie 24-godzinnego cyklu światło-ciemność w jądrze nadskrzyżowaniowym mózgu myszy, głównym regulatorze rytmu okołodobowego**

A. IVANOV, D. MATTEI, K. RADSCHHEIT, A.-C. COMPAGNION, J.P. PETT, H. HERZEL, R.C. PAOLICELLI, M. PIWECKA, U. MEYER, D. BEULE

circRNA to duża klasa stabilnych cząsteczek RNA, które ulegają silnej ekspresji w mózgzach ssaków. Wiele circRNA powiązано z chorobami ośrodkowego układu nerwowego, którym często towarzyszą zaburzenia snu i czuwania. Naszym celem było ilościowe określenie dziennych zmian ekspresji circRNA w warunkach fizjologicznych w mózgzach zdrowych dorosłych zwierząt. Zidentyfikowaliśmy kilka tysięcy circRNA w korze mózgowej, hipokampie i jądrze nadskrzyżowaniowym (SCN), głównym regulatorze cyklu okołodobowego w mózgu ssaków, w różnych punktach czasowych zegara okołodobowego (ang. *circadian clock*). Spośród nich jeden circRNA – Cdr1as RNA – ulegał silnej ekspresji w SCN, a dodatkowo cząsteczka ta była regulowana w sposób cykliczny w tym ośrodku w mózgu. Odkryliśmy, że pomimo swojej wysokiej stabilności, Cdr1as wykazuje bardzo dynamiczną ekspresję w SCN w całym cyklu światło-ciemność (LD), a także znaczną regulację w hipokampie po wejściu w fazę ciemną. Na podstawie uzyskanych wyników postawiliśmy tezę, iż zmiany ekspresji Cdr1as w SCN, szczególnie podczas fazy ciemnej, są związane z przesunięciami fazowymi wywołanymi światłem. Wyniki opublikowano w *International Journal of Molecular Sciences*.

### **Analiza porównawcza badań oddziaływań RNA SARS-CoV-2 z białkami gospodarza**

M. KOLIŃSKI, E. KAŁUŻNA, M. PIWECKA

Jednym z ważnych nurtów badań w dobie pandemii wirusem SARS-CoV-2 było rozpoznanie czynników molekularnych w komórkach gospodarza, które są „przejmowane” przez materiał genetyczny wirusa i angażowane do propagowania infekcji. Kilka laboratoriów specjalizujących się w rozwoju narzędzi molekularnych do wysokoprzepustowej identyfikacji białek oddziałujących z RNA opublikowało w podobnym czasie wyniki badań na temat białek wiążących RNA (RBPs, ang. *RNA-binding proteins*) wirusa SARS-CoV-2. W Zakładzie Niekodujących RNA dokonano analizy porównawczej tych badań pod względem technologicznym, uzyskanych rezultatów, a także dokonano interpretacji części zbieżnych i rozbieżnych w opublikowanych pracach z naciskiem na ich znaczenie dla rozwoju przyszłych terapeutyków przeciw COVID-19. W szczególności, (1) wyróżniono grupy białek gospodarza, które zostały uchwycone we wszystkich analizach bez względu na różnice w metodyce badań, (2) wyróżniono białka RBP gospodarza, które zostały zidentyfikowane w sposób zależny od zastosowanej metodyki badań (np. niektóre metody są bardziej czułe w detekcji oddziaływań krótkotrwałych), (3) wskazano na komplementarność metod RAP-MS, ChIRP-MS i vRIC w generowaniu nowej wiedzy na temat realnych celów do opracowywania terapii przeciwwirusowych. Wyniki opublikowano w *Wiley Interdisciplinary Reviews-RNA*.

### **Opracowanie metody różnicowania lipidów wewnątrzkomórkowych z użyciem barwnika Błękitu Nilu**

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

W ludzkich komórkach występuje wiele typów lipidów (np. polarne, niepolarne, pochodne cholesterolu itp.), które mogą pełnić różnorodne funkcje biologiczne i/lub świadczyć o zmianach fizjologicznych i patologicznych. Niestety brakuje narzędzi, które pozwalałyby na badanie różnych rodzajów lipidów w żywych komórkach. W ramach współpracy wykazano, że znany barwnik, Błękit Nilu, pozwala na obrazowanie innych rodzajów/frakcji lipidowych niż klasycznie szeroko

stosowany barwnik Czerwień Nilu. Na tej podstawie opracowano także test molekularny do barwienia i segregowania różnych rodzajów typów komórek na podstawie cytometrii przepływowej i wykazano, że każdy z tych barwników selektywnie barwi inne frakcje lipidowe w komórkach. To osiągnięcie opisuje zatem zupełnie nowe i potrzebne narzędzie do badania lipidów przyżyciowo w komórkach, komplementarne do tych, które były dostępne dotychczas. Wyniki opublikowano w *Journal of Cell Science*.

### **Odkrycie i potwierdzenie ścieżki biosyntetycznej rubelin, metabolitów grzyba *Ramularia collo-cygni***

F. DUSSART, D. JAKUBCZYK

Grzyb *Ramularia collo-cygni* wywołuje poważną chorobę liści jęczmienia. Choroba ta powoduje straty plonu i jakości w wyniku zmniejszenia fotosyntezy. Plamistość liści powodowana przez tę chorobę związana jest z wtórną fitotoksycznością produkowanych przez *Ramularię* metabolitów zwanych rubelinami. Jednak do tej pory szlak biosyntetyczny rubelin nie został dokładnie zbadany. Rola tych metabolitów w chorobie jęczmienia również nie jest jeszcze znana. Łącząc narzędzia genetyczne i biochemiczne, zbadano genom *R. collo-cygni in silico*, w wyniku czego zidentyfikowano domniemany kłaster genów biosyntezy rubelin oraz potwierdzono eksperymentalnie obecność produktu pośredniego biosyntezy – tak zwanego chryzofanolu. Wyniki opublikowano w *International Journal of Molecular Sciences*.

### **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 głównym produktem jest N3-podstawiony, a produkt N1-podstawiony powstaje w mniejszości. Również reakcja 7-G z α-bromoaketonem 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 (<sup>1</sup>H, <sup>13</sup>C i <sup>15</sup>N) 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*.

### **Scharakteryzowanie zmian strukturalnych genomowego RNA podczas replikacji retrotranspozonów**

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

Prowadzone badania pozwoliły charakteryzować zmiany zachodzące w strukturze genomowego RNA retrotranspozonu podczas jego replikacji i podróży przez kompartmenty komórki. Ustalono i porównano strukturę drugorzędową gRNA Ty1 (5600 nt) w jądrze komórkowym, cytoplazmie oraz cząstkach wirusopodobnych. Zidentyfikowano preferencyjnie zachowawcze elementy strukturalne gRNA oraz te ulegające istotnym rearanżacjom podczas replikacji. Nowatorski charakter badań polegał na ukazaniu po raz pierwszy zależnych od kompartmentu komórki zmian w strukturze genomowego RNA retrotranspozonu / wirusa RNA. Wyniki opublikowano w *Viruses-Basel*.

## **Ekspansja genów ABCG w obrębie wybranych roślin kwiatowych jako przykład adaptacji do specyficznego tła biochemicznego oraz przystosowania do pełnienia nowych funkcji w roślinie**

J. BANASIAK, M. JASIŃSKI

Ekspansja białek ABC często wiązana jest z adaptacją roślin do lądowego trybu życia. Przeprowadzone przez nas analizy filogenetyczne pełnych białek ABCG sugerują, że ich ekspansja może być również wynikiem przystosowania do specyficznego tła biochemicznego i obecności określonych klas metabolitów wtórnych w poszczególnych grupach systematycznych roślin. Ponadto wraz z pojawieniem się nowych, swoistych funkcji w danej grupie roślin, obserwowany jest wzrost liczby genów ABCG. Przykładem tego jest ekspansja ABCG w obrębie kładu specyficznego dla roślin bobowatych, których funkcja wiązana jest, np. z transportem cytokinin podczas formowania symbiozy z bakteriami wiążącymi azot atmosferyczny. Wyniki opublikowano w *New Phytologist*.

## **Molekularne determinanty selektywnego transportu będącego udziałem roślinnych transporterów ABCG**

K. PAKUŁA, W. BIAŁA-LEONHARD, A. PAWELA, J. BANASIAK, M. JASIŃSKI

W układzie modelowym, jakim jest białko ABCG46 (pierwotnie opisane, jako ABCG10) z *Medicago truncatula*, zidentyfikowano elementy struktury, w tym aminokwasy o istotnym znaczeniu dla selektywności transportu względem kwasu p-kumarowego i likwiritigeniny. Zaproponowany podczas realizacji tego projektu modus operandi umożliwiający poszukiwanie takich zależności jest nowym/uniwersalnym podejściem łączącym szczególnie kontekst ewolucji roślinnych białek ABC wraz z wyspecjalizowanym metabolizmem. Stanowi on alternatywę/uzupełnienie dla np. badań krystalograficznych (te ostatnie mimo swojego ogromnego potencjału ciągle są mocno utrudnione dla hydrofobowych białek błonowych). Uzyskane wyniki pozwalają także na rozwój nowych płaszczyzn badawczych z uwzględnieniem inżynierii transporterów do nowych zastosowań dotyczących zarówno biotechnologii (celowana produkcja metabolitów), jak i agrobiotechnologii (modulacja szlaków). Zaproponowane podejście może znaleźć zastosowanie przy projektowaniu modyfikacji metabolitów roślinnych/leków celem zmian ich relacji z białkami ABC. Wyniki zawarto w manuskrypcie (*BioRxiv*) przyjętym do druku w *Cellular and Molecular Life Sciences*.

## **Struktura drugorzędowa genomowego segmentu 8 wirusa grypy typu A w warunkach komórkowych**

B. SZUTKOWSKA, K. WIECZOREK, R. KIERZEK, P. ZMORA, J.M. PETERSON, W.N. MOSS, D.H. MATHEWS, E. KIERZEK

Wirus grypy typu A (IAV) należy do rodziny jednoniciowych wirusów RNA (ssRNA). Pandemia wywołana wirusem SARS-CoV-2 pokazała, jak wielkie zagrożenie mogą stanowić inne wirusy RNA. Wirus grypy typu A ma jeszcze większy potencjał pandemiczny ze względu na częstość występowania mutacji w stosunkowo krótkim (<13 kbp) genomie, a także zdolność do reasortacji genetycznej. Wysoki potencjał pandemiczny wirusa grypy oraz fakt, że struktura wirusowego RNA jest powiązana z szeregiem jego funkcji biologicznych powoduje, że badanie struktur wirusowego RNA (vRNA) jest nie tylko bardzo interesujące, ale i konieczne. W opublikowanych badaniach zaproponowano strukturę drugorzędową segmentu 8 vRNA (vRNA8) A/California/04/2009 (H1N1) w obecności składników komórkowych i wirusowych. Otrzymana struktura RNA wykazuje podobieństwa ze strukturą *in vitro*. Określono lokalizację kilku dobrze zdefiniowanych, konserwatywnych dla typu A motywów strukturalnych vRNA8. Stwierdzono, że motywy strukturalne RNA fałdują się niezależnie od ich powinowactwa do wiązania się z nukleoproteiną (NP). Zidentyfikowano również kilka dostępnych miejsc dla narzędzi oligonukleotydowych i małych cząsteczek w vRNA8 w środowisku komórkowym, które mogą być celem hamowania replikacji

wirusa grypy A na poziomie RNA. Wyniki opublikowano w *International Journal of Molecular Sciences*.

### **Analiza procesów związanych z poliadenylacją transkryptów w kontekście chorób wywołanych ekspansjami ciągów powtórzeń**

P. JOACHIMIAK, A. CIESIOŁKA, G. FIGURA, A. FISZER

W ramach prowadzonych badań zebrano i podsumowano dotychczasową wiedzę na temat poliadenylacji oraz alternatywnej poliadenylacji w kontekście chorób powtórzeniowych takich jak HD, OPMD, czy DM 1. Ponadto w publikacji opisano różne metody eksperymentalne oraz bioinformatyczne pozwalające na określenie występowania miejsc poliadenylacji w konkretnych transkryptach oraz na prześledzenie zmian globalnej poliadenylacji. W oparciu o bazy danych, które zbierają informacje na temat miejsc alternatywnej poliadenylacji w ludzkich genach, przeprowadzono analizę miejsc poliadenylacji w transkryptach związanych z chorobami poliglutaminowymi, które mogą mieć potencjalne znaczenie dla patogenezy tych chorób. Wśród nich wyróżniono miejsca poliadenylacji, które znajdują się w tym samym egzonie, co ciąg powtórzeń, lub w sąsiadujących intronach. Aspekt ten ma znaczenie także w kontekście projektowania potencjalnych terapii dla chorób powtórzeniowych z wykorzystaniem np. ASO lub siRNA. Wyniki opublikowano w *Cells*.

### **Wykazanie niskiej częstości mutacji w genie MIR142 w nowotworach mieloproliferacyjnych i w przewlekłej białaczce limfocytowej**

P. GAŁKA-MARCINIAK, Z. KANDUŁA, A. TIRÉ, W. WĘGOREK, K. GWÓZDŹ-BAK, L. HANDSCHUH, M. GIEFING, K. LEWANDOWSKI, P. KOZŁOWSKI

Wykonano analizę występowania mutacji w genie MIR142, który jest najczęściej mutowanym genem miRNA w nowotworach, przy czym mutacje występują głównie w nowotworach krwi, zwłaszcza rozlanym chłoniaku z dużych komórek B (DLBCL). Analizie poddano ponad 900 próbek nowotworów krwi, w tym ~700 nowotworów mieloproliferacyjnych (tj. czerwienica prawdziwa – PV, nadpłytkowość swoista – ET, przewlekła białaczka szpikowa CML czy pierwotne zwłóknienie szpiku PMF), które nie były wcześniej pod tym kątem testowane. Uzyskane wyniki pozwoliły na zidentyfikowanie 3 mutacji w genie MIR142 w próbkach PMF oraz przewlekłej białaczki limfocytowej (CLL). Wykazano, że w przeciwieństwie do nowotworów limfoidalnych w nowotworach mieloproliferacyjnych mutacje w MIR142 występują rzadko, jednak na poziomie podobnym do obserwowanego wcześniej w przypadku CLL lub ostrej białaczki szpikowej (AML). Wyniki opublikowano w *Scientific Reports*.

### **Analiza wariantów sekwencji genów BARD1, PRDM9, RCC1 i RECQL u pacjentów z rakiem jajnika; opracowanie strategii analizy mutacji w genach „kandydatów” predyspozycji do zachorowania na nowotwory przy wykorzystaniu metody sekwencjonowania nowej generacji DNA połączonych w pule**

M. SUSZYŃSKA, M. RATAJSKA, P. GAŁKA-MARCINIAK, A. RYSZKOWSKA, D. WYDRA, J. DĘBNIAK, A. JASIAK, B. WASĄG, C. CYBULSKI, P. KOZŁOWSKI

Analizowano mutacje germinalne w genach *BARD1*, *PRDM9*, *RCC1* i *RECQL*, tj. „kandydatów” predyspozycji do zachorowania na raka jajnika, w materiale pochodzącym od 393 pacjentek z rakiem jajnika. Wykorzystano metodę sekwencjonowania nowej generacji DNA w pulach (pool-seq). W analizowanej grupie pacjentek z rakiem jajnika stwierdzono obecność 15 wariantów genetycznych typu cichego i zmiany sensu. Stwierdzono, że mutacje w analizowanych genach nie przyczyniają się istotnie do wzrostu ryzyka raka jajnika. Wykazano, że opracowana strategia sekwencjonowania pul DNA jest opłacalną i niezawodną metodą wstępnego badania przesiewowego genów „kandydatów”. Wyniki opublikowano w *Cancer Prevention Research*.

### **Wykazanie związku poziomu JAK2 i PD-L1 z przejściem z nadpłytkowości samoistnej (ET) do post-ET mielofibrozy oraz wykazanie braku zmian liczby kopii genów JAK2 i PDL1 u pacjentów z nadpłytkowością**

K. LEWANDOWSKI, Z. KANDUŁA, M. GNIOT, E. PACZKOWSKA, P.M. NAWROCKA, M. WOJTASZEWSKA, M. JANOWSKI, M. MARIAK, L. HANDSCHUH, P. KOZŁOWSKI

Przeprowadzono dogłębną analizę molekularną i kliniczną próbek krwi dużej liczby pacjentów z nadpłytkowością samoistną (ang. *essential thrombocythaemia*, ET) oraz post-ET mielofibrozą, czyli zwłóknieniem szpiku powstającym na skutek ET. Dzięki przeprowadzonej analizie wykazano obniżenie poziomu JAK2 i PDL1 u pacjentów z post-ET mielofibrozą w porównaniu do pacjentów z pierwotną ET. Obniżenie poziomu obu genów dodatkowo było związane ze stopniem zwłóknienia szpiku. Opracowano również test MLPA do analizy zmian liczby kopii w chromosomie 9 ze szczególnym uwzględnieniem genów JAK2, PDL1 (kodujący ligand PD-L1) i PDCDL1G2 (kodujący ligand PD-L2). Przeprowadzona analiza ~400 próbek ET nie wykazała zmian liczby kopii w regionie obejmującym wyżej wymienione geny. Wyniki opublikowano w *Annals of Hematology*.

### **Profilowanie subkomórkowej lokalizacji ekspresji genów kodujących białka mitochondrialne u danio pręgowanego**

B. USZCZYŃSKA-RATAJCZAK, S. SUGUNAN, M. KWIATKOWSKA, M. MIGDAŁ, S. CARBONELL-SALA, A. SOKOL, C.L. WINATA, A. CHACIŃSKA

Celem prowadzonych badań była analiza przestrzennej organizacji ekspresji genów kodujących białka mitochondrialne u danio pręgowanego (*Danio rerio*). Wyniki potwierdziły obecność mRNA kodowanych przez genom jądrowy na powierzchni mitochondriów. W warunkach natywnych transkrypty te głównie kodują duże białka o specyficznych właściwościach, np. zawierających domeny transbłonowe. Analiza ilościowa zmian transkryptomocnych wywoływanych przez mutację *chchd4a*<sup>-/-</sup>, która powoduje zaburzenia w imporcie białek do mitochondriów wykazała, że stres proteostatyczny dodatkowo redukuje populację transkryptów na powierzchni mitochondriów, umożliwiając tam jedynie syntezę największych i najbardziej ewolucyjnie zachowanych białek. Ponadto wiele transkryptów kodujących białka mitochondrialne, które ulegają translacji przez rybosomy cytozolowe, pozostaje odpornych na globalną redukcję translacji w wyniku stresu komórkowego. Otrzymane wyniki wykazały, iż kręgowce, w przeciwieństwie do drożdży, nie wykorzystują zlokalizowanej translacji w celu usprawnienia syntezy białek mitochondrialnych w warunkach stresu proteostatycznego. Wyniki opublikowano w *Life Science Alliance*.

### **Ustalenie wpływu jonów metali alkalicznych na aktywność SAHazy z cyjanobakterii**

P.H. MAŁECKI, B. IMIOŁCZYK, J.F. BARCISZEWSKI, J. CZYRKO-HORCZAK, J. ŚLIWIAK, M. GAWEŁ, WOŹNIAK KATARZYNA, M. JASKÓLSKI, K. BRZEZIŃSKI

Wykazano, że w przeciwieństwie do innych SAHaz, aktywność SAHazy z cyjanobakterii (SynSAHazy), jak i wiązanie substratu (adenozyny) przez enzym nie zależy od obecności lub braku kationów metali jednowartościowych. Z uwagi na duże podobieństwo miejsc wiążących substrat pomiędzy różnymi SAHazami a enzymem z cyjanobakterii rozwiązano strukturę krystaliczną SynSAHazy. Struktura krystaliczna wykazała nieznaczne różnice w budowie centrum aktywnego. Kluczową różnicą była obecność reszty Arg24 (zamiast Glu, jak w pozostałych SAHazach) w pobliżu potencjalnego miejsca koordynacji kationu. Zamiana ujemnie naładowanej grupy karboksylowej (Glu) na dodatnio naładowaną grupę guaidynową (Arg) powoduje odpychanie elektrostatyczne kationu, uniemożliwiając jego wiązanie. Wyniki opublikowano w *Acta Crystallographica Section D-Structural Biology*.

## Zidentyfikowanie składu molekularnego egzosomów surowicy, który różnicuje pacjentów z rakiem odbytnicy w zależności od odpowiedzi na przedoperacyjną radioterapię

U. STRYBEL, Ł. MARCZAK, M. ZEMAN, K. POLANSKI, Ł. MIELAŃCZYK, O. KLYMENKO, A. SAMELAK-CZAJKA, P. JACKOWIAK, M. SMOLARZ, M. CHEKAN, E. ZEMBALA-NOŻYŃSKA, P. WIDLAK, M. PIETROWSKA, A. WOJAKOWSKA

Zastosowane podejście multi-omiczne umożliwiło zidentyfikowanie białkowych i metabolicznych składników egzosomów, które różnicowały pacjentów pod względem odpowiedzi na przedoperacyjną radioterapię. Funkcjonalna analiza bioinformatyczna umożliwiła powiązanie związków różnicujących z procesami metabolicznymi i sygnałowymi, które ulegały zaburzeniu pod wpływem leczenia, w tym reakcje systemu immunologicznego, układ dopełniacza, funkcje płytek krwi, metabolizm glukozy i lipidów. Wykazano, że białkowe składniki egzosomów charakteryzowały się najwyższą siłą różnicowania pacjentów z rakiem odbytnicy różniących się odpowiedzią na przedoperacyjną radioterapię. Stąd proteomiczne składniki egzosomów wydają się być dobrym potencjalnym źródłem biomarkerów odpowiedzi na leczenie promieniami w miejscowo zawanowanym raku odbytnicy. Dodatkowo integracja danych metabolomicznych i proteomicznych prezentuje nowe spojrzenie na analizę globalnej odpowiedzi na leczenie nowotworu. Wyniki opublikowano w *Cancers*.

## Opracowanie metody wykorzystującej redukcję wymiarowości UMAP do wizualizacji i wspomaganie klasyfikacji danych z obrazowej cytometrii przepływowej

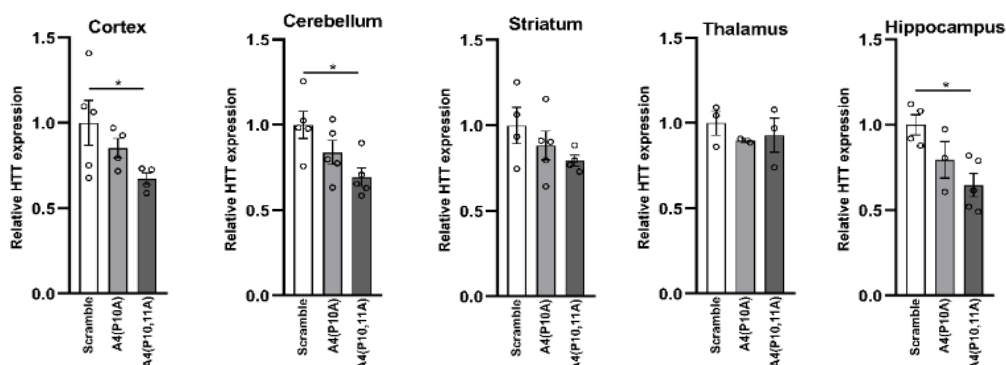
I. STOLAREK, A. SAMELAK-CZAJKA, M. FIGLEROWICZ, P. JACKOWIAK

Rozwój obrazowej cytometrii przepływowej (ang. *imaging flow cytometry*, IFC) zrewolucjonizował wysokoprzepustowe analizy pojedynczych komórek. IFC umożliwia ocenę heterogenności populacji i wykrywanie rzadkich zdarzeń, lecz generuje wielowymiarowe zestawy danych, wymagające innowacyjnych podejść analitycznych. Standardowe metody analizy danych IFC działają w sposób nadzorowany, wykorzystują ograniczony zasób zebranej informacji lub wymagają dużych zestawów danych referencyjnych. Opracowano metodę, w której po raz pierwszy zastosowano redukcję wymiarowości UMAP (ang. *uniform manifold approximation and projection*) do analizy różnych zestawów danych IFC. Wykorzystuje ona bezpośrednio dane obrazowe i nie wymaga wstępnej informacji na temat badanych obiektów. Wykazano jej przydatność do wizualizacji, wspomaganie klasyfikacji i znakowania obiektów w obrębie złożonych populacji. Zaproponowane podejście może być wykorzystywane samodzielnie lub w powiązaniu z algorytmami głębokiego uczenia. Wyniki opublikowano w *iScience*.

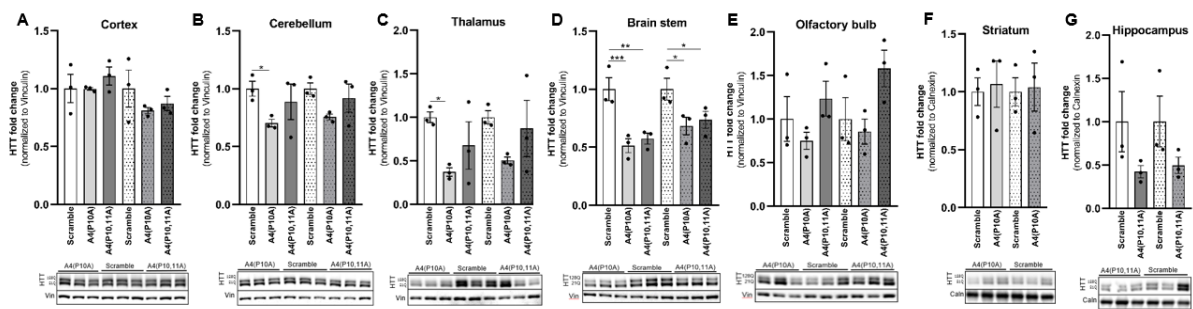
## Redukcja poziomu patologicznych genów i białek w chorobach poliQ za pomocą shRNA w formacie wektorowym PHP.eB

M. SURDYKA, Ż. KALINOWSKA-POŚKA, E. JESION, M. FIGIEL

Obniżono poziom białka polyQ w dwóch mysich modelach SCA3 Ki150/21 i HD Hu128/21 drogą iniekcji systemowych reagentów AAV-PHP.eB\_shA4(P10A), AAV-PHP.eB\_shA4(P10,11A).



Ryc 2. Ocena względnego poziomu ekspresji genu HTT w strukturach mózgu myszy po iniekcjach wektorem shA4(P10A), shA4(P10,11A) lub Scramble. Kruskal-Wallis,  $p < 0,05$



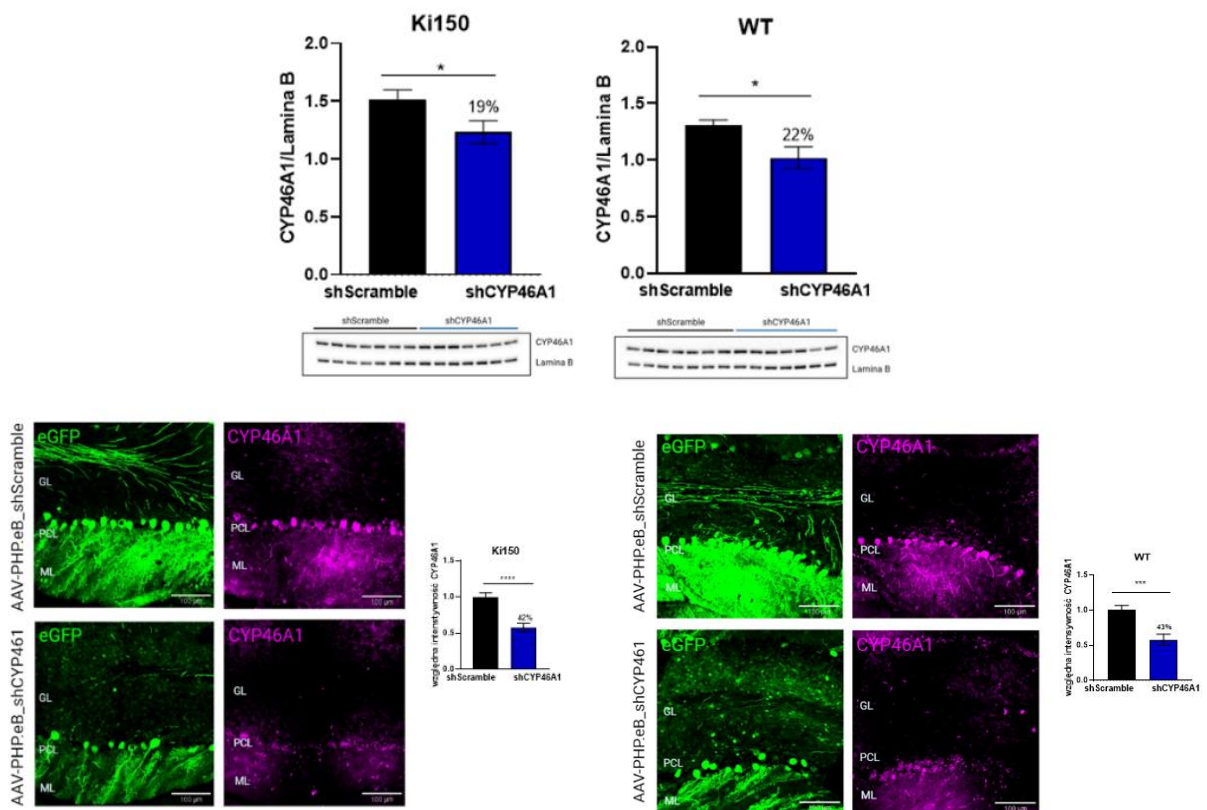
Ryc. 3. Zmiany poziomu białka HTT w regionach mózgu myszy HD. Analiza Wester-blot w izolatach białkowych struktur mózgowych myszy  $Hu^{128Q/21Q}$  nastrzykniętych AAV-PHP.eB z shA4(P10A) i A4(P10,11A) i scrambled ( $1.5 \times 10^{13}$  vg/kg). Two-Way ANOVA,  $p < 0,05$

Wykazano istotne statystycznie obniżenie poziomu ekspresji genu *HTT* i *ATXN3* w korze mózgowej, mózdzku i hipokampie po zastosowaniu reagentów shRNA (Ryc. 2). Reagenty shA4(P10A) i shA4(P10,11A) 15 tygodni po iniekcji spowodowały obniżenie zmutowanego białka w strukturach mózgu myszy HD i SCA3. Oba zastosowane reagenty shRNA wykazują działanie terapeutyczne w patogenezie chorób PolyQ (Ryc. 3). Wyniki opublikowano w *Journal of Neurology, Neurosurgery & Psychiatry*.

### Obniżenie poziomu CYP46A1 w mysim modelu ataksji rdzeniowo-mózdkowej typu 3 i myszach typu dzikiego

M. SURDYKA, E. JESION, Ż. KALINOWSKA-POŚKA, M. FIGIEL

Wykonano iniekcje wektorów wirusowych AAV-PHP.eB\_shCYP46A1 oraz kontrolnego AAV-PHP.eB\_shScramble do jąder głębokich mózdzku mysiego modelu SCA3 i modelu typu dzikiego WT. Po 19 tygodniach obserwowano zmianę patologicznego fenotypu na poziomie molekularnym.

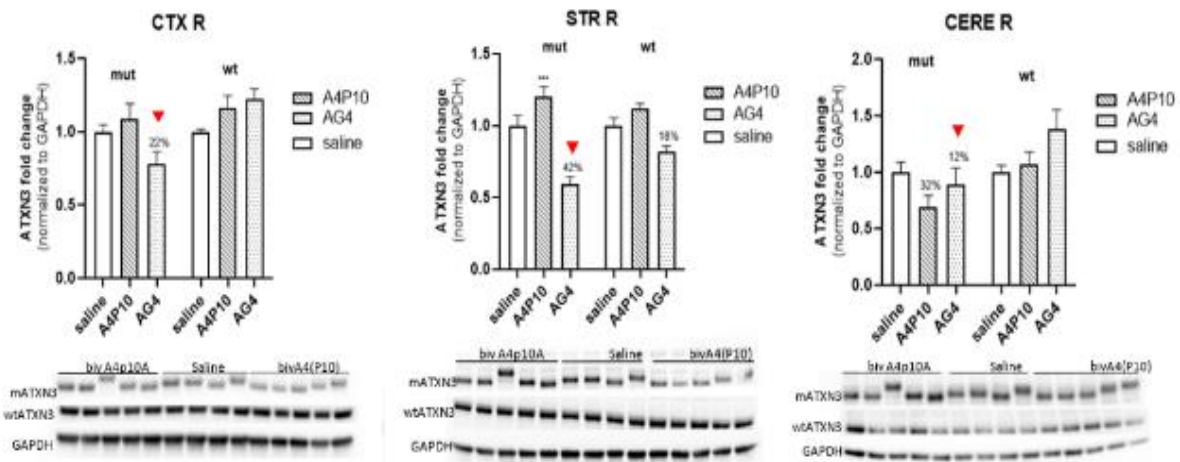


Ryc. 4. Poziom białka CYP46A1 w mózdzku myszy Ki150 i WT badany odpowiednio metodą qPCR, Western-blot i barwienia immunofluorescencyjnego. Iniekcje wektorem AAV-PHP.eB\_shCYP46A1 oraz AAV-PHP.eB\_shScramble do DCN w dawce  $2 \times 10^9$ vg/mysz. Test Mann-Whitneya,  $p < 0,05$

Odnotowano obniżenie ekspresji genu CYP46A1 w mózdku obu genotypów. Ponadto, istotnej statystycznie redukcji uległ poziom białka CYP46A1 oceniony dwoma metodami Western-blot i techniką barwienia immunofluorescencyjnego po 19 tygodniach od iniekcji stereotaktycznych. Uzyskane wyniki pozwalają wytypować CYP46A1 jako jeden z celów terapeutycznych ataksji rdzeniowo mózdkowej typu 3. Wyniki opublikowano w *Frontiers in Molecular Neuroscience*.

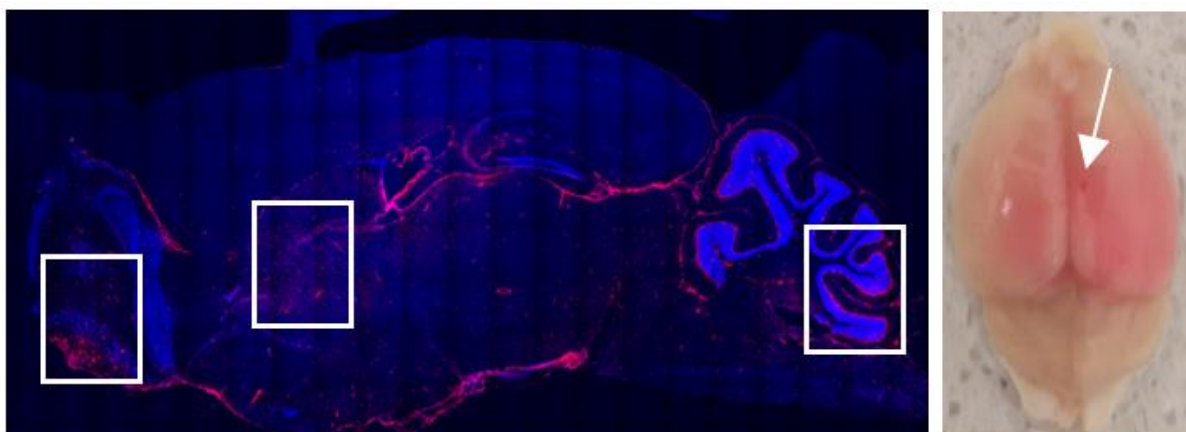
### Redukcja białka polyQ przy użyciu dwóch biwalentnych cząsteczek ASO w mysim modelu SCA3

U. KOZŁOWSKA, Ż. KALINOWSKA-POŚKA, M. SURDYKA, M. FIGIEL



Ryc. 5. Ocena poziomu białka ATXN3 w strukturach mózgu po iniekcjach dokomorowych biwalentnych reagentów AG4 i A4P10 w dawce 200 µg. Analizy Western-blot 4 tygodnie po iniekcjach

Uzyskano obniżenie zmutowanego białka ataksyny 3 w mysim modelu choroby SCA3 w wyniku iniekcji 200 µg biwalentnych reagentów AG4 i A4(P10) do komórek mózgowych. Terapeutyczne działanie reagentów obserwowano po 4 tygodniach od nastrzyknięć w najważniejszych z punktu widzenia patogenezy SCA3 strukturach mózgu, tj. korze, mózdku i prążkowie. Obserwowano odpowiednio 22, 12 i 42% obniżenie poziomu ATXN3 w wyniku działania biwalentnego reagentu AG4 (Ryc. 5). Ocenie poddano również dystrybucję reagentów w mysim mózgu (Ryc. 6). Wyniki opublikowano w *Journal of Neurology, Neurosurgery & Psychiatry*.



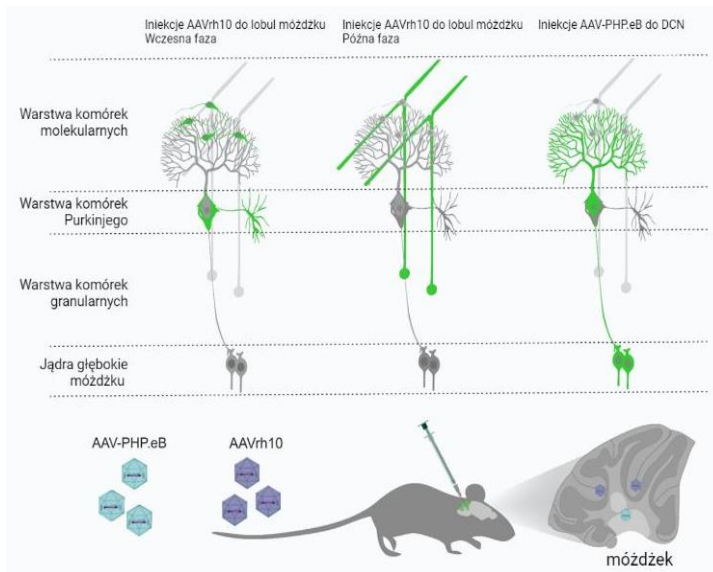
Ryc. 6. Dystrybucja biwalentnego reagentu A4P10 w mózgu myszy Ki150 4 tygodnie po iniekcji dokomorowej



## Opracowanie metody efektywnej i selektywnej transdukcji komórek Purkiniego dotkniętych patogenezą w SCA3 wektorem AAV-PHP.eB

M. SURDYKA, E. JESION, Ż. KALINOWSKA-POŚKA, M. FIGIEL

Opracowano sposób selektywnej transdukcji komórek Purkiniego drogą bezpośrednich iniekcji domózdzkowych wektorem wirusowym AAV-PHP.eB. Podanie obustronnie do jąder głębokich mózdzku myszy wektora wirusowego w ustalonej uprzednio dawce  $2 \times 10^9$  vg/mysz, po 4 i 7 tygodniach od iniekcji powodowało transdukcję  $93\% \pm 2\%$  ( $\pm$ SEM; N = 3 zwierząt) komórek Purkiniego. Odkrycie to pozwala na zastosowanie tej metody iniekcji w terapii genowej chorób, w których patogenezą dotknięte są komórki Purkiniego, w tym SCA3. Wyniki opublikowano w *Frontiers in Molecular Neuroscience*.

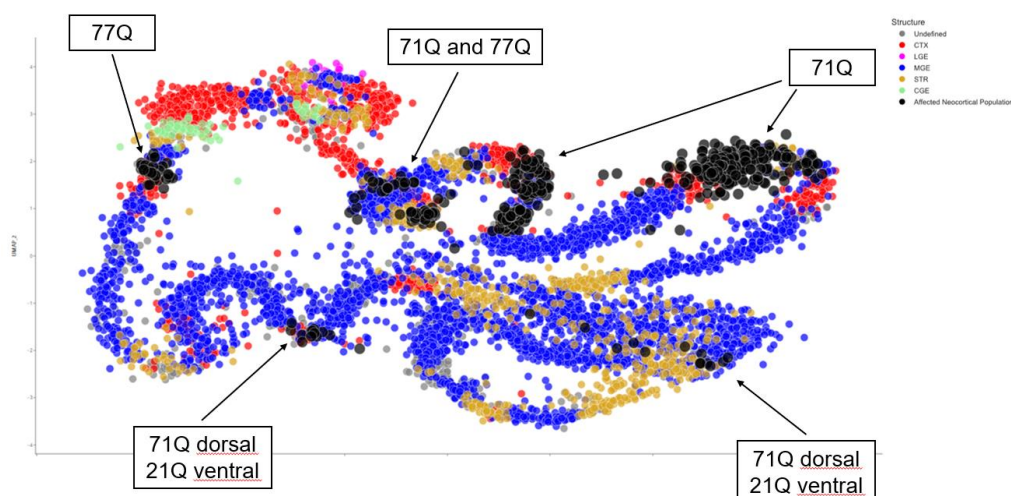


Ryc. 7. Schemat metody selektywnej i efektywnej transdukcji populacji komórek mózdzku wektorami wirusowymi AAVrh10 oraz AAV-PHP.eB

## Analiza RNA pojedynczych komórek (scRNA-seq) ludzkich organoidów mózgowych HD i identyfikacja subpopulacji komórkowej kory mózgowej ściśle związanej z młodzieńczą formą choroby Huntingтона

K. ŚWITOŃSKA-KURKOWSKA, J. KUBIŚ, M. FIGIEL

Przeprowadzono charakterystykę molekularną wygenerowanych z ludzkich komórek iPS organoidów mózgowych HD. Za pomocą takich metod jak qPCR czy immunohistochemia, potwierdzono ich różnicowanie do populacji komórkowych kory mózgowej i prążkowia.



Ryc. 8. Wykres UMAP uzyskany po analizie wyników scRNA-seq, uwidaczniający subpopulację komórkową kory nowej, której występowanie jest ściśle związane z młodzieńczą postacią choroby Huntingтона (kolor czarny)

Przeprowadzając eksperymenty qPCR, wykazano, że poziom transkryptów kilku markerów neuronalnych i glejowych jest zmieniony w młodzieńczych organoidach HD. Skonstruowano unikalny program JSEQ® i przeprowadzono analizę scRNA-seq organoidów, aby określić wczesne zmiany w komórkach HD podczas formowania się mózgu. Łącząc analizę scRNA-seq i JSEQ, zidentyfikowano kilka populacji komórek szczególnie dotkniętych młodzieńczą HD. Wyniki opublikowano w *Journal of Neurology, Neurosurgery & Psychiatry*.

### **Opisanie nowych aspektów rozpoznawania DNA przez czynnik transkrypcyjny WRKY grupy II poprzez badania strukturalne i funkcjonalne domeny wiążącej DNA AtWRKY18**

M. GRZECHOWIAK, A. RUSZKOWSKA, J. ŚLIWIAK, A. URBANOWICZ, M. JASKÓLSKI, M. RUSZKOWSKI

Czynniki transkrypcyjne (TF) WRKY stanowią jedną z największych rodzin roślinnych TF. W oparciu o organizację domen i motywów, WRKY TF są podzielone na trzy grupy (I-III). W modelowej roślinie *A. thaliana*, podgrupa WRKY IIa obejmuje trzech przedstawicieli, AtWRKY18, AtWRKY40 i AtWRKY60, którzy uczestniczą w reakcjach na stres biotyczny i abiotyczny. Otrzymano i opisano struktury krystaliczne domeny wiążącej DNA (DBD) samego AtWRKY18 oraz w kompleksie z dupleksem DNA. Wiadomo, że podgrupa IIa WRKY TF tworzy homo i heterodimery. Wyniki pokazały, że interfejs dimeryzacji pełnej długości AtWRKY18 obejmuje kontakty między podjednostkami DBD. Eksperymenty z wiązaniem DNA i analiza strukturalna wskazały na nowe aspekty rozpoznawania DNA przez WRKY TF. Wiązanie DNA deformuje podwójną helisę typu B, co sugeruje, że fragment DNA musi mieć skłonność do tworzenia określonej struktury. Co więcej, ta pierwsza eksperymentalna struktura grupy II WRKY TF pozwoliła porównać przedstawicieli WRKY grup I-III. Wyniki opublikowano w *International Journal of Biological Macromolecules*.

## **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. W roku sprawozdawczym nadal 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. Przewodniczącym grupy roboczej jest dr hab. Michał Sobkowski. W 2022 r. został złożony kolejny raport z wdrażania strategii HR w Instytucie, który uzyskał akceptację Komisji Europejskiej. W roku bieżącym będzie miała miejsce wizytacja ekspertów Komisji, w celu weryfikacji zmian jakie zaszły w ICHB PAN w ciągu 5 lat, odkąd Instytut uzyskał to prestiżowe wyróżnienie.

## Działalność statutowa

---

### Tematy statutowe realizowane w roku 2022

---

1. Zakład Biochemii RNA  
Kierownik: prof. dr hab. Jerzy Ciesiołka  
Temat: *Badania struktury i funkcji kwasów rybonukleinowych oraz białek z nimi oddziałujących* (K)
2. Zakład Biochemii Rybonukleinoprotein  
Kierownik: dr hab. Anna Kurzyńska-Kokorniak  
Temat: *Poszukiwanie nowych układów modelowych do badania oddziaływań białko-kwas nukleinowy* (K)
3. Zakład Bioinformatyki Strukturalnej  
Kierownik: prof. dr hab. Marta Szachniuk  
Temat: *Modele i algorytmy w bioinformatyce strukturalnej* (K)
4. Zakład Bioinżynierii Kwasów Nukleinowych  
Kierownik: dr hab. Anna Pasternak  
Temat: *Badania właściwości fizykochemicznych oraz biologicznych modyfikowanych oligonukleotydów o potencjale diagnostycznym oraz terapeutycznym* (K)
5. Zakład Biologii Medycznej  
Kierownik: prof. dr hab. Mirosława Naskręt-Barciszewska  
Temat: *Wykorzystanie zmodyfikowanych nukleotydów RNA i DNA w diagnostyce medycznej i biotechnologii* (K)
6. 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)
7. Zakład Biologii Obliczeniowej Niekodującego RNA  
Kierownik: dr hab. Barbara Uszczyńska-Ratajczak  
Temat: *Zastosowanie metod obliczeniowych do identyfikacji genów niekodujących białek w genomach kręgowców* (N)
8. Zakład Biologii Rozwoju  
Kierownik: dr hab. Takashi Miki  
Temat: *Mechanizmy i role degradacji RNA w rozwoju zwierząt* (K)
9. Zakład Biologii Strukturalnej Eukariontów  
Kierownik: dr hab. Miłosz Ruszkowski  
Temat: *Badania strukturalne białek i kwasów nukleinowych* (M)
10. Zakład Biologii Strukturalnej Organizmów Prokariotycznych  
Kierownik: dr hab. Krzysztof Brzeziński  
Temat: *Badania strukturalne makromolekuł oraz małocząsteczkowych związków bioaktywnych* (N)
11. Zakład Biomolekularnego NMR  
Kierownik: prof. dr hab. Zofia Gdaniec  
Temat: *Analiza struktury i dynamiki kwasów nukleinowych metodami biomolekularnego NMR* (K)

12. Zakład Biotechnologii Medycznej  
Kierownik: dr hab. Agnieszka Fiszer  
Temat: *Biologia RNA związanych z chorobami neurodegeneracyjnymi wywoływanymi ekspansją ciągów powtórzeń* (N)
13. Zakład Chemii Biopolimerów  
Kierownik: dr hab. Marcin K. Chmielewski  
Temat: *Synteza i analityka modyfikowanych biopolimerów* (K)
14. Zakład Chemii i Biologii Strukturalnej Kwasów Nukleinowych  
Kierownik: prof. dr hab. Ryszard Kierzek  
Temat: *Termodynamika modyfikowanych kwasów nukleinowych* (K)
15. Zakład Chemii Komponentów Kwasów Nukleinowych  
Kierownik: dr hab. Michał Sobkowski  
Temat: *Synteza, struktura i aktywność biologiczna komponentów kwasów nukleinowych i ich analogów* (K)
16. Zakład Chorób Rzadkich  
Kierownik: dr hab. Marzena Wojciechowska  
Temat: *Nowe biomarkery i podejścia terapeutyczne w chorobach rzadkich człowieka* (N)
17. Zakład Fizjologii Molekularnej Roślin  
Kierownik: prof. dr hab. Michał Jasiński  
Temat: *Badania mechanizmów transportu związków niskocząsteczkowych decydujących o cechach użytkowych roślin uprawnych* (M)
18. Zakład Genetyki Molekularnej  
Kierownik: prof. dr hab. Piotr Kozłowski  
Temat: *Opracowanie nowych metod, testów i strategii analiz genetycznych* (K)
19. Zakład Genomiki Roślin  
Kierownik: dr hab. Agnieszka Żmieńko  
Temat: *Identyfikacja i badanie roli wariantów strukturalnych w modelowych genomach roślinnych* (N)
20. Zakład Genomiki Strukturalnej RNA  
Kierownik: prof. dr hab. Elżbieta Kierzek  
Temat: *Uniwersalne elementy strukturalne w RNA wirusów grypy* (K)
21. Zakład Inżynierii Genomowej  
Kierownik: dr hab. Marta Olejniczak  
Temat: *Rozwijanie technologii edycji genomów oraz metod oceny jej efektywności i specyficzności* (K)
22. Zakład Metabolizmu RNA  
Kierownik: dr hab. Zbigniew Warkocki  
Temat: *Badanie roli białek wiążących RNA w metabolizmie RNA u człowieka* (K)
23. Zakład Metabolomiki Funkcjonalnej Roślin  
Kierownik: prof. dr hab. Paweł Bednarek  
Temat: *Metabolity wtórne w regulacji odpowiedzi immunologicznej na wzorce molekularne związane z patogenem* (K)
24. Zakład Neurobiologii Molekularnej  
Kierownik: dr hab. Maciej Figiel  
Temat: *Definiowanie nowych mechanizmów chorób neurodegeneracyjnych z użyciem mysich i komórkowych (iPSC) modeli chorób poliQ* (K)
25. Zakład Neuroonkologii Molekularnej  
Kierownik: dr hab. Katarzyna Rolle  
Temat: *Rola miRNA w guzach mózgu* (K)

26. Zakład Niekodujących RNA  
Kierownik: dr Monika Piwecka  
Temat: *Regulacja ekspresji genów na poziomie niekodujących RNA w układzie nerwowym ssaków* (K)
27. Zakład Proteomiki Biomedycznej  
Kierownik: dr hab. Magdalena Łuczak  
Temat: *Optymalizacja i zastosowanie przesiewowych i celowanych metod proteomicznych w badaniach biomedycznych* (K)
28. Zakład Sond Molekularnych i Proleków  
Kierownik: dr Jacek Kolanowski  
Temat: *Rozwój niskocząsteczkowych narzędzi molekularnych do zastosowań w badaniach biologicznych i środowiskowych* (K)
29. Zakład Struktury i Funkcji Biomolekuł  
Kierownik: prof. dr hab. Wojciech Rypniewski  
Temat: *Badania zależności między strukturą i funkcją biomolekuł* (K)
30. 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)
31. Zakład Transkryptomiki Funkcjonalnej  
Kierownik: dr hab. Kamilla Grzywacz  
Temat: *Charakterystyka mechanizmów molekularnych regulacji biosyntezy białka z udziałem cząsteczek RNA* (K)
32. Zakład Wirusologii Molekularnej  
Kierownik: dr Paweł Zmora  
Temat: *Oddziaływania pomiędzy patogenem a komórką gospodarza* (N)
33. Zespół Biogospodarki i Zrównoważonego Rozwoju  
Kierownik: dr Ewa Woźniak-Gientka  
Temat: *Biogospodarka i biotechnologia – aspekty ekonomiczne, społeczne i prawne* (M)
34. Zespół Biologii Integratywnej  
Kierownik: dr hab. Rafał Ciosk  
Temat: *Regulacja posttranskrypcyjna w procesach rozwojowych modelowych organizmów zwierzęcych* (K)

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

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

W roku sprawozdawczym działalność podstawową pracowni ICHB PAN wsparła dotacja na finansowanie kosztów związanych z utrzymaniem specjalnego urządzenia badawczego (SPUB), przyznana 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 2022 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 Ssaczy, Pracownia Bioinformatyki i Pracownia Diagnostyki Molekularnej WGW.

Ze środków dotacji w roku 2022 dokonano napraw i konserwacji sprzętu za łączną kwotę ponad 177 tys. zł. Ponad 135 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 częściowo koszty wynagrodzeń pracowników technicznych, za łączną kwotę 245 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.

W pracowniach ICHB PAN studenci poznańskich uczelni odbywali staże i praktyki studenckie oraz wykonywali prace dyplomowe. Pracownicy brali udział w wydarzeniach upowszechniających wiedzę, np. w Nocy Naukowców 2022.

# Opis działalności naukowej

---

## Zakład Bioinformatyki Strukturalnej

---

**Kierownik Zakładu: prof. dr hab. inż. Marta Szachniuk (STATUT)<sup>1</sup>**

### Skład osobowy<sup>2</sup>

Pracownicy naukowcy:

dr inż. Marcin Radom (0,25 STATUT/0,25 GRANTY)

dr hab. inż. Maciej Antczak (0,1 STATUT/0,5 GRANTY)

Pracownicy techniczni:

dr inż. Paweł Boiński (0,5 GRANTY)

dr Mariusz Popena (0,25 GRANTY)

dr hab. inż. Agnieszka Rybarczyk (0,25 STATUT/0,25 GRANTY)

dr Joanna Sarzyńska (0,75 STATUT/0,25 GRANTY)

mgr inż. Jarosław Synak (0,5 GRANTY)

Profesorowie emerytowani:

prof. dr hab. inż. Jacek Błazewicz

### Temat statutowy Zakładu

---

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

### Opis prowadzonej działalności naukowej finansowanej z subwencji i projektów

#### *Cel badań*

1. Analiza, adnotacja i wizualizacja struktur tetrad i kwadrupleksów w cząsteczkach RNA/DNA.
2. Opracowanie bazy danych multipętli RNA, które można zastosować podczas modelowania homologicznego.
3. Analiza splątań elementów strukturalnych w strukturach 3D RNA.
4. Opracowanie nowych algorytmów pozwalających na precyzyjne, elastyczne i wydajne dopasowywanie struktur 3D RNA.
5. Optymalizacja parametrów pola siłowego Amber dla modyfikowanych reszt RNA w celu modelowania cząsteczek RNA zawierających modyfikacje.
6. Określenie wpływu modyfikacji na strukturę i stabilność termodynamiczną cząsteczek RNA.
7. Modelowanie struktur 3D RNA w konkursach RNA-Puzzles i CASP-RNA.

#### *Opis zrealizowanych prac*

1. Stworzono aplikację do tworzenia diagramów warstwowych kwadrupleksów.
2. Zaimplementowano RNAloops – bazę danych multipętli RNA.
3. Opracowano narzędzie RNAspider do identyfikacji, klasyfikacji i wizualizacji splątań w strukturach RNA.
4. Zaimplementowano dwa algorytmy dopasowania struktur 3D RNA.
5. Przygotowano parametry pola siłowego Amber dla N7-guanozyny (N7G) w czterech formach tautomerycznych. Określono parowanie N7G z G oraz A w dupleksie za pomocą symulacji MD, uzyskane wyniki posłużyły do interpretacji danych termodynamicznych oraz NMR.

---

<sup>1</sup> W nawiasach podane źródło finansowania pracowników.

<sup>2</sup> Stan na 31.12.2022 r.

6. Przewidziano parametry termodynamiczne najbliższego sąsiedztwa (NN) dla różnych par zasad zawierających U,  $\Psi$  and m1 $\Psi$  (modyfikacja zastosowana w szczepionce przeciw SARS-CoV-2 przez Pfizer i Moderna).
7. Przewidziano 61 modeli dla 12 sekwencji docelowych RNA w ramach konkursu CASP-RNA oraz 43 modele dla 5 sekwencji docelowych w ramach konkursu RNA-Puzzles.

### The description of research activity funded by the statutory subsidy and grants

#### *The research goals*

1. Analysis, annotation and visualization of tetrad and quadruplex structures in RNA/DNA molecules.
2. Development of a database of RNA multiloops that can be used in homology modeling.
3. Analysis of entanglements of structural elements in 3D RNA structures.
4. Development of new algorithms that allow for precise, flexible and efficient alignment of 3D RNA structures.
5. Optimization of Amber force field parameters for modified RNA residues to model RNA molecules containing modifications.
6. Investigation of the effect of modifications on the structure and thermodynamic stability of RNA molecules.
7. Modeling of 3D RNA structures in RNA-Puzzles and CASP-RNA competitions.

#### *Description of the work carried out, the most important achievements and the usage of the obtained results*

1. An application to create layer diagrams of quadruplexes was developed.
2. RNAloops, a database of RNA multiplexes, was implemented.
3. RNAspider tool for identifying, classifying and visualizing entanglements in RNA structures was developed.
4. Two algorithms for an alignment of 3D RNA structures were implemented.
5. Amber force field parameters were prepared for N7-guanosine (N7G) in four tautomeric forms. The base pairing of N7G with G and A in the duplex was determined using MD simulations. The results were used to interpret thermodynamic and NMR data.
6. The thermodynamic parameters of the Nearest neighbor (NN) were predicted for different base pairs containing U,  $\Psi$  and m1 $\Psi$  (modification used in SARS-CoV-2 vaccine by Pfizer and Moderna).
7. 61 models for 12 RNA targets were predicted in the CASP-RNA experiment, and 43 models for 5 targets in the RNA-Puzzles experiment.

### Publikacje

1. T. Zok, N. Kraszewska, J. Miskiewicz, P. Pielacinska, M. Zurkowski, **M. Szachniuk**  
ONQUADRO: a database of experimentally determined quadruplex structure  
*NUCLEIC ACIDS RESEARCH* 2022, 50, D253–D258
2. F. Carracoza, **M. Antczak**, Z.C. Miao, E. Westhof, **M. Szachniuk**  
Evaluation of the stereochemical quality of predicted RNA 3D models in the RNA-Puzzles submissions  
*RNA* 2022, 28, 250–262
3. K. Luwanski, V. Hluschenko, M. Popena, T. Zok, **J. Sarzynska**, D. Martsich, **M. Szachniuk**, **M. Antczak**  
RNAspider: a webserver to analyze entanglements in RNA 3D structures  
*NUCLEIC ACIDS RESEARCH* 2022, 50, W663–W669
4. B. Adamczyk, **M. Antczak**, **M. Szachniuk**  
RNAsolo: a repository of cleaned PDB-derived RNA 3D structures  
*BIOINFORMATICS* 2022, 38, 3668–3670



5. J. Wiedemann, J. Kaczor, **M. Milostan, J. Blazewicz, M. Szachniuk, M. Antczak**  
RNAloops: a database of RNA multiloops  
*BIOINFORMATICS* 2022, 38, 4200–4205
6. M. Zurkowski, T. Zok, **M. Szachniuk**  
DrawTetrado to create layer diagrams of G4 structures  
*BIOINFORMATICS* 2022, 38, 3835–3836
7. **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* 2022, 40, 3038–3045
8. **J. Gumna, M. Antczak, R.W. Adamiak**, J.M. Bujnicki, S.J. Chen, F. Ding, P. Ghosh, J. Li, S. Mukherjee, C. Nithin, **K. Pachulska-Wieczorek**, A. Ponce-Salvatierra, **M. Popenda, J. Sarzynska**,  
T. Wirecki, D. Zhang, S. Zhang, T. Zok, E. Westhof, Z. Miao, **M. Szachniuk, A. Rybarczyk**  
Computational Pipeline for Reference-Free Comparative Analysis of RNA 3D Structures  
Applied to SARS-CoV-2 UTR Models  
*INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES* 2022, 23, 9630
9. D. Formanowicz, **M. Radom, A. Rybarczyk**, K. Tanas, **P. Formanowicz**  
Control of Cholesterol Metabolism Using a Systems Approach  
*BIOLOGY – BASEL* 2022, 11, 430
10. B. Szawulak, **M. Radom**, P. Formanowicz  
Comparing Petri net-based models of biological systems using Holmes  
*BIOINFORMATICS* 2022, 38, 4652–4653
11. J. Synak, **A. Rybarczyk**, J. Blazewicz  
RNA World Modeling: A Comparison of Two Complementary Approaches  
*ENTROPY* 2022, 24, 536
12. 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 COMPUTER-AIDED MOLECULAR DESIGN* 2022, 36, 205–224
13. N. Dutta, I. Deb, **J. Sarzynska**, A. Lahiri  
Inosine and its methyl derivatives: Occurrence, biogenesis, and function in RNA  
*PROGRESS IN BIOPHYSICS & MOLECULAR BIOLOGY* 2022, 169–170, 21–52
14. Y. Wang, X. Han, Y. Zhang, **J. Blazewicz**  
An improved approximation algorithm for a scheduling problem with transporter coordination  
*JOURNAL OF SCHEDULING* 2022, 38, 4466–4473

#### Prace przyjęte do druku

1. **K. Pakula**, C. Sequeiros-Borja, **W. Biala-Leonhard, A. Pawela, J. Banasiak**, A. Bailly,  
**M. Radom**, M. Geisler, J. Brezovsky, **M. Jasinski**  
Restriction of access to the central cavity is a major contributor to substrate selectivity in  
plant ABCG transporters  
zamieszczony w *BIORXIV* DOI: 10.1101/2022.08.16.503940
2. **A. Rybarczyk**, T. Lehmann E. Iwanczyk-Skalska, W. Juzwa, A. Plawski, K. Kopciuch,  
**J. Blazewicz**, P.P. Jagodzinski  
In silico and in vitro analysis of the impact of single substitutions within EXO-motifs on Hsa-  
MiR-1246 intercellular transfer in breast cancer cell  
*JOURNAL OF APPLIED GENETICS*, DOI: 10.1007/s13353-022-00730-y
3. R. Pal, I. Deb, **J. Sarzynska**, A. Lahiri  
LNA-induced dynamic stability in a therapeutic aptamer: insights from molecular dynamics  
simulations  
*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)<sup>3</sup>**

### **Skład osobowy<sup>4</sup>**

Pracownicy naukowi:

dr Natalia Koralewska (0,05 STATUT/0,95 GRANTY)  
dr Małgorzata Marcinkowska-Swojak (0,05 STATUT/0,95 GRANTY)  
dr Lucyna Budźko (0,05 STATUT/0,95 GRANTY)  
dr Ireneusz Stolarek (0,05 STATUT/0,95 GRANTY)  
dr Urszula Kozłowska (GRANTY)

Pracownicy techniczni:

dr Magdalena Alejska (0,1 STATUT/0,9 GRANTY)  
mgr Marcin Osuch (GRANTY)  
mgr Paulina Szarek (GRANTY)  
mgr Aleksandra Mierzwa (GRANTY)  
mgr Aleksandra Czwojdrak (GRANTY)  
Szymon Melewski (GRANTY)  
dr Marcin Jukiewicz (0,5 GRANTY)  
dr Mikołaj Zaborowski (0,5 GRANTY)

Doktoranci:

mgr inż. Karolina Hoffa-Sobiech (0,05 STATUT/0,95 GRANTY)  
mgr inż. Cezary Odrzygóźdź (GRANTY)  
mgr Katarzyna Nowis (GRANTY)  
mgr inż. Michał Zeńczak (GRANTY)  
mgr Joanna Delimata (GRANTY)  
mgr Jarosław Sikora (GRANTY)  
mgr inż. Alicja Komur (STATUT/0,5 GRANTY)

### **Pracownia Hodowli Komórkowych i Tkankowych**

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

Pracownicy naukowi:

dr Jarosław Lewandowski (0,05 STATUT/0,95 GRANTY)

Pracownicy techniczni:

dr Mariola Piślewska-Bednarek (0,1 STATUT/0,9 GRANTY)  
Hanna Glapiak (0,25 STATUT)  
Magdalena Puszczuk (0,1 STATUT/0,9 GRANTY)  
mgr Łukasz Ciecierski (GRANTY)

### **Pracownia Genomiki**

Kierownik: dr hab. Luiza Handschuh, prof. ICHB PAN (STATUT)

Pracownicy naukowi:

dr Paweł Wojciechowski (0,5 STATUT)

Pracownicy techniczni:

dr Jan Podkowiński (GRANTY)  
mgr Magdalena Rakoczy (GRANTY)  
mgr Barbara Mirska (GRANTY)

---

<sup>3</sup> W nawiasach podane źródło finansowania pracowników.

<sup>4</sup> Stan na 31.12.2022 r.

**Pracownia Analiz Pojedynczych Komórek** (pracownię powołano 01.01.2022 r.)  
Kierownik: dr hab. Paulina Jackowiak, prof. ICHB PAN (0,03 STATUT/0,97 GRANTY)

Pracownicy techniczni:

dr Anna Samelak-Czajka (GRANTY)  
mgr Magdalena Trybus (0,125 STATUT/0,875 GRANTY)

Doktoranci:

mgr inż. Małgorzata Marszałek-Zeńczak (0,5 STATUT/0,5 GRANTY)  
mgr Annasha Dutta (stypendium NCN)  
mgr Anastasiia Zaremba (stypendium NCN)

## Tematy statutowe Zakładu

1. Genomika człowieka i jej wykorzystanie w badaniach biomedycznych (K) (prof. dr hab. Marek Figlerowicz)
2. Badania molekularne i systemowe procesu regeneracji i wymiany komórek (K) (prof. dr hab. Marek Figlerowicz)

### Opis prowadzonej działalności naukowej finansowanej z subwencji i projektów

#### *Cel badań*

Celem prowadzonych badań było: (i) poznanie molekularnych podstaw procesu regeneracji, różnicowania i wymiany komórek oraz (ii) rozwój nowych układów modelowych znajdujących zastosowanie w biologii molekularnej i systemowej.

#### *Opis zrealizowanych prac*

W ramach badań statutowych procesu regeneracji i wymiany komórek zidentyfikowano i wstępnie scharakteryzowano trzy białka z rodziny SID-1 zaangażowane w międzykomórkowy transport RNA u *Schmidtea mediterranea*. W projekcie OPUS (Pracownia Analiz Pojedynczych Komórek) ukierunkowanym na identyfikację niekodujących RNA zaangażowanych w rozwój linii komórek *S. mediterranea* podczas regeneracji, scharakteryzowano pulę krótkich niekodujących RNA oraz zmiany w ekspresji genów u wypławków z wyciszoną ekspresją wybranych rybonukleaz. W ramach projektu LIDER opracowano alternatywną dla konwersji wodorosiarczynowej metodę rozróżnienia cytozyny od jej modyfikowanych pochodnych. Metoda ta wykorzystuje reakcję katalizowaną przez białko APOBEC3A. Wykazano również, że białko to deaminuje 5-mC w RNA. Jest to pierwszy przykład potwierdzający możliwość praktycznego wykorzystania białek APOBEC w badaniach modyfikacji RNA. W ramach wielośrodkowej współpracy międzynarodowej wykazano, że włókna F-aktyny stanowią organiczny szablon, na którym budowane są złożone szkielety krzemionkowe gąbek. W strukturach tych występują najdłuższe i najgrubsze wiązki włókien aktynowych, jakie dotychczas zidentyfikowano.

### The description of research activity funded by the statutory subsidy and grants

#### *The research goals*

The major aims of our studies were: (i) to determine the molecular basis of the process of regeneration, cell differentiation and turnover, and (ii) to develop new model systems applicable to molecular and systems biology.

#### *Description of the work carried out, the most important achievements and the usage of the obtained results*

The statutory research of the process of cell regeneration and turnover lead to the identification and preliminary characterization of three SID-1 family proteins involved in intercellular RNA transport in *Schmidtea mediterranea*. Under the OPUS project (Laboratory of Single Cell Analyses), focused on non-coding RNAs involved in the development of the *S. mediterranea* cell lineages during regeneration, a pool of short non-coding RNAs and the changes in the profile of gene expression in planarians with silenced selected ribonuclease genes were characterized. Under the

LIDER project, a new method for distinguishing cytosine from its modified derivatives was developed. The method being alternative to the bisulphite conversion, is based on a reaction catalyzed by the APOBEC3A protein. The latter has also been shown to deaminate 5-mC in RNA. This was the first example indicating that APOBEC proteins can be applied in RNA modification research. As a result of a multicenter international collaboration, it has been shown that F-actin filaments constitute an organic template on which the complex silica skeletons of sponges are built. These structures contain the longest and thickest bundles of actin filaments that have been identified so far.

## Publikacje

---

1. **A. Zmienko, P. Wojciechowski, M. Figlerowicz**  
Editorial: Resolving the Complexity of Plant Genomes and Transcriptomes With Long Reads  
*FRONTIERS IN PLANT SCIENCE* 2022, 12, 832257
2. **M. Ruszkowski, A. Strugala, P. Indyka, G. Tresset, M. Figlerowicz, A. Urbanowicz**  
Cryo-EM reconstructions of BMV-derived virus-like particles reveal assembly defects in the icosahedral lattice structure  
*NANOSCALE* 2022, 14, 3224–3233
3. H. Ehrlich, **M. Luczak**, R. Ziganshin, I. Miksik, M. Wysokowski, P. Simon, I. Baranowska-Bosiacka, P. Kupnicka, A. Ereskovsky, R. Galli, S. Dyshlovoy, J. Fisher, K.R. Tabachnick, I. Petrenko, T. Jesionowski, A. Lubkowska, **M. Figlerowicz**, V.N. Ivanenko, A.P. Summers  
Arrested in Glass: Actin within Sophisticated Architectures of Biosilica in Sponges  
*ADVANCED SCIENCE* 2022, 9, 2105059
4. **N. Szostak**, A. Szymanek, J. Havranek, **K. Tomela, M. Rakoczy, A. Samelak-Czajka, M. Schmidt, M. Figlerowicz**, J. Majta, K. Milanowska-Zabel, **L. Handschuh, A. Philips**  
The standardisation of the approach to metagenomic human gut analysis: from sample collection to microbiome profiling  
*SCIENTIFIC REPORTS* 2022, 12, 8470
5. E. Morawiec, M. Miklasinska-Majdanik, J. Bartosiewicz-Wasik, R.D. Wojtyczka, D. Swolana, **I. Stolarek**, M. Czerwinski, A. Skubis-Sikora, M. Samul, A. Polak, C. Kruszniewska-Rajs, A. Pudelko, **M. Figlerowicz**, A. Bednarska-Czerwinska, T.J. Wasik  
From Alpha to Delta-Genetic Epidemiology of SARS-CoV-2 (hCoV-19) in Southern Poland  
*PATHOGENS* 2022, 11, 780
6. **I. Stolarek, A. Samelak-Czajka, M. Figlerowicz, P. Jackowiak**  
Dimensionality reduction by UMAP for visualizing and aiding in classification of imaging flow cytometry data  
*SCIENCE* 2022, 25, 105142
7. K.A. Ambrozkiwicz, **U. Kozłowska**, V. Haesler, E.R. Barnea, M. Mueller, M. Kurpisz  
Murine glial progenitor cells transplantation and synthetic Preimplantation Factor (sPIF) reduces inflammation and early motor impairment in ALS mice  
*SCIENTIFIC REPORTS* 2022, 12, 4016
8. **U. Kozłowska**, C. Nicols, **K. Wiatr, M. Figiel**  
From psychiatry to neurology: Psychedelics as prospective therapeutics for neurodegenerative disorders  
*JOURNAL OF NEUROCHEMISTRY* 2022, 162, 89–108
9. D. Pietkiewicz, S. Plewa, **M. Zaborowski**, T.J. Garrett, E. Matuszewska, Z.J. Kokot, J. Matysiak  
Mass spectrometry imaging in gynecological cancers: the best is yet to come  
*CANCER CELL INTERNATIONAL* 2022, 22, 414
10. **A. Piasecka, A. Sawikowska, N. Jedrzejczak-Rey, M. Pislewska-Bednarek, P. Bednarek**  
Targeted and Untargeted Metabolomic Analyses Reveal Organ Specificity of Specialized Metabolites in the Model Grass *Brachypodium distachyon*  
*MOLECULES* 2022, 27, 5956

11. **P. Galka-Marciniak**, Z. Kandula, **A. Tire**, **W. Wegorek**, K. Gwozdz-Bak, **L. Handschuh**, M. Giefing, K. Lewandowski, **P. Kozłowski**  
Mutations in the miR-142 gene are not common in myeloproliferative neoplasms  
*SCIENTIFIC REPORTS* 2022, 12, 10924
12. K. Lewandowski, Z. Kandula, M. Gniot, E. Paczkowska, P.M. Nawrocka, M. Wojtaszewska, M. Janowski, M. Mariak, **L. Handschuh**, **P. Kozłowski**  
Essential thrombocythaemia progression to the fibrotic phase is associated with a decrease in JAK2 and PDL1 levels  
*ANNALS OF HEMATOLOGY* 2022, 101, 2665–2677
13. **U. Strybel**, **L. Marczak**, M. Zeman, K. Polanski, L. Mielanczyk, O. Klymenko, **A. Samelak-Czajka**, **P. Jackowiak**, M. Smolarz, M. Chekan, E. Zembala-Nozynska, P. Widlak, M. Pietrowska, **A. Wojakowska**  
Molecular Composition of Serum Exosomes Could Discriminate Rectal Cancer Patients with Different Responses to Neoadjuvant Radiotherapy  
*CANCERS* 2022, 14, 993
14. **C. Odrzygóźdź**, W. Kielbasinski  
Ocena śródkresowa doktorantów [w:] Szkoły Doktorskie. Aktualne problemy i wyzwania, red. J. Olszewski, J. Szczepowski, A. Wilk, L. Kominek, 2022, 107–124
15. **C. Odrzygóźdź**, W. Kielbasinski  
Indywidualny plan badawczy  
[w:] Szkoły Doktorskie. Aktualne problemy i wyzwania, red. J. Olszewski, J. Szczepowski, A. Wilk, L. Kominek, 2022, 89–105
16. **C. Odrzygóźdź**  
Zewnętrzne źródła finansowania badań naukowych doktorantów  
[w:] Szkoły Doktorskie. Aktualne problemy i wyzwania, red. W. Kielbasinski, M. Dorochołowicz, Wydawnictwo Naukowe UMK, 2022, 65–76

#### Prace przyjęte do druku

1. **M. Marszałek-Zenczak**, **A. Satyr**, **P. Wojciechowski**, **M. Zenczak**, **P. Sobieszczanska**, **K. Brzezinski**, T. Iefimenko, **M. Figlerowicz**, **A. Zmienko**  
Copy number variations shape the structural diversity of Arabidopsis metabolic gene clusters and are associated with the climatic gradient  
zamieszczony w *BIORXIV*, DOI: 10.1101/2022.09.05.506152
2. **P. Czerniawski**, **M. Pislewska-Bednarek**, **A. Piasecka**, **K. Kulak**, **P. Bednarek**  
Loss of MYB34 Transcription Factor Supports the Backward Evolution of Indole Glucosinolate Biosynthesis in a Subclade of the Camelinae Tribe and Releases the Feedback Loop in This Pathway in Arabidopsis  
*PLANT AND CELL PHYSIOLOGY*, DOI: 10.1093/pcp/pcac142
3. J. Michalski, **C. Odrzygózdź**, P. Mester, D. Narozna, T. Clapa  
Defeat undefeatable: Ionic liquids as novel antimicrobial agents  
*JOURNAL OF MOLECULAR LIQUIDS*, DOI: 10.1016/j.molliq.2022.120782

#### Projekty realizowane w Zakładzie i Pracowniach w 2022 r.

1. Kompleksowa analiza transkryptomu *Schmidtea mediterranea* – identyfikacja niekodujących RNA zaangażowanych w rozwój linii komórkowych podczas regeneracji; (OPUS)  
Kierownik projektu: dr hab. Paulina Jackowiak
2. Psychodeliki jako potencjalne terapeutyki w chorobach neurodegeneracyjnych – badanie w modelu mysim ataksji mózdkowo-rdzeniowej typu 3; (SONATINA) – projekt realizowany w konsorcjum; lider projektu: ICHB PAN  
Kierownik projektu: dr Urszula Kozłowska

3. Wykorzystanie enzymów AID/APOBEC w mapowaniu modyfikacji cytozyny w kwasach nukleinowych; (LIDER)

*Kierownik projektu: dr Lucyna Budzko*

4. ECBiG – Europejskie Centrum Bioinformatyki i Genomiki; (POIR) – projekt realizowany w konsorcjum; lider projektu: ICHB PAN

*Kierownik projektu: prof. dr hab. Marek Figlerowicz*

5. 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*

6. ECBiG – Europejskie Centrum Bioinformatyki i Genomiki – MOSAIC; (POIR) – projekt realizowany w konsorcjum; lider projektu: ICHB PAN

*Kierownik projektu: prof. dr hab. Marek Figlerowicz*

7. REGIONAL COVID-HUB; (WRPO 2014+)

*Kierownik projektu: prof. dr hab. Marek Figlerowicz*

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-OPENSCREEN ERIC) – projekt realizowany w konsorcjum „POL-OPENSCREEN”; 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*

9. 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: mgr Katarzyna Rusin)

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

## **Zakład Biomolekularnego NMR**

---

**Kierownik Zakładu: prof. dr hab. Zofia Gdaniec (STATUT)<sup>5</sup>**

### **Skład osobowy<sup>6</sup>**

Pracownicy naukowcy:

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 (0,8 STATUT/0,2 GRANTY)

Doktoranci:

mgr Aleksandra Cioch-Binaś (stypendium NCN)

mgr Aleksandra Pawłowicz (stypendium NCN)

mgr Amadeusz Woś (stypendium NCN)

mgr Ewa Połomska (stypendium NCN)

---

<sup>5</sup> W nawiasach podane źródło finansowania pracowników.

<sup>6</sup> Stan na 31.12.2022 r.

## Pracownia NMR

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

Pracownicy techniczni:

mgr Anna Teubert (STATUT)

## Temat statutowy Zakładu

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

### Opis prowadzonej działalności naukowej finansowanej z subwencji i projektów

#### *Cel badań*

Ustalenie konformacji koniugatów adenozyiny i klastrów boru oraz ich fenyłowych izosterów z pomocą spektroskopii NMR.

#### *Opis zrealizowanych prac*

Modyfikowane nukleozydy stanowią grupę związków o dużym potencjale terapeutycznym. Pochodne adenozyiny podstawione klastrami boru wykazują umiarkowaną aktywność przeciwko wirusom EMCV czy HCMV oraz wykazują zróżnicowane powinowactwo do receptorów adenozyinowych ( $A_1$ ,  $A_{2A}$ ,  $A_{2B}$ ,  $A_3$ ). Optymalizacja właściwości farmakologicznych koniugatów adenozyiny wymaga znajomości ich własności fizykochemicznych oraz wiedzy na temat ich preferencji konformacyjnych w roztworze. Spektroskopia NMR pozwala na określenie konformacji nukleozydów w roztworze, a także na badanie wpływu różnych czynników na zmiany konformacji. Za pomocą pomiarów NMR ustalono preferencje konformacyjne serii pochodnych adenozyiny i ich 2'-deoksyanalógów podstawionych w pozycji 8 za pośrednictwem dwuwęglowego łącznika (alkin, etyl) klastrami boru lub podstawnikami fenyłowymi. Dla wszystkich związków stwierdzono zdecydowaną przewagę konformacji *syn* wokół wiązania glikozydowego stabilizowaną wiązaniem wodorowym 5'OH---N3, część cukrowa przyjmowała konformacje typu *South* a wokół wiązania C4'-C5' zaobserwowano obecność orientacji *+sc*. Obliczenia *ab initio* wraz z analizą struktur krystalograficznych wykazały dużą zgodność z wynikami NMR. Wyniki badań zostały opublikowane w *Journal of Molecular Structure*.

### The description of research activity funded by the statutory subsidy and grants

#### *The research goals*

Determination of the conformations of adenosine conjugates and boron clusters, as well as their phenyl isosteres, with the use of NMR spectroscopy.

#### *Description of the work carried out, the most important achievements and the usage of the obtained results*

Modified nucleosides constitute a group of compounds with a significant therapeutic potential. Adenosine derivatives substituted with boron clusters show moderate activity against EMCV or HCMV viruses, and exhibit differential affinity for adenosine receptors ( $A_1$ ,  $A_{2A}$ ,  $A_{2B}$ ,  $A_3$ ). Optimization of the pharmacological properties of adenosine conjugates requires knowledge of their physicochemical properties and knowledge of their conformational preferences in solution. NMR spectroscopy allows to determine the conformation of nucleosides in solution, as well as to study the effect of various factors on conformational changes. The conformational preferences of a series of adenosine derivatives and their 2'-deoxyanalogues, substituted in the 8-position *via* a two-carbon linker (alkyne, ethyl) with a boron cluster or a phenyl substituent, were determined using NMR spectroscopy. For all compounds, a definite predominance of *syn* conformations around the glycosidic bond, stabilized by the 5'OH---N3 hydrogen bond, was found, the sugar moiety adopted *South*-type conformations and a *+sc* orientation was observed around the C4'-C5' bond. *Ab initio* calculations, along with the analysis of crystallographic structures, showed high

compatibility with the NMR results. The results of the study have been published in *Journal of Molecular Structure*.

## Publikacje

---

1. D. Lazewski, M. Kucinska, E. Potapskiy, J. Kuzminska, A. Tezyk, L. Popenda, S. Jurga, **A. Teubert, Z. Gdaniec**, J. Kujawski, K. Grzyb, T. Pedzinski, M. Murias, M. Wierzchowski  
Novel Short PEG Chain-Substituted Porphyrins: Synthesis, Photochemistry, and In Vitro Photodynamic Activity against Cancer Cells  
*INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES* 2022, 23, 10029
2. **W. Andralojc, J. Wieruszewska, K. Pasternak, Z. Gdaniec**  
Solution Structure of a Lanthanide-binding DNA Aptamer Determined Using High Quality pseudocontact shift restraints  
*CHEMISTRY – A EUROPEAN JOURNAL* 2022, 28, e202202114
3. M. Kosno, T. Laskowski, J.E. Frackowiak, A. Potega, A. Kurdyn, **W. Andralojc**, J. Borzyszkowska-Bukowska, K. Szwarz-Karabyka, Z. Mazerska  
Acid-Base Equilibrium and Self-Association in Relation to High Antitumor Activity of Selected Unsymmetrical Bisacridines Established by Extensive Chemometric Analysis  
*MOLECULES* 2022, 27, 3995
4. **D. Baranowski, J. Boryski, T. Ostrowski**  
7-( $\beta$ -d-Ribofuranosyl)-3-methylguanine: Synthesis from guanine and comparative multinuclear NMR studies  
*JOURNAL OF MOLECULAR STRUCTURE* 2022, 1250, 131911
5. M. Wozniak-Karczewska, A. Parus, T. Ciesielski, A. Trzebny, R. Szumski, W. Wilms, J. Homa, **G. Framski, D. Baranowski**, R. Frankowski, A. Agola-Grzeskowiak, M. Niemczak, M. Dabert, A. Tancsics, L. Chrzanowski  
Effect of Cation Sorption on 2,4-D Mobility of Herbicidal Ionic Liquids in Agricultural Soil Combined with Diversity of the Bacterial Community  
*ACS SUSTAINABLE CHEMISTRY & ENGINEERING* 2022, 10, 12559–12568
6. **K. Biniak-Antosiak, M. Bejger, J. Sliwiak, D. Baranowski**, A.S.A. Mohammed, D.I. Svergun, **W. Rypniewski**  
Structural, Thermodynamic and Enzymatic Characterization of N,N-Diacetylchitobiose Deacetylase from *Pyrococcus chitonophagus*,  
*INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES* 2022, 23, 15736
7. K. Sutor-Swiezy, M. Antonik, E. Dziedzic, M. Bieniasz, P. Mielczarek, L. Popenda, **K. Pasternak**, M. Tyszka-Czochara, S. Wybraniec  
Structural Studies on Diverse Betacyanin Classes in Matured Pigment-Rich Fruits of *Basella alba* L. and *Basella alba* L. var. 'Rubra' (Malabar Spinach)  
*INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES* 2022, 23, 11243
8. P. Skupin-Mrugalska, T. Koczorowski, W. Szczolko, J. Dlugaszewska, **A. Teubert**, H. Piotrowska-Kempisty, T. Goslinski, L. Sobotta  
Cationic porphyrazines with morpholinoethyl substituents – Syntheses, optical properties, and photocytotoxicities  
*DYES AND PIGMENTS* 2022, 197, 109937
9. W. Porolnik, M. Kasprzycka, K. Podciechowska, **A. Teubert**, J. Piskorz  
Synthesis and spectroscopic properties of novel dipyrrole and tetrapyrrole-based photosensitizers with various biphenyl substituents  
*TETRAHEDRON* 2022, 127, 133088
10. M. Gabryel-Skrodzka, M. Nowak, **A. Teubert**, R. Jastrzab  
Coordination Chemistry of Phosphate Groups in Systems Including Copper(II) Ions,



Phosphoethanolamine and Pyrimidine Nucleotides

*INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES* 2022, 23, 13718

11. T. Koczorowski, W. Szczolko, P. Bakun, B. Wicher, L. Sobotta, M. Gdaniec, **A. Teubert**, J. Mielcarek, E. Tykarska, J. Korecki, K. Burda, T. Goslinski  
The Valence and Spin State Tuning of Iron(II/III) Porphyrazines with Bulky Pyrrolyl Periphery in Solution and Solid State  
*MOLECULES* 2022, 27, 7820

#### Prace przyjęte do druku

1. **D. Baranowski**, A. Mieczkowski, D. Trzybinski, K. Wozniak, K. Bednarska-Szczepaniak, **Z. Gdaniec**, Z.J. Lesnikowski  
Insights into molecular structure of adenosine-boron cluster conjugates and their phenyl isosters as adenosine receptor ligands: Nuclear magnetic resonance, crystallographic and computational studies  
*JOURNAL OF MOLECULAR STRUCTURE*, DOI: 10.1016/j.molstruc.2022.134588
2. A. Parus, O. Zdebelak, T. Ciesielski, R. Szumski, M. Wozniak-Karczewska, **G. Framski**, **D. Baranowski**, M. Niemczak, J. Zembruska, T. Cajthaml, H.J. Heipieper, L. Chrzanowski  
Can ionic liquids exist in the soil environment? Effect of quaternary ammonium cations on glyphosate sorption, mobility and toxicity in the selected herbicidal ionic liquids  
*JOURNAL OF MOLECULAR LIQUIDS*, DOI: 10.1016/j.molliq.2022.120981

#### Projekty realizowane w Zakładzie i Pracowni w 2022 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. J. 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. Synteza i badania strukturalne/biofizyczne modelowych oligomerów mRNA/mt-tRNA w celu określenia roli modyfikowanych nukleozydów (m5C, hm5C, f5C, ca5C, m1G) w translacji i chorobach człowieka; (OPUS) – projekt realizowany w konsorcjum; lider projektu: Politechnika Łódzka (kierownik projektu: dr hab. inż. G. Leszczyńska)  
*Kierownik zadań z ramienia ICHB PAN: dr Witold Andrałojć*
5. Badania strukturalne DNAzymów 8-17 i I-R2 metodami NMR; (SONATA)  
*Kierownik projektu: dr Witold Andrałojć*
6. 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 (0,5 STATUT/0,5 GRANTY)<sup>7</sup>**

### **Skład osobowy<sup>8</sup>**

Pracownicy naukowcy:

dr hab. Tomasz Ostrowski, prof. ICHB PAN (0,2 STATUT/0,8 GRANTY)

dr Dagmara Baraniak (0,25 STATUT/0,75 GRANTY)

dr Joanna Romanowska (0,2 STATUT/0,8 GRANTY)

Pracownicy techniczni:

dr Grzegorz Framski (0,2 STATUT/0,8 GRANTY)

Doktoranci:

mgr inż. Tomasz Modrzyński (stypendium NCN)

Profesorowie emerytowani:

prof. dr hab. Adam Kraszewski

prof. dr hab. Jacek Stawiński

### **Temat statutowy Zakładu**

---

Synteza, struktura i aktywność biologiczna komponentów kwasów nukleinowych i ich analogów (K) (dr hab. Michał Sobkowski)

### **Opis prowadzonej działalności naukowej finansowanej z subwencji i projektów**

#### *Cel badań*

1. Poszukiwanie nowych pochodnych nukleotydów jako potencjalnych proleków (STATUT);
2. Badania strukturalne analogów nukleotydów (STATUT);
3. Poszukiwanie nowych analogów nukleotydów o budowie dimerycznej, wykazujących obiecującą aktywność biologiczną (SONATA).

#### *Opis zrealizowanych prac*

1. Kontynuowano prace nad nukleozydami 5'-difosforanami, projektowanymi jako proleki anty-SARS-CoV-2, zawierającymi nukleozyd GS-441524 o właściwościach antywirusowych. Rozpoczęto prace mające na celu oszacowanie oddziaływań analogów nukleotydów z błonami biologicznymi (współpraca z prof. K. Prochaska). Ustalenie korelacji między budową a zdolnością do przenikania przez błony może mieć duże znaczenie przy projektowaniu leków.
2. Przygotowano serię 7-β- i 7-α-nukleotydów purynowych. We współpracy z Zakładem Biomolekularnego NMR ustalono ich budowę i konformację oraz nietypowy przebieg ich metylowania (*Journal of Molecular Structure*).
3. Kontynuowano otrzymywanie prekursorów i finalnych analogów nukleotydów zawierających grupę alkinową i azydkową w celu ich dimeryzacji za pomocą reakcji „klik”. Jako komponenty nukleotydowe wykorzystano związki o aktywności antynowotworowej. Opracowano procedury syntezy i oczyszczania kilku tego typu związków. W reakcjach pilotażowych otrzymano 3 dimery o różnej budowie.

### **The description of research activity funded by the statutory subsidy and grants**

#### *The research goals*

1. Searching for new nucleotide derivatives as potential prodrugs (statutory topic);
2. Structural studies of nucleoside analogues (statutory topic);
3. Searching for new nucleoside analogues with dimeric structure, showing promising biological activity (SONATA).

---

<sup>7</sup> W nawiasach podane źródło finansowania pracowników.

<sup>8</sup> Stan na 31.12.2022 r.

*Description of the work carried out, the most important achievements and the usage of the obtained results*

1. Studies on nucleoside 5'-diphosphates, designed as anti-SARS-CoV-2 prodrugs, containing the nucleoside GS-441524 with antiviral properties, were continued. Studies on the interactions of nucleotide analogs with biological membranes have been started (cooperation with Prof. K. Prochaska). Establishing a correlation between structure and membrane permeability can be of great importance in drug design.
2. A series of 7- $\beta$ - and 7- $\alpha$ -purine nucleosides was prepared. In cooperation with the Department of Biomolecular NMR, their structure and conformation, as well as the unusual course of their methylation were (*Journal of Molecular Structure*).
3. The preparation of precursors and final analogues of nucleosides containing alkyne and azide groups was continued, in order to dimerize them using the "click" reaction. Compounds with anticancer activity were used as nucleoside components. Procedures have been developed for the synthesis and purification of several of such compounds. In the pilot reactions, 3 dimers of different structures were obtained.

## Publikacje

---

1. **D. Baranowski, J. Boryski, T. Ostrowski**  
7-( $\beta$ -d-Ribofuranosyl)-3-methylguanine: Synthesis from guanine and comparative multinuclear NMR studies  
*JOURNAL OF MOLECULAR STRUCTURE* 2022, 1250, 131911
2. **M. Kazimierczyk, M. Wojnicka, E. Biala, P. Zydowicz-Machtel, B. Imiolczyk, T. Ostrowski, A. Kurzynska-Kokorniak, J. Wrzesinski**  
Characteristics of Transfer RNA-Derived Fragments Expressed during Human Renal Cell Development: The Role of Dicer in tRF Biogenesis  
*INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES* 2022, 23, 3644
3. A. Parus, N. Lisiecka, J. Zembruska, **G. Framski**, M. Wozniak-Karczewska, M. Niemczak  
Evaluation of the influence of different cations on the mobility and performance of dicamba-based ionic liquids  
*JOURNAL OF ENVIRONMENTAL CHEMICAL ENGINEERING* 2022, 10, 108397
4. M. Wozniak-Karczewska, A. Parus, T. Ciesielski, A. Trzebny, R. Szumski, W. Wilms, J. Homa, **G. Framski, D. Baranowski**, R. Frankowski, A. Agola-Grzeskowiak, M. Niemczak, M. Dabert, A. Tancsics, L. Chrzanowski  
Effect of Cation Sorption on 2,4-D Mobility of Herbicidal Ionic Liquids in Agricultural Soil Combined with Diversity of the Bacterial Community  
*ACS SUSTAINABLE CHEMISTRY & ENGINEERING* 2022, 10, 12559–12568
5. **J. Golebiewska, J. Stawinski**  
Boranephosphonates. Unraveling chemistry of the P-BH<sub>3</sub> functional group  
*PHOSPHORUS SULFUR AND SILICON AND THE RELATED ELEMENTS* 2022, 197, 480–486
6. **J. Golebiewska, J. Stawinski**  
Second generation of nucleotide analogues  
*PHOSPHORUS SULFUR AND SILICON AND THE RELATED ELEMENTS* 2022, 197, 511–514

## Prace przyjęte do druku

1. **M. Materna, J. Stawinski, M. Sobkowski**  
A new approach to phosphorylation of nucleosides using oxyonium phosphobetaines as intermediates  
*BIOTECHNOLOGIA*, DOI: 10.5114/bta.2022.120705
2. **T. Ostrowski**  
Bioactive furanyl- or thienyl-substituted nucleobases, nucleosides and their analogues  
*MINI-REVIEWS IN MEDICINAL CHEMISTRY*, DOI: 10.2174/1389557522666220812125205

3. A. Parus, O. Zdebelak, T. Ciesielski, R. Szumski, M. Wozniak-Karczewska, **G. Framski, D. Baranowski**, M. Niemczak, J. Zembrzuska, T. Cajthaml, H.J. Heipieper, L. Chrzanowski  
Can ionic liquids exist in the soil environment? Effect of quaternary ammonium cations on glyphosate sorption, mobility and toxicity in the selected herbicidal ionic liquids  
*JOURNAL OF MOLECULAR LIQUIDS*, DOI: 10.1016/j.molliq.2022.120981

### Projekty realizowane w Zakładzie w 2022 r.

---

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. Środowiskowe interdyscyplinarne studia doktoranckie w zakresie nanotechnologii; (POWER) – projekt realizowany w konsorcjum; lider projektu: Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu (kierownik projektu: prof. dr hab. Stefan Jurga)  
*Kierownik zadań z ramienia ICHB PAN: dr hab. Michał Sobkowski*
3. 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*

### Zakład Fizjologii Molekularnej Roślin

---

**Kierownik Zakładu: prof. dr hab. Michał Jasiński** (0,75 STATUT/0,25 GRANTY)<sup>9</sup>

#### Skład osobowy<sup>10</sup>

Pracownicy naukowcy:

- dr Joanna Banasiak (GRANTY)
- dr Wanda Biała-Leonhard (0,1 STATUT/0,9 GRANTY)
- dr Praveen Awasthi (GRANTY)

Pracownicy techniczni:

- mgr Aleksandra Paweła (0,1 STATUT/0,9 GRANTY)

Doktoranci:

- mgr inż. Tomasz Jamruszka (STATUT)
- mgr inż. Konrad Pakuła (STATUT)
- mgr Krishnapriya Anirudhan (stypendium NCN)

#### Temat statutowy Zakładu

---

**Badania mechanizmów transportu związków niskocząsteczkowych decydujących o cechach użytkowych roślin uprawnych (M)** (prof. dr hab. Michał Jasiński)

#### Opis prowadzonej działalności naukowej finansowanej z subwencji i projektów

##### *Cel badań*

Zrozumienie mechanizmów adaptacji błonowych transporterów ABCG do pełnienia dedykowanych funkcji u bobowatych.

##### *Opis zrealizowanych prac*

W układzie modelowym, jakim jest roślina bobowata *Medicago truncatula* opracowano zestaw eksperymentalny (w oparciu o hipotezę unikalnej specjalizacji szczególnie licznych roślinnych

---

<sup>9</sup> W nawiasach podane źródło finansowania pracowników.

<sup>10</sup> Stan na 31.12.2022 r.

transporterów ABCG) łączący: (i) analizy filogenetyczne, (ii) przewidywanie struktury AlphaFold 2, (iii) symulacje dynamiki molekularnej, (iv) badania biochemiczne, mający na celu ułatwienie poszukiwań molekularnych determinant warunkujących selektywność transportu będącego udziałem białek ABCG. Pozwoliło to na: (i) eksperymentalne wsparcie dla postawionej hipotezy o szczególnej ewolucji roślinnych transporterów ABCG warunkowanej chemoróżnorodnością metabolizmu wtórnego oraz, (ii) opisanie mechanizmu wybiórczego transportu kwasu para kumarowego a także likwirytygeniny przez białko MtABCG46. Wyniki zostały opublikowane w *New Phytologist* oraz zawarto je także w manuskrypcie (*BioRxiv*) przyjętym do druku w *Cellular and Molecular Life Sciences*.

### **The description of research activity funded by the statutory subsidy and grants**

#### *The research goals*

Understanding the mechanisms of membrane ABCG transporter adaptation to perform specific tasks in *Fabaceae*.

#### *Description of the work carried out, the most important achievements and the usage of the obtained results*

An experimental setup was developed (based on the hypothesis of a unique specialization of exceptionally numerous plant ABCG transporters) combining: (i) phylogenetic analyses, (ii) AlphaFold 2 structure prediction, (iii) molecular dynamics simulations, (iv) mutagenesis, and biochemical research, aimed at searching for molecular determinants conditioning the selectivity of transport involving the ABCG proteins in a model plant *Medicago truncatula*. This allowed (i) to experimentally support the hypothesis of a specific evolution of plant ABCG transporters, conditioned by the chemodiversity of secondary metabolism, and also (ii) to describe the mechanism of MtABCG46 selectivity towards 4-coumarate and liquiritigenin. The results were published in *New Phytologist*, and were also included in a manuscript (*BioRxiv*) accepted for publication in *Cellular and Molecular Life Sciences*.

### **Publikacje**

---

1. **J. Banasiak, M. Jasinski**

ATP-binding cassette transporters in nonmodel plants

*NEW PHYTOLOGIST* 2022, 233, 1597–1612

2. **J. Banasiak**

System odpornościowy roślin – model zygzakowy

*POSTĘPY BIOCHEMII* 2022, 68, 123–128

#### Prace przyjęte do druku

**K. Pakula, C. Sequeiros-Borja, W. Biala-Leonhard, A. Pawela, J. Banasiak, A. Bailly, M. Radom, M. Geisler, J. Brezovsky, M. Jasinski**

Restriction of access to the central cavity is a major contributor to substrate selectivity in plant ABCG transporters

zamieszczony w *BIORXIV* DOI: 10.1101/2022.08.16.503940

### **Projekty realizowane w Zakładzie w 2022 r.**

---

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

*Kierownik projektu: prof. dr hab. Michał Jasiński*

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

*Kierownik projektu: prof. dr hab. Michał Jasiński*

3. Nowe mechanizmy działania białka MFT, warunkujące wrażliwość nasion *Medicago truncatula* na kwas abscysynowy podczas kiełkowania; (OPUS)

*Kierownik projektu: dr Joanna Banasiak*

4. Związek pomiędzy stymulacją aktywności ATPazowej a transportem na przykładzie selektywnego transportera ABCG z *Medicago truncatula*; (PRELUDIUM)

Kierownik projektu: mgr Konrad Pakuła

5. 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 (STATUT)<sup>11</sup>**

### Skład osobowy<sup>12</sup>

Pracownicy naukowci:

dr hab. Anna Jasińska

dr Paulina Gałka-Marciniak (GRANTY)

dr Malwina Suszyńska (STATUT)

dr Martyna Urbanek-Trzeciak (0,5 STATUT)

dr Eliza Fraszczyk (GRANTY)

dr Magdalena Machowska (GRANTY)

Pracownicy techniczni:

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

Doktoranci:

mgr Paulina Nawrocka-Muszyńska

mgr inż. Adrian Tiré (stypendium NCN)

mgr Władysław Węgorek (stypendium NCN)

### Pracownia Bioinformatyki

Kierownik: dr hab Anna Philips (GRANTY)

Pracownicy naukowci:

dr Nicoletta Makowska-Zawierucha (GRANTY)

dr Natalia Szóstak (0,1 STATUT/0,9 GRANTY)

Pracownicy techniczni:

dr Dorota Magner (0,9 STATUT/0,1 GRANTY)

dr Aneta Sawikowska (0,5 GRANTY)

## Temat statutowy Zakładu

---

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

### Opis prowadzonej działalności naukowej finansowanej z subwencji i projektów

#### Cel badań

Badania w zakresie genetyki nowotworów, w tym przede wszystkim mutacji somatycznych w niekodujących elementach genomu, w szczególności w genach microRNA.

#### Opis zrealizowanych prac

Przeprowadzono analizę funkcjonalną mutacji w kilku genach miRNA, w wyniku której między innymi został wykazany wpływ szeregu mutacji w genach *MIR142* i *MIR205* na rozpoznawanie

---

<sup>11</sup> W nawiasach podano źródło finansowania pracowników.

<sup>12</sup> Stan na 31.12.2022 r.

i regulację sekwencji/mRNA docelowych odpowiednich miRNA. Jako że gen *MIR142* został zidentyfikowany w Zakładzie jako najczęściej mutowany gen miRNA w nowotworach, z mutacjami występującymi w różnych nowotworach krwi, zostały przeprowadzone szeroko zakrojone badania częstości mutacji w *MIR142* w różnych nowotworach krwi (łącznie ~1000 próbek). Wykazana została bardzo niska częstość mutacji w nowotworach mieloproliferacyjnych (w tym w czerwienicy prawdziwej (PV), nadpłytkowości samoistnej (ET) i pierwotnym zwłóknieniu szpiku (PMF)), niska w przewlekłej białaczce limfocytowej (CLL) i bardzo wysoka częstość mutacji (20%) w chłoniaku rozlanym z dużych komórek B (DLBCL). Uzyskane wyniki skłoniły nas do pogłębienia analizy genu *MIR142* w DLBCL. Opublikowano w: *Annals of Hematology, Scientific Reports, Cancer Prevention Research, Computational and Structural Biotechnology Journal, Star Protocols*.

## **The description of research activity funded by the statutory subsidy and grants**

### *The research goals*

Research in the field of cancer genetics, mainly somatic mutations in non-coding elements of the genome, in particular, in microRNA genes.

### *Description of the work carried out, the most important achievements and the usage of the obtained results*

A functional analysis of mutations in several miRNA genes was undertaken, as a result of which, among others, the effect of a number of mutations in the *MIR142* and *MIR205* genes on the recognition and regulation of the target sequences/mRNAs of the respective miRNAs was demonstrated. As the *MIR142* gene has been identified at the Department as the most frequently mutated miRNA gene in cancers, with mutations occurring in various blood cancers, extensive studies of the *MIR142* mutation frequency in various blood cancers (total ~1000 samples) were performed. Very low mutation rates have been demonstrated in myeloproliferative neoplasms (including polycythemia vera (PV), essential thrombocythemia (ET), and primary myelofibrosis (PMF)), low in chronic lymphocytic leukemia (CLL) and very high mutation rates (20%) in diffuse large B-cell lymphoma (DLBCL). The obtained results prompted us to deepen the analysis of the *MIR142* gene in DLBCL. Publications: *Annals of Hematology, Scientific Reports, Cancer Prevention Research, Computational and Structural Biotechnology Journal, Star Protocols*.

## **Publikacje**

---

1. **M. Urbanek-Trzeciak, P. Kozłowski, P. Galka-Marciniak**  
miRMut: Annotation of mutations in miRNA genes from human whole-exome or whole-genome sequencing  
*STAR PROTOCOLS* 2022, 3, 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* 2022, 141, 31–47
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* 2022, 15, 151–160
4. **P. Galka-Marciniak, Z. Kandula, A. Tire, W. Wegorek, K. Gwozdz-Bak, L. Handschuh, M. Giefing, K. Lewandowski, P. Kozłowski**  
Mutations in the miR-142 gene are not common in myeloproliferative neoplasms  
*SCIENTIFIC REPORTS* 2022, 12, 10924
5. K. Lewandowski, Z. Kandula, M. Gniot, E. Paczkowska, P.M. Nawrocka, M. Wojtaszewska, M. Janowski, M. Mariak, **L. Handschuh, P. Kozłowski**  
Essential thrombocythaemia progression to the fibrotic phase is associated with a decrease

in JAK2 and PDL1 levels

*ANNALS OF HEMATOLOGY* 2022, 101, 2665–2677

6. **M. Machowska, P. Galka-Marciniak, P. Kozłowski**  
Consequences of genetic variants in miRNA genes  
*COMPUTATIONAL AND STRUCTURAL BIOTECHNOLOGY JOURNAL* 2022, 20, 6443–6457
7. **A.J. Jasinska**, I. Pandrea, C. Apetrei  
CCR5 as a Coreceptor for Human Immunodeficiency Virus and Simian Immunodeficiency Viruses: A Prototypic Love-Hate Affair  
*FRONTIERS IN IMMUNOLOGY* 2022, 13, 835994
8. A.E. Asangba, L. Mugisha, J. Rukundo, R.J. Lewis, A. Halajian, L. Cortes-Ortiz, R.E. Junge, M.T. Irwin, J. Karlson, A. Perkin, M. Watsa, G. Erkenwick, K.L. Bales, D.L. Patton, **A.J. Jasinska**, E. Fernandez-Duque, S.R. Leigh, R.M. Stumpf  
Large Comparative Analyses of Primate Body Site Microbiomes Indicate that the Oral Microbiome Is Unique among All Body Sites and Conserved among Nonhuman Primates  
*MICROBIOLOGY SPECTRUM* 2022, 10, e01643–21
9. C.M.M. Gagnon, H. Svardal, **A.J. Jasinska**, J.D. Cramer, N.B. Friemer, J.P. Grobler, T.R. Turner, C.A. Schmitt  
Evidence of selection in the uncoupling protein 1 gene region suggests local adaptation to solar irradiance in savannah monkeys (*Chlorocebus* spp.)  
*PROCEEDINGS OF THE ROYAL SOCIETY B-BIOLOGICAL SCIENCES* 2022, 289, 20221254
10. **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* 2022, 44, 699-717
11. **N. Szostak**, A. Szymanek, J. Havranek, **K. Tomela**, **M. Rakoczy**, **A. Samelak-Czajka**, **M. Schmidt**, **M. Figlerowicz**, J. Majta, K. Milanowska-Zabel, **L. Handschuh**, **A. Philips**  
The standardisation of the approach to metagenomic human gut analysis: from sample collection to microbiome profiling  
*SCIENTIFIC REPORTS* 2022, 12, 8470
12. **N. Makowska-Zawierucha**, J. Mokracka, M. Malecka, P. Balazy, M. Chelchowski, D. Ignatiuk, K. Zawierucha  
Quantification of class 1 integrons and characterization of the associated gene cassettes in the high Arctic – Interplay of humans and glaciers in shaping the aquatic resistome  
*ECOLOGICAL INDICATORS* 2022, 145, 109633
13. **D. Magner**, **R. Nowak**, **E. Lenartowicz Onyekaa**, **A. Pasternak**, **R. Kierzek**  
A Structural Potential of Rare Trinucleotide Repeat Tracts in RNA  
*INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES* 2022, 23, 5850
14. M. Gawłowska, L. Lahut, L. Boros, **A. Sawikowska**, P. Kumar, M. Konopkiewicz, Z. Kaczmarek, W. Swiecicki  
Validation of Molecular Markers Significant for Flowering Time, Plant Lodging, Stem Geometry Properties, and Raffinose Family Oligosaccharides in Pea (*Pisum sativum* L.)  
*AGRICULTURE-BASEL* 2022, 12, 1125
15. **A. Piasecka**, **A. Sawikowska**, **N. Jedrzejczak-Rey**, **M. Pislewska-Bednarek**, **P. Bednarek**  
Targeted and Untargeted Metabolomic Analyses Reveal Organ Specificity of Specialized Metabolites in the Model Grass *Brachypodium distachyon*  
*MOLECULES* 2022, 27, 5956
16. **A. Piasecka**, **A. Sawikowska**, N. Witaszak, A. Waskiewicz, M. Kanczurzevska, J. Kaczmarek, **J. Lalak-Kanczugowska**  
Metabolomic Aspects of Conservative and Resistance-Related Elements of Response to



#### Prace przyjęte do druku

1. K. Lewandowski, A. Lehmann-Kopydlowska, Z. Kandula, B. Sankowski, M. Machnicki, M. Baranska, K. Gwozdz-Bak, T. Kubicki, A. Plotka, L. Przysiecka, G. Dworacki, **P. Kozłowski**, T. Stokłosa  
HRAS mutation positive multiple myeloma in the type 2 CALR mutation positive essential thrombocythemia: a case report  
*JOURNAL OF CELLULAR AND MOLECULAR MEDICINE*, DOI: 10.1111/jcmm.17647
2. **M. Suszyska**, M. Adamiak, A. Thapa, M. Cymer, J. Ratajczak, M. Kucia, M.Z. Ratajczak  
Purinergic Signaling and Its Role in Mobilization of Bone Marrow Stem Cells  
[w:] HEMATOPOIETIC STEM CELLS. Methods in Molecular Biology (red. L.M. Pelus, J. Hoggatt), *SPRINGER NATURE*, DOI: 10.1007/978-1-0716-2679-5\_17

#### Projekty realizowane w Zakładzie i Pracowni w 2022 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. Identyfikacja mutacji aktywujących raka w niekodujących częściach genów kodujących białka i w genach długich niekodujących RNA; (OPUS)  
*Kierownik projektu: prof. dr hab. Piotr Kozłowski*
3. Geny oporności na antybiotyki i integrony jako wskaźniki zanieczyszczenia biotycznego i obciążenia opornością ekosystemów Arktyki; (SONATINA)  
*Kierownik projektu: dr Nicoletta Makowska-Zawierucha*
4. Wpływ nowotworowych mutacji somatycznych w genach miRNA na funkcjonowanie tych cząsteczek i ich potencjalną rolę w nowotworach; (SONATA)  
*Kierownik projektu: dr Paulina Gałka-Marciniak*
5. Mikrobiom powietrza – charakterystyka mikroorganizmów bytujących w pyłku zawieszonym w powietrzu obszaru miejskiego i ich wpływ na zdrowie człowieka; (OPUS) – projekt realizowany w konsorcjum; lider projektu: ICHB PAN  
*Kierownik projektu: dr hab. Anna Philips*
6. Mapa Mikrobiomu Polski; (POIR) – projekt realizowany w konsorcjum; lider projektu: ICHB PAN  
*Kierownik projektu: dr hab. Anna Philips*

## Zakład Genomiki Strukturalnej RNA

**Kierownik Zakładu: prof. dr hab. Elżbieta Kierzek (0,3 STATUT/0,7 GRANTY)<sup>13</sup>**

#### **Skład osobowy<sup>14</sup>**

Pracownicy naukowcy:

dr Marta Szabat (GRANTY)

dr Marta Soszyńska-Józwiak (GRANTY)

Pracownicy techniczni:

mgr inż. Grażyna Dominiak (STATUT)

<sup>13</sup> W nawiasach podane źródło finansowania pracowników.

<sup>14</sup> Stan na 31.12.2022 r.

Doktoranci:

mgr Aleksandra Jarmołowicz (STATUT)  
mgr inż. Klaudia Wieczorek (STATUT)  
mgr Maria Nalewaj (stypendium NCN)  
mgr Mikołaj Lurc (stypendium NCN)  
mgr Izabela Szcześniak (stypendium NCN)  
mgr Agnieszka Baliga-Gil (stypendium NCN)

## Temat statutowy Zakładu

Uniwersalne elementy strukturalne w RNA wirusów grypy (K) (prof. dr hab. Elżbieta Kierzek)

### Opis prowadzonej działalności naukowej finansowanej z subwencji i projektów

#### *Cel badań*

RNA wirusa grypy ulega mutacjom prowadzącym do nowych szczepów i podtypów, a także (rzadziej) reasortacji genomu pomiędzy różnymi podtypami wirusa. Cechy te powodują konieczność corocznego wytwarzania nowych szczepionek umożliwiających walkę z epidemiami i groźnymi pandemiemi. Ewolucyjna zmienność genomu grypy musi jednak pozostawać w granicach zachowania funkcjonalności białek oraz RNA. Celem badań było wyszukiwanie elementów uniwersalnych w strukturze drugorzędowej wirusowego RNA, a więc o potencjalnym znaczeniu funkcjonalnym. Zaplanowano wykorzystanie analizy bioinformatycznej wspartej badaniami *in vitro* wybranych wirusowych RNA. Znaczenie uniwersalnych elementów strukturalnych ostatecznie zamierzano sprawdzić poprzez nakierowywanie na nie oligonukleotydowych inhibitorów w liniach komórkowych.

#### *Opis zrealizowanych prac*

Zanalizowano bioinformatycznie konserwatywność sekwencji i struktury segmentu 5 RNA(+) wirusa grypy typu A. Analiza pozwoliła wytypować dwie domeny, na które nacelowano szereg inhibitorów będących modyfikowanymi rybozymami hammerhead. Kilka z nich, w tym chimery rybozym-rybozym-shRNA, efektywnie hamowały namnażanie wirusa (obniżenie kopii wirusowego RNA o 37–86%). Ponadto badania NMR-owskie odkrytego motywu konserwatywnego w pobliżu miejsca splicingowego 3' grypy segmentu 7 mRNA pokazały, że równowaga dwóch motywów spinkowych może być skutecznie zaburzona przez oligonukleotydy.

### The description of research activity funded by the statutory subsidy and grants

#### *The research goals*

Influenza virus RNA mutates leading to the development of new strains and subtypes, and (less frequently) genome reassortment between different virus subtypes. These features make it necessary to produce new vaccines every year to enable combating epidemics and dangerous pandemics. However, the evolutionary variability of the influenza genome must remain within the limits of the functionality of the proteins and RNA. The aim of the research is to search for universal elements in the secondary structure of viral RNA, and therefore of potential functional importance. In the research is planned to use bioinformatics analysis supported by *in vitro* tests of selected viral RNAs. The importance of the universal structural elements was to be ultimately tested by targeting them by oligonucleotide inhibitors in cell lines.

#### *Description of the work carried out, the most important achievements and the usage of the obtained results*

Conservation of the sequence and structure of the segment 5 RNA(+) of the influenza A virus was bioinformatically analysed. The analysis allowed to select two domains targeted by a number of inhibitors, which are modified hammerhead ribozymes. Several of these, including ribozyme-siRNA chimeras, effectively inhibited viral multiplication (reducing viral RNA copy rate by 37–86%). In addition, NMR studies of the discovered conserved motif, located near the 3' splice

site of influenza mRNA segment 7 showed that the equilibrium of the two hairpin motifs can be effectively disturbed by oligonucleotides.

## Publikacje

---

1. **M. Soszynska-Jozwiak, A. Ruskowska, R. Kierzek, C.A. O'Leary, W.N. Moss, E. Kierzek**  
Secondary Structure of Subgenomic RNA M of SARS-CoV-2  
*VIRUSES-BASEL* 2022, 14, 322
2. **B. Szutkowska, K. Wieczorek, R. Kierzek, P. Zmora, J.M. Peterson, W.N. Moss, D.H. Mathews, E. Kierzek**  
Secondary Structure of Influenza A Virus Genomic Segment 8 RNA Folded in a Cellular Environment  
*INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES* 2022, 23, 2452
3. **E. Kierzek, H.J. Zhang, R.M. Watson, S.D. Kennedy, M. Szabat, R. Kierzek, D.H. Mathews**  
Secondary structure prediction for RNA sequences including N6-methyladenosine  
*NATURE COMMUNICATIONS* 2022, 13, 1271
4. A.D. Kauffmann, S.D. Kennedy, W.N. Moss, **E. Kierzek, R. Kierzek, D.H. Turner**  
Nuclear magnetic resonance reveals a two hairpin equilibrium near the 3'-splice site of influenza A segment 7 mRNA than can be shifted by oligonucleotides  
*RNA* 2022, 28, 508–522
5. **T. Czapik, J. Piasecka, R. Kierzek, E. Kierzek**  
Structural variants and modifications of hammerhead ribozymes targeting influenza A virus conserved structural motifs  
*MOLECULAR THERAPY - NUCLEIC ACIDS* 2022, 29, 64–74
6. **M. Szabat, M. Prochota, R. Kierzek, E. Kierzek, D.H. Mathews**  
A Test and Refinement of Folding Free Energy Nearest Neighbor Parameters for RNA Including N-6-Methyladenosine  
*JOURNAL OF MOLECULAR BIOLOGY* 2022, 434, 167632
7. **M. Nalewaj, M. Szabat**  
Examples of Structural Motifs in Viral Genomes and Approaches for RNA Structure Characterization  
*INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES* 2022, 23, 15917

## Projekty realizowane w Zakładzie w 2022 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. Antywirusowe strategie nakierowane na RNA: Peptydowe kwasy nukleinowe (PNA) tworzące trypleksy oraz ich koniugaty z niskocząsteczkowymi ligandami specyficzne do konserwatywnych motywów strukturalnych RNA wirusa grypy typu A oraz SARS-CoV-2; (OPUS)  
*Kierownik projektu: prof. dr hab. Elżbieta Kierzek*
3. Inhibicja replikacji SARS-CoV-2 naceLOWANA na wirusowe RNA; (SZYBKA ŚCIEŻKA DOSTĘPU DO FUNDUSZY NA BADANIA NAD COVID-19)  
*Kierownik projektu: prof. dr hab. Elżbieta Kierzek*
4. 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*
5. Długie niekodujące RNA – nowy cel terapii antygrypowej; (SONATA)  
*Kierownik projektu: dr Marta Soszyńska-Jóźwiak*

## Zakład Metabolomiki Funkcjonalnej Roślin

---

**Kierownik Zakładu: prof. dr hab. Paweł Bednarek (0,75 STATUT/0,25 GRANTY)<sup>16</sup>**

### **Skład osobowy<sup>17</sup>**

Pracownicy naukowcy:

- dr Himani Agrawal (0,875 STATUT/0,125 GRANTY)
- dr Justyna Lalak-Kańczugowska (GRANTY)
- dr Anna Piasecka (0,375 STATUT/0,625 GRANTY)
- dr Gopal Singh (GRANTY)

Pracownicy techniczni:

- mgr inż. Sylwia Bugaj (0,75 STATUT/0,25 GRANTY)

Doktoranci:

- mgr inż. Serhii Kozin (stypendium NCN)
- mgr Monidipa Bose (stypendium NCN)

### **Temat statutowy Zakładu**

---

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

### **Opis prowadzonej działalności naukowej finansowanej z subwencji i projektów**

#### *Cel badań*

Celem badań jest poznanie szlaków biosyntezy i immunologicznej roli roślinnych metabolitów wtórnych pochodzących od Trp oraz charakterystyka wybranych enzymów biorących udział w ich biosyntezie.

#### *Opis zrealizowanych prac*

Uzyskano linie transgeniczne eksprymujące geny kodujące wybrane transferazy glutationu (GST) w mutancie *gstU13 Arabidopsis*. Wstępne wyniki wykazały, że niektóre z tych transferaz glutationu mogą efektywnie zastąpić białko GSTU13 w metabolizmie pochodnych Trp. Wygenerowano szereg linii transgenicznych eksprymujących pod natywnymi promotorami wybrane geny kodujące enzymy ze szlaków biosyntezy benzoksazyn (opublikowane geny kukurydzy) i serotoniny (*Brachypodium distachyon* – geny wyselekcjonowane podczas wcześniejszych badań własnych) w mutancie *cyp79b2 cyp79b3 Arabidopsis*, który nie produkuje natywnych metabolitów wtórnych pochodzących od Trp. W przypadku linii, w których ekspresji ulegają geny szlaku biosyntezy serotoniny, przeprowadzono wstępne analizy metabolomiczne, które potwierdziły wydajną produkcję serotoniny i jej pochodnych.

### **The description of research activity funded by the statutory subsidy and grants**

#### *The research goals*

The goal of the research is to gain insight into the biosynthesis and immune function of Trp-derived specialized metabolites, as well as characterization of selected enzymes involved in the respective biosynthetic pathways.

#### *Description of the work carried out, the most important achievements and the usage of the obtained results*

Transgenic lines expressing genes encoding selected glutathione transferases (GSTs) in *Arabidopsis gstU13* mutant background have been obtained. Preliminary results indicated that some of the tested GSTs can efficiently replace GSTU13 protein in the metabolism of Trp-derived

---

<sup>16</sup> W nawiasach podane źródło finansowania pracowników.

<sup>17</sup> Stan na 31.12.2022 r.

compounds. A number of transgenic lines have been generated, expressing genes encoding selected enzymes involved in the biosynthesis of benzoxazinoids (published maize genes) and serotonin (*Brachypodium distachyon* – genes selected during our previous studies) under native promoters in *Arabidopsis cyp79b2 cyp79b3* mutant, that its deficient in native Trp-derived secondary metabolites. Lines expressing serotonin biosynthetic genes were subjected to preliminary metabolomic analysis, which revealed significant production of serotonin and its derivatives.

## Publikacje

---

1. **A. Piasecka, A. Sawikowska, N. Jedrzejczak-Rey, M. Pislewska-Bednarek, P. Bednarek**  
Targeted and Untargeted Metabolomic Analyses Reveal Organ Specificity of Specialized Metabolites in the Model Grass *Brachypodium distachyon*  
*MOLECULES* 2022, 27, 5956
2. **A. Piasecka, A. Sawikowska, N. Witaszak, A. Waskiewicz, M. Kanczorzewska, J. Kaczmarek, J. Lalak-Kanczugowska**  
Metabolomic Aspects of Conservative and Resistance-Related Elements of Response to *Fusarium culmorum* in the Grass Family  
*CELLS* 2022, 11, 3213
3. **G. Singh, S. Sharma, S. Rawat, R.K. Sharma**  
Plant Specialised Glycosides (PSGs): their biosynthetic enzymatic machinery, physiological functions and commercial potential  
*FUNCTIONAL PLANT BIOLOGY* 2022, 49, 1009–1028

## Prace przyjęte do druku

1. **P. Czerniawski, M. Pislewska-Bednarek, A. Piasecka, K. Kulak, P. Bednarek**  
Loss of MYB34 Transcription Factor Supports the Backward Evolution of Indole Glucosinolate Biosynthesis in a Subclade of the Camelinae Tribe and Releases the Feedback Loop in This Pathway in *Arabidopsis*  
*PLANT AND CELL PHYSIOLOGY*, DOI: 10.1093/pcp/pcac142
2. R. K. Singla, R. De, T. Efferth, B. Mezzetti, M. Sahab Uddin, Sanusi, F. Ntie-Kang, D. Wang, F. Schultz, K. R. Kharat ... **G. Singh** ... et al.  
The International Natural Product Sciences Taskforce (INPST) and the power of Twitter networking exemplified through #INPST hashtag analysis  
*PHYTOMEDICINE*, DOI: 10.1016/j.phymed.2022.154520
3. **G. Singh, H. Agrawal, P. Bednarek**  
Specialized metabolites as versatile tools in shaping plant-microbe associations  
*MOLECULAR PLANT*, DOI: 10.1016/j.molp.2022.12.006

## Projekty realizowane w Zakładzie w 2022 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** (0,6 STATUT/0,4 GRANTY)<sup>18</sup>

### Skład osobowy<sup>19</sup>

Pracownicy naukowci:

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

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

dr Leszek Błaszczak (0,74 STATUT/0,26 GRANTY)

Doktoranci:

mgr Katarzyna Biniak-Antosiak (0,1 STATUT/0,9 GRANTY)

mgr Martyna Mateja-Pluta (stypendium NCN)

mgr inż. Marcin Ryczek (stypendium NCN)

### Temat statutowy Zakładu

---

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

### Opis prowadzonej działalności naukowej finansowanej z subwencji i projektów

#### *Cel badań*

Celem badań, podobnie jak w poprzednich latach, była charakterystyka strukturalna i funkcjonalna cząsteczek biologicznych, takich jak białka i oligomery RNA, o znaczeniu w procesach fizjologicznych i patogenezie. Biologiczne makrocząsteczki mają to do siebie, że zrozumienie ich funkcji i właściwości możliwe jest dopiero, gdy poznamy ich strukturę.

#### *Opis zrealizowanych prac*

Określono strukturę krystalograficzną i właściwości enzymatycznie i termodynamiczne deacetylazy diacetylochitobiozy z hipertermofilnego archeona *Pyrococcus chitonophagus*. Udało się określić strukturę kompleksu tego enzymu z jego substratem i porównać ze strukturą białka bez ligandu. Określono kinetyczne parametry reakcji enzymatycznej i specyficzność substratową (opublikowano w *International Journal of Molecular Sciences*). Zbadano też strukturę oligomeru RNA zawierającego motyw UGG w kompleksie z kationami metali: Ba<sup>2+</sup>, Sr<sup>2+</sup>, Ca<sup>2+</sup>, Cd<sup>2+</sup>, Cs<sup>+</sup>. Zbadano też, w jakim stopniu różne kationy stabilizują bądź destabilizują RNA i powiązано tę zależność ze strukturą kompleksu (publikacja przyjęta do druku).

### The description of research activity funded by the statutory subsidy and grants

#### *The research goals*

Like in the previous years, the Department focused on structural and functional characterisation of biological molecules, such as proteins and oligomers of RNA, significant in physiological processes and pathogenesis. It is characteristic of biological macromolecules that their function and properties can be understood only when their structures are known.

#### *Description of the work carried out, the most important achievements and the usage of the obtained results*

The crystal structure, as well as the enzymatic and thermodynamic properties of diacetylchitobiose deacetylase from a hyperthermophilic archaeon *Pyrococcus chitonophagus* have been determined. It was possible to determine the structure of the complex formed by this enzyme with its substrate, and then compare it with the structure of the enzyme in an unliganded state. The kinetic parameters of the enzymatic reaction and substrate specificity were determined (published in *International Journal of Molecular Sciences*). The structure of the RNA oligomer containing the UGG motif was examined in complex with the metal cations: Ba<sup>2+</sup>, Sr<sup>2+</sup>, Ca<sup>2+</sup>, Cd<sup>2+</sup>, Cs<sup>+</sup>.

---

<sup>18</sup> W nawiasach podano źródło finansowania pracowników.

<sup>19</sup> Stan na 31.12.2022 r.

The degree of stabilization (or destabilization) bestowed on RNA by the cations, and their effect on the structure of the complex was also determined (publication in print).

## Publikacje

---

1. S. Rykowski, D. Gurda-Wozna, M. Orlicka-Plocka, A. Fedoruk-Wyszomirska, M. Giel-Pietraszuk, E. Wyszko, A. Kowalczyk, P. Staczek, K. Biniak-Antosiak, W. Rypniewski, A.B. Olejniczak  
Design of DNA Intercalators Based on 4-Carboranyl-1,8-Naphthalimides: Investigation of Their DNA-Binding Ability and Anticancer Activity  
*INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES* 2022, 23, 4598
2. K. Biniak-Antosiak, M. Bejger, J. Sliwiak, D. Baranowski, A.S.A. Mohammed, D.I. Svergun, W. Rypniewski  
Structural, Thermodynamic and Enzymatic Characterization of N,N-Diacetylchitobiose Deacetylase from *Pyrococcus chitonophagus*,  
*INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES* 2022, 23, 15736
3. M. Ryczek, M. Pluta, L. Błaszczyk, A. Kiliszek  
Overview of Methods for Large-Scale RNA Synthesis  
*APPLIED SCIENCES-BASEL* 2022, 12, 1543

### Prace przyjęte do druku

#### **A. Kiliszek, M. Pluta, M. Bejger, W. Rypniewski**

Structure and thermodynamics of a UGG motif interacting with Ba<sup>2+</sup> and other metal ions: accommodating changes in the RNA structure and the presence of a G(syn)–G(syn) pair  
*RNA*, DOI: 10.1261/rna.079414.122

## Projekty realizowane w Zakładzie w 2022 r.

---

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 Błaszczyk*
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)<sup>20</sup>

### **Skład osobowy<sup>21</sup>**

Pracownicy naukowcy:

dr Kamil Szpotkowski (0,1 STATUT/0,9 GRANTY)

dr Paulina Krzemińska (GRANTY)

Pracownicy techniczni:

mgr Martyna Kabacińska (GRANTY)

Doktoranci:

mgr Kinga Ciechanowska (STATUT)

mgr inż. Agnieszka Szczepańska (0,1 STATUT/0,9 GRANTY)

mgr inż. Marta Wojnicka (0,1 STATUT/0,9 GRANTY)

mgr Klaudia Wójcik (stypendium NCN)

### **Temat statutowy Zakładu**

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

### **Opis prowadzonej działalności naukowej finansowanej z subwencji i projektów**

#### *Cel badań*

Celem badań było poszerzenie stanu wiedzy na temat domeny helikazowej ludzkiej Dicer (hDicer), w szczególności określenie, jakie aktywności biochemiczne prezentuje domena helikazowa hDicer oraz jakiego rodzaju kwasy nukleinowe mogą stanowić substraty dla tej domeny, zarówno w warunkach *in vitro*, jak i *in cellulo*.

#### *Opis zrealizowanych prac*

W badaniach *in vitro* wykorzystano preparat domeny helikazowej hDicer (HEL hDicer) wyprodukowany w bakteriach *E. coli*. Otrzymany preparat prezentował aktywność wiązania i hydrolizy ATP. Na uwagę zasługuje fakt, że po raz pierwszy udało się pokazać, że hDicer również potrafi hydrolizować ATP. Następnie pokazano, że HEL hDicer wiąże jednoniciowe RNA i DNA o długości powyżej 20 nukleotydów, nie wiąże natomiast dwuniciowych RNA i DNA. Co ciekawe, zauważono, iż HEL hDicer może indukować zmiany strukturalne w obrębie cząsteczek RNA, w sposób niezależny od ATP. W dalszej kolejności pokazano, że HEL hDicer nie wykazuje aktywności helikazowej oraz aktywności wspierania parowania komplementarnych RNA lub DNA. Wstępne analizy porównawcze wykazały, że w komórkach typu HEK 293T wariant hDicer pozbawiony domeny helikazowej oddziałuje z inną pulą cząsteczek RNA niż hDicer typu dzikiego.

### **The description of research activity funded by the statutory subsidy and grants**

#### *The research goals*

The aim of the research was to expand the state of knowledge on the hDicer helicase domain, in particular to determine what biochemical activities the hDicer helicase domain presents and what types of nucleic acids can be substrates for the hDicer helicase domain, both *in vitro* and *in cellulo*.

---

<sup>20</sup> W nawiasach podane źródło finansowania pracowników.

<sup>21</sup> Stan na 31.12.2022 r.



*Description of the work carried out, the most important achievements and the usage of the obtained results*

In *in vitro* studies, the hDicer helicase domain preparation (HEL hDicer), produced in *E. coli* system, was used. The obtained preparation displayed ATP binding and ATP hydrolysis activities. Importantly, for the first time it was shown that the full-length hDicer can also hydrolyze ATP. Then, it was shown that HEL hDicer binds single-stranded RNAs and single-stranded DNAs longer than 20 nucleotides, but it does not bind dsRNA and dsDNA. Interestingly, it was noticed that HEL hDicer can induce structural changes within RNA molecules, in an ATP-independent manner. It was further shown that HEL hDicer does not exhibit both helicase activity and nucleic acid annealing activity. Preliminary comparative analyses showed that in HEK 293T cells the hDicer variant lacking the helicase domain interacts with a different pool of RNA molecules than the wild-type hDicer.

## Publikacje

---

1. **M. Kazimierczyk, M. Wojnicka, E. Biala, P. Zydowicz-Machtel, B. Imiolczyk, T. Ostrowski, A. Kurzyńska-Kokorniak, J. Wrzesinski**  
Characteristics of Transfer RNA-Derived Fragments Expressed during Human Renal Cell Development: The Role of Dicer in tRF Biogenesis  
*INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES* 2022, 23, 3644
2. **J. Szpotkowska, K. Szpotkowski, J. Ciesiolka**  
Structural Characteristics of the 5'-Terminal Region of Mouse p53 mRNA and Identification of Proteins That Bind to This mRNA Region  
*INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES* 2022, 23, 9709

## Projekty realizowane w Zakładzie w 2022 r.

---

1. Niepoznane obszary aktywności ludzkiej rybonukleazy Dicer; (SONATA BIS)  
*Kierownik projektu: dr hab. Anna Kurzyńska-Kokorniak*
2. Bliskie spotkania trzeciego stopnia: co dzieje się kiedy rybonukleaza Dicer napotyka w komórce RNA i DNA przyjmujące struktury G-kwadrupleksów; (OPUS)  
*Kierownik projektu: dr hab. Anna Kurzyńska-Kokorniak*
3. Komórkowa sieć oddziaływań pomiędzy RNA i domeną helikazową rybonukleazy Dicer człowieka; (PRELUDIUM)  
*Kierownik projektu: mgr Kinga Ciechanowska*
4. 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*
5. 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) – projekt realizowany w konsorcjum; lider projektu: ideas4biology Sp. z o.o., Poznań (zarządzanie projektem: dr Maciej Kokorniak)  
*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)<sup>22</sup>

---

<sup>22</sup> W nawiasach podane źródło finansowania pracowników.

## **Skład osobowy<sup>23</sup>**

Pracownicy naukowi:

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

dr inż. Jolanta Lisowiec-Wąchnicka (STATUT)

Pracownicy techniczni:

dr Zofia Jahnz-Wechmann (0,8 STATUT/0,2 GRANTY)

Doktoranci:

mgr Natalia Bartyś (0,9 STATUT/0,1 GRANTY)

mgr Carolina Sofia Pereira Roxo (STATUT)

## **Temat statutowy Zakładu**

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

### **Opis prowadzonej działalności naukowej finansowanej z subwencji i projektów**

#### *Cel badań*

Celem badań było zaprojektowanie nowych konstruktów typu dupleks-G-kwadrupleks oraz wstępna analiza ich właściwości termodynamicznych.

#### *Opis zrealizowanych prac*

Wybrano dwie sekwencje wyjściowe DNA o długości 14 nt: T40214 oraz T40231. Aptamery te posiadają właściwości antyproliferacyjne prowadzące do inhibicji namnażania komórek nowotworowych. W celu otrzymania nowych konstruktów zaprojektowano warianty ze spiętymi końcami G-kwadrupleksu za pomocą helikalnego fragmentu zawierającego od 4 do 7 par zasad typu Watsona-Crick'a oraz różną formą połączenia pomiędzy obydwoma motywami strukturalnymi. Zbadano również wpływ modyfikacji UNA na trwałość termodynamiczną struktur. W wyniku prowadzonych prac zsyntetyzowano niemal 30 nowych wariantów oligonukleotydów. Badania termodynamiczne pozwoliły określić wpływ dodatkowej domeny dupleksowej na trwałość termodynamiczną tworzonych G-kwadrupleksów i wskazać najbardziej korzystną energetycznie aranżację strukturalną. Wstępna charakterystyka fizykochemiczna dostarczyła cennych informacji do zaplanowanych dalszych etapów projektu, polegających na weryfikacji zdolności inhibitorowych nowych cząsteczek wobec namnażania komórek nowotworowych.

### **The description of research activity funded by the statutory subsidy and grants**

#### *The research goals*

The aim of the research was the design of new duplex-G-quadruplex constructs and preliminary analysis of their thermodynamic properties.

#### *Description of the work carried out, the most important achievements and the usage of the obtained results*

Two model 14 nt DNA sequences were selected: T40214 and T40231. These aptamers possess antiproliferative properties, leading to the inhibition of tumor cell proliferation. In order to obtain new constructs, variants with spanned ends of G-quadruplex were designed, using a helical fragment containing up to 7 Watson-Crick type base pairs and different types of connection between both structural motifs. The impact of UNA modifications on the thermodynamic stability of new structures was also investigated. As a result of the studies, almost 30 new oligonucleotide variants were synthesized. Thermodynamic studies allowed to determine the influence of the additional duplex domain on the thermodynamic stability of the formed G-quadruplexes, and to indicate the

---

<sup>23</sup> Stan na 31.12.2022 r.

most energetically favourable structural arrangement. The initial physicochemical characterization provided information useful for the planned further stages of the project, i.e. verifying the inhibitory capacity of the new molecules against the proliferation of cancer cells.

## Publikacje

---

1. **D. Magner, R. Nowak, E. Lenartowicz Onyekaa, A. Pasternak, R. Kierzek**  
A Structural Potential of Rare Trinucleotide Repeat Tracts in RNA  
*INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES* 2022, 23, 5850
2. **J. Lisowiec-Wachnicka, M.B. Danielsen, E.A. Nader, P.T. Jorgensen, J. Wengel, A. Pasternak**  
Evaluation of Gene Expression Knock-Down by Chemically and Structurally Modified  
Gamper Antisense Oligonucleotides  
*CHEMBIOCHEM* 2022, 23, e202200168
3. **N. Bartys, A. Pasternak, J. Lisowiec-Wachnicka**  
Optimization of Bifunctional Antisense Oligonucleotides for Regulation of Mutually Exclusive  
Alternative Splicing of PKM Gene  
*MOLECULES* 2022, 27, 5682
4. **C. Roxo, A. Pasternak**  
Changes in physicochemical and anticancer properties modulated by chemically modified  
sugar moieties within sequence-related G-quadruplex structures  
*PLOS ONE* 2022, 23, e273528

### Prace przyjęte do druku

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

Physicochemical and antiproliferative characteristics of RNA and DNA sequence-related  
G-quadruplexes

*ACS MEDICINAL CHEMISTRY LETTERS*, DOI: 10.1021/acsmchemlett.2c00361

## Projekty realizowane w Zakładzie w 2022 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. Aptamer wiążący trombinę o zwiększonej różnorodności chemicznej jako potencjalny lek przeciwnowotworowy i chemioterapeutyk; (OPUS)  
*Kierownik projektu: dr Weronika Kotkowiak*
4. Nowe bispecyficzne koniugaty G-kwadrupleksów jako potencjalne leki przeciwnowotworowe; (PRELUDIUM)  
*Kierownik projektu: mgr Carolina Pereira Roxo*

## Zakład Biologii Obliczeniowej Niekodującego RNA

---

**Kierownik Zakładu: dr hab. Barbara Uszczyńska-Ratajczak, prof. ICHB PAN (GRANTY)<sup>24</sup>**

### **Skład osobowy<sup>25</sup>**

Pracownicy naukowcy:

dr Daniel Kuźnicki (GRANTY)

---

<sup>24</sup> W nawiasach podane źródło finansowania pracowników.

<sup>25</sup> Stan na 31.12.2022 r.

Pracownicy techniczni:

lic. Tugce Kocamanoglu (0,33 STATUT)

Doktoranci:

mgr Monika Kwiatkowska (stypendium NCN)

## **Temat statutowy Zakładu**

Zastosowanie metod obliczeniowych do identyfikacji genów niekodujących białek w genomach kręgowców (K) (dr hab. Barbara Uszczyńska-Ratajczak)

### **Opis prowadzonej działalności naukowej finansowanej z subwencji i projektów**

#### *Cel badań*

Celem prowadzonych badań było opracowanie nowych metod eksperymentalnych i obliczeniowych służących do ulepszenia katalogu genów GENCODE.

#### *Opis zrealizowanych prac*

W ramach projektu GENCODE tworzone są wysokiej jakości katalogi genów i transkryptów dla genomów człowieka i myszy. Wszystkie modele GENCODE są poparte danymi eksperymentalnymi i służą jako punkt odniesienia dla biologii genomu i genomiki klinicznej. Konsorcjum GENCODE generuje dedykowane dane eksperymentalne, opracowuje narzędzia bioinformatyczne i przeprowadza analizy, które wraz z zewnętrznymi danymi i metodami wspierają identyfikację i opisywanie struktur transkryptów oraz określanie ich funkcji. W ramach prowadzonych badań wykonano aktualizację zestawu genów ludzkich i mysich, uwzględniając rozwój narzędzi bioinformatycznych, analiz danych i głównych współprac, które leżą u podstaw tego postępu. Utworzono zestaw niekanonicznych ORF zidentyfikowanych w transkryptach GENCODE. We współpracy z LRGASP przeprowadzono ocenę możliwości wykorzystania długich danych transkryptomicznych do budowy modeli transkrypcji. Ponadto w ramach współpracy z RefSeq i UniProt doprowadzono do zwiększenia zbieżności katalogów ludzkich i mysich genów kodujących białka. Wsparto także rozwój narzędzi bioinformatycznych pozwalających na wydajną identyfikację regionów regulatorowych w ramach GENCODE (*Nucleic Acids Research*).

### **The description of research activity funded by the statutory subsidy and grants**

#### *The research goals*

The aim of the research conducted was to develop new experimental and computational methods to improve the GENCODE gene catalog.

#### *Description of the work carried out, the most important achievements and the usage of the obtained results*

In the GENCODE project, high quality gene and transcript annotation for the human and mouse genomes is generated. All GENCODE models are supported by experimental data and serves as reference points for genome biology and clinical genomics. The GENCODE consortium generates targeted experimental data, develops bioinformatics tools and carries out analyses that, along with externally produced data and methods, support the identification and annotation of transcript structures, as well as determination of their function. Under the research conducted, an update on the annotation of human and mouse genes was performed, including developments in the tools, data, analyses and major collaborations which underpin this progress. For example, the creation of a set of non-canonical ORFs, identified in GENCODE transcripts, was reported. In collaboration with LRGASP, possible use of the long transcriptomic data to build transcript models was assessed. Furthermore, in collaboration with RefSeq and UniProt, a convergence in the annotation of human and mouse protein-coding genes was increased. The development of bioinformatics tools, allowing to support efficient identification of regulatory regions was also supported, under the GENCODE (*Nucleic Acids Research*).

## Publikacje

---

**B. Uszczyńska-Ratajczak**, S. Sugunan, **M. Kwiatkowska**, M. Migdal, S. Carbonell-Sala, A. Sokol, C.L. Winata, A. Chacinska  
Profiling subcellular localization of nuclear-encoded mitochondrial gene products in zebrafish  
*LIFE SCIENCE ALLIANCE* 2022, 6, e202201514

### Prace przyjęte do druku

A. Frankish, S. Carbonell-Sala, M. Diekhans, I. Jungreis, J.E. Loveland, J.M. Mudge, C. Sisu, J.C. Wright, C. Arnan, I. Barnes, ..., **B. Uszczyńska-Ratajczak et al.**  
GENCODE: reference annotation for the human and mouse genomes in 2023  
*NUCLEIC ACIDS RESEARCH*, DOI:10.1093/nar/gkac1071

## Projekty realizowane w Zakładzie w 2022 r.

---

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

*Kierownik projektu: dr hab. Barbara Uszczyńska-Ratajczak*

2. Funkcjonalne czy niefunkcjonalne? Analiza pozycyjnie zachowanych ortologów długich niekodujących RNA w genomach kręgowców w rozdzielczości subkomórkowej; (SONATA BIS)

*Kierownik projektu: dr hab. Barbara Uszczyńska-Ratajczak*

3. Międzynarodowa konferencja „Non-coding RNA medicine”; (EMBO Workshop)

*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)<sup>26</sup>**

**Skład osobowy<sup>27</sup>**

Doktoranci:

mgr Ilkin Aygun (STATUT)

### Temat statutowy Zakładu

---

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

### Opis prowadzonej działalności naukowej finansowanej z subwencji i projektów

#### *Cel badań*

Regulacja RNA odgrywa ważną rolę w rozwoju zwierząt. Mimo iż poziomy RNA są określone poprzez równowagę między biogenezą a degradacją, mechanizmy degradacji RNA i ich rola w rozwoju zwierząt pozostają nadal słabo poznane. Poprzez mechanistyczną i fenotypową charakterystykę rybonukleaz i białek wiążących RNA przy użyciu organizmu modelowego *Caenorhabditis elegans* (*C. elegans*) możliwe będzie zrozumienie znaczenia degradacji RNA w rozwoju zwierząt.

#### *Opis zrealizowanych prac*

Jądrowa 5'-3' egzorybonukleaza XRN2 jest niezbędna do rozwoju *C. elegans*. Za pomocą mutagenyzy zidentyfikowano nowy gen C34C12.2, który jest genetycznym supresorem *xrn-2* w linii zarodkowej. Dodatkowe eksperymenty sugerują, że C34C12.2 negatywnie reguluje biogenezę rybosomalnego RNA (rRNA) w komórkach rozrodczych, przeciwdziałając w ten sposób roli XRN2 w dojrzewaniu rRNA.

---

<sup>26</sup> W nawiasach podane źródło finansowania pracowników.

<sup>27</sup> Stan na 31.12.2022 r.

Białko PUF-9 należące do rodziny Pumilio i FBF (PUF) jest białkiem wiążącym RNA (ang. *RNA-binding proteins*, RBPs) i rozpoznaje określone podzbiory mRNA w celu wywołania ich degradacji lub represji translacji. Zwierzęta z delecją *puf-9* wykazywały zmniejszoną wielkość potomstwa w porównaniu ze zwierzętami typu dzikiego, co zostało wzmocnione przez deplecję PUF-8, innego członka rodziny PUF. Wyniki wskazują, że PUF-9 w połączeniu z PUF-8 wspiera rozwój linii zarodkowej.

### **The description of research activity funded by the statutory subsidy and grants**

#### *The research goals*

RNA regulation is important in animal development. Although RNA levels are determined by biogenesis and degradation, regulation of the latter and its impacts on development are poorly understood. Through mechanistic and phenotypic characterization of ribonucleases and RNA-binding proteins using *Caenorhabditis elegans* (*C. elegans*) as a model system, it will be possible to understand the significance of RNA degradation in animal development.

#### *Description of the work carried out, the most important achievements and the usage of the obtained results*

The nuclear 5'–3' exoribonuclease XRN2 is essential for *C.elegans* development. Using the a mutagenesis screen, a novel gene *C34C12.2* was identified as a genetic suppressor of *xrn-2* in the germline. Additional experiments suggest that *C34C12.2* negatively regulates biogenesis of ribosomal RNA (rRNA) in germ cells, thereby counteracting the role of XRN2 in rRNA maturation.

PUF-9, a member of Pumilio and FBF (PUF) family, belongs to RBPs (*RNA-binding proteins*, RBPs) and recognizes specific subsets of mRNA to induce its degradation or translational repression. *puf-9*-deleted animals showed reduced brood size, compared to wild-type animals, which was enhanced by depletion of PUF-8, another member of PUF family. These results indicate that PUF-9 supports germline development, in conjunction with PUF-8.

### **Projekty realizowane w Zakładzie w 2022 r.**

---

Mechanizmy i role rozwojowe terminacji transkrypcji; (OPUS)

Kierownik projektu: dr hab. Takashi Miki

## **Zakład Biologii Strukturalnej Eukariontów**

---

**Kierownik Zakładu: dr hab. Miłosz Ruszkowski (GRANTY)<sup>28</sup>**

### **Skład osobowy<sup>29</sup>**

Pracownicy naukowci:

dr hab. Dariusz Brzeziński (0,3 STATUT)

dr Marta Grzechowiak (0,9 STATUT/0,1 GRANTY)

dr Maria Rutkiewicz (GRANTY)

dr Paulina Worsztynowicz (GRANTY)

Pracownicy techniczni:

dr hab. Mirosław Gilski (0,4 STATUT/0,1 GRANTY)

Doktoranci:

mgr Ha Linh Tran (stypendium NCN)

mgr Kinga Pokrywka (stypendium NCN)

mgr Wiktoria Ragin (stypendium NCN)

mgr Wojciech Witek (STATUT)

Afiliowani profesorowie:

prof. dr hab. Mariusz Jaskólski (0,4 STATUT/0,1 GRANTY)

---

<sup>28</sup> W nawiasach podano źródło finansowania pracowników.

<sup>29</sup> Stan na 31.12.2022 r.

## Pracownia Inżynierii Białek

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

Pracownicy naukowcy:

dr Joanna Śliwiak (0,1 STATUT/0,9 GRANTY)

Pracownicy techniczni:

dr Jakub Barciszewski (STATUT)

mgr Alina Kasperska (STATUT)

mgr Martyna Kordyś (GRANTY)

## Temat statutowy Zakładu

Badania strukturalne białek i kwasów nukleinowych (M) (dr. hab. Miłosz Ruszkowski)

### Opis prowadzonej działalności naukowej finansowanej z subwencji i projektów

#### *Cel badań*

Celem badań było poznanie struktur: roślinnych czynników transkrypcyjnych WRKY grupy II; roślinnych hydroksymetylaz serynowych; cząstek wirusopodobnych; enzymu inhibowanego przez herbicyd glifosat; RNA zawierającego tandem 5'UG/3'GU związany z metalem dwuwartościowym; nowych wariantów L-asparaginaz.

#### *Opis zrealizowanych prac*

Dzięki przeprowadzonym eksperymentom zostały opisane i opublikowane (*International Journal of Biological Macromolecules*) nowe aspekty rozpoznawania DNA przez czynnik transkrypcyjny WRKY, które pełnią rolę w zapewnieniu specyficzności rozpoznawania DNA w regionach promotorowych; (*Plant Physiology and Biochemistry*) wszystkie siedem izoform hydroksymetylaz serynowych występujących w modelowej roślinie *A. thaliana*; (*Nanoscale*) mechanizm składania cząstek wirusopodobnych o potencjalnym zastosowaniu w dostarczaniu leków; (*Computational and Structural Biotechnology Journal*) struktura i parametry kinetyczne syntazy fosforanu 5-enolpirogronianozikimianu; (*Frontiers in Molecular Biosciences*) geometria i rozkład ładunków elektrostatycznych w A-helisie RNA zawierającej tandem 5'UG/3'GU; (*Scientific Reports; Acta Crystallographica Section D*) struktura, ewolucja i przypadkowa mutagenaza L-asparaginaz o potencjalnym zastosowaniu terapeutycznym.

### The description of research activity funded by the statutory subsidy and grants

#### *The research goals*

The aim of the research was to investigate the structures of: plant WRKY group II transcription factors; plant serine hydroxymethyltransferases; virus-like particles; an enzyme inhibited by the herbicide glyphosate; RNA containing tandem 5'UG/3'GU bound to a divalent metal; new variants of L-asparaginases.

#### *Description of the work carried out, the most important achievements and the usage of the obtained results*

Thanks to the conducted experiments, the following (*International Journal of Biological Macromolecules*) new aspects of DNA recognition by the WRKY transcription factor were described and published (*International Journal of Biological Macromolecules*); which play a role in ensuring the specificity of DNA recognition in promoter regions; (*Plant Physiology and Biochemistry*) all seven isoforms of serine hydroxymethyltransferases found in the model plant *A. thaliana*; (*Nanoscale*) mechanism for the assembly of virus-like particles with potential use in drug delivery; (*Computational and Structural Biotechnology Journal*) structure and kinetic parameters of 5-enolpyruvylshikimate-3-phosphate synthase; (*Frontiers in Molecular Biosciences*) geometry and distribution of electrostatic charges in the RNA A-helix containing tandem 5'UG/3'GU; (*Scientific Reports; Acta Crystallographica Section D*) structure, evolution and random mutagenesis of L-asparaginases with potential therapeutic use.

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 Ba<sup>2+</sup> Cation  
*FRONTIERS IN MOLECULAR BIOSCIENCES* 2022, 8, 762786
2. **M. Ruszkowski**, **A. Strugala**, P. Indyka, G. Tresset, **M. Figlerowicz**, **A. Urbanowicz**  
Cryo-EM reconstructions of BMV-derived virus-like particles reveal assembly defects in the icosahedral lattice structure  
*NANOSCALE* 2022, 14, 3224–3233
3. **M. Ruszkowski**, G. Forlani  
Deciphering the structure of *Arabidopsis thaliana* 5-enol-pyruvyl-shikimate-3-phosphate synthase: An essential step toward the discovery of novel inhibitors to supersede glyphosate  
*COMPUTATIONAL AND STRUCTURAL BIOTECHNOLOGY JOURNAL* 2022, 20, 1494–1505
4. **M. Grzechowiak**, **A. Ruszkowska**, **J. Sliwiak**, **A. Urbanowicz**, **M. Jaskolski**, **M. Ruszkowski**  
New aspects of DNA recognition by group II WRKY transcription factor revealed by structural and functional study of AtWRKY18 DNA binding domain  
*INTERNATIONAL JOURNAL OF BIOLOGICAL MACROMOLECULES* 2022, 213, 589–601
5. I. Nogues, B. Sekula, A. Angelaccio, **M. Grzechowiak**, A. Tramonti, R. Contestabile, **M. Ruszkowski**  
*Arabidopsis thaliana* serine hydroxymethyltransferases: functions, structures, and perspectives  
*PLANT PHYSIOLOGY AND BIOCHEMISTRY* 2022, 187, 37–49
6. G. Forlani, G. Sabbioni, **M. Ruszkowski**  
Functional Characterization of *Saccharomyces cerevisiae* P5C Reductase, the Enzyme at the Converging Point of Proline and Arginine Metabolism  
*MICROORGANISMS* 2022, 10, 2077
7. M. Piernik, **D. Brzezinski**, P. Sztromwasser, K. Pacewicz, W. Majer-Burman, M. Gniot, D. Sielski, O. Bryzghalov, A. Wozna, P. Zawadzki  
DBFE: distribution-based feature extraction from structural variants in whole-genome data  
*BIOINFORMATICS* 2022, 38, 4466–4473
8. J.M. Macnar, **D. Brzezinski**, M. Chruszcz, D. Gront  
Analysis of protein structures containing HEPES and MES molecules  
*PROTEIN SCIENCE* 2022, 31, e4415
9. J.I. Loch, A. Klonecka, K. Kadiolka, P. Bonarek, **J.F. Barciszewski**, **B. Imiolczyk**, **K. Brzezinski**, **M. Gilski**, **M. Jaskolski**  
Structural and biophysical studies of new L-asparaginase variants: lessons from random mutagenesis of the prototypic *Escherichia coli* Ntn-amidohydrolase  
*ACTA CRYSTALLOGRAPHICA SECTION D-STRUCTURAL BIOLOGY* 2022, 78, 911–926
10. J.I. Loch, **J.F. Barciszewski**, **J. Sliwiak**, P. Bonarek, P. Wrobel, **K. Pokrywka**, I.G. Shabalin, W. Minor, **M. Jaskolski**, K. Lewinski  
New ligand-binding sites identified in the crystal structures of  $\beta$ -lactoglobulin complexes with desipramine  
*IUCRJ* 2022, 9, 386–398
11. B. Naskrecki, **M. Jaskolski**, Z. Dauter  
The Euler characteristic as a basis for teaching topology concepts to crystallographers  
*JOURNAL OF APPLIED CRYSTALLOGRAPHY* 2022, 55, 154–167
12. **M. Jaskolski**, A. Wlodawer, Z. Dauter, W. Minor, B. Rupp  
Group depositions to the Protein Data Bank need adequate presentation and different archiving protocol  
*PROTEIN SCIENCE* 2022, 31, 784–786
13. E. Iłowska, **J.F. Barciszewski**, **M. Jaskolski**, A. Molinski, M. Kozak, A. Szymanska  
Identification of a Steric Zipper Motif in the Amyloidogenic Core of Human Cystatin C and Its



Use for the Design of Self-Assembling Peptides

*INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES* 2022, 23, 5800

14. **P.H. Malecki, B. Imiolczyk, J.F. Barciszewski, J. Czyrko-Horczak, J. Sliwiak, M. Gawel, K. Wozniak, M. Jaskolski, K. Brzezinski**

Biochemical and structural insights into an unusual, alkali-metal-independent S-adenosyl-L-homocysteine hydrolase from *Synechocystis* sp. PCC 6803

*ACTA CRYSTALLOGRAPHICA SECTION D-STRUCTURAL BIOLOGY* 2022, 78, 865–882

15. A. Zielezinski, J.I. Loch, W.M. Karlowski, **M. Jaskolski**

Massive annotation of bacterial l-asparaginases reveals their puzzling distribution and frequent gene transfer events

*SCIENTIFIC REPORTS* 2022, 12, 15797

16. T. Dyrda-Terniuk, M. Sugajski, O. Pryshchepa, **J. Sliwiak, M. Buszewska-Forajta, P. Pomastowski, B. Buszewski**

The Study of Protein-Cyclitol Interactions

*INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES* 2022, 23, 2940

17. **K. Biniak-Antosiak, M. Bejger, J. Sliwiak, D. Baranowski, A.S.A. Mohammed, D.I. Svergun, W. Rypniewski**

Structural, Thermodynamic and Enzymatic Characterization of N,N-Diacetylchitobiose Deacetylase from *Pyrococcus chitonophagus*,

*INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES* 2022, 23, 15736

18. **M. Kordys, R. Sen, Z. Warkocki**

Applications of the versatile CRISPR-Cas13 RNA targeting system

*WILEY INTERDISCIPLINARY REVIEWS-RNA* 2022, 13, e1694

#### Prace przyjęte do druku

A. Pyrih, A. Lapinski, S. Zieba, R. Lesyk, **M. Jaskolski, A. Gzella**

Proton tautomerism and stereoisomerism of 4-amino-1,3-thiazol-2(5H)-one derivatives bearing substituents with opposite electronic effects: Synthesis, structure and spectroscopic studies

*JOURNAL OF MOLECULAR STRUCTURE*, DOI: 10.1016/j.molstruc.2022.134441

#### Projekty realizowane w Zakładzie i Pracowni w 2022 r.

1. Trójwymiarowe Peptydowo-Organiczne Szkielety Supramolekularne; (SYMFONIA)

– projekt realizowany w konsorcjum; lider projektu: Instytut Chemii Organicznej PAN, Warszawa (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. 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*

4. Poszukiwanie inhibitorów ludzkiej reduktazy  $\delta$ 1-pyrrolino-5-karboksyłanu (PYCR1) jako cząsteczek wiodących w rozwoju nowych leków antynowotworowych; (OPUS) – projekt realizowany w konsorcjum; lider projektu: ICHB PAN

*Kierownik projektu: dr hab. Miłosz Ruszkowski*

5. Roślinny szlak biosyntezy histydyny: badania strukturalne i funkcjonalne jako wstęp do projektowania inhibitorów i aktywatorów; (SONATA)

*Kierownik projektu: dr hab. Miłosz Ruszkowski*

6. Zagadkowa struktura ludzkich czynników transkrypcyjnych GRHL regulujących procesy nowotworzenia; (SONATINA)

*Kierownik projektu: dr Maria Rutkiewicz*

7. Opracowanie wydajnej metody pozyskiwania czynników transkrypcyjnych WRKY należących do grupy IIa z *Arabidopsis thaliana* do dalszych badań strukturalnych; (MINIATURA)

*Kierownik projektu: dr Marta Grzechowiak*

8. 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**

---

**Kierownik Zakładu: dr hab. Krzysztof Brzeziński, prof. ICHB PAN (GRANTY)<sup>30</sup>**

**Skład osobowy<sup>31</sup>**

Pracownicy naukowci:

dr Piotr Małecki (GRANTY)

Pracownicy techniczni:

mgr Marlena Stępniewska (GRANTY)

Doktoranci:

mgr Magdalena Gawęł (stypendium NCN)

mgr Katarzyna Woźniak (stypendium NCN)

Magistranci:

Monika Moskwa (stypendium NCN)

### **Temat statutowy Zakładu**

---

**Badania strukturalne makromolekuł oraz małowcząsteczkowych związków bioaktywnych (N)**  
(dr hab. Krzysztof Brzeziński)

### **Opis prowadzonej działalności naukowej finansowanej z subwencji i projektów**

#### *Cel badań*

Celem zadania było zbadanie wpływu podstawień reszt aminokwasowych uczestniczących w wiązaniu substratu na strukturę i aktywność hydrolaz S-adenozyl-L-homocysteiny (SAHaz).

#### *Opis zrealizowanych prac*

Analizowano wpływ mutacji powodujących zmianę reszt aminokwasowych, które są zlokalizowane na obu biegunach miejsca wiązania substratu i nie biorą bezpośrednio udziału w reakcji rozkładu substratu, na aktywność i strukturę SAHaz pochodzenia bakteryjnego. Wykazano, że zmiany reszty Q65 znacząco obniżają aktywność enzymu. Badania strukturalne wykazały, że przyczyną tego jest zaburzenie wiązania jonu K<sup>+</sup> kluczowego dla cyklu katalitycznego. W konsekwencji zakłócona zostaje dynamika zmian konformacyjnych zachodzących w trakcie cyklu katalitycznego. Podstawienia reszt aminokwasowych w obrębie bramki molekularnej regulującej dostęp substratu do centrum aktywnego enzymu skutkują całkowitym zniesieniem aktywności katalitycznej. Wyniki przedstawiono w publikacji przygotowanej do recenzji.

### **The description of research activity funded by the statutory subsidy and grants**

#### *The research goals*

The aim of the research was to study the impact of replacements of amino acid residues, involved in substrate binding, on structure and activity of S-adenosyl-L-homocysteine hydrolases (SAHases).

---

<sup>30</sup> W nawiasach podane źródło finansowania pracowników.

<sup>31</sup> Stan na 31.12.2022 r.

*Description of the work carried out, the most important achievements and the usage of the obtained results*

The influence of mutations causing the replacement of amino acid residues, that are located within two poles of the substrate binding site and do not participate directly in the substrate degradation, on the activity and structure of bacterial SAH<sub>az</sub> was analyzed. Replacements of Q65 residues have been shown to significantly decrease the enzyme activity. Crystallographic studies indicated that it is because of the disturbance when it comes to binding K<sup>+</sup> ion, which is essential for the catalytic cycle. Consequently, the dynamics of conformational changes, taking place during the catalytic cycle, is disrupted. Replacements of amino acid residues within the molecular gate – that regulates the access of the substrate to the active site of the enzyme, result in definite cessation of the catalytic activity. Results presented in publication prepared for review.

## Publikacje

---

1. A. Pucowska, **M. Gawel, M. Komorowska, P. Drozdal, A. Arning, D. Pawelski, K. Brzezinski**, M.E. Plonska-Brzezinska  
Synthesis and Structural Characterization of Pyridine-2,6-dicarboxamide and Furan-2,5-dicarboxamide Derivatives  
*MOLECULES* 2022, 27, 1819
2. G. Siemaszko, A. Hryniewiecka, J. Breczko, **K. Brzezinski**, M.E. Plonska-Brzezinska  
Carbon nano-onion induced organization of polyacrylonitrile-derived block star polymers to obtain mesoporous carbon materials  
*CHEMICAL COMMUNICATIONS* 2022, 58 6829–6832
3. **P.H. Malecki, B. Imiolczyk, J.F. Barciszewski**, J. Czyrko-Horczak, **J. Sliwiak, M. Gawel, K. Wozniak, M. Jaskolski, K. Brzezinski**  
Biochemical and structural insights into an unusual, alkali-metal-independent S-adenosyl-L-homocysteine hydrolase from *Synechocystis* sp. PCC 6803  
*ACTA CRYSTALLOGRAPHICA SECTION D-STRUCTURAL BIOLOGY* 2022, 78, 865–882
4. J.I. Loch, A. Klonecka, K. Kadiolka, P. Bonarek, **J.F. Barciszewski, B. Imiolczyk, K. Brzezinski, M. Gilski, M. Jaskolski**  
Structural and biophysical studies of new L-asparaginase variants: lessons from random mutagenesis of the prototypic *Escherichia coli* Ntn-amidohydrolase  
*ACTA CRYSTALLOGRAPHICA SECTION D-STRUCTURAL BIOLOGY* 2022, 78, 911–926
5. J.W. Strawa, K. Jakimiuk, L. Szoka, **K. Brzezinski, P. Drozdal**, J.A. Palka, M. Tomczyk  
New Polymethoxyflavones from *Hottonia palustris* Evoke DNA Biosynthesis-Inhibitory Activity in An Oral Squamous Carcinoma (SCC-25) Cell Line  
*MOLECULES* 2022, 27, 4415
6. A. Chyzy, D. Pawelski, V. Vivcharenko, A. Przekora, M. Bratychak, O. Astakhova, J. Breczko, **P. Drozdal**, M.E. Plonska-Brzezinska  
Microwave-Assisted Synthesis of Modified Glycidyl Methacrylate-Ethyl Methacrylate Oligomers, Their Physico-Chemical and Biological Characteristics  
*MOLECULES* 2022, 27, 337

## Prace przyjęte do druku

**M. Marszałek-Zenczak, A. Satyr, P. Wojciechowski, M. Zenczak, P. Sobieszczanska, K. Brzezinski**, T. Iefimenko, **M. Figlerowicz, A. Zmienko**

Copy number variations shape the structural diversity of *Arabidopsis* metabolic gene clusters and are associated with the climatic gradient

zamieszczony w *BIORXIV*, DOI: 10.1101/2022.09.05.506152

## Projekty realizowane w Zakładzie w 2022 r.

---

1. Hamowanie aktywności hydrolazy *S*-adenozyl-*L*-homocysteiny z *Pseudomonas aeruginosa* poprzez wpływ na dynamikę enzymu; (SONATA BIS)<sup>32</sup>  
Kierownik projektu: dr hab. Krzysztof Brzeziński
2. Bazujące na podstawie informacji strukturalnej opracowanie inhibitorów demetylaz histonów dla terapii przeciwnowotworowej; (SONATA)  
Kierownik projektu: dr Piotr Małecki

## Zakład Biotechnologii Medycznej

---

**Kierownik Zakładu: dr hab. Agnieszka Fiszer, prof. ICHB PAN (0,3 STATUT/0,7 GRANTY)<sup>33</sup>**

### **Skład osobowy<sup>34</sup>**

Pracownicy naukowci:

- dr Magdalena Jazurek-Ciesiołka (0,1 STATUT/0,9 GRANTY)
- dr Emilia Kozłowska (GRANTY)
- dr Paweł Świtoński (GRANTY)
- dr hab. Edyta Kościańska (0,1 STATUT/0,9 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 (0,75 STATUT/0,25 GRANTY)
- mgr Weronika Pawlik (stypendium NCN)
- mgr Grażyna Adamek (stypendium NCN)

### **Temat statutowy Zakładu**

---

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

### **Opis prowadzonej działalności naukowej finansowanej z subwencji i projektów**

#### *Cel badań*

Celem badań jest poznanie molekularnych mechanizmów związanych z obecnością ciągów powtórzeń w określonych transkryptach, ze szczególnym uwzględnieniem zaburzonych mechanizmów w przypadku mutacji ciągów, dla chorób takich jak HD, SCA3, SCA7 i DRPLA.

#### *Opis zrealizowanych prac*

Zakończono charakterystykę nowego modelu mysiego HD oraz walidację wyników RNA-Seq zestawu izogenicznych linii komórkowych z różnymi wariantami genu odpowiedzialnego za HD i SCA3. Ponadto sfinalizowano allelo-specyficzne analizy transkryptów związanych z HD i SCA3 (manuskrypt w recenzji). W ramach projektu SONATA zidentyfikowano białka/RNA biorące udział w RAN translacji w kontekście choroby SCA3. W ramach realizacji Diamentowego grantu uzyskano linie komórkowe z różnymi wariantami genu odpowiedzialnego za DRPLA. Rozpoczęto realizację projektu OPUS: dla modelu choroby DRPLA uzyskano model *knock-out* genu *ATN1*, oraz w ramach współpracy z zespołem dr Grzegorza Kudły (University of Edinburgh, UK) otrzymano

---

<sup>32</sup> Projekt realizowany w ICHB od 1.10.2020 r.

<sup>33</sup> W nawiasach podane źródło finansowania pracowników.

<sup>34</sup> Stan na 31.12.2022 r.

zestaw konstruktów ze zróżnicowaną długością ciągów CAG w *ATN1*. Rozpoczęto również realizację projektu SONATA, w ramach którego zoptymalizowano protokół izolacji jąder komórek Purkiniego i wykonano pierwsze analizy sekwencjonowania dla modeli SCA7.

## **The description of research activity funded by the statutory subsidy and grants**

### *The research goals*

The aim of the research is to understand the molecular mechanisms related to the presence of repeat sequences in specific transcripts, with particular emphasis on disturbed mechanisms in the case of sequence mutations for diseases such as HD, SCA3, SCA7 and DRPLA.

### *Description of the work carried out, the most important achievements and the usage of the obtained results*

The characterization of a new HD mouse model, and the validation of the RNA-Seq results of a set of isogenic cell lines, with different variants of the gene responsible for HD and SCA3, were completed. In addition, allele-specific analyses of HD and SCA3-related transcripts were finalized (manuscript under review). In the accomplished SONATA project, proteins/RNAs involved in RAN translation in the context of SCA3 disease were identified. Under implementation of the Diamond Grant, cell lines with different variants of the gene responsible for DRPLA were obtained. The OPUS project was launched: a knock-out model of the *ATN1* gene was obtained for the DRPLA disease model, and in cooperation with the team of Dr. Grzegorz Kudła, a set of constructs with different number of CAG repeats in *ATN1* was obtained. The implementation of the SONATA project was also started, under which the Purkinje nuclear isolation protocol was optimized and the initial sequencing analyses for SCA7 models were performed.

## **Publikacje**

---

1. **P. Joachimiak, A. Ciesiolka, G. Figura, A. Fiszer**  
Implications of Poly(A) Tail Processing in Repeat Expansion Diseases  
*CELLS* 2022, 11, 677
2. M. Rybska, M. Billert, M. Skrzybski, M. Kubiak, **M. Wozna-Wysocka**, A. Lukomska, J. Blaszczyk-Cichoszewska, M. Pomorska-Mol, B. Wasowska  
Canine cystic endometrial hyperplasia and pyometra may downregulate neuropeptide phoenixin and GPR173 receptor expression  
*ANIMAL REPRODUCTION SCIENCE* 2022, 238, 106931

## **Projekty realizowane w Zakładzie w 2022 r.**

---

1. Funkcja i dysfunkcja ciągów powtórzeń w transkryptach niekodujących i kodujących białka; (OPUS)  
*Kierownik projektu: dr hab. Agnieszka Fiszer*
2. Translacja inicjowana na powtórzonych sekwencjach CAG w ataksji rdzeniowo-mózdkowej typu 3; (SONATA)  
*Kierownik projektu: dr Magdalena Jazurek-Ciesiołka*
3. Zgłębienie procesów neurodegeneracyjnych z wykorzystaniem bezpośredniego profilowania selektywnie wrażliwych neuronów; (SONATA)  
*Kierownik projektu: dr Paweł Świtoński*
4. Badanie początkowych ścieżek patogenezy DRPLA w modelu ludzkich prekursorów neuronalnych; (DIAMENTOWY GRANT)  
*Kierownik projektu: inż. Bartosz Nowak*
5. Międzynarodowa konferencja „RNA regulation in brain function and disease”; (DOSKONAŁA NAUKA)  
*Kierownik projektu: dr hab. Agnieszka Fiszer, dr Monika Piwecka, dr hab. Marta Olejniczak, dr hab. Katarzyna Rolle*

## Zakład Chemii Biopolimerów

---

**Kierownik Zakładu: dr hab. Marcin K. Chmielewski, prof. ICHB PAN**  
(0,5 STATUT/0,5 GRANTY)<sup>35</sup>

### **Skład osobowy**<sup>36</sup>

Pracownicy naukowci:

dr Stanisław Trzciniński (0,1 STATUT/0,9 GRANTY)

mgr Joanna Strzelec (GRANTY)

Pracownicy techniczni:

dr Jolanta Brzezińska (GRANTY)

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

mgr Joanna Chróst (GRANTY)

mgr Aleksandra Bartkowiak (GRANTY)

Doktoranci:

mgr Magdalena Paluch (STATUT)

## Temat statutowy Zakładu

---

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

### **Opis prowadzonej działalności naukowej finansowanej z subwencji i projektów**

#### *Cel badań*

Celem prowadzonych badań w roku 2022 była chemiczna synteza i modyfikacja biopolimerów takich jak nukleozydy, kwasy nukleinowe czy peptydy. Działania te miały na celu wytworzenie związków o nowych funkcjonalnych właściwościach. Prace skoncentrowane były na chemicznej syntezie nowych termowrażliwych polimerów typu PNIPAM zawierających termowrażliwe ugrupowania. Rozwijano również nową metodę syntezy trójfosforanów oraz prowadzone były prace nad hybrydowymi podłożami stałymi do syntezy kwasów nukleinowych.

#### *Opis zrealizowanych prac*

W roku 2022 realizowano trzy projekty badawcze. Zaprojektowano nowe responsywne polimery z 2-pirydynylową funkcją termo-uwalniania oraz przeprowadzono charakterystykę właściwości fizyko-chemicznych. Opracowano nowy wariant syntezy trójfosforylowanych oligonukleotydów opierający się na 4-aminopirydynylowej oksazafosfolidynie. Okazało się, że wytworzona w ten sposób termolabilna grupa znacznie szybciej jest odłączana od fosforanów niż wcześniej testowane. Prowadzono również prace nad podłożami hybrydowymi. Są to podłoża szklane (typu CPG ang. Controlled Pore Glass), które dzięki usieciowaniu na powierzchni polimeru wykazują zwiększoną (w stosunku do komercyjnych) ilość miejsc zdolnych do wzrostu łańcucha DNA.

### **The description of research activity funded by the statutory subsidy and grants**

#### *The research goals*

The goal of the research conducted in 2022 was the chemical synthesis and modification of biopolymers such as nucleosides, nucleic acids or peptides. These activities were aimed at creating compounds with new functional properties. The work focused on the chemical synthesis of new thermosensitive PNIPAM-type polymers containing thermosensitive moieties. A new method for the synthesis of triphosphates was also developed, and work was carried out on hybrid solid support for the synthesis of nucleic acids.

---

<sup>35</sup> W nawiasach podane źródło finansowania pracowników.

<sup>36</sup> Stan na 31.12.2022 r.

*Description of the work carried out, the most important achievements and the usage of the obtained results*

Three research projects were being implemented in 2022. New responsive polymers with 2-pyridinyl thermo-release functionalization were designed, and physical and chemical characterization of properties was conducted. A new variant for the synthesis of triphosphorylated oligonucleotides, based on 4-aminopyridinyl oxazafosfolidine, was developed. It turned out that the thermolabile group produced in this way is much faster detached from phosphates than previously tested ones. Work was also carried out on hybrid supports. These are glass types of support (CPG Controlled Pore Glass) that, due to cross-linking on the surface polymer, demonstrate an increased (compared to commercial) number of sites suitable for DNA chain growth.

## Publikacje

---

### Prace przyjęte do druku

B. Drabinska, K. Dettlaff, T. Ratajczak, K. Kossakowski, **M.K. Chmielewski**, J. Cielecka-Piontek, J. Kujawski

Structural and Spectroscopic Properties of Isoconazole and Bifonazole – Experimental and Theoretical Studies

*INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES*, DOI: 10.3390/ijms24010520

## Projekty realizowane w Zakładzie w 2022 r.

---

1. Opracowanie wielkoskalowej syntezy kwasów nukleinowych z wykorzystaniem podłoża hybrydowych; (POIR) – projekt realizowany w konsorcjum; lider projektu: FutureSynthesis Sp. z o.o., Poznań (zarządzanie projektem: mgr Joanna Chmielewska)

*Kierownik zadań z ramienia ICHB PAN: dr hab. Marcin K. Chmielewski*

2. Wdrożenie metody wytworzenia 5'trifosforylowanych kwasów nukleinowych; (TANGO)

*Kierownik projektu: dr hab. Marcin K. Chmielewski*

## Zakład Chorób Rzadkich

---

*Zakład powołano 01.01.2022 r.*

**Kierownik Zakładu: dr hab. Marzena Wojciechowska, prof. ICHB PAN (0,6 STATUT/0,4 GRANTY)<sup>37</sup>**

### **Skład osobowy<sup>38</sup>**

Pracownicy naukowci:

dr Ilamathi Thirusenthilarasan (GRANTY)

Pracownicy techniczni:

lic. Tugce Kocamanoglu (0,33 STATUT)

Doktoranci:

mgr Arvind Srinivasan (stypendium NCN)

mgr Adeyemi Lawal (stypendium NCN)

## Temat statutowy Zakładu

---

**Nowe biomarkery i podejścia terapeutyczne w chorobach rzadkich człowieka (N)**

**(dr hab. Marzena Wojciechowska)**

---

<sup>37</sup> W nawiasach podane źródło finansowania pracowników.

<sup>38</sup> Stan na 31.12.2022 r.

## Opis prowadzonej działalności naukowej finansowanej z subwencji i projektów

### *Cel badań*

Cel prowadzonych badań obejmuje patomechanizm oraz poszukiwanie nowych rozwiązań terapeutycznych w dystrofiach mięśniowych typu pierwszego i drugiego, jak również innych chorobach rzadkich człowieka, w których podłożem genetycznym choroby są mutacje sekwencji mikrosatelitarnych w regionach niekodujących.

### *Opis zrealizowanych prac*

Działalność naukowa Zakładu w roku 2022 dotyczyła w głównej mierze prac obejmujących realizację dwóch grantów OPUS zatytułowanych „Wyjaśnienie molekularnych przyczyn i skutków podwyższonego poziomu ekspresji kolistych RNA w dystrofii mięśniowej typu pierwszego (DM1)” (2019/33/B/NZ5/02473) oraz „Wysokoprzepustowe testy przesiewowe w celu wyselekcjonowania niskocząsteczkowych związków chemicznych osłabiających patogenezę dystrofii miotonicznej typu drugiego (DM2)” (2020/39/B/NZ3/01811). W ramach pierwszego grantu prowadzono prace eksperymentalne w celu przygotowania modeli komórkowych niezbędnych do charakterystyki kolistych RNA w DM1 oraz wykonano szereg bionformatycznych analiz transkryptomicznych kolistych RNA w rozmaitych tkankach pochodzących od pacjentów DM1. W ramach drugiego grantu pozyskano biblioteki niskocząsteczkowych związków chemicznych, które będą wykorzystywane w testach przesiewowych w ludzkich komórkach fibroblastycznych DM2 oraz przeprowadzono optymalizację komórkowego testu fenotypowego niezbędnego do oceny skuteczności testowanych związków. Ponadto kontynuowano prace rozpoczęte w latach ubiegłych z partnerem zagranicznym, dotyczące roli białka MBNL1 w patogenezie DM1 i DM2.

## The description of research activity funded by the statutory subsidy and grants

### *The research goals*

The overarching aim of the research is pathomechanism and search for new therapeutic tools in myotonic dystrophy type 1 and type 2, as well as in other human genetic disorders associated with expansional instability of non-coding microsatellites.

### *Description of the work carried out, the most important achievements and the usage of the obtained results*

The scientific activity of the Department in 2022 mainly concerned the work involving implementation of the two OPUS grants entitled “Deciphering the molecular causes and consequences of circular RNAs elevated expression levels in myotonic dystrophy type 1 (DM1)” (2019/33/B/NZ5/02473) and “Cell-based high-throughput screening for small-molecule compounds diminishing molecular markers of pathogenesis in myotonic dystrophy type 2 (DM2)” (2020/39/B/NZ3/01811). Under the first grant, experimental work to prepare cell-based models necessary for the characterization of circular RNAs in DM1 was carried out, and a number of transcriptomic bioinformatics analyses of circular RNAs in various tissues from DM1 patients were performed. The second grant was focused on collecting libraries of small-molecule compounds to be used in screening tests in human DM2 fibroblast cells, and on optimisation of the cellular phenotypic test essential for evaluating the effectiveness of the tested compounds. In addition, the work initiated in the past years with a foreign partner was continued and was focused on the role of MBNL1 protein in the pathogenesis of DM1 and DM2.

## Publikacje

---

1. S. Sedehizadeh, **M. Wojciechowska**, A. Ketley, J.D. Brook, P. Madison  
Splicing in two skeletal muscle transcripts correlates with clinical phenotype in myotonic dystrophy type 1 patients  
*JOURNAL OF NEUROLOGY* 2022, 269, 2784–2787



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* 2022, 141, 31–47
3. V. Sriramavaratharajan, D.J. Chellappan, K. Shanmugam, **I. Mathialagan**, M. Ramar  
Multi target interactions of essential oil nanoemulsion of *Cinnamomum travancoricum*  
against diabetes mellitus via *in vitro*, *in vivo* and *in silico* approaches  
*PROCESS BIOCHEMISTRY* 2022, 118, 190–204

### Projekty realizowane w Zakładzie w 2022 r.

---

1. Wyjaśnienie molekularnych przyczyn i skutków podwyższonego poziomu ekspresji kolistych RNA w dystrofii mięśniowej typu pierwszego (DM1); (OPUS)  
*Kierownik projektu: dr hab. Marzena Wojciechowska*
2. Wysokoprzepustowe testy przesiewowe w celu wyselekcjonowania niskocząsteczkowych związków chemicznych osłabiających patogenezę dystrofii miotonicznej typu drugiego (DM2); (OPUS)  
*Kierownik projektu: dr hab. Marzena Wojciechowska*
3. Niekanoniczny splicing pre-mRNA jest zaangażowany w edytowanie zmutowanego allelu CNBP w dystrofii mięśniowej typu drugiego (DM2); (PRELUDIUM BIS)  
*Kierownik projektu: dr hab. Marzena Wojciechowska*

### Zakład Genomiki Roślin

---

**Kierownik Zakładu: dr hab. Agnieszka Żmieńko, prof. ICHB PAN (0,9 STATUT/0,1 GRANTY)<sup>39</sup>**

#### Skład osobowy<sup>40</sup>

Pracownicy techniczni:

dr hab. Aleksandra Świercz (0,5 STATUT)

lic. Tugce Kocamanoglu (0,33 STATUT)

Doktoranci:

mgr inż. Anastasiia Satyr (stypendium NCN)

mgr Paulina Poniatońska (stypendium NCN)

#### Temat statutowy Zakładu

---

Identyfikacja i badanie roli wariantów strukturalnych w modelowych genomach roślinnych (N)  
(dr hab. Agnieszka Żmieńko)

#### Opis prowadzonej działalności naukowej finansowanej z subwencji i projektów

##### *Cel badań*

Celem badań była identyfikacja wariantów strukturalnych w modelowym genomie roślinnym (*Arabidopsis thaliana*) oraz badanie potencjalnej roli wybranych polimorfizmów liczby kopii w odpowiedzi roślin na czynniki biotyczne oraz w adaptacji do warunków środowiska.

##### *Opis zrealizowanych prac*

Aby umożliwić identyfikację złożonych wariantów strukturalnych, opracowano wydajny protokół izolacji genomowego DNA o wysokiej masie cząsteczkowej i sekwencjonowania długich odczytów (średnio 10 tys. nt, max. ponad 700 tys. nt). Dla 10 ekotypów wykonano asemblację *de novo* genomowego DNA, poprzez poszukiwanie nałożeń między odczytami, tworzenie kontigów oraz ich udokładnienie za pomocą mapowania odczytów surowych do kontigów. Następnie przeprowa-

---

<sup>39</sup> W nawiasach podane źródło finansowania pracowników.

<sup>40</sup> Stan na 31.12.2022 r.

dzono adnotację funkcjonalną genów oraz elementów mobilnych. Uzyskane asemblacje wykorzystano do identyfikacji wariantów strukturalnych, ze szczególnym uwzględnieniem genów związanych z adaptacją i odpowiedzią na stres. Przeprowadzono szczegółową analizę zmienności strukturalnej całej rodziny genów RLP, kodujących roślinne zewnątrzkomórkowe receptory zaangażowane w rozpoznanie patogenu. Wyniki są w trakcie opracowywania.

### **The description of research activity funded by the statutory subsidy and grants**

#### *The research goals*

The aim of the 2022 research was to identify structural variants in the genome of a model plant *Arabidopsis thaliana*, as well as to study the potential role of selected copy number polymorphisms in plant response to biotic factors and adaptation to environmental conditions.

#### *Description of the work carried out, the most important achievements and the usage of the obtained results*

To enable the identification of complex structural variants, an efficient protocol was developed for the isolation of high molecular weight genomic DNA, and long-read sequencing (average read length 10 kb, with max. length of > 700 kb). The genomes of 10 ecotypes were assembled *de novo* by searching for overlaps between the reads, creating the contigs and refining them by raw read mapping process. Next, functional annotation of genes and mobile elements was carried out. The resulting assemblies were used for structural variant identification, with the particular emphasis on genes related to adaptation and stress response. A detailed analysis of receptor-like protein (RLP) genes, which encode plant extracellular receptors involved in pathogen recognition, was then performed. The results are still being processed.

### **Publikacje**

---

#### **A. Zmienko, P. Wojciechowski, M. Figlerowicz**

Editorial: Resolving the Complexity of Plant Genomes and Transcriptomes With Long Reads  
*FRONTIERS IN PLANT SCIENCE* 2022, 12, 832257

#### Prace przyjęte do druku

#### **M. Marszałek-Zenczak, A. Satyr, P. Wojciechowski, M. Zenczak, P. Sobieszczanska, K. Brzezinski, T. Iefimenko, M. Figlerowicz, A. Zmienko**

Copy number variations shape the structural diversity of *Arabidopsis* metabolic gene clusters and are associated with the climatic gradient  
zamieszczony w *BIORXIV*, DOI: 10.1101/2022.09.05.506152

### **Projekty realizowane w Zakładzie w 2022 r.**

---

1. Udział polimorfizmu liczby kopii genów w naturalnym zróżnicowaniu odpowiedzi ekotypów *Arabidopsis thaliana* na stres biotyczny; (SONATA)

Kierownik projektu: dr hab. Agnieszka Żmieńko

2. Rola transpozonów i epigenetycznej regulacji ekspresji genów w procesie wykształcania brodawek korzeniowych u *Medicago truncatula*; (PRELUDIUM BIS)

Kierownik projektu: dr hab. Agnieszka Żmieńko

### **Zakład Inżynierii Genomowej**

---

**Kierownik Zakładu: dr hab. Marta Olejniczak, prof. ICHB PAN (0,2 STATUT/0,8 GRANTY)<sup>41</sup>**

---

<sup>41</sup> W nawiasach podane źródło finansowania pracowników.

## **Skład osobowy<sup>42</sup>**

Pracownicy naukowi:

dr Paweł Śledziński (0,2 STATUT/0,8 GRANTY)

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

Pracownicy techniczni:

dr Anna Kotowska-Zimmer (0,25 STATUT/0,75 GRANTY)

mgr Anna Misiukiewicz (GRANTY)

mgr Michał Smuszkiewicz (0,35 STATUT/0,65 GRANTY)

Doktoranci:

mgr Mateusz Nowaczyk (STATUT)

mgr Marianna Pewińska (stypendium NCN)

## **Temat statutowy Zakładu**

Rozwijanie technologii edycji genomów oraz metod oceny jej efektywności i specyficzności (K)  
(dr hab. Marta Olejniczak)

### **Opis prowadzonej działalności naukowej finansowanej z subwencji i projektów**

#### *Cel badań*

Analiza mechanizmów odpowiedzialnych za naprawę DNA w regionach sekwencji powtarzającej się z wykorzystaniem technologii CRISPR-Cas.

#### *Opis zrealizowanych prac*

W ramach badań wykonano analizę resekcji końców DNA po wprowadzeniu dwuniciowego pęknięcia w obrębie ciągu powtórzeń CAG w genie *HTT*, po użyciu dwóch cząsteczek gRNA. Uwiarygodniono różnice w zasięgu i poziomie resekcji w efekcie użycia dwóch cząsteczek gRNA. Kontynuowano analizę resekcji w regionach bardziej oddalonych od miejsca dwuniciowego pęknięcia. Analizowano wpływ białek zaangażowanych w naprawę DNA na skrócenia ciągu CAG po wprowadzeniu w jego obrębie dwuniciowego pęknięcia, wykorzystując inhibitory wybranych białek naprawczych oraz siRNA. Ponadto stworzono linię komórkową z ekspresją systemu dCas9-3xFLAG oraz przeprowadzono weryfikację działania systemu poprzez zastosowanie technik ChIP-qPCR oraz spektrometrii mas. Przeprowadzono analizę CRISPR interference screen (CRISPRi), która polegała na zahamowaniu transkrypcji około 20 tys. genów w modelu komórkowym RPE1 z ekspresją wydłużonego ciągu CAG. W wyniku analizy bioinformatycznej wyłoniono geny, których wyciszenie powodowało zmianę wzoru skrótów sekwencji powtarzającej się po indukcji pęknięć nici DNA w tym regionie przy pomocy nukleazy Cas12a.

### **The description of research activity funded by the statutory subsidy and grants**

#### *The research goals*

Analysis of mechanisms responsible for DNA repair in repetitive sequence regions, with the use of CRISPR-Cas technology.

#### *Description of the work carried out, the most important achievements and the usage of the obtained results*

As part of the study, analysis of resection of DNA after the induction of the double-strand break in the CAG repeat locus in the *HTT* gene was conducted, following the use of two gRNAs. The differences in the level and range of the resection, resulting from the use of two different gRNAs were revealed. The analysis of resections in regions more distant from the DSB site was in progress. The impact of proteins involved in DNA repair on CAG tract shortening after the induction of the DSB in this locus was analysed, using DNA repair protein inhibitors and siRNAs. Moreover, a cell line containing the dCas9-3xFLAG system was obtained, and verification of the system by ChIP-qPCR

---

<sup>42</sup> Stan na 31.12.2022 r.

and mass spectrometry was performed. A CRISPR interference screen (CRISPRi) analysis was carried out, which involved inhibition of the transcription of approximately 20,000 genes in the RPE1 cell model, expressing an extended CAG sequence. As a result of the bioinformatics analysis, such genes were identified, whose silencing changed the pattern of repeat sequence shortening, following induction of the DNA strand breaks in this region with the use of Cas12a nuclease.

## Publikacje

---

1. **M. Karwacka, M. Olejniczak**  
Advances in Modeling Polyglutamine Diseases Using Genome Editing Tools  
*CELLS* 2022, 11, 517
2. **A. Kotowska-Zimmer, L. Przybyl, M. Pewinska, J. Suszynska-Zajczyk, D. Wronka, M. Figiel, M. Olejniczak**  
A CAG repeat-targeting artificial miRNA lowers the mutant huntingtin level in the YAC128 model of Huntington's disease  
*MOLECULAR THERAPY-NUCLEIC ACIDS* 2022, 28, 702–715

## Projekty realizowane w Zakładzie w 2022 r.

---

1. Badanie mechanizmów naprawy dwuniciowych pęknięć DNA w regionach mikrosatelitarnych z wykorzystaniem systemu CRISPR/Cas9; (OPUS)  
*Kierownik projektu: dr hab. Marta Olejniczak*
2. Poszukiwanie nowych celów terapeutycznych w chorobach poliglutaminowych; (OPUS)  
*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. Badanie mechanizmów naprawy DNA w modelu DRPLA z wykorzystaniem systemu CRISPR-Cas; (PRELUDIUM)  
*Kierownik projektu: dr Magdalena Dąbrowska*
5. Wykorzystanie sztucznych miRNA w terapii choroby Huntingtona; (PRELUDIUM)  
*Kierownik projektu: dr Anna Kotowska-Zimmer*
6. Uzyskanie nowego modelu komórkowego opartego na technologii CRISPR-Cas (enChIP) w celu badania mechanizmów naprawy rejonów mikrosatelitarnych DNA; (MINIATURA)  
*Kierownik projektu: dr Paweł Śledziński*
7. Międzynarodowa konferencja „RNA regulation in brain function and disease”; (DOSKONAŁA NAUKA)  
*Kierownik projektu: dr hab. Agnieszka Fiszer, dr Monika Piwecka, dr hab. Marta Olejniczak, dr hab. Katarzyna Rolle*

## Zakład Metabolizmu RNA

---

**Kierownik Zakładu: dr hab. Zbigniew Warkocki, prof. ICHB PAN (0,15 STATUT/0,85 GRANTY)<sup>43</sup>**

### Skład osobowy<sup>44</sup>

Pracownicy naukowci:

dr Damian Janecki (GRANTY)

dr Arkadiusz Kajdasz (0,7 STATUT/ 0,3 GRANTY)

---

<sup>43</sup> W nawiasach podane źródło finansowania pracowników.

<sup>44</sup> Stan na 31.12.2022 r.

Doktoranci:

mgr Dmytro Pandakov (STATUT)

mgr Raneet Sen (stypendium NCN)

## Temat statutowy Zakładu

---

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

### Opis prowadzonej działalności naukowej finansowanej z subwencji i projektów

#### *Cel badań*

Celem badań było sprawdzenie wpływu enzymów zaangażowanych w metabolizm RNA na biologię retrotranspozonu LINE-1 w komórkach ludzkich.

#### *Opis zrealizowanych prac*

Wykonano szereg kompleksowych eksperymentów obejmujących testy retrotranspozycji z wykorzystaniem reportera LINE-1, ocenę ilościową i jakościową mRNA LINE-1 w odniesieniu do kontrolnych mRNA, w tym z wykorzystaniem metod wysokoprzepustowych opartych o platformy sekwencjonowania Illumina oraz Nanopore. Ponadto zbadano i zwizualizowano translację białek retrotranspozonów, ich aktywność katalityczną i lokalizację subkomórkową. Wykorzystując cytometrię z obrazowaniem zbadano zmiany w tworzeniu specyficznych zgrupowań RNA-proteiny (RNP) w cytoplazmie badanych komórek. Manuskrypty przedstawiające wyniki ww. prac są w trakcie opracowania. Wyniki zostały zaprezentowane na kilku konferencjach i wykładach na zaproszenie, w tym podczas kongresu FEBS 2022 w Lizbonie (wykład na zaproszenie w trakcie sesji równoległej), konferencji „Transposable Elements” w Cold Spring Harbor Laboratory (prezentacja ustna), konferencji „Complex Life of mRNA” w EMBL Heidelberg (prezentacja plakatowa) oraz na Wydziale Biologii UAM i w Instytucie Genetyki Człowieka PAN w Poznaniu (wykłady na zaproszenie).

### The description of research activity funded by the statutory subsidy and grants

#### *The research goals*

The goal of the research was to test the effects of enzymes involved in RNA metabolism onto the biology of LINE-1 retrotransposon in human cells.

#### *Description of the work carried out, the most important achievements and the usage of the obtained results*

A comprehensive set of experiments was carried out including reporter assays for LINE-1 retrotransposition, quantitative and qualitative analyses of LINE-1 and control mRNAs, including high-throughput methods by Illumina and Nanopore sequencing platforms. Besides these, the expression levels of retrotransposonal proteins, their catalytic activities and subcellular localization were measured and visualized. The changes in subcellular LINE-1 RNPs in different cellular conditions were measured by imaging cytometry. Manuscripts describing the results of the above mentioned works are currently being prepared. The results were presented during several conferences and invited seminars, including FEBS 2022 Congress in Lisbon (invited lecture during a parallel session), “Transposable Elements” conference in Cold Spring Harbor Laboratory (oral presentation), “Complex Life of mRNA” conference at EMBL, Heidelberg (poster presentation), as well as at the Faculty of Biology AMU and Institute of Human Genetics, PAS in Poznan (invited lectures).

## Publikacje

---

1. **M. Kordys, R. Sen, Z. Warkocki**  
Applications of the versatile CRISPR-Cas13 RNA targeting system  
*WILEY INTERDISCIPLINARY REVIEWS-RNA* 2022, 13, e1694
2. A. Filipiak-Duliban, K. Brodaczewska, **A. Kajdasz**, C. Kieda  
Spheroid Culture Differentially Affects Cancer Cell Sensitivity to Drugs in Melanoma and RCC Models  
*INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES* 2022, 23, 1166
3. A. Majewska, K. Brodaczewska, A. Filipiak-Duliban, **A. Kajdasz**, C. Kieda  
miRNA Pattern in Hypoxic Microenvironment of Kidney Cancer-Role of PTEN  
*BIOMOLECULES* 2022, 12, 686
4. E. Ilaslan, K. Kwiatkowska, M.J. Smialek, M.P. Sajek, Z. Lemanska, M. Alla, **D.M. Janecki**, J. Jaruzelska, K. Kusz-Zamelczyk  
Distinct Roles of NANOS1 and NANOS3 in the Cell Cycle and NANOS3-PUM1-FOXO1 Axis to Control G2/M Phase in a Human Primordial Germ Cell Model  
*INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES* 2022, 23, 6592
5. M. Przymusala, M. Gwit, J. Wasko, K. Moranska, **A. Kajdasz**  
Spinal muscular atrophy: Where are we now? Current challenges and high hopes  
*POSTĘPY HIGIENY I MEDYCYNY DOSWIADCZALNEJ* 2022, 76, 407-419

### Prace przyjęte do druku

#### **Z. Warkocki**

An update on post-transcriptional regulation of retrotransposons  
*FEBS LETTERS*, DOI: 10.1002/1873-3468.14551

## Projekty realizowane w Zakładzie w 2022 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 Arkadiusz Kajdasz*

## Zakład Neurobiologii Molekularnej

---

**Kierownik Zakładu: dr hab. Maciej Figiel, prof. ICHB PAN (0,2 STATUT/0,8 GRANTY)<sup>45</sup>**

### **Skład osobowy<sup>46</sup>**

Pracownicy naukowci:

dr inż. Magdalena Surdyka (GRANTY)

dr Dominika Czerwonka (GRANTY)

---

<sup>45</sup> W nawiasach podane źródło finansowania pracowników.

<sup>46</sup> Stan na 31.12.2022 r.

Doktoranci:

- mgr Ewelina Jesion (STATUT)
- mgr inż. Żaneta Kalinowska-Pośka (GRANTY)
- mgr inż. Jakub Kubiś (stypendium NCN)
- mgr inż. Karolina Świtońska-Kurkowska (GRANTY)

## Temat statutowy Zakładu

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

### Opis prowadzonej działalności naukowej finansowanej z subwencji i projektów

#### *Cel badań*

Definiowanie nowych mechanizmów neurodegeneracji na różnych etapach choroby, objawiających się zmianami w rozwoju, funkcjach fizjologicznych i starzeniu mózgu obciążonego chorobą Huntingtona (HD) lub ataksją rdzeniowo-mózdkową typu 3 (SCA3).

#### *Opis zrealizowanych prac*

1. Wykazano, że CYP46A1 może być celem terapeutycznym SCA3 i zaobserwowano poprawę zdolności motorycznych myszy po wyciszeniu genu kodującego to białko za pomocą konstruktów shCYP46A1 dostarczonego w wektorze AAV do mózdzku.
2. Znaleziono nowe interakcje ATXN3 i mATXN3 z dużymi kompleksami o kolistej strukturze.
3. Poszukiwano zmienności w obrębie mózdzku w mysich modelach choroby SCA3 z wykorzystaniem wysokorozdzielczej mikroskopii konfokalnej oraz analizy z wykorzystaniem algorytmów sztucznej inteligencji.
4. Zidentyfikowano zmiany w populacjach komórek w rozwoju mózgu HD i organoidach oraz subpopulację kory nowej, ściśle związaną z młodzieńczą HD.
5. Pokazano, że detoksykacja żelaza, zależna od ferrytyny, sprzyja przetrwaniu hipotermii w neuronach mysich.

### The description of research activity funded by the statutory subsidy and grants

#### *The research goals*

Defining new mechanisms of neurodegeneration at different stages of the disease, manifested by changes in development, physiological functions, and aging of the brain suffering from Huntington's disease (HD) or spinocerebellar ataxia type 3 (SCA3).

#### *Description of the work carried out, the most important achievements and the usage of the obtained results*

1. It has been demonstrated that silencing of CYP46A1 improved motor skills in mice after shCYP46A1 construct delivery in AAV vector into the cerebellum, and that lowering CYP46A1 may be a therapeutic target for SCA3.
2. New interactors of mATXN3 and normal ATXN3 were identified, with large complexes with specific circular structure.
3. Cerebellar variation in mouse models of SCA3 disease was being searched for, using high-resolution confocal microscopy, and analysis involving artificial intelligence algorithms.
4. Variations in cell populations in HD mouse brain and organoids, and a neocortical subpopulation, closely associated with juvenile HD, were identified.
5. Ferritin-dependent iron detoxification has been shown to promote hypothermia survival in mouse neurons.

## Publikacje

---

1. **A. Kotowska-Zimmer, L. Przybyl, M. Pewinska, J. Suszynska-Zajczyk, D. Wronka, M. Figiel, M. Olejniczak**  
A CAG repeat-targeting artificial miRNA lowers the mutant huntingtin level in the YAC128 model of Huntington's disease  
*MOLECULAR THERAPY-NUCLEIC ACIDS* 2022, 28, 702–715
2. **T. Pekec, J. Lewandowski, A.A. Komur, D. Sobanska, Y. Guo, K. Switonska-Kurkowska, J.M. Malecki, A.A. Dubey, W. Pokrzywa, M. Frankowski, M. Figiel, R. Ciosk**  
Ferritin-mediated iron detoxification promotes hypothermia survival in *Caenorhabditis elegans* and murine neurons  
*NATURE COMMUNICATIONS* 2022, 13, 4883
3. **M. Surdyka, E. Jesion, A. Niewiadomska-Cimicka, Y. Trottier, Z. Kalinowska-Poska, M. Figiel**  
Selective transduction of cerebellar Purkinje and granule neurons using delivery of AAV-PHP.eB and AAVrh10 vectors at axonal terminal locations  
*FRONTIERS IN MOLECULAR NEUROSCIENCE* 2022, 15, 947490
4. **U. Kozłowska, C. Nicols, K. Wiatr, M. Figiel**  
From psychiatry to neurology: Psychedelics as prospective therapeutics for neurodegenerative disorders  
*JOURNAL OF NEUROCHEMISTRY* 2022, 162, 89–108

## Projekty realizowane w Zakładzie w 2022 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. Badanie nowej strategii terapeutycznej zmierzającej do obniżenia zmutowanego białka w SCA3/MJD; (OPUS)  
*Kierownik projektu: dr hab. Maciej Figiel*
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, Francja (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, Niemcy (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)<sup>47</sup> – projekt realizowany w konsorcjum międzynarodowym; lider projektu: Universidad Carlos III De Madrid, Hiszpania (kierownik projektu: Prof. Jesus Carretero)  
*Kierownik zadań z ramienia ICHB PAN: dr hab. Maciej Figiel*

---

<sup>47</sup> Projekt współfinansowany przez NCBR oraz Komisję Europejską.



## Zakład Neuroonkologii Molekularnej

---

**Kierownik Zakładu: dr hab. Katarzyna Rolle, prof. ICHB PAN (0,1 STATUT/0,9 GRANTY)<sup>48</sup>**

### **Skład osobowy<sup>49</sup>**

Pracownicy naukowi:

dr Julia Misiorek (0,2 STATUT/0,8 GRANTY)

dr Dariusz Wawrzyniak (0,1 STATUT/0,9 GRANTY)

Pracownicy techniczni:

dr inż. Paweł Głodowicz (GRANTY)

Doktoranci:

mgr Julia Latowska-Łysiak (GRANTY)

mgr Adriana Grabowska (stypendium NCN)

mgr inż. Konrad Kuczyński (STATUT)

mgr Żaneta Zarębska (STATUT)

Profesorowie emerytowani:

prof. dr hab. Jan Barciszewski

## Temat statutowy Zakładu

---

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

### **Opis prowadzonej działalności naukowej finansowanej z subwencji i projektów**

#### *Cel badań*

Celem badań prowadzonych w ramach działalności statutowej jest określenie udziału różnych klas niekodujących RNA w rozwoju i progresji guzów mózgu, ze szczególnym uwzględnieniem ich funkcji w tworzeniu i przebudowie macierzy zewnątrzkomórkowej (ECM). Prowadzone są także badania mające na celu opracowanie i wykorzystanie potencjalnych nośników w podejściach terapeutycznych.

#### *Opis zrealizowanych prac*

Przeprowadzono identyfikację i charakterystykę następujących klas RNA: miRNA, circRNA oraz sdRNA. Wykazano, że miRNA mogą oddziaływać bezpośrednio ze składnikami ECM, takimi jak tenascyna-C (TN-C) oraz syndekan-2 (SDC-2). Połączone analizy molekularne oraz biofizyczne z wykorzystaniem mikroskopii sił atomowych (AFM) potwierdziły wpływ miRNA na zmianę właściwości biomechanicznych komórek, takich jak sztywność i siła adhezji, co bezpośrednio wpływa na tempo migracji komórek glejaka, przebudowę cytoszkieletu oraz właściwości adhezyjne komórek (*Journal of Cellular and Molecular Medicine*).

Zidentyfikowano także circRNA oraz sdRNA w guzach mózgu w porównaniu do tkanki zdrowej. Potwierdzono także obecność circRNA we krwi pacjentów.

Opracowano i wykorzystano nanocząstki lipidowe jako nośniki terapeutyczne w raku jajnika (*Drug Delivery*).

### **The description of research activity funded by the statutory subsidy and grants**

#### *The research goals*

The aim of the research carried out as part of the statutory activity is to indicate various classes of non-coding RNAs in the development and progression of brain tumors, with particular emphasis on their role in the formation and remodeling of the extracellular matrix (ECM). Studies, which aim at developing and applying potential carriers in therapeutic approaches are also conducted.

---

<sup>48</sup> W nawiasach podane źródło finansowania pracowników.

<sup>49</sup> Stan na 31.12.2022 r.

*Description of the work carried out, the most important achievements and the usage of the obtained results*

The identification and characterization of the following RNA classes: miRNA, circRNA and sdRNA were carried out. It was shown that miRNA can directly interact with ECM components, like tenascin-C (TN-C) and syndecan-2 (SDC-2). Combined molecular and biophysical analyses, using atomic force microscopy (AFM), confirmed the effect of miRNA on the biomechanical properties of cells, such as stiffness and adhesion strength, which directly affected the migration rate of glioblastoma cells, remodeling of cytoskeleton, and cell adhesion properties (*Journal of Cellular and Molecular Medicine*). circRNA and sdRNA were identified, compared to healthy brain tissue. The presence of circRNA in the patients' blood was also confirmed. Lipid nanoparticles were developed and used as therapeutic carriers in ovarian cancer (*Drug Delivery*).

## Publikacje

---

1. **M. Grabowska, K. Kuczynski, M. Piwecka, A. Rabiasz, P. Glodowicz, D. Wawrzyniak, M. Lekka, K. Rolle**  
miR-218 affects the ECM composition and cell biomechanical properties of glioblastoma cells  
*JOURNAL OF CELLULAR AND MOLECULAR MEDICINE* 2022, 26, 3913–3930
2. **A. Nowicki, D. Wawrzyniak, M. Czajkowski, M. Jozkowiak, M. Pawlak, M. Wierzchowski, K. Rolle, P. Skupin-Mrugalska, H. Piotrowska-Kempisty**  
Enhanced biological activity of liposomal methylated resveratrol analog 3'-hydroxy-3,4,5,4'-tetramethoxystilbene (DMU-214) in 3D patient-derived ovarian cancer model  
*DRUG DELIVERY* 2022, 29, 2459–2468
3. **L.L. Wnag, P. Mohanasundaram, M. Lindstrom, M.N. Asghar, G. Sultana, J.O. Misiorek, Y.M. Jiu, H.B. Chen, D.M. Toivola, F. Cheng, J.E. Eriksson**  
Vimentin Suppresses Inflammation and Tumorigenesis in the Mouse Intestine  
*FRONTIERS IN CELL AND DEVELOPMENTAL BIOLOGY* 2022, 10, 862237
4. **M. Michalak, B.P. Plitta-Michalak, M.Z. Naskret-Barciszewska, J. Barciszewski, P. Chmielarz**  
DNA Methylation as an Early Indicator of Aging in Stored Seeds of "Exceptional" Species *Populus nigra* L.  
*CELLS* 2022, 11, 2080
5. **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* 2022, 40, 3038–3045
6. **M. Grabowska, J.O. Misiorek, Z. Zarebska, K. Rolle**  
Applications of noncoding RNAs in brain cancer patients  
[w:] *Clinical Applications of Noncoding RNAs in Cancer*, red. S.C. Gupta, K.B. Challagundla, 2022, 17–64
7. **E.A. Korczmar, A. Belter, M.Z. Naskret-Barciszewska, S. Jurga, J. Barciszewski**  
Epigenetyka na Ziemi i w kosmosie  
*POSTĘPY BIOCHEMII* 2022, 68, 169–178
8. **H. Koroniak, J. Barciszewski (red.)**  
Seria: RNA Technologies, Messenger RNA Therapeutics, 2022, 13  
*SPRINGER*

## Projekty realizowane w Zakładzie w 2022 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. 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*

3. Biodrukowane organoidy nowotworowe utworzone z komórek pacjenta do predykcyjnych badań toksykologicznych i opracowywania nowych leków; (MINIATURA)

*Kierownik projektu: dr Dariusz Wawrzyniak*

4. Międzynarodowa konferencja „RNA regulation in brain function and disease”; (DOSKONAŁA NAUKA)

*Kierownik projektu: dr hab. Agnieszka Fiszer, dr Monika Piwecka, dr hab. Marta Olejniczak, dr hab. Katarzyna Rolle*

## Zakład Niekodujących RNA

---

**Kierownik Zakładu: dr Monika Piwecka (0,05 STATUT/0,95 GRANTY)<sup>50</sup>**

**Skład osobowy<sup>51</sup>**

Pracownicy naukowci:

dr Ewelina Kałużna (GRANTY)

dr Marcin Koliński (GRANTY)

dr Weronika Wendlandt-Stanek (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)

## Temat statutowy Zakładu

---

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

### Opis prowadzonej działalności naukowej finansowanej z subwencji i projektów

*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 (neurony oraz astrocyty), tkanki pozyskane z myszy oraz ludzki materiał kliniczny pozyskany na zasadzie współpracy naukowej.

*Opis zrealizowanych prac*

W toku badań prowadzonych w Zakładzie w 2022 roku: walidowano metodę XRNAX (ang. *protein-crosslinked RNA extraction*) do badań oddziaływań białek wiążących RNA z cząsteczkami RNA w homogenatach z tkanek mózgu myszy, tj. do badań interaktomu RNA:białko w tkance mózgu; scharakteryzowano kilka cząsteczek circRNA pod względem przestrzennej ekspresji w mózgu myszy; wdrożono badania typu utraty funkcji do analizy circRNA w pierwotnych neuronach oraz

---

<sup>50</sup> W nawiasach podane źródło finansowania pracowników.

<sup>51</sup> Stan na 31.12.2022 r.

scharakteryzowano wzory ekspresji circRNA Cdr1as w podwzgórzowym jądrze nadskrzyżowaniowym (ang. *suprachiasmatic nucleus*, SCN) w trakcie 24-godzinnego cyklu światło-ciemność, powiązanego z dobowym zegarem biologicznym. Część z uzyskanych wyników opublikowano w *International Journal of Molecular Sciences*.

### **The description of research activity funded by the statutory subsidy and grants**

#### *The research goals*

The main goal of the research was to characterize non-coding RNAs (ncRNAs), particularly their molecular roles in the functioning of cells from the nervous and neuroendocrine systems. The object of research were primary cells (neurons and astrocytes) that were isolated from mouse brain, tissues obtained from mice, and human clinical material. The latter was obtained in a collaborative manner.

#### *Description of the work carried out, the most important achievements and the usage of the obtained results*

In the course of the research conducted at the Department in 2022: XRNAX method (*protein-crosslinked RNA extraction*) was validated for studies on the interactions of RNA and RNA-binding proteins in mouse brain tissue homogenates to characterize RNA:protein interactome of the brain tissue; several circRNA molecules were characterized in terms of their spatial expression pattern in mouse brain regions, the loss-of-function studies of circRNA in mouse primary neurons were carried out, and the expression pattern of circRNA Cdr1as in the suprachiasmatic nucleus (SCN) was characterized over daily light-dark (LD) cycle, which is associated with the circadian clock regulation. Some of these results were published in *International Journal of Molecular Sciences*.

### **Publikacje**

---

1. **M. Kolinski, E. Kaluzna, M. Piwecka**  
RNA-protein interactomes as invaluable resources to study RNA viruses: Insights from SARS CoV-2 studies  
*WILEY INTERDISCIPLINARY REVIEWS-RNA*, 2022, 13, e1727
2. **M. Grabowska, K. Kuczynski, M. Piwecka, A. Rabiasz, P. Glodowicz, D. Wawrzyniak, M. Lekka, K. Rolle**  
miR-218 affects the ECM composition and cell biomechanical properties of glioblastoma cells  
*JOURNAL OF CELLULAR AND MOLECULAR MEDICINE* 2022, 26, 3913–3930
3. A. Ivanov, D. Mattei, K. Radscheit, A.C. Compagnion, J.P. Pett, H. Herzl, R.C. Paolicelli, **M. Piwecka**, U. Meyer, D. Beule  
Analyses of circRNA Expression throughout the Light-Dark Cycle Reveal a Strong Regulation of Cdr1as, Associated with Light Entrainment in the SCN  
*INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES* 2022, 23, 12347
4. **P. Machtel, A. Wasilewska-Burczyk, J. Zacharjusz, K. Grzywacz**  
PTT-quant: a new method for direct identification and absolute quantification of premature transcription termination events, following the example of bacterial riboswitches  
*APPLIED MICROBIOLOGY AND BIOTECHNOLOGY* 2022, 106, 1557–1570

### **Projekty realizowane w Zakładzie w 2022 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*

4. Międzynarodowa konferencja „RNA regulation in brain function and disease”; (DOSKONAŁA NAUKA)

*Kierownik projektu: dr hab. Agnieszka Fiszer, dr Monika Piwecka, dr hab. Marta Olejniczak, dr hab. Katarzyna Rolle*

## Zakład Proteomiki Biomedycznej

---

**Kierownik Zakładu: dr hab. Magdalena Łuczak, prof. ICHB PAN (0,1 STATUT/0,9 GRANTY)<sup>52</sup>**

### **Skład osobowy<sup>53</sup>**

Pracownicy techniczni:

dr Marta Nolka-Szaszner (STATUT)

dr Joanna Watral (GRANTY)

dr Aleksander Strugała (0,5 GRANTY)

Profesorowie emerytowani:

prof. dr hab. Maciej Stobiecki

### **Pracownia Spektrometrii Mas**

Kierownik: dr Łukasz Marczak (0,7 STATUT/0,3 GRANTY)

Pracownicy naukowci:

dr hab. inż. Anna Wojakowska (STATUT)

Pracownicy techniczni:

dr Aleksander Strugała (0,5 GRANTY)

Magistranci:

Katarzyna Dubkiewicz (stypendium NCN)

## Temat statutowy Zakładu

---

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

### **Opis prowadzonej działalności naukowej finansowanej z subwencji i projektów**

#### *Cel badań*

Celem badań było głębsze poznanie mechanizmów molekularnych patologii CKD i CVD z zastosowaniem przesiewowych i celowanych metod proteomicznych opartych o techniki spektrometrii mas.

#### *Opis zrealizowanych prac*

Przeprowadzono analizę komórek CD14+ otrzymanych od pacjentów z różnym zaawansowaniem miażdżycy związanej (CKD) oraz niezwiązanej (CVD) z przewlekłą chorobą nerek. Wykazano deregulację białek zaangażowanych w reakcje zapalne, w szczególności stan zapalny śródbłonna, chemotaksję, rekrutację leukocytów oraz produkcję i metabolizm reaktywnych form tlenu (ROS). Zoptymalizowano i przeprowadzono celowane analizy 28 białek osocza, pochodzącego od tych

---

<sup>52</sup> W nawiasach podane źródło finansowania pracowników.

<sup>53</sup> Stan na 31.12.2022 r.

samych pacjentów, z wykorzystaniem spektrometrii mas w trybie MRM. Uzyskane wyniki potwierdziły, że systemiczne reakcje zapalne oraz procesy związane ze stresem oksydacyjnym, jak również obroną antyoksydacyjną wykazują aktywację w zaawansowanym stadium CKD w odróżnieniu od CVD. Z tego względu badania uzupełniono analizami celowanymi, aby 1) potwierdzić zróżnicowaną akumulację niektórych związków oraz 2) wykonać kompleksowe pomiary stężenia enzymów uczestniczących w odpowiedzi antyoksydacyjnej oraz analizę skutków stresu oksydacyjnego wywieranego na cząsteczki lipidów oraz białek. Zmierzono poziom komponentów związanych z metabolizmem glutationu, enzymatycznych przeciwutleniaczy i enzymów będących źródłem ROS w monocytach. Na podstawie uzyskanych wyników przygotowano manuskrypt publikacji.

## **The description of research activity funded by the statutory subsidy and grants**

### *The research goals*

The main goal of the research was a deeper understanding of the molecular mechanisms of the pathological processes related to CKD and CVD, utilizing an approach based on screening and targeted proteomic methods and mass spectrometry.

### *Description of the work carried out, the most important achievements and the usage of the obtained results*

An analysis was performed of CD14<sup>+</sup> cells obtained from patients with various stages of Atherosclerosis related (CKD) and unrelated (CVD) to chronic kidney disease. Deregulation of proteins involved in inflammatory responses, in particular endothelial inflammation, chemotaxis, leukocyte recruitment, and the production and metabolism of reactive oxygen species (ROS) has been demonstrated. Optimized and targeted analyses of 28 plasma proteins derived from the same patients were performed using MRM mass spectrometry. The obtained results confirmed that systemic inflammatory reactions and processes related to oxidative stress (OS), as well as antioxidant defence, are activated in the advanced stage of CKD, in contrast to CVD. Therefore, the study was complemented with more targeted techniques to 1) confirm selected results and 2) assess other, specific proteins involved in ROS production, different mediators of OS, and finally, some effects of OS triggered on protein and lipid level. The level of components related to glutathione metabolism, enzymatic antioxidants and ROS-source in monocytes were measured. Based on the obtained results, a manuscript for publication has been prepared.

## **Publikacje**

---

1. H. Ehrlich, **M. Luczak**, R. Ziganshin, I. Miksik, M. Wysokowski, P. Simon, I. Baranowska-Bosiacka, P. Kupnicka, A. Ereskovsky, R. Galli, S. Dyshlovoy, J. Fisher, K.R. Tabachnick, I. Petrenko, T. Jesionowski, A. Lubkowska, **M. Figlerowicz**, V.N. Ivanenko, A.P. Summers  
Arrested in Glass: Actin within Sophisticated Architectures of Biosilica in Sponges  
*ADVANCED SCIENCE* 2022, 9, 2105059
2. T. Kubicki, K. Bednarek, M. Kostrzewska-Poczekaj, **M. Luczak**, K. Lewandowski, L. Gil, M. Jarmuz-Szymczak, D. Dytfeld  
Bortezomib- and carfilzomib-resistant myeloma cells show increased activity of all three arms of the unfolded protein response  
*AMERICAN JOURNAL OF CANCER RESEARCH* 2022, 12, 3280–3293
3. J.J. Rybczynski, **L. Marczak**, **M. Stobiecki**, **A. Strugala**, A. Mikula  
The Metabolite Content of the Post-Culture Medium of the Tree Fern *Cyathea delgadii* Sternb. Cell Suspension Cultured in the Presence of 2,4-D and BAP  
*INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES* 2022, 23, 11783
4. C. Ciardullo, K. Szoltysek, P. Ahou, M. Pietrowska, **L. Marczak**, E. Willmore, A. Enshaei, A. Walaszczyk, J.Y. Ho, V. Rand, S. Marshall, A.G. Hall, C.J. Harrison, M. Soundararajan, J. Eswaran

- Low BACH2 Expression Predicts Adverse Outcome in Chronic Lymphocytic Leukaemia  
*CANCERS* 2022, 14, 23
5. **U. Strybel, L. Marczak**, M. Zeman, K. Polanski, L. Mielanczyk, O. Klymenko, **A. Samelak-Czajka, P. Jackowiak**, M. Smolarz, M. Chekan, E. Zembala-Nozynska, P. Widlak, M. Pietrowska, **A. Wojakowska**  
Molecular Composition of Serum Exosomes Could Discriminate Rectal Cancer Patients with Different Responses to Neoadjuvant Radiotherapy  
*CANCERS* 2022, 14, 993
6. J. Zdarta, K. Jankowska, **U. Strybel, L. Marczak**, L.N. Nguyen, P. Oleskowicz-Popiel, T. Jesionowski  
Bioremoval of estrogens by laccase immobilized onto polyacrylonitrile/polyethersulfone material: Effect of inhibitors and mediators, proces characterization and catalytic pathways determination  
*JOURNAL OF HAZARDOUS MATERIALS* 2022, 432, 128688
7. M.M. Nowacka-Chmielewska, D. Liskiewicz, A. Liskiewicz, M. Przybyła, **L. Marczak, A. Wojakowska**, K. Grabowska, M. Grabowski, J.J. Barski, A. Malecki  
Global Proteome Profiling of the Temporal Cortex of Female Rats Exposed to Chronic Stress and the Western Diet  
*NUTRIENTS* 2022, 14, 1934
8. J. Idkowiak, G. Kubiak-Tomaszewska, P. Gatarek, **L. Marczak**, J. Kaluzna-Czaplinska, W. Tarnowski, M. Uryszek, B. Bobrowska-Korczak  
Alterations in Blood Plasma Metabolome of Patients with Lesniowski-Crohn's Disease Shortly after Surgical Treatment-Pilot Study  
*METABOLITES* 2022, 12, 529
9. **M. Ruszkowski, A. Strugala**, P. Indyka, G. Tresset, **M. Figlerowicz, A. Urbanowicz**  
Cryo-EM reconstructions of BMV-derived virus-like particles reveal assembly defects in the icosahedral lattice structure  
*NANOSCALE* 2022, 14, 3224–3233
10. S. Doccini, M. Marchese, F. Morani, N. Gammaldi, S. Mero, F. Pezzini, R. Soliymani, M. Santi, G. Signore, A. Ogi, S. Rocchiccioli, K.M. Kanninen, A. Simonati, **M.M. Lalowski**, F.M. Santorelli  
Lysosomal Proteomics Links Disturbances in Lipid Homeostasis and Sphingolipid Metabolism to CLN5 Disease  
*CELLS* 2022, 11, 1840
11. F. Morani, S. Doccini, D. Galatolo, F. Pezzini, R. Soliymani, A. Simonati, **M.M. Lalowski**, F. Gemignani, F.M. Santorelli  
Integrative Organelle-Based Functional Proteomics: In Silico Prediction of Impaired Functional Annotations in SACS KO Cell Model  
*BIOMOLECULES* 2022, 12, 1024

### Projekty realizowane w Zakładzie w 2022 r.

---

1. Kompleksowa analiza fosfoproteomiczna komórek NKT w kontekście roli mechanizmów fosforylacji w 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. Egzosomy jako potencjalny biomarker dla monitorowania i prognozowania odrzucania nerki przeszczepionej; (OPUS) – projekt realizowany w konsorcjum; lider projektu: Gdański Uniwersytet Medyczny (kierownik projektu: dr hab. Justyna Gołębiowska)

*Kierownik zadań z ramienia ICHB PAN: dr hab. inż. Anna Wojakowska*

4. Identyfikacja białeczek uwalnianych przez komórki raka jelita grubego i wykrywanych w surowicy krwi lub/i egzosomach; (SONATA)

*Kierownik projektu: dr hab. inż. Anna Wojakowska*

## **Zakład Sond Molekularnych i Proleków**

---

**Kierownik Zakładu: dr Jacek Kolanowski (0,53 STATUT/0,47 GRANTY)<sup>54</sup>**

### **Skład osobowy<sup>55</sup>**

Pracownicy naukowcy:

dr Magdalena Derbis (GRANTY)

dr inż. Michał Jakubczyk (STATUT)

dr Mariia Dekaliuk (GRANTY)

Pracownicy techniczni:

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

Doktoranci:

mgr Francesca Canyelles I Font (STATUT)

mgr Masroor Khan (STATUT)

mgr Anna Wychowaniec (STATUT)

### **Pracownia Testów i Obrazowania Molekularnego (Pracownię powołano 01.08.2022 r.)**

Kierownik: dr Dorota Kwiatek (0,3 STATUT/0,7 GRANTY)

Pracownicy techniczni:

dr Magdalena Otrocka (0,1 STATUT/0,1 GRANTY)

dr Joanna Kosman (0,05 STATUT/0,45 GRANTY)

dr Volodymyr Cherkas (0,05 STATUT/0,95 GRANTY)

mgr Krzysztof Żukowski (0,5 STATUT/0,5 GRANTY)

mgr Monika Pyc (0,05 STATUT/0,95 GRANTY)

mgr Natalia Karczewska (0,55 STATUT/0,45 GRANTY)

### **Pracownia Chemii Medycznej (Pracownię powołano 01.08.2022 r.)**

Kierownik: dr Dorota Jakubczyk (0,25 STATUT/0,75 GRANTY)

Pracownicy techniczni:

dr Damien Baud (0,2 STATUT/0,8 GRANTY)

mgr Adrian Rüfli (0,25 STATUT/0,25 GRANTY)

mgr Bogna Rehlis (0,5 GRANTY)

## **Temat statutowy Zakładu**

---

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

### **Opis prowadzonej działalności naukowej finansowanej z subwencji i projektów**

---

<sup>54</sup> W nawiasach podane źródło finansowania pracowników.

<sup>55</sup> Stan na 31.12.2022 r.



### *Cele badań*

1. Celem badań było opracowanie sond chemicznych i schematów analitycznych do detekcji bioanalitów.
2. Celem badań był rozwój związków do kowalencyjnego znakowania białek.
3. Celem badań było stworzenie i optymalizacja metody wytwarzania nowych analogów rubelin, metabolitów grzybiczych o potencjalnej bioaktywności z użyciem grzyba *Ramullaria collo-cygni*.

### *Opis zrealizowanych prac*

1. Prace obejmowały syntezę i walidację biochemiczną oraz komórkową tych narzędzi, co doprowadziło do opracowania: dwuanalitowej sondy fluorescencyjnej (pH i enzym NTR), dwuanalitowego substratu bioluminescencyjnego (enzymy GTT oraz NTR) oraz testu do różnicowania lipidów w komórkach z wykorzystaniem Błękitu Nilu (*Journal of Cell Science*);
2. Prace obejmowały projektowanie i poszukiwanie dróg syntezy i doprowadziły do uzyskania narzędzi do (i) obrazowania fragmentów poliglicynowych białek (sondy fluorogeniczne), (ii) obrazowania zmian pH w nanośrodowisku białek (pH-czuły substrat dla SNAP-tag), (iii) identyfikacji partnerów molekularnych biologicznie aktywnych analogów gryzeofulwiny (kowalencyjna sonda na bazie gryzeofulwiny) oraz (iv) poprawy selektywności i efektywności inhibitorów kinaz (kowalencyjne – analogi znanych inhib. niekowalencyjnych);
3. Potwierdzono tworzenie kluczowego produktu pośredniego, chryzofanolu, co zostało opublikowane. Zaobserwowano również trzy nowe pochodne rubelin.

## **The description of research activity funded by the statutory subsidy and grants**

### *The research goals*

1. The research aim was develop probes and analytical workflows to detect bioanalytes.
2. The research aim was to develop small molecule tools for protein labelling.
3. The research aim was to develop and optimise a method for the production of new potentially bioactive fungal metabolites, rubellins' analogues, using *Ramullaria collo-cygni* fungus.

### *Description of the work carried out, the most important achievements and the usage of the obtained results*

1. Work covered synthesis and biochemical / cellular validation of these tools which led to the development of: dual-analyte fluorescent probe (pH and NTR-sensitive), dual-analyte bioluminescent substrate (enzymes GTT and NTR) and establishing detection workflow to differentiate lipids in cells using Nile Blue dye (*Journal of Cell Science*);
2. Work involved design and search of synthetic routes which led to tools for (i) imaging polyglycine-fragment-containing proteins (fluorogenic probes), (ii) imaging changes in pH in protein nanoenvironment (SNAP-tag-binding fluorogenic substrate responsive to pH), (iii) identifying protein partners of bioactive griseofulvin analogues (covalent griseofulvin-based probe) and (iv) improvement of specificity and efficiency of inhibitors (covalent inhibitors – analogues of non-covalent published inhibitors)
3. Formation of chryzofanol main intermediate, was confirmed (published). Three new rubellins have also been spotted.

## **Publikacje**

1. 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* 2022, 135, jsc258322

2. A. Baud, **M. Derbis**, K. Tutak, K. Sobczak  
Partners in crime: Proteins implicated in RNA repeat expansion diseases  
*WILEY INTERDISCIPLINARY REVIEWS-RNA* 2022, 13, e1709
3. **M. Jakubczyk**, S. Mkrtchyan, M. Shkooor, S. Lanka, S. Budzak, M. Ilias, M. Skorsepa, V.O. Iaroshenko  
Mechanochemical Conversion of Aromatic Amines to Aryl Trifluoromethyl Ethers  
*JOURNAL OF THE AMERICAN CHEMICAL SOCIETY* 2022, 144, 10438–10445
4. S. Mkrtchyan, **M. Jakubczyk**, S. Lanka, M. Yar, T. Mahmood, K. Ayub, M. Sillanpaa, C.M. Thomas, V.O. Iaroshenko  
Mechanochemical Ni-Catalysed Arylation of Ortho-Hydroxyarylenaminones: Synthesis of Isoflavones  
*ADVANCED SYNTHESIS & CATALYSIS* 2022, 364, 3512–3521
5. S. Kalsum, **M. Otrrocka**, B. Andersson, A. Welin, T. Schon, A. Jenmalm-Jensen, T. Lundback, M. Lerm  
A high content screening assay for discovery of antimycobacterial compounds based on primary human macrophages infected with virulent Mycobacterium tuberculosis  
*TUBERCULOSIS* 2022, 135, 102222
6. F. Dussart, **D. Jakubczyk**  
Biosynthesis of Rubellins in *Ramularia collo-cygni*-Genetic Basis and Pathway Proposition  
*INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES* 2022, 23, 3475

### Projekty realizowane w Zakładzie w 2022 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. Zrozumienie procesów formowania i degradacji; (SONATINA)  
*Kierownik projektu: dr Magdalena Derbis*
4. 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*
5. MultiGATE: dual-analyte responsive fluorescent probes for a real-time multi-parametric sensing in cellular models; (HOMING)  
*Kierownik projektu: dr Jacek Kolanowski*
6. Ensuring long-term sustainability of excellence in chemical biology within Europe and beyond – EU-OPENSREEN-DRIVE; (HORIZON 2020) – projekt realizowany w konsorcjum międzynarodowym; lider projektu European Infrastructure of Open Screening Platforms for Chemical Biology European Research Infrastructure Consortium (EU-OPENSREEN ERIC, EU-OS), Niemcy (kierownik projektu: dr. Philip Gribbon)  
*Kierownik zadań z ramienia ICHB PAN: dr Jacek Kolanowski*
7. 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) – projekt realizowany w konsorcjum „POL-OPENSREEN”; 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*

8. Integrated Services for Infectious Disease Outbreak Research – ISIDORE; (HORIZON EUROPE) – projekt realizowany w konsorcjum międzynarodowym; lider projektu: European Research Infrastructure on Highly Pathogenic Agents, Francja

*Kierownik zadań z ramienia ICHB PAN: dr Jacek Kolanowski*

9. Integrated SERVICES supporting a sustainable AGROecological transition – AgroServ; (HORIZON EUROPE) – projekt realizowany w konsorcjum międzynarodowym; lider projektu: Centre National de la Recherche Scientifique CNRS, Francja (kierownik projektu: dr. Michel Boer)

*Kierownik zadań z ramienia ICHB PAN: dr Jacek Kolanowski*

10. Alternative gene ends: the crosstalk of RNA cleavage and transcription termination AlternativeEnds; (HORIZON EUROPE, ERC Starting Grants) – projekt realizowany w konsorcjum; lider projektu: Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu (kierownik projektu: dr. Kinga Kamieniarz-Gdula)

*Kierownik zadań z ramienia ICHB PAN: dr Jacek Kolanowski*

## **Zakład Struktury i Funkcji Retrotranspozonów**

---

**Kierownik Zakładu: dr hab. Katarzyna Pachulska-Wieczorek, prof. ICHB PAN**

(0,51 STATUT/0,49 GRANTY)<sup>56</sup>

**Skład osobowy<sup>57</sup>**

Pracownicy naukowci:

dr Katarzyna Purzycka

dr Julita Gumna (0,52 STATUT/0,48 GRANTY)

Doktoranci:

mgr Małgorzata Zawadzka (1 STATUT)

mgr inż. Angelika Andrzejewska-Romanowska (stypendium NCN)

mgr Ewa Tykwińska (stypendium NCN)

### **Temat statutowy Zakładu**

---

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

### **Opis prowadzonej działalności naukowej finansowanej z subwencji i projektów**

*Cel badań*

Zrozumienie ewolucji segmentów ekspansyjnych (ES) rybosomalnych RNA (rRNA).

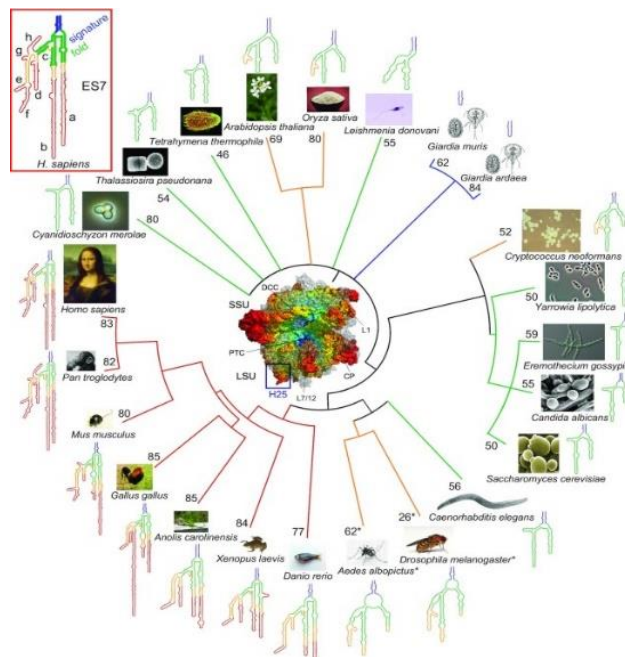
*Opis zrealizowanych prac*

Prowadzono badania dotyczące ewolucji segmentów ekspansyjnych (ES) rybosomalnych RNA (rRNA). ES stanowią najmniej zachowane ewolucyjnie obszary rybosomów, nie wpływają bezpośrednio na translację, jednak mogą one pełnić dodatkowe funkcje. Badania były skupione na 7. segmencie ekspansyjnym (ES7), który jest jednym z najbardziej zróżnicowanych regionów rybosomu, wywodzi się z krótkiej spinki, a u ssaków obejmuje odcinek ponad 750 nukleotydów. Na podstawie hybrydowych analiz ewolucyjno-strukturalnych przedstawiono struktury drugorzędowe oraz pełno-atomowe struktury 3D ES7 z różnorodnych gatunków eukariotycznych. Wykazano, że ES7 zawiera odrębny, specyficzny motyw – *signature fold*, który jest generalnie niezmienny w topologii 2D i strukturze 3D we wszystkich rybosomach eukariotycznych. Zaproponowano model ewolucji ES7 poprzez serię elementarnych i rekurencyjnych zdarzeń przyrostu.

---

<sup>56</sup> W nawiasach podane źródło finansowania pracowników.

<sup>57</sup> Stan na 31.12.2022 r.



Ryc. 9. Ewolucja struktury drugorzędowej ES7/ES7 secondary structure evolution

Wyniki badań opublikowano w *Nucleic Acids Research*.

### The description of research activity funded by the statutory subsidy and grants

#### *The research goals*

Understanding the evolution of expansion segments (ES) of ribosomal RNA (rRNA).

#### *Description of the work carried out, the most important achievements and the usage of the obtained results*

Studies have been conducted on the evolution of expansion segments (ES) of ribosomal RNA (rRNA). ESs are the least evolutionarily conserved areas of ribosomes and they do not directly affect translation, but they can adopt additional functions. Studies focused on expansion segment 7 (ES7), that is one of the most diverse regions of the ribosome, emanating from a short stem loop and ranging to over 750 nucleotides in mammals. Using a hybrid method that combines evolutionary and structural analyses, we determined 2D and 3D structures of ES7 across various eukaryotic species. It has been shown that ES7 contains a distinct motif, the “Signature Fold”, which is generally invariant in 2D topology and 3D structure in all eukaryotic ribosomes. A model was proposed, in which ES7 developed over evolution through a series of elementary and recursive growth events. Results have been presented in *Nucleic Acids Research*.

### Publikacje

1. **D. Sobanska, A.A. Komur, A. Chabowska-Kita, J. Gumna, P. Kumari, K. Pachulska-Wieczorek, R. Ciosk**  
The silencing of ets-4 mRNA relies on the functional cooperation between REGE-1/Regnase-1 and RLE-1/Roquin-1  
*NUCLEIC ACIDS RESEARCH* 2022, 50, 8226–8239
2. **J. Gumna, M. Antczak, R.W. Adamiak, J.M. Bujnicki, S.J. Chen, F. Ding, P. Ghosh, J. Li, S. Mukherjee, C. Nithin, K. Pachulska-Wieczorek, A. Ponce-Salvatierra, M. Popena, J. Sarzynska, T. Wirecki, D. Zhang, S. Zhang, T. Zok, E. Westhof, Z. Miao, M. Szachniuk, A. Rybarczyk**

Computational Pipeline for Reference-Free Comparative Analysis of RNA 3D Structures Applied to SARS-CoV-2 UTR Models  
*INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES* 2022, 23, 9630

3. **M. Zawadzka, A. Andrzejewska-Romanowska, J. Gumna, D.J. Garfinkel, K. Pachulska-Wieczorek**

Cell Compartment-Specific Folding of Ty1 Long Terminal Repeat Retrotransposon RNA Genome  
*VIRUSES-BASEL* 2022, 14, 2007

4. **M. Biesiada, M.Y. Hu, L.D. Williams, K.J. Purzycka, A.S. Petrov**  
rRNA expansion segment 7 in eukaryotes: from Signature Fold to Tentacles  
*NUCLEIC ACIDS RESEARCH* 2022, 50, 10717–10732

### Projekty realizowane w Zakładzie w 2022 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 oddziaływania z białkiem Gag warunkujące funkcje RNA Ty1 na różnych etapach replikacji retrotranspozonu; (SONATA BIS)

Kierownik projektu: dr hab. Katarzyna Pachulska-Wieczorek

3. Yeast cell factory for mRNA bioproduction – YSCRIPT; (HORIZON EUROPE)– projekt realizowany w konsorcjum międzynarodowym; lider projektu: Centre National de la Recherche Scientifique, Francja (kierownik projektu: prof. Chantel Pichon)

Kierownik zadań z ramienia ICHB PAN: dr hab. Katarzyna Pachulska-Wieczorek

4. Arc jako neuronalny Gag. Badanie wirusowych właściwości i funkcji głównego regulatora plastyczności synaptycznej; (PRELUDIUM)

Kierownik projektu: dr Julita Gumna

5. Badanie struktury genomowego RNA Ty3 podczas retrotranspozycji w drożdżach; (PRELUDIUM)

Kierownik projektu: mgr inż. Angelika Andrzejewska-Romanowska

### Zakład Transkryptomiki Funkcjonalnej

---

**Kierownik Zakładu: dr hab. Kamilla Grzywacz, prof. ICHB PAN (0,1 STATUT/0,9 GRANTY)<sup>58</sup>**

#### **Skład osobowy<sup>59</sup>**

Pracownicy techniczni:

mgr inż. Kamila Pepłowska (STATUT)

Doktoranci:

mgr inż. Klementyna Marciniak (STATUT)

mgr Piotr Pietras (STATUT)

mgr Anna Wasilewska-Burczyk (STATUT)

#### **Temat statutowy Zakładu**

---

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

<sup>58</sup> W nawiasach podane źródło finansowania pracowników.

<sup>59</sup> Stan na 31.12.2022 r.

## Opis prowadzonej działalności naukowej finansowanej z subwencji i projektów

### *Cel badań*

Identyfikacja i charakterystyka mechanizmów molekularnych regulacji ekspresji genów z udziałem cząsteczek RNA, w odpowiedzi na zmienne warunki życia.

### *Opis zrealizowanych prac*

1. Wykazano heterogeniczną, zależną od warunków środowiskowych budowę rybosomów drożdży (współpraca z Pracownią Spektrometrii Mas ICHB PAN). Manuskrypt w przygotowaniu.
2. Zidentyfikowano krótkie niekodujące RNA (rancRNA) w drożdżach narażonych na niekorzystne warunki środowiskowe. Wykazano istnienie związku między akumulacją rancRNA a heterogenicznością rybosomów. Manuskrypt w przygotowaniu.
3. Opracowano metodę bezpośredniej identyfikacji i bezwzględnej kwantyfikacji zdarzeń przedwczesnej terminacji transkrypcji. Manuskrypt opublikowano.
4. Zidentyfikowano potencjalne ryboprzełączniki związane z antybiotykoopornością chorobotwórczej bakterii *Staphylococcus aureus* MRSA (współpraca z UAM). Manuskrypt w przygotowaniu.
5. Określono potencjał regeneracyjny preparatów i materiałów biologicznych stosowanych w ortopedii: osocza bogatopłytkowego, autologicznej tkanki tłuszczowej i membrany kolagenowej (współpraca z Rehasport Clinic). Manuskrypty opublikowano.

## The description of research activity funded by the statutory subsidy and grants

### *The research goals*

Identification and characterization of the molecular mechanisms of RNA-dependent gene expression regulation, in response to changing environmental conditions.

### *Description of the work carried out, the most important achievements and the usage of the obtained results*

1. Heterogeneous structure of yeast ribosomes, dependent on environmental conditions, was demonstrated (cooperation with the Laboratory of Mass Spectrometry, IBCH PAS). Manuscript in preparation.
2. Small noncoding RNAs (rancRNAs) have been identified in yeast exposed to adverse environmental conditions. A relationship between rancRNA accumulation and ribosome heterogeneity has been demonstrated. Manuscript in preparation.
3. A method for direct identification and absolute quantification of premature transcription termination events was developed. The manuscript has been published.
4. Potential riboswitches associated with antibiotic resistance of the pathogenic bacterium *Staphylococcus aureus* MRSA were identified (cooperation with AMU). Manuscript in preparation.
5. The regenerative potential of biological preparations and materials used in orthopaedics was determined: platelet-rich plasma, autologous adipose tissue and collagen membranes (cooperation with Rehasport Clinic). The manuscripts have been published.

## Publikacje

---

1. **P. Machtel, A. Wasilewska-Burczyk, J. Zacharjusz, K. Grzywacz**  
PTT-quant: a new method for direct identification and absolute quantification of premature transcription termination events, following the example of bacterial riboswitches  
*APPLIED MICROBIOLOGY AND BIOTECHNOLOGY* 2022, 106, 1557–1570
2. J. Kaszynski, P. Bakowski, B. Kiedrowski, L. Stolowski, **A. Wasilewska-Burczyk, K. Grzywacz, T. Piontek**  
Intra-Articular Injections of Autologous Adipose Tissue or Platelet-Rich Plasma Comparably Improve Clinical and Functional Outcomes in Patients with Knee Osteoarthritis  
*BIOMEDICINES* 2022, 10, 684

3. P. Bakowski, **K. Grzywacz**, A. Prusinska, K. Ciemieniewska-Gorzela, J. Gille, T. Piontek  
Autologous Matrix-Induced Chondrogenesis (AMIC) for Focal Chondral Lesions of the Knee:  
A 2-Year Follow-Up of Clinical, Proprioceptive, and Isokinetic Evaluation  
*JOURNAL OF FUNCTIONAL BIOMATERIALS* 2022, 13, 277
4. **P. Pietras**, K. Kaminska, S. Pecherz, J. Sobkowiak, **K. Grzywacz**  
Heterogeniczność rybosomów jako nowy element regulacji translacji  
*POSTĘPY BIOCHEMII* 2022, 68, 425–433

#### Prace przyjęte do druku

**A. Tyczewska, K. Grzywacz**

tRNA-derived fragments as new players in regulatory processes in yeast  
*YEAST*, DOI: 10.1002/yea.3829

#### Projekty realizowane w Zakładzie w 2022 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**

---

**Kierownik Zakładu: dr Paweł Zmora (GRANTY)<sup>60</sup>**

**Skład osobowy<sup>61</sup>**

Pracownicy techniczni:

dr Joanna Sztuba-Solińska (0,2 STATUT)

mgr Dagny Lorent (GRANTY)

Doktoranci:

mgr Rafał Nowak (stypendium NCN)

**Pracownia Diagnostyki Molekularnej WGW ICHB PAN**

Kierownik: dr Elżbieta Lenartowicz Onykaa (STATUT)

Pracownicy techniczni:

mgr Monika Gazecka (GRANTY)

#### Temat statutowy Zakładu

Oddziaływania pomiędzy patogenem a komórką gospodarza (N) (dr Paweł Zmora)

**Opis prowadzonej działalności naukowej finansowanej z subwencji i projektów**

*Cel badań*

Znajomość oddziaływań pomiędzy wirusem a komórką gospodarza jest niezbędna do opracowania nowych strategii przeciwwirusowych. Celem badań Zakładu było określenie zależności pomiędzy wirusem a maszyną komórkową gospodarza na poziomie RNA oraz białek.

*Opis zrealizowanych prac*

W ramach prowadzonych badań przewidywano strukturę drugorzędową mRNA transbłonowych proteaz serynowych typu II, takich jak TMPRSS2, zaangażowanych w proteolityczną aktywację wirusa grypy (praca w przygotowaniu), jak i strukturę drugo- i trzeciorzędową wirusowego RNA (*RNA BIOLOGY*). Badania te pozwolą na zaprojektowanie skutecznej terapii przeciwwirusowej

---

<sup>60</sup> W nawiasach podane źródło finansowania pracowników.

<sup>61</sup> Stan na 31.12.2022 r.

opartej np. o antysensowne oligonukleotydy. Ponadto skupiono się na oddziaływaniach pomiędzy wirusem a komórkami układu odpornościowego produkującymi przeciwciała. Wykazano, że u osób z ciężkim przebiegiem COVID-19 poziom przeciwciał anti-SARS-CoV-2 jest statystycznie istotnie wyższy niż u osób z lekkim lub bezobjawowym zakażeniem SARS-CoV-2 (*Vaccines*). Zaobserwowano również, iż poziom przeciwciał przeciwko SARS-CoV-2 istotnie zmniejsza się w ciągu kilku miesięcy od zakażenia (*Vaccines*).

## **The description of research activity funded by the statutory subsidy and grants**

### *The research goals*

Knowledge on the virus-host cell interactions is essential for the development of new antiviral strategies. The research aim of the Department was to determine the relation between the virus and the host cell machinery, on an RNA and protein level.

### *Description of the work carried out, the most important achievements and the usage of the obtained results*

As part of the conducted research, the mRNA secondary structure of type II transmembrane serine proteases was studied, i.e., TMPRSS2, which are involved in proteolytic activation of the influenza virus (work in preparation), as well as the secondary and tertiary structure of viral RNA (*RNA BIOLOGY*). These studies will allow for designing an effective antiviral therapy, e.g. with antisense oligonucleotides. In addition, the research was focused on the interaction between virus and immune cells producing antiviral antibodies. It has been shown that in people with a severe course of COVID-19, the level of the anti-SARS-CoV-2 antibodies is statistically significantly higher than in people with a mild or asymptomatic SARS-CoV-2 infection (*Vaccines*). In addition, it has been noticed that the level of anti-SARS-CoV-2 antibodies significantly decreases in a few months after infection (*Vaccines*).

## **Publikacje**

---

1. **B. Szutkowska, K. Wieczorek, R. Kierzek, P. Zmora**, J.M. Peterson, W.N. Moss, D.H. Mathews, **E. Kierzek**  
Secondary Structure of Influenza A Virus Genomic Segment 8 RNA Folded in a Cellular Environment  
*INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES* 2022, 23, 2452
2. **D. Lorent, R. Nowak**, D. Luwanski, M. Pisarska-Krawczyk, M. Figlerowicz, **P. Zmora**  
The Longitudinal Analysis on the Anti-SARS-CoV-2 Antibodies among Healthcare Workers in Poland-Before and after BNT126b2 mRNA COVID-19 Vaccination  
*VACCINES* 2022, 10, 1576
3. **M. Gazecka, P. Zmora**  
Szczepionki przeciwko COVID-19.  
*WODNIK*, 2022, 146, 10-11. ISSN 1505-4330
4. D. Gosavi, I. Wower, I.K. Beckmann, I.L. Hofacker, J. Wower, M.T. Wolfinger, **J. Sztuba-Solinska**  
Insights into the secondary and tertiary structure of the Bovine Viral Diarrhea Virus Internal Ribosome Entry Site  
*RNA BIOLOGY* 2022, 19, 496-506
5. **D. Magner, R. Nowak, E. Lenartowicz Onyekaa, A. Pasternak, R. Kierzek**  
A Structural Potential of Rare Trinucleotide Repeat Tracts in RNA  
*INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES* 2022, 23, 5850
6. E. Wanowska, A. McFeely, **J. Sztuba-Solinska**  
The Role of Epitranscriptomic Modifications in the Regulation of RNA-Protein Interactions  
*BIOCHEM* 2022, 2, 241-259



7. **D. Magner, R. Nowak, E. Lenartowicz Onyekaa, A. Pasternak, R. Kierzek**

A Structural Potential of Rare Trinucleotide Repeat Tracts in RNA

*INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES* 2022, 23, 5850

### Projekty realizowane w Zakładzie w 2022 r.

---

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

*Kierownik projektu: dr Paweł Zmora*

2. Connect and align ELIXIR Nodes to deliver sustainable FAIR life-science data management services – ELIXIR – CONVERGE (HORIZON 2020) – projekt realizowany w konsorcjum; lider projektu: European Molecular Biology Laboratory, Niemcy (kierownik projektu: dr. Niklas Bloomberg)

*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)<sup>62</sup>

**Skład osobowy<sup>63</sup>**

Pracownicy naukowcy:

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

Pracownicy techniczni:

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

### Temat statutowy Zakładu

---

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

### Opis prowadzonej działalności naukowej finansowanej z subwencji i projektów

#### *Cel badań*

Celem badań było wykazanie, że poziom m<sup>5</sup>C może być wskaźnikiem starzenia się przechowywanych nasion.

#### *Opis zrealizowanych prac*

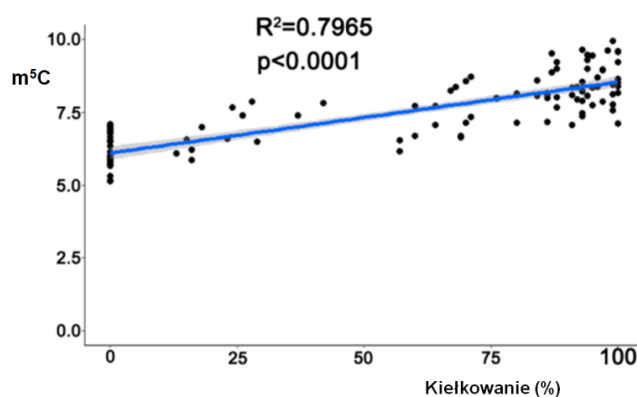
Ochrona *ex situ* zasobów genetycznych jest podstawową strategią ochrony bioróżnorodności roślin. Przechowywanie nasion jest kluczowe dla przyszłych hodowli. W badaniu oceniano poziom metylacji DNA w nasionach przechowywanych w różnych warunkach. Badano dojrzałe nasiona topoli czarnej z drzew w wieku 50–70 lat z jednej populacji. Nasiona suszono w temperaturze 103±2°C do uzyskania wilgotności 7–15%. Z nasion niesuszonych i suszonych przechowywanych przez rok w różnych temperaturach (+10 do –200) wyizolowano DNA, a następnie analizowano całkowitą zawartość m<sup>5</sup>C. Zauważono wzrost zawartości m<sup>5</sup>C podczas zmniejszania wilgotności nasion oraz przy obniżeniu temperatury. Wzrost metylacji stymulował kiełkowanie nasion. Wykazano znaczenie globalnej metylacji DNA w przechowywaniu i starzeniu się nasion oraz jej udział w regulacji zmienności fenotypowej sadzonek topoli czarnej. Monitorowanie poziomu m<sup>5</sup>C w genomowym DNA pozwoliło zidentyfikować etap, po którym następuje szybkie

---

<sup>62</sup> W nawiasach podane źródło finansowania pracowników.

<sup>63</sup> Stan na 31.12.2022 r.

starzenie nasion. Takie podejście może być wykorzystane jako znacznik żywotności nasion, a jego zastosowanie byłoby korzystne dla zachowania nasion wyjątkowych gatunków.



Ryc. 10. Zależność między kiełkowaniem a globalną zawartością m<sup>5</sup>C dla trzech połączonych partii nasion składających się z nasion niewysuszonych i wysuszonych.  
/ Correlation between germination and global m<sup>5</sup>C level for three combined seed lots composed of non-desiccated and desiccated seeds

## The description of research activity funded by the statutory subsidy and grants

### *The research goals*

The aim of the research was to show that the level of m<sup>5</sup>C can be an indicator of aging of stored seeds.

### *Description of the work carried out, the most important achievements and the usage of the obtained results*

*Ex situ* conservation of genetic resources is a fundamental strategy for the protection of plant biodiversity. Seed storage is crucial for future breeding. The study assessed the level of DNA methylation in seeds stored under different conditions. Mature black poplar seeds of trees aged 50-70 years, stemming from one population, were tested. The seeds were dried at a temperature of  $103 \pm 2^\circ\text{C}$  to a water content of 7–15%. From undried and dried seeds stored for a year at different temperatures (+10 to  $-200^\circ\text{C}$ ), DNA was isolated, and then the total m<sup>5</sup>C content was analysed. An increase in the m<sup>5</sup>C level was observed, upon reducing the moisture content of the seeds, and lowering the temperature. The increase in methylation stimulated the seed germination. The importance of global DNA methylation in storage and aging of seeds, as well as its relationship with the regulation of phenotypic variability of black poplar seedlings were demonstrated. Monitoring the level of m<sup>5</sup>C in genomic DNA allowed to identify the stage followed by rapid aging of seeds. This approach can be used as a marker of seed viability, and its use would be beneficial for the preservation of seeds of exceptional species.

## Publikacje

1. **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* 2022, 40, 3038–3045
2. A.M. Barciszewska, **A. Belter, I. Gawronska, M. Giel-Pietraszuk, M.Z. Naskret-Barciszewska**  
Cross-reactivity between histone demethylase inhibitor valproic acid and DNA methylation in glioblastoma cell lines  
*FRONTIERS IN ONCOLOGY* 2022, 12, 1033035
3. E.A. Korczmar, **A. Belter, M.Z. Naskret-Barciszewska, S. Jurga, J. Barciszewski**  
Epigenetyka na Ziemi i w kosmosie  
*POSTĘPY BIOCHEMII* 2022, 68, 169–178

4. M. Michalak, B.P. Plitta-Michalak, **M.Z. Naskret-Barciszewska, J. Barciszewski**,  
P. Chmielarz  
DNA Methylation as an Early Indicator of Aging in Stored Seeds of “Exceptional” Species  
Populus nigra L.  
*CELLS* 2022, 11, 2080

### Projekty realizowane w Zakładzie w 2022 r.

---

1. Wykorzystanie związków małocząsteczkowych w epigenetycznej terapii złośliwych glejaków mózgu; (OPUS)

*Kierownik projektu: prof. dr hab. Mirosława Naskręt-Barciszewska*

2. Pionierskie badania struktury i funkcji G-kwadruksów miRNA; (SONATINA)

*Kierownik projektu: dr Agnieszka Belter*

## Zakład Biochemii RNA

---

**Kierownik Zakładu: prof. dr hab. Jerzy Ciesiołka (0,5 STATUT)<sup>64</sup>**

**Skład osobowy<sup>65</sup>**

Pracownicy naukowcy:

dr hab. Jan Wrzesiński, prof. ICHB PAN (STATUT)

dr hab. Mariola Dutkiewicz, prof. ICHB PAN (STATUT)

dr hab. Agata Świątkowska (STATUT)

Doktoranci:

mgr Marek Kazimierczyk (STATUT)

### Temat statutowy Zakładu

---

**Badania struktury i funkcji kwasów rybonukleinowych oraz białek z nimi oddziałujących (K)**  
(prof. dr hab. Jerzy Ciesiołka)

#### Opis prowadzonej działalności naukowej finansowanej z subwencji i projektów

*Cel badań*

Pierwszym celem badań była kompleksowa analiza końca 5' najczęściej występującego mysiego p53 mRNA. Celem drugim było poznanie właściwości i funkcji fragmentów tRNA w komórkach nerek.

*Opis zrealizowanych prac*

Zaproponowano przestrzenne pofałdowanie regionu 5'-końcowego mysiego mRNA p53 i jego wybranych fragmentów na podstawie wyników otrzymanych metodą SAXS i programu RNAComposer. Następnie zastosowano chromatografię powinowactwa do identyfikacji białek, obecnych w lizatach mysich fibroblastów, które są zdolne do wiązania 5'-końcowego regionu mysiego p53 mRNA. Potwierdzono wysokie powinowactwo hnRNP K i PCBP2 do badanego RNA i zaproponowano możliwe miejsca wiązania tych białek. Dodatkowo, w artykule przeglądowym przedstawiono najnowsze informacje dotyczące roli p53 i jego zmutowanej wersji oraz potencjalnych funkcji izoform p53 w aspekcie rozwoju i progresji raka nerki. Do realizacji drugiego celu badań użyto modelowych komórek nerek: hESC, HEK 293T, HK-2 oraz A 498. Analiza bioinformatyczna wykazała częste występowanie tRFGly(CCC), tRFVal(ACC) oraz tRFArg(CCU) o różnej długości od 20–60 nukleotydów, co potwierdzono eksperymentalnie techniką northern blot. Wykazano udział angiogeniny oraz nukleazy Dicer w biogenezie tRF poprzez cięcie dojrzałych cząsteczek

---

<sup>64</sup> W nawiasach podane źródło finansowania pracowników.

<sup>65</sup> Stan na 31.12.2022 r.

tRNA w pętłach. Ponadto analiza bioinformatyczna pokazała możliwość regulacji ekspresji genów w ludzkich nerkach przez fragmenty tRNA.

## **The description of research activity funded by the statutory subsidy and grants**

### *The research goals*

The first aim of the research was a comprehensive analysis of the 5'-terminus of mouse most abundant p53 mRNA. The second aim was to understand the characteristics and function of tRNA fragments in the renal cells.

### *Description of the work carried out, the most important achievements and the usage of the obtained results*

The spatial folding of the 5'-terminal region of mouse p53 mRNA and its selected fragments was proposed, based on the results generated with the use of the SAXS method and the RNAComposer software. Subsequently, affinity chromatography was used to identify proteins which are present in mouse fibroblast cell lysates and are able to bind the 5'-terminal region of mouse p53 mRNA. The high binding affinity of hnRNP K and PCBP2 to the studied RNA was confirmed and their possible binding sites were proposed. Additionally, the latest knowledge concerning the role of p53 and its mutated version, as well the potential functions of p53 isoforms with regard to the development and progression of kidney cancer, were discussed in a review article. To achieve the second aim, model renal cells: hESC, HEK 293T, HK-2 and A 498 were used. Bioinformatics analysis showed high abundance of tRFGly(CCC), tRFVal(ACC) and tRFArg(CCU) with various lengths, ranging between 20–60 nucleotides, which was experimentally confirmed using the northern blot method. The participation of angiogenin and Dicer nuclease in tRF biogenesis, by cleaving mature tRNA molecules in loops, was shown. In addition, bioinformatics analysis demonstrated the possibility of expression regulation of human kidney genes by tRF fragments.

## **Publikacje**

---

1. **J. Szpotkowska, K. Szpotkowski, J. Ciesiolka**  
Structural Characteristics of the 5'-Terminal Region of Mouse p53 mRNA and Identification of Proteins That Bind to This mRNA Region  
*INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES* 2022, 23, 9709
2. **M. Kazimierczyk, M. Wojnicka, E. Biala, P. Zydowicz-Machtel, B. Imiolczyk, T. Ostrowski, A. Kurzynska-Kokorniak, J. Wrzesinski**  
Characteristics of Transfer RNA-Derived Fragments Expressed during Human Renal Cell Development: The Role of Dicer in tRF Biogenesis  
*INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES* 2022, 23, 3644
3. **A. Swiatkowska**  
p53 and Its Isoforms in Renal Cell Carcinoma-Do They Matter?  
*BIOMEDICINES* 2022, 10, 1330

## **Zakład Chemii i Biologii Strukturalnej Kwasów Nukleinowych**

---

**Kierownik Zakładu: prof. dr hab. Ryszard Kierzek (0,5 STATUT/0,3 GRANTY)<sup>66</sup>**

### **Skład osobowy<sup>67</sup>**

Pracownicy naukowci:

dr Agnieszka Ruszkowska (0,8 STATUT/0,2 GRANTY)

---

<sup>66</sup> W nawiasach podane źródło finansowania pracowników.

<sup>67</sup> Stan na 31.12.2022 r.

## Temat statutowy Zakładu

Termodynamika modyfikowanych kwasów nukleinowych (K) (prof. dr hab. Ryszard Kierzek)

### Opis prowadzonej działalności naukowej finansowanej z subwencji i projektów

#### *Cel badań*

Celem badań jest określenie wpływu modyfikacji RNA na jego właściwości termodynamiczne, strukturalne i biologiczne. Poznanie wymienionych cech modyfikowanych RNA pozwoli na ich lepsze wykorzystanie, jako potencjalnych terapeutyków służących w zwalczaniu różnych chorób człowieka mających podłoże genetyczne.

#### *Opis zrealizowanych prac*

Jedną z badanych modyfikacji była N1-metylopseudourydyna. Aby przeprowadzić odpowiednie badania dotyczące tak modyfikowanych RNA zsyntetyzowano amidofosforyn N1-metylopseudourydyny, który następnie wykorzystano do przygotowania wielu modelowych oligonukleotydów zawierających N1-metylopseudourydynę w różnej aranżacji sekwencyjnej i położeniu w dupleksie RNA. Wstępne badania termodynamiczne wykazały, że wprowadzenie zamiast urydyny N1-metylopseudourydyny stabilizuje trwałość termodynamiczną dupleksów RNA, jest ona jednak mniejsza, niż gdy w tym samym położeniu jest pseudourydyna. Ponadto stwierdzono, że w przeciwieństwie do urydyny i pseudourydyny wpływ N1-metylopseudourydyny na stabilność termodynamiczną dupleksów jest bardziej zależny od otoczenia pary, w której znajduje się N1-metylopseudourydyna oraz od jej położenia w dupleksie.

### The description of research activity funded by the statutory subsidy and grants

#### *The research goals*

The purpose of research is to determine the impact of RNA modifications on its thermodynamic, structural and biological properties. Learning about the above-mentioned features of modified RNAs will allow for their better use as potential therapeutics to target various human diseases of genetic origin.

#### *Description of the work carried out, the most important achievements and the usage of the obtained results*

One of the studied modifications was N1-methylpseudouridine. For this purpose, N1-methylpseudouridine phosphoramidite was synthesized, which was then used to prepare many model oligonucleotides containing N1-methylpseudouridine in different sequence arrangement and position in the RNA duplex. Preliminary thermodynamic studies have shown that the introduction of N1-methylpseudouridine instead of uridine stabilizes the thermodynamic stability of RNA duplexes, but to a lesser extent than when pseudouridine is in the same position. In addition, it was found that, unlike uridine and pseudouridine, the effect of N1-methylpseudouridine on the thermodynamic stability of duplexes is more dependent on the environment of the pair in which N1-methylpseudouridine is located, and on its position in the duplex.

## Publikacje

1. **M. Soszynska-Jozwiak, A. Ruszkowska, R. Kierzek, C.A. O'Leary, W.N. Moss, E. Kierzek**  
Secondary Structure of Subgenomic RNA M of SARS-CoV-2  
*VIRUSES-BASEL* 2022, 14, 322
2. **B. Szutkowska, K. Wieczorek, R. Kierzek, P. Zmora, J.M. Peterson, W.N. Moss, D.H. Mathews, E. Kierzek**  
Secondary Structure of Influenza A Virus Genomic Segment 8 RNA Folded in a Cellular Environment  
*INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES* 2022, 23, 2452

3. **E. Kierzek**, H.J. Zhang, R.M. Watson, S.D. Kennedy, **M. Szabat**, **R. Kierzek**, D.H. Mathews  
Secondary structure prediction for RNA sequences including N6-methyladenosine  
*NATURE COMMUNICATIONS* 2022, 13, 1271
4. A.D. Kauffmann, S.D. Kennedy, W.N. Moss, **E. Kierzek**, **R. Kierzek**, D.H. Turner  
Nuclear magnetic resonance reveals a two hairpin equilibrium near the 3'-splice site of  
influenza A segment 7 mRNA than can be shifted by oligonucleotides  
*RNA* 2022, 28, 508–522
5. **D. Magner**, **R. Nowak**, **E. Lenartowicz Onyeka**, **A. Pasternak**, **R. Kierzek**  
A Structural Potential of Rare Trinucleotide Repeat Tracts in RNA  
*INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES* 2022, 23, 5850
6. **T. Czapik**, **J. Piasecka**, **R. Kierzek**, **E. Kierzek**  
Structural variants and modifications of hammerhead ribozymes targeting influenza A virus  
conserved structural motifs  
*MOLECULAR THERAPY – NUCLEIC ACIDS* 2022, 29, 64–74
7. **M. Szabat**, **M. Prochota**, **R. Kierzek**, **E. Kierzek**, D.H. Mathews  
A Test and Refinement of Folding Free Energy Nearest Neighbor Parameters for RNA  
Including N-6-Methyladenosine  
*JOURNAL OF MOLECULAR BIOLOGY* 2022, 434, 167632
8. **A. Ruszkowska**, Y.Y. Zheng, S. Mao, **M. Ruszkowski**, J. Sheng  
Structural Insights Into the 5'UG/3'GU Wobble Tandem in Complex With Ba<sup>2+</sup> Cation  
*FRONTIERS IN MOLECULAR BIOSCIENCES* 2022, 8, 762786
9. **M. Grzechowiak**, **A. Ruszkowska**, **J. Sliwiak**, **A. Urbanowicz**, **M. Jaskolski**, **M. Ruszkowski**  
New aspects of DNA recognition by group II WRKY transcription factor revealed by  
structural and functional study of AtWRKY18 DNA binding domain  
*INTERNATIONAL JOURNAL OF BIOLOGICAL MACROMOLECULES* 2022, 213, 589–601

### Projekty realizowane w Zakładzie w 2022 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 ssaczych; (OPUS)  
*Kierownik projektu: prof. dr hab. Ryszard Kierzek*
3. Wpływ niskocząsteczkowych ligandów, specyficznie oddziałujących z potrójną helisą RNA MALAT1, na tworzenie kompleksu MALAT1/METTLL16 (MINIATURA)  
*Kierownik projektu: dr Agnieszka Ruszkowska*

## Zespół Biogospodarki i Zrównoważonego Rozwoju

**Kierownik Zespołu: dr Ewa Woźniak-Gientka (STATUT)<sup>68</sup>**

**Skład osobowy<sup>69</sup>**

Profesorowie emerytowani:

prof. dr hab. Tomasz Twardowski

<sup>68</sup> W nawiasach podane źródło finansowania pracowników.

<sup>69</sup> Stan na 14.11.2022 r.

## Temat statutowy Zespołu

---

Biogospodarka i biotechnologia – aspekty ekonomiczne, społeczne i prawne (M) (dr Ewa Woźniak-Gientka)

### Opis prowadzonej działalności naukowej finansowanej z subwencji i projektów

#### *Cel badań*

Analiza publicznego postrzegania technologii genów roślinnych na całym świecie w ciągu ostatnich 20 lat, a także analiza aktualnej sytuacji prawnej technologii genów roślinnych; przedstawienie opinii publicznej Polaków na temat biotechnologii i inżynierii genetycznej.

#### *Opis zrealizowanych prac*

Analiza społecznego postrzegania nowoczesnych technologii genów roślinnych w różnych regionach świata w ciągu ostatnich 20 lat oraz przedstawienie przykładów roślin genetycznie zmodyfikowanych (GM) i tych, które powstały poprzez zastosowanie techniki edycji genów, wprowadzonych na rynek w różnych regionach świata (*GM Crops & Food*). Analiza opinii publicznej na temat biotechnologii i inżynierii genetycznej w polskim społeczeństwie. Opis wyników własnego badania opartego na ankiecie przeprowadzonej w 2019 roku w Polsce (*Biotechnologia*). Wskazanie krytycznych etapów, które umożliwiły ewolucję koncepcji biogospodarki w Unii Europejskiej (UE). Przedstawienie wyzwań istotnych dla dalszego rozwoju biogospodarki wywołanych pandemią Covid-19 i rosnącą niestabilnością geopolityczną (*EFB Bioeconomy Journal*).

### The description of research activity funded by the statutory subsidy and grants

#### *The research goals*

Analysis of public perception of plant gene technologies worldwide over the last 20 years, as well as analysis of the current regulatory situation of plant gene technologies; presenting the public opinion of Poles on biotechnology and genetic engineering.

#### *Description of the work carried out, the most important achievements and the usage of the obtained results*

Analysis of the public perception of state-of-the-art plant gene technologies in different regions of the world in the past 20 years, and presentation of examples of genetically modified and genome edited plants introduced to the market in different world regions (*GM Crops & Food*). Analysis of the public opinion on biotechnology and genetic engineering among the Polish society. Description of the results of the own study, based on a survey conducted in 2019 in Poland (*Biotechnologia*). Indication of the critical stages that enabled the evolution of bioeconomy concept in the European Union (EU). Presentation of challenges relevant to the further development of bioeconomy, triggered by the Covid-19 pandemic and increasing geopolitical instability (*EFB Bioeconomy Journal*).

## Publikacje

---

1. **E. Woźniak-Gientka, A. Tyczewska, T. Twardowski**  
Public opinion on biotechnology and genetic engineering in the European Union: Polish consumer study  
*BIOTECHNOLOGIA* 2022, 103, 185–201
2. **E. Woźniak-Gientka, A. Tyczewska, M. Perisic, A. Beniermann, D. Eriksson, N. Vangheluwe, G. Godelive, S. Cetiner, N. Abiri, T. Twardowski**  
Public perception of plant gene technologies worldwide in the light of food security  
*GM CROPS & FOOD-BIOTECHNOLOGY IN AGRICULTURE AND THE FOOD CHAIN* 2022, 13, 218–241

3. **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* 2022, 208, 777–794
4. **A. Aguilar, T. Twardowski,**  
Bioeconomy in a changing world  
*EFB BIOECONOMY JOURNAL* 2022, 2, 100041

## Zespół Biologii Integratywnej

---

*Zespół rozwiązano 14.11.2022 r. (do tego czasu afiliowane przy Zespole były Pracownia Analiz Struktur Subkomórkowych oraz Pracownia Modelowych Organizmów Zwierzęcych, opisane w dalszej części sprawozdania)*

**Kierownik Zespołu: dr hab. Rafał Ciosk, prof. ICHB PAN (0,5 STATUT)<sup>70</sup>**

### **Skład osobowy<sup>71</sup>**

Pracownicy naukowcy:

- 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)

## Temat statutowy Zespołu

---

**Regulacja posttranskrypcyjna w procesach rozwojowych modelowych organizmów zwierzęcych (K) (dr hab. Rafał Ciosk)**

### **Opis prowadzonej działalności naukowej finansowanej z subwencji i projektów**

#### *Cel badań*

Potraskrypcyjna regulacja informacyjnego RNA (mRNA) ma kluczowe znaczenie dla rozwoju i homeostazy. Większość przypadków tej regulacji obejmuje białka wiążące RNA (RBP). Interesujące jest wyjaśnienie, w jaki sposób konserwatywne 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*

Regulacja stabilności mRNA jest kluczowa dla wielu procesów biologicznych. Endorybonukleaza Regnase-1 odgrywa kluczową rolę w kontroli wrodzonej odporności ssaków, a także w nowotworach, infekcjach, angiogenezie itd. Początkowo uważano, że Regnase-1 współpracuje z innym RBP (ang. RNA binding protein), Roquin-1, sądząc że Roquin-1 rekrutuje Regnase-1 do określonych mRNA (model współpracujący). Model ten został potwierdzony przez najnowsze badania,

---

<sup>70</sup> W nawiasach podane źródło finansowania pracowników.

<sup>71</sup> Stan na 14.11.2022 r.



które wskazują na bezpośrednie oddziaływanie Regnase-1 i Roquin-1. Badania wykonane w innych typach komórek sugerują, że Roquin-1 i Regnase-1, chociaż kontrolują częściowo te same mRNA, działają poprzez różne mechanizmy (model niezależny). Według tego modelu, Regnase-1 degraduje translacyjnie aktywne mRNA z pomocą Upf1 (helikaza znana ze swojej roli w rozpadzie RNA), a Roquin-1 celuje w mRNA nieaktywne translacyjnie, promując ich egzonukleolityczną degradację przez kompleks CCR4-NOT. Badając ortolog białka Regnase-1 w organizmie modelowym *Caenorhabditis elegans*, odkryto jego funkcjonalną współpracę z odpowiednikiem Roquin-1 u nicienia, RLE-1. Co ciekawe, mimo że oba białka współdziałają w wyciszaniu mRNA, REGE-1 i RLE-1 oddziałują z mRNA niezależnie. Co ciekawe, w przeciwieństwie do Regnase-1, które reguluje wiele różnych transkryptów, wykazano, że REGE-1 reguluje pojedynczą cząsteczkę mRNA kodującą czynnik transkrypcyjny ETS-4. Zaproponowano model, w którym REGE-1 kontrolując poziom ETS-4 wpływa na transkrypcję różnych genów regulujących wiele aspektów fizjologii organizmu. Mimo że REGE-1/Regnase-1 i RLE-1/Roquin-1 są funkcjonalnie powiązane u różnych organizmów, od nicieni po ludzi, dokładny mechanizm leżący u podstaw ich współpracy wydaje się być specyficzny gatunkowo. Podsumowując, umożliwiono spojrzenie na ważny mechanizm regulacji potranskrypcyjnej z unikalnej perspektywy. Otrzymane wyniki badań zostały opublikowane w czasopiśmie *Nucleic Acids Research*.

### **The description of research activity funded by the statutory subsidy and grants**

#### *The research goals*

Posttranscriptional regulation of messenger RNA (mRNA) is crucial for homeostasis and development. In most cases this regulation is associated with RNA-binding proteins (RBPs). It is interesting to uncover how conserved RNPs determine the mRNA fate and how RBP-based mechanisms control fundamental biological processes, such as developmental or metabolic plasticity.

#### *Description of the work carried out, the most important achievements and the usage of the obtained results*

The regulation of mRNA stability is a key to many biological processes. Endoribonuclease Regnase-1 has a crucial role in the control of mammalian innate immunity, as well as in cancer, infections, angiogenesis, etc. Regnase-1 was initially reported to cooperate with another RBP, Roquin-1, by recruiting Regnase-1 to mRNA targets (cooperative model). This model was further confirmed by the most recent data, suggesting direct interaction of Regnase-1 and Roquin-1. Research in other cell types suggests that even though Regnase-1 and Roquin-1 control a common set of mRNAs, they do so using different mechanisms (independent model). According to this model, Regnase-1 degrades translationally active mRNAs with the help of Upf1 (helicase involved in nonsense-mediated decay), while Roquin-1 acts on translationally inactive mRNAs, promoting its exonucleolytic degradation mediated by CCR4-NOT complex. Studying the *Caenorhabditis elegans* ortholog of Regnase-1, called REGE-1 (REGnasE-1), we have uncovered its functional cooperation with the nematode counterpart of Roquin-1, RLE-1. Although both proteins act non-redundantly, i.e., they are both essential for mRNA silencing, their functions appear to be non-additive, and REGE-1 and RLE-1 associate with mRNA independently. Interestingly, in contrast to Regnase-1, that is known to target a set of diverse transcripts, it appears that REGE-1 targets a single mRNA encoding a conserved transcription factor, ETS-4. A model was proposed where REGE-1, by controlling the abundance of ETS-4, affects the transcription of diverse downstream genes regulating various aspects of animal physiology. Although REGE-1/Regnase-1 and RLE-1/Roquin-1 are functionally related in different organisms, - from nematodes to humans, the exact mechanisms underlying their cooperation appear to vary between species. Thus, the research described herein opened a unique perspective on the evolution of an important post-transcriptional regulatory mechanism. The results obtained within this project were published in the *Nucleic Acids Research*.

## Publikacje

---

1. T. Pekec, J. Lewandowski, A.A. Komur, D. Sobanska, Y. Guo, K. Switonska-Kurkowska, J.M. Malecki, A.A. Dubey, W. Pokrzywa, M. Frankowski, M. Figiel, R. Ciosk  
Ferritin-mediated iron detoxification promotes hypothermia survival in *Caenorhabditis elegans* and murine neurons  
*NATURE COMMUNICATIONS* 2022, 13, 4883
2. D. Sobanska, A.A. Komur, A. Chabowska-Kita, J. Gumna, P. Kumari, K. Pachulska-Wieczorek, R. Ciosk  
The silencing of *ets-4* mRNA relies on the functional cooperation between REGE-1/Regnase-1 and RLE-1/Roquin-1  
*NUCLEIC ACIDS RESEARCH* 2022, 50, 8226–8239

## Projekty realizowane w Zespole w 2022 r.

---

Cell fate plasticity in animal development and tissue homeostasis; (EMBO)  
Kierownik projektu: dr hab. Rafał Ciosk

## Zespół Automatyki i Robotyki Laboratoryjnej

---

Zespół powołano 01.08.2022 r.

Kierownik Zespołu: dr Radosław Pilarski (0,2 STATUT/0,8 GRANTY)<sup>72</sup>

### Temat statutowy Zespołu

---

Rozwój niskocząsteczkowych narzędzi molekularnych do zastosowań w badaniach biologicznych i środowiskowych (K) (dr Radosław Pilarski wspólnie z dr. Jackiem Ł. Kolanowskim)– zadanie przedstawiono na s. 111.

## Pracownia Analiz Struktur Subkomórkowych

---

Kierownik: prof. dr hab. Eliza Wyszko (0,1 STATUT/0,9 GRANTY)<sup>73</sup>

### Skład osobowy<sup>74</sup>

Pracownicy naukowcy:

dr hab. Małgorzata Giel-Pietraszuk, prof. ICHB PAN (0,1 STATUT/0,9 GRANTY)

Pracownicy techniczni:

dr Agnieszka Fedoruk-Wyszomirska (0,35 STATUT/0,65 GRANTY)

dr Dorota Gurda-Woźna (0,1 STATUT/0,9 GRANTY)

Doktoranci:

mgr Paweł Pawelczak (STATUT)

## Publikacje

---

1. S. Rykowski, D. Gurda-Woźna, M. Orlicka-Płocka, A. Fedoruk-Wyszomirska, M. Giel-Pietraszuk, E. Wyszko, A. Kowalczyk, P. Staczek, K. Biniek-Antosiak, W. Rypniewski, A.B. Olejniczak  
Design of DNA Intercalators Based on 4-Carboranyl-1,8-Naphthalimides: Investigation of Their DNA-Binding Ability and Anticancer Activity  
*INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES* 2022, 23, 4598

---

<sup>72</sup> W nawiasach podane źródło finansowania pracowników. Stan na 31.12.2022 r.

<sup>73</sup> Stan na 31.12.2022 r.

<sup>74</sup> Stan na 31.12.2022 r.

2. **P. Pawelczak, A. Fedoruk-Wyszomirska, E. Wyszko**  
Antiaging Effect of 4-N-Furfurylcytosine in Yeast Model Manifests through Enhancement of Mitochondrial Activity and ROS Reduction  
*ANTIOXIDANTS* 2022, 11, 850
3. **A.M. Barciszewska, A. Belter, I. Gawronska, M. Giel-Pietraszuk, M.Z. Naskret-Barciszewska**  
Cross-reactivity between histone demethylase inhibitor valproic acid and DNA methylation in glioblastoma cell lines  
*FRONTIERS IN ONCOLOGY* 2022, 12, 1033035

### Projekty realizowane w Pracowni w 2022 r.

---

1. Właściwości przeciwstarzeniowe 4-N-furfurylocytozyny w zróżnicowanych wiekowo komórkach eukariotycznych, drożdżach oraz mysim modelu starzenia; (OPUS)  
*Kierownik projektu: prof. dr hab. Eliza Wyszko*
2. Analiza właściwości pro-regeneracyjnych i przeciwutleniających 4-N-furfurylocytozyny w modelu zwierzęcym *Schmidtea mediterranea* (Planaria); (MINIATURA)  
*Kierownik projektu: dr Agnieszka Fedoruk-Wyszomirska*
3. Optymalizacja warunków biodruku w celu stworzenia komórkowego modelu 3D raka wątroby, jako platformy skriningowej do selekcji związków o potencjale terapeutycznym; (MINIATURA)  
*Kierownik projektu: dr Dorota Gurda-Woźna*

### Pracownia Modelowych Organizmów Ssaczyc

---

**Kierownik: dr Łukasz Przybył** (0,1 STATUT/0,9 GRANTY)<sup>75</sup>

**Skład osobowy**<sup>76</sup>

Pracownicy techniczni:

mgr inż. Dorota Wronka (0,1 STATUT/0,9 GRANTY)

mgr Anna Karlik (GRANTY)

### Publikacje

---

**A. Kotowska-Zimmer, L. Przybył, M. Pewinska, J. Suszyska-Zajczyk, D. Wronka, M. Figiel, M. Olejniczak**

A CAG repeat-targeting artificial miRNA lowers the mutant huntingtin level in the YAC128 model of Huntington's disease

*MOLECULAR THERAPY-NUCLEIC ACIDS* 2022, 28, 702–715

### Pracownia Modelowych Organizmów Zwierzęcych

---

**Kierownik: dr Agata Tyczewska** (0,1 STATUT/0,9 GRANTY)<sup>77</sup>

**Skład osobowy**<sup>78</sup>

Pracownicy naukowci:

dr Daria Sobańska (STATUT)

Pracownicy techniczni:

mgr Alicja Rzepczak (GRANTY)

---

<sup>75</sup> W nawiasach podane źródło finansowania pracowników.

<sup>76</sup> Stan na 31.12.2022 r.

<sup>77</sup> W nawiasach podane źródło finansowania pracowników.

<sup>78</sup> Stan na 31.12.2022 r.

## Publikacje

---

1. **E. Wozniak-Gientka, A. Tyczewska, T. Twardowski**  
Public opinion on biotechnology and genetic engineering in the European Union: Polish consumer study  
*BIOTECHNOLOGIA* 2022, 103, 185–201
2. **E. Wozniak-Gientka, A. Tyczewska**, M. Perisic, A. Beniermann, D. Eriksson, N. Vangheluwe, G. Godelive, S. Cetiner, N. Abiri, **T. Twardowski**  
Public perception of plant gene technologies worldwide in the light of food security  
*GM CROPS & FOOD-BIOTECHNOLOGY IN AGRICULTURE AND THE FOOD CHAIN* 2022, 13, 218–241
3. **J. Kuczynski, J. Gracz-Bernaciak, T. Twardowski**, W.M. Karlowski, **A. Tyczewska**  
Cold stress-induced miRNA and degradome changes in four soybean varieties differing in chilling resistance  
*JOURNAL OF AGRONOMY AND CROP SCIENCE* 2022, 208, 777–794
4. **D. Sobanska, A.A. Komur, A. Chabowska-Kita, J. Gumna**, P. Kumari, **K. Pachulska-Wieczorek, R. Ciosk**  
The silencing of ets-4 mRNA relies on the functional cooperation between REGE-1/Regnase-1 and RLE-1/Roquin-1  
*NUCLEIC ACIDS RESEARCH* 2022, 50, 8226–8239
5. T. Pekec, **J. Lewandowski, A.A. Komur, D. Sobanska**, Y. Guo, **K. Switonska-Kurkowska**, J.M. Malecki, A.A. Dubey, W. Pokrzywa, M. Frankowski, **M. Figiel, R. Ciosk**  
Ferritin-mediated iron detoxification promotes hypothermia survival in *Caenorhabditis elegans* and murine neurons  
*NATURE COMMUNICATIONS* 2022, 13, 4883
6. 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* 2022, 233, 1931–1938

### Prace przyjęte do druku

**A. Tyczewska, K. Grzywacz**

tRNA-derived fragments as new players in regulatory processes in yeast  
*YEAST*, DOI: 10.1002/yea.3829

## Projekty realizowane w Instytucie w 2022 roku

| Lp.                                      | Tytuł projektu, nr umowy   | Kierownik projektu   | Okres realizacji (rok) od-do | Przyznane środki                     |
|--|--|--|------------------------------|--------------------------------------|
| <b>PROJEKTY NARODOWEGO CENTRUM NAUKI</b> |  |  |                              |                                      |
| <b>Projekty MAESTRO</b>                  |  |  |                              |                                      |
| 1.                                       | Analiza somatycznych mutacji w genach miRNA i w genach biogenezy miRNA w celu identyfikacji nowych celów terapii i biomarkerów chorób nowotworowych;<br>2016/22/A/NZ2/00184  | prof. dr hab.<br>P. Kozłowski  | 2017-2024                    | 3 419 300                            |
| <b>Projekty SYMFONIA</b>                 |  |  |                              |                                      |
| 2.                                       | Trójwymiarowe Peptydowo-Organiczne Szkielety Supramolekularne;<br>2016/20/W/ST5/00478<br>Zadania ICHB PAN:<br>1. Badania oddziaływania supramolekularnych peptydowo-organicznych szkieletów z modelowymi białkami;<br>2. Kokrystalizacja i badania strukturalne supramolekularnych peptydowo-organicznych szkieletów z białkami;<br>3. Badania strukturalne szkieletów następnych generacji i badania ich oddziaływania z modelowymi białkami.<br>– projekt realizowany w konsorcjum (lider – Instytut Chemii Organicznej PAN) | prof. dr hab.<br>M. Jaskólski<br>(kierownik zadań z ramienia ICHB PAN);<br>dr hab. A. Szumna<br>(kierownik projektu, IChO PAN) | 2016-2022                    | 4 109 100<br>1 611 700 <sup>79</sup> |
| <b>OPUS</b>                              |  |  |                              |                                      |
| 3.                                       | Funkcjonalna interakcja pomiędzy kolistymi RNA (circRNA) a macierzą zewnątrzkomórkową (ECM)-znaczenie dla komórek macierzystych nowotworu (GSC) oraz przejścia nabłonkowo-mezenchymalnego (EMT) w guzach mózgu;<br>2017/25/B/NZ3/02173   | dr hab. K. Rolle   | 2018-2023                    | 1 204 800                            |
| 4.                                       | Kotranskrypcyjne fałdowanie vRNA wirusa grypy w obecności antysensowych oligonukleotydów w zainfekowanych wirusem komórkach MDCK. Nowa metoda  | prof. dr hab.<br>R. Kierzek  | 2018-2022                    | 2 068 520                            |

<sup>79</sup> Wartość zadań realizowanych przez ICHB PAN.

|     |   |  |           |                                    |
|-----|---|--|-----------|------------------------------------|
|     | chemicznego mapowania struktury RNA w oparciu o metodę głębokiego sekwencjonowania; 2017/25/B/NZ1/02269   |  |           |                                    |
| 5.  | Synteza i badania strukturalne oligonukleotydów o sekwencjach ramion antykodonów tRNA zawierających nowe modyfikowane nukleozydy: ct6A, ms2ct6A, ges2U; 2017/25/B/ST5/00971<br>Zadania ICHB PAN:<br>1. Pomiar i analiza widm NMR. Pozyskanie więzów strukturalnych;<br>2. Wyznaczenie i udokładnienie struktur modelowych 17-merów RNA o sekwencji ASL zawierających modyfikowane nukleotydy.<br>– projekt realizowany w konsorcjum (lider – Politechnika Łódzka) | prof. dr hab. Z. Gdaniec (kierownik zadań z ramienia ICHB PAN);<br>prof. dr hab. E. Sochacka (kierownik projektu, Politechnika Łódzka) | 2018–2022 | 1 390 200<br>385 000 <sup>80</sup> |
| 6.  | Uwarunkowania strukturalne właściwości przeciwnowotworowych oligonukleotydów bogatych w guanozynę; 2017/25/B/NZ7/00127  | dr hab. A. Pasternak   | 2018–2022 | 1 290 900                          |
| 7.  | 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                          |
| 8.  | Badanie enzymów chitynolitycznych zmierzające do skonstruowania sztucznego chitynosomu; 2017/27/B/NZ1/02201   | prof. dr hab. W. Rypniewski  | 2018–2024 | 1 513 600                          |
| 9.  | 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                          |
| 10. | Molekularne determinanty selektywnego transportu będącego udziałem roślinnych transporterów ABCG; 2017/27/B/NZ1/01090   | prof. dr hab. M. Jasiński  | 2018–2022 | 953 000                            |
| 11. | Badanie mechanizmów naprawy dwuniciowych pęknięć DNA w regionach mikrosatelitarnych z wykorzystaniem systemu CRISPR/Cas9; 2018/29/B/NZ1/00293   | dr hab. M. Olejniczak  | 2019–2023 | 1 533 600                          |

<sup>80</sup> Wartość realizowanych zadań przez ICHB PAN.

|     |  |  |           |                                      |
|-----|--|--|-----------|--------------------------------------|
| 12. | Niskocząsteczkowe narzędzia do badania lokalnego mikrośrodowiska białek; 2018/29/B/ST4/01498   | dr J. Kolanowski   | 2019–2023 | 1 396 100                            |
| 13. | 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  | 2019–2023 | 926 100                              |
| 14. | 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                            |
| 15. | Mechanizmy i role rozwojowe terminacji transkrypcji; 2018/31/B/NZ1/03580   | dr hab. T. Miki  | 2019–2023 | 1 723 960                            |
| 16. | 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 Ssaczych; 2019/33/B/ST4/01422                                     | prof. dr hab. R. Kierzek   | 2020–2024 | 1 812 200                            |
| 17. | 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                            |
| 18. | 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                            |
| 19. | Kompleksowa analiza transkryptomu Schmidtea mediterranea – identyfikacja niekodujących RNA zaangażowanych w rozwój linii komórkowych podczas regeneracji; 2019/35/B/NZ2/02658  | dr hab. P. Jackowiak   | 2020–2024 | 2 071 200                            |
| 20. | 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                            |
| 21. | 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<br>Zadania ICHB PAN: | prof. dr hab. Z. Gdaniec<br>(kierownika zadań z ramienia ICHB PAN) | 2020–2024 | 1 788 600<br>1 246 200 <sup>81</sup> |

<sup>81</sup> Wartość realizowanych zadań przez ICHB PAN.

|     |   |   |                         |           |
|-----|---|---|-------------------------|-----------|
|     | 1. Walidacja przewidzianych numerycznie stabilności dwutetradowych struktur typu G4 przy pomocy szeregu technik doświadczalnych;<br>2. Walidacja wartości predykcyjnej modelu poprzez zaprojektowanie trójtetradowych G-kwadrupeksów o wymaganych właściwościach strukturalnych.<br>– projekt realizowany w konsorcjum (lider – Politechnika Gdańska) | dr hab. inż. J. Czub<br>(kierownik projektu,<br>Politechnika Gdańska) |                         |           |
| 22. | 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                                       | 2019–2023 <sup>82</sup> | 1 896 000 |
| 23. | 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 |
| 24. | Wykorzystanie związków małowcząsteczkowych w epigenetycznej terapii złośliwych glejaków mózgu; 2020/37/B/NZ5/03249  | prof. dr hab. M. Naskręt-Barciszewska                                 | 2021–2024               | 973 200   |
| 25. | Oligonukleotydy tworzące trypleksy jako nowe narzędzia do rozplatania struktury G-kwadrupeksu oraz selektywnej inhibicji transkrypcji onkogenu c-Myc; 2020/37/B/NZ7/02008   | dr hab. A. Pasternak  | 2021–2025               | 1 843 200 |
| 26. | 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. Jaskólski  | 2021–2025               | 2 347 200 |
| 27. | 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 |
| 28. | 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 |
| 29. | 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 |
| 30. | Udział struktury RNA wirusa grypy typu A w regulację jego replikacji. Wysokoprzepustowa analiza ligandów niskocząsteczkowych nakierowana na inhibicję replikacji wirusa grypy; 2020/39/B/NZ1/03054  | prof. dr hab. E. Kierzek  | 2021–2025               | 2 452 810 |

<sup>82</sup> Realizacja w ICHB PAN od 1.10.2020 r.



|     |   |   |           |                                    |
|-----|---|---|-----------|------------------------------------|
| 31. | 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.<br>K. Pachulska-<br>Wieczorek   | 2021–2025 | 1 945 290                          |
| 32. | Identyfikacja mutacji aktywujących raka w niekodujących częściach genów kodujących białka i w genach długich niekodujących RNA; 2020/39/B/NZ5/01970   | prof. dr hab.<br>P. Kozłowski   | 2021–2025 | 2 755 600                          |
| 33. | Wysokoprzepustowe testy przesiewowe w celu wyselekcjonowania niskocząsteczkowych związków chemicznych osłabiających patogenezę dystrofii miotonicznej typu drugiego (DM2); 2020/39/B/NZ3/01811  | dr hab.<br>M. Wojciechowska   | 2021–2025 | 1 905 400                          |
| 34. | Enzymy szlaku biosyntezy L-metioniny jako nowe cele molekularne dla chemoterapii przeciwgrzybowej; 2020/39/B/NZ7/01519<br>Zadania ICHB PAN:<br>1. Analiza strukturalna oczyszczonych białek;<br>2. Modelowanie molekularne i badania strukturalne oddziaływań białek z ligandami. <sup>83</sup><br>– projekt realizowany w konsorcjum (lider – Politechnika Gdańska)  | prof. dr hab.<br>W. Rypniewski<br>(kierownik zadań<br>z ramienia ICHB<br>PAN)<br>dr hab. I. Gabriel<br>(kierownik<br>projektu<br>– Politechnika<br>Gdańska) | 2021–2025 | 1 677 700<br>133 200 <sup>84</sup> |
| 35. | 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<br>Zadania ICHB PAN:<br>1. Analiza transkryptomu komórek BY2;<br>2. Otrzymanie i analiza widm masowych MS/MS;<br>3. Analizy statystyczne i bioinformatyczne, integracja danych. <sup>85</sup><br>– projekt realizowany w konsorcjum (lider – Instytut Dendrologii PAN w Kórniku) | dr Ł. Marczak<br>(kierownik zadań<br>z ramienia ICHB<br>PAN)<br>dr A. Szuba<br>(kierownik<br>projektu<br>– ID PAN)  | 2021–2025 | 2 620 051<br>345 797 <sup>86</sup> |

<sup>83</sup> Zadanie 1 i 2 realizowane wspólnie z Politechniką Gdańską.

<sup>84</sup> Wartość realizowanych zadań przez ICHB PAN.

<sup>85</sup> Zadanie 1 i 3 realizowane wspólnie z Instytutem Dendrologii PAN w Kórniku.

<sup>86</sup> Wartość realizowanych zadań przez ICHB PAN.

|     |   |                                |           |                                      |
|-----|---|--------------------------------|-----------|--------------------------------------|
| 36. | <p>Mikrobiom powietrza – charakterystyka mikroorganizmów bytujących w pyłe zawieszonym w powietrzu obszaru miejskiego i ich wpływ na zdrowie człowieka; 2021/41/B/NZ9/03765</p> <p>Zadania ICHB PAN:</p> <ol style="list-style-type: none"> <li>1. Izolacja DNA z filtrów powietrza, przygotowanie bibliotek i sekwencjonowanie WGS;</li> <li>2. Analiza składu populacji bakteryjnej w metagenomie PM1 i PM2.5 (dane z sekwencjonowania WGS, analiza metagenomiczna);</li> <li>3. Identyfikacja i analiza bakterii patogennych, czynników wirulencji i czynników związanych z antybiotykoopornością bakterii;</li> <li>4. Analiza korelacji składu mikrobiomu powietrza z parametrami fizyko-chemicznymi PM1 i PM2.5;</li> <li>5. Podsumowanie i interpretacja wyników badań.<sup>87</sup></li> </ol> <p>– projekt realizowany w konsorcjum (lider – ICHB PAN)</p> | dr hab. A. Philips             | 2021–2025 | 3 048 170<br>1 873 310 <sup>88</sup> |
| 37. | <p>Antywirusowe strategie nakierowane na RNA: Peptydowe kwasy nukleinowe (PNA) tworzące trypleksy oraz ich koniugaty z niskocząsteczkowymi ligandami specyficzne do konserwatywnych motywów strukturalnych RNA wirusa grypy typu A oraz SARS-CoV-2; 2021/41/B/NZ1/038919</p>  | prof. dr hab. E. Kierzek       | 2022–2026 | 2 331 650                            |
| 38. | <p>Aptamer wiążący trombinę o zwiększonej różnorodności chemicznej jako potencjalny lek przeciwzakrzepowy i chemioterapeutyk; 2021/41/B/NZ7/03910</p>   | dr W. Kotkowiak                | 2022–2025 | 1 397 500                            |
| 39. | <p>Badanie nowej strategii terapeutycznej zmierzającej do obniżenia zmutowanego białka w SCA3/MJD; 2021/41/N/NZ2/03881</p>  | dr hab. M. Figiel              | 2022–2026 | 2 424 140                            |
| 40. | <p>Bliskie spotkania trzeciego stopnia: co dzieje się kiedy rybonukleaza Dicer napotyka w komórce RNA i DNA przyjmujące struktury G-kwadrupeksów; 2021/41/B/NZ2/03781</p>   | dr hab. A. Kurzyńska-Kokorniak | 2022–2026 | 2 158 840                            |
| 41. | <p>Egzosomy jako potencjalny biomarker dla monitorowania i prognozowania odrzucania nerki przeszczepionej; 2021/43/B/NZ7/02221</p>  | dr hab. inż. A. Wojakowska     | 2022–2026 | 3 826 344<br>760 940 <sup>90</sup>   |

<sup>87</sup> Zadanie 4 i 5 realizowane wspólnie z Instytutem Podstaw Inżynierii Środowiska PAN.

<sup>88</sup> Wartość realizowanych zadań przez ICHB PAN.

<sup>90</sup> Wartość realizowanych zadań przez ICHB PAN.

|     |  |  |           |                                      |
|-----|--|--|-----------|--------------------------------------|
|     | <p>Zadania ICHB PAN:</p> <p>1. Profilowanie proteomu biopsji nerki pacjentów z histopatologicznymi objawami odrzucenia oraz pacjentów bez cech odrzucenia (efekt długoterminowy) – retrospektywna analiza techniką LC-MS w celu identyfikacji białek tkankowych związanych z ostrym odrzuceniem (AR);</p> <p>2. Profilowanie proteomu i celowana analiza białek immunologicznych RExo+ i DExo+ od pacjentów KTx z różnym statusem klinicznym – prospektywna analiza LC/MS, mająca na celu identyfikację białek różnicujących pęcherzyki biorcy i dawcy oraz związanych z ostrym odrzuceniem (AR);</p> <p>3. Ilościowa ocena receptorów HLA i innych białek immunomodulujących w egzosomach pacjentów KTx o różnym statusie klinicznym – walidacja kandydatów na biomarkery;</p> <p>4. Integracyjna analiza systemowa danych molekularnych (proteomika), immunologicznych i klinicznych w celu identyfikacji mechanizmów immunologicznych pośredniczonych przez egzosomy zaangażowane w ostre odrzucenie (AR)<sup>89</sup></p> <p>– projekt realizowany w konsorcjum (lider – Gdański Uniwersytet Medyczny)</p> | (kierownik zadań z ramienia ICHB PAN)<br>dr hab.<br>J.Gołębiewska<br>(kierownik projektu – Gdański Uniwersytet Medyczny) |           |                                      |
| 42. | Funkcja i dysfunkcja ciągów powtórzeń w transkryptach niekodujących i kodujących białka; 2021/41/B/NZ3/03803   | dr hab. A. Fiszer  | 2022–2026 | 2 103 000                            |
| 43. | Kompleksowa analiza fosfoproteomiczna komórek NKT w kontekście roli mechanizmów fosforylacji w progresji miażdżycy w przewlekłej chorobie nerek; 2021/43/B/NZ2/02796   | dr hab. M. Łuczak  | 2022–2026 | 2 046 488                            |
| 44. | Nowe mechanizmy działania białka MFT, warunkujące wrażliwość nasion Medicago truncatula na kwas abscysynowy podczas kiełkowania; 2021/43/B/NZ3/00672   | dr J. Banasiak   | 2022–2025 | 1 390 600                            |
| 45. | Poszukiwanie inhibitorów ludzkiej reduktazy $\delta$ 1-pyrrolino-5-karboksylationu (PYCR1) jako cząsteczek wiodących w rozwoju nowych leków antynowotworowych; 2021/43/B/NZ7/01611   | dr hab.<br>M. Ruszkowski   | 2022–2026 | 2 340 692<br>2 052 772 <sup>91</sup> |
|     | Zadania ICHB PAN:<br>1. Wysokoprzepustowy skrining enzymatyczny;   |  |           |                                      |

<sup>89</sup> Zadanie 3 i 4 realizowane wspólnie z Gdańskim Uniwersytetem Medycznym oraz Narodowym Instytutem Onkologii im. Marii Skłodowskiej-Curie.

<sup>91</sup> Wartość realizowanych zadań przez ICHB PAN.

|                        |  |  |           |                                    |
|------------------------|--|--|-----------|------------------------------------|
|                        | 2. Skrining wirtualny;<br>3. Krystalograficzny skrining fragmentów;<br>4. Potwierdzenie hitów, wyznaczenie IC50;<br>5. Analiza strukturalna kompleksów PYCR1 z hitami;<br>6. Projektowanie nowych związków;<br>7. Badania inhibicji <i>in vitro</i> ;<br>8. Eksperymenty <i>in cellulo</i><br>– projekt realizowany w konsorcjum (lider – ICHB PAN)  |  |           |                                    |
| 46.                    | Poszukiwanie nowych celów terapeutycznych w chorobach poliglutaminowych;<br>2021/43/B/NZ2/01615  | dr hab.<br>M. Olejniczak   | 2022–2026 | 2 375 000                          |
| 47.                    | Synteza i badania strukturalne/biofizyczne modelowych oligomerów mRNA/mt-tRNA w celu określenia roli modyfikowanych nukleozydów (m5C, hm5C, f5C, ca5C, m1G) w translacji i chorobach człowieka; 2021/43/B/ST4/01570<br>Zadania realizowane przez ICHB PAN:<br>1. Analiza NMR wyselekcjonowanych dupleksów RNA;<br>2. Pomiar i analiza widm RNA dla pętli antykodonowych hmt-tRNAMet zawierających f5C34 i G37/m1G37;<br>3. Wyznaczenie i udokładnienie struktury trójwymiarowej dla pętli antykodonowych hmt-tRNAMet zawierających f5C34 i G37/m1G37<br>– projekt realizowany w konsorcjum (lider – Politechnika Łódźka) | dr W. Andrałojć<br>(kierownik zadań z ramienia ICHB PAN)<br>dr hab. inż.<br>G. Leszczyńska<br>(kierownik projektu – Politechnika Łódźka) | 2022–2026 | 1 783 934<br>520 400 <sup>92</sup> |
| <b>Projekty SONATA</b> |  |  |           |                                    |
| 48.                    | Translacja inicjowana na powtórzonych sekwencjach CAG w ataksji rdzeniowo-mózdkowej typu 3; 2015/19/D/NZ5/02183  | dr M. Jazurek-Ciesiołka  | 2016–2023 | 699 048                            |
| 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. Błaszczuk  | 2017–2023 | 533 380                            |
| 50.                    | Badanie urydlacji RNA jako mechanizmu regulacji ekspresji genów u człowieka; 2017/26/D/NZ1/00887   | dr hab. Z. Warkocki  | 2018–2023 | 1 150 000                          |

<sup>92</sup> Wartość realizowanych zadań przez ICHB PAN.

|     |  |                               |           |                                    |
|-----|--|-------------------------------|-----------|------------------------------------|
| 51. | Maskowane substraty bioluminogenne do selektywnego obrazowania parametrów biochemicznych raka; 2017/26/D/NZ1/01234<br>Zadania ICHB PAN:<br>1. Zaprojektowanie i synteza zestawu sond bioluminescencyjnych;<br>2. Scharakteryzowanie działania sond <i>in vitro</i> ;<br>3. Walidacja sond w modelach komórkowych;<br>4. Profilowanie modelowych linii raka płuc pod względem ich parametrów biochemicznych.<br>– projekt realizowany w konsorcjum (lider – ICHB PAN) | dr J. Kolanowski              | 2018–2023 | 1 067 100<br>658 000 <sup>93</sup> |
| 52. | Identyfikacja biocząsteczek uwalnianych przez komórki raka jelita grubego i wykrywanych w surowicy krwi lub/i egzosomach; 2017/26/D/NZ2/00964  | dr hab. inż.<br>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. Andrałojć               | 2019–2023 | 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.<br>M. Ruszkowski      | 2019–2023 | 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                          |
| 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-<br>-Jóźwiak  | 2021–2024 | 1 535 980                          |

<sup>93</sup> Wartość realizowanych zadań przez ICHB PAN.

|                            |  |                                 |                         |           |
|----------------------------|--|---------------------------------|-------------------------|-----------|
| 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 |
| 61.                        | Bazujące na podstawie informacji strukturalnej opracowanie inhibitorów demetylaz histonów dla terapii przeciwnowotworowej; 2021/43/D/NZ7/02879   | dr P. Małecki                   | 2022–2025               | 1 641 876 |
| 62.                        | Zgłębienie procesów neurodegeneracyjnych z wykorzystaniem bezpośredniego profilowania selektywnie wrażliwych neuronów; 2021/43/D/NZ3/03006   | dr P. Świtoński                 | 2022–2025               | 1 470 600 |
| <b>Projekty SONATA BIS</b> |  |                                 |                         |           |
| 63.                        | Niepoznane obszary aktywności ludzkiej rybonukleazy Dicer; 2016/22/E/NZ1/00422   | dr hab. A. Kurzyńska-Kokorniak  | 2017–2023               | 1 959 600 |
| 64.                        | 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  | 2017–2022               | 1 152 060 |
| 65.                        | 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 |
| 66.                        | 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 |
| 67.                        | Implikacje funkcjonalne cyrkularnych (kolistych) RNA w neuronach i mózgu; 2018/30/E/NZ3/00624  | dr M. Piwecka                   | 2019–2023               | 3 257 380 |
| 68.                        | Hamowanie aktywności hydrolazy S-adenozyl-L-homocysteiny z Pseudomonas aeruginosa poprzez wpływ na dynamikę enzymu; 2018/30/E/NZ1/00729  | dr hab. K. Brzeziński           | 2019–2024 <sup>94</sup> | 3 181 200 |
| 69.                        | Funkcjonalne czy nefunkcjonalne? Analiza pozycyjnie zachowanych ortologów długich niekodujących RNA w genomach kręgowców w rozdzielczości subkomórkowej; 2021/42/E/NZ2/00434   | dr hab. B. Uszczyńska-Ratajczak | 2022–2027               | 3 999 750 |

<sup>94</sup> Realizacja w ICHB PAN od 1.10.2020 r.

| Projekty SONATINA       |   |                           |           |                                  |
|-------------------------|---|---------------------------|-----------|----------------------------------|
| 70.                     | Pionierskie badania struktury i funkcji G-kwadrupeksów miRNA;<br>2018/28/C/NZ1/00497  | dr A. Belter              | 2018–2023 | 937 273                          |
| 71.                     | Geny oporności na antybiotyki i integrony jako wskaźniki zanieczyszczenia biotycznego i obciążenia opornością ekosystemów Arktyki;<br>2020/36/C/NZ9/00221   | dr N. Makowska-Zawierucha | 2020–2023 | 737 707                          |
| 72.                     | Psychodeliki jako potencjalne terapeutyki w chorobach neurodegeneracyjnych – badanie w modelu mysim ataksji mózdkowo-rdzeniowej typu 3;<br>2021/40/C/NZ4/00326<br>Zadania ICHB PAN:<br>1. Różnicowanie <i>in vitro</i> mysich płodowych nerwowych komórek progenitorowych z LSD, DMT i psylocyną – charakterystyka fenotypowa;<br>2. Charakterystyka fenotypowa <i>in vitro</i> mikrogleju po stymulacji z LSD, DMT i psylocyną;<br>3. Badanie <i>in vitro</i> fagocytozy mikrogleju po stymulacji z LSD, DMT i psylocyną;<br>4. Badanie <i>in vivo</i> nad terapeutycznymi właściwościami psylocybiny w mysim modelu Ki150 – MRI i testy behawioralne; <sup>95</sup><br>5. Badanie <i>in vivo</i> nad terapeutycznymi właściwościami psylocybiny w mysim modelu Ki150 – badanie tkanek post mortem.<br>– projekt realizowany w konsorcjum (lider – ICHB PAN) | dr U. Kozłowska           | 2021–2024 | 967 586<br>845 586 <sup>96</sup> |
| 73.                     | 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                        |
| 74.                     | Zagadkowa struktura ludzkich czynników transkrypcyjnych GRHL regulujących procesy nowotworzenia; 2022/44/C/NZ1/00085  | dr M. Rutkiewicz          | 2022–2025 | 988 878                          |
| Projekty BEETHOVEN LIFE |   |                           |           |                                  |
| 75.                     | Molekularne podstawy aktywacji wirusów grypy przez transbłonowe proteazy serynowe typu II; 2018/31/F/NZ1/03891  | dr P. Zmora               | 2020–2024 | 1 506 900                        |

<sup>95</sup> Zadanie realizowane wspólnie z Uniwersytetem im. Adama Mickiewicza w Poznaniu.

<sup>96</sup> Wartość realizowanych zadań przez ICHB PAN.

| <b>Projekty PRELUDIUM</b>   |   |  |           |         |
|---|---|--|-----------|---------|
| 76.   | Nowe bispecyficzne koniugaty G-kwadrupleksów jako potencjalne leki przeciwnowotworowe; 2019/35/N/NZ7/02777  | mgr C. Roxo                                | 2020-2024 | 210 000 |
| 77.   | Arc jako neuronalny Gag. Badanie wirusowych właściwości i funkcji głównego regulatora plastyczności synaptycznej; 2019/35/N/NZ1/01954                           | dr J. Gumna                                | 2020-2023 | 139 920 |
| 78.   | Badanie mechanizmów naprawy DNA w modelu DRPLA z wykorzystaniem systemu CRISPR-Cas; 2021/41/N/NZ2/03047   | dr M. Dąbrowska                            | 2022-2024 | 69 928  |
| 79.   | Badanie struktury genomowego RNA Ty3 podczas retrotranspozycji w drożdżach; 2021/41/N/NZ3/04060   | mgr inż.<br>A. Andrzejewska-<br>Romanowska | 2022-2025 | 209 657 |
| 80.   | Komórkowa sieć oddziaływań pomiędzy RNA i domeną helikazową rybonukleazy Dicer człowieka; 2021/41/N/NZ2/03849   | mgr<br>K. Ciechanowska                     | 2022-2024 | 139 690 |
| 81.   | Wykorzystanie sztucznych miRNA w terapii choroby Huntingtona; 2021/41/N/NZ1/03860   | mgr inż.<br>A. Kotowska-<br>-Zimmer        | 2022-2024 | 69 964  |
| 82.   | Związek pomiędzy stymulacją aktywności ATPazowej a transportem na przykładzie selektywnego transportera ABCG z <i>Medicago truncatula</i> ; 2021/41/N/NZ1/04030 | mgr K. Pakuła                              | 2022-2023 | 67 830  |
| <b>PRELUDIUM BIS</b>  |   |  |           |         |
| 83.   | Allelo-selektywna terapia dla chorób poliglutaminowych z wykorzystaniem technologii interferencji RNA; 2019/35/O/NZ1/03535                                      | dr hab.<br>M. Olejniczak                   | 2020-2024 | 532 800 |
| 84.   | Niekanoniczny splicing pre-mRNA jest zaangażowany w edytowanie zmutowanego allelu CNBP w dystrofii mięśniowej typu drugiego (DM2); 2021/43/O/NZ1/01590          | dr hab.<br>M. Wojciechowska                | 2022-2026 | 687 900 |
| 85.   | Rola transpozonów i epigenetycznej regulacji ekspresji genów w procesie wykształcania brodawek korzeniowych u <i>Medicago truncatula</i> ; 2021/43/O/NZ2/01626  | dr hab. A. Żmieńko                         | 2022-2026 | 678 880 |
| <b>SZYBKA ŚCIEŻKA DOSTĘPU DO FUNDUSZY NA BADANIA NAD COVID-19</b> |   |  |           |         |
| 86.   | Inhibicja replikacji SARS-CoV-2 nacelowana na wirusowe RNA; 2020/01/0/NZ16/00137  | prof. dr hab.<br>E. Kierzek                | 2020-2022 | 990 000 |



|                           |   |                                |           |         |
|---------------------------|---|--------------------------------|-----------|---------|
| 87.                       | Walidacja modeli PDB potencjalnych celów terapeutycznych dla SARS-CoV-2;<br>2020/01/0/NZ1/00134   | prof. dr hab.<br>M. Jaskólski  | 2020-2022 | 384 000 |
| <b>Projekty MINIATURA</b> |   |                                |           |         |
| 88.                       | Analiza właściwości pro-regeneracyjnych i przeciwutleniających 4-N-furfurylo-<br>cytozyny w modelu zwierzęcym <i>Schmidtea mediterranea</i> (Planaria);<br>2020/04/X/NZ7/01461  | dr A. Fedoruk-<br>-Wyszomirska | 2020-2022 | 49 995  |
| 89.                       | Produkcja białka MtABCG46 w systemie heterologicznym – przygotowanie do analizy<br>strukturalnej; 2021/05/X/NZ1/00255   | dr inż. W. Biała-<br>-Leonhard | 2021-2023 | 44 330  |
| 90.                       | Optymalizacja warunków biodruku w celu stworzenia komórkowego modelu 3D raka<br>wątroby, jako platformy skringowej do selekcji związków o potencjale<br>terapeutycznym; 2021/05/X/NZ7/00450   | dr inż. D. Gurda-<br>-Woźna    | 2021-2022 | 49 995  |
| 91.                       | Identyfikacja białek znoszących oddziaływanie białka PABPC1 z ogonem poli(A)<br>mRNA we wczesnej apoptozie; 2021/05/X/NZ3/00684   | dr D. Janecki                  | 2021-2023 | 49 999  |
| 92.                       | Opracowanie nowej metody sekwencjonowania końców 3' RNA z zastosowaniem<br>technologii Nanopore; 2021/05/X/NZ2/00795  | dr inż. A. Kajdasz             | 2021-2022 | 49 999  |
| 93.                       | Wpływ niskocząsteczkowych ligandów, specyficznie oddziałujących z potrójną helisą<br>RNA MALAT1, na tworzenie kompleksu MALAT1/ METTL16; 2021/05/X/NZ1/00948  | dr A. Ruszkowska               | 2021-2023 | 49 940  |
| 94.                       | Uzyskanie nowego modelu komórkowego opartego na technologii CRISPR-Cas<br>(enChIP) w celu badania mechanizmów naprawy rejonów mikrosatelitarnych DNA;<br>2021/05/X/NZ2/00063  | dr P. Śledziński               | 2021-2022 | 49 965  |
| 95.                       | Poznanie strukturalnych uwarunkowań oddziaływań pomiędzy kasetą PPC ludzkiej<br>rybonukleazy Dicer a cząsteczkami RNA i DNA przyjmującymi struktury<br>G-kwadrupleksu; 2021/05/X/NZ1/01778  | dr K. Szpotkowski              | 2021-2022 | 49 995  |
| 96.                       | Badania wstępne do opracowania uniwersalnej strategii wydłużania czasu związania<br>i zwiększania selektywności znanych inhibitorów o szerokim spektrum działania na<br>przykładzie inhibitorów cyklinozależnych kinaz (CDK); 2021/05/X/NZ7/01440 | dr inż. M. Jakubczyk           | 2021-2022 | 49 731  |
| 97.                       | Biodrukowane organoidy nowotworowe utworzone z komórek pacjenta do<br>predykcyjnych badań toksykologicznych i opracowywania nowych leków;<br>2022/06/X/NZ7/01747  | dr D. Wawrzyniak               | 2022-2023 | 47 149  |

|   |  |  |           |  |
|---|--|--|-----------|--|
| 98.   | Opracowanie wydajnej metody pozyskiwania czynników transkrypcyjnych WRKY należących do grupy IIa z <i>Arabidopsis thaliana</i> do dalszych badań strukturalnych; 2022/06/X/NZ1/00714   | dr M. Grzechowiak  | 2022–2023 | 49 885                                 |
| <b>NORWESKI MECHANIZM FINANSOWY NA LATA 2014–2021</b> |  |  |           |  |
| <b>Projekty GRIEG</b>                                 |  |  |           |  |
| 99.   | Granice życia: różnorodność, strategie adaptacyjne oraz potencjał biotechnologiczny drobnoustrojów żyjących w głębinach morskich Arktyki; 2019/32/H/NZ2/00584.<br>Zadania ICHB PAN <sup>97</sup> :<br>1. Klonowanie genów i nadprodukcja białek;<br>2. Charakterystyka enzymatyczna białek;<br>3. Analiza strukturalna białek;<br>– projekt realizowany w konsorcjum (lider – Uniwersytet Gdański)   | prof. dr hab. W. Rypniewski (kierownik zadań z ramienia ICHB PAN);<br>prof. dr hab. T. Kaczorowski (kierownik projektu, Uniwersytet Gdański) | 2021–2024 | 6 389 850<br>850 500 <sup>98</sup>     |
| <b>PROGRAMY MINISTRA NAUKI I SZKOLNICTWA WYŻSZEGO</b> |  |  |           |  |
| 100.  | 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)<br>Zadania ICHB PAN:<br>1. Zakup Czytnika Płytek, Systemu HCA, Systemu dozującego minimalne ilości płynów, elementów usprawniających automatyzację procesów, systemu usprawnienia hodowli komórkowej i akcesoriów wspomagających;<br>2. Zakup aparatury i zapewnienie sterylności systemu; | prof. dr hab. M. Figlerowicz (kierownik zadań z ramienia ICHB PAN);<br>prof. dr hab. Z. Leśnikowski (kierownik projektu, IBM PAN)            | 2018–2023 | 39 273 625<br>12 760 000 <sup>99</sup> |

<sup>97</sup> Zadania realizowane wspólnie z Uniwersytetem Gdańskim.

<sup>98</sup> Wartość zadań realizowanych przez ICHB PAN.

<sup>99</sup> Wartość zadań realizowanych przez ICHB PAN.

|  |   |  |           |                           |
|--|---|--|-----------|---------------------------|
|  | 3. Zakup aparatury i stworzenie systemu inteligentnego magazynowania i zarządzania próbkami;<br>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.<br>– projekt realizowany w konsorcjum POL-OPENSREEN (lider – Instytut Biologii Medycznej PAN) |  |           |                           |
| <b>Program Diamentowy Grant</b>                        |   |  |           |                           |
| 101.   | Badanie początkowych ścieżek patogenez DRPLA w modelu ludzkich prekursorów neuronalnych;<br>0043/DIA/2020/49  | inż. B. Nowak  | 2020–2023 | 166 100                   |
| <b>Program Doskonała Nauka</b>                         |   |  |           |                           |
| 102.   | Międzynarodowa konferencja “RNA regulation in brain function and disease”   | dr hab. A. Fiszer<br>dr hab.<br>M. Olejniczak<br>dr M. Piwecka<br>dr hab. K. Rolle | 2022–2023 | 169 600                   |
| <b>PROGRAMY NARODOWEJ AGENCJI WYMIANY AKADEMICKIEJ</b> |   |  |           |                           |
| <b>Program POLSKIE POWROTY</b>                         |   |  |           |                           |
| 103.   | Deciphering networks of regulatory RNAs in the central nervous system;<br>PPN/PPO/2019/1/00035/U/1  | dr M. Piwecka  | 2019–2023 | 1 583 750                 |
| <b>PROJEKTY NARODOWEGO CENTRUM BADAŃ I ROZWOJU</b>     |   |  |           |                           |
| <b>Program E-Rare</b>                                  |   |  |           |                           |
| 104.   | Terapia genowa ataksji rdzeniowo-mózdkowych: przywracanie prawidłowego metabolizmu cholesterolu poprzez mózgową nadekspresję 24-hydroksylazy  | dr hab. M. Figiel<br>(kierownik zadań)   | 2018–2022 | 858 470,38 <sup>100</sup> |

<sup>100</sup> Wartość realizowanych zadań przez ICHB PAN.

|                                  |   |  |           |  |
|----------------------------------|---|--|-----------|--|
|                                  | cholesterolowej (CYP46A1); ERA-NET-E-RARE-3/III/SCA-CYP/09/2018<br>Zadania ICHB PAN:<br>1. Lipidomiczna charakterystyka mózgu modelu SCA3/MJD Ki91;<br>2. Indukcja fenotypu przypominającego SCA3 i pogorszenie łagodnego fenotypu SCA3 poprzez wyciszenie ekspresji CYP46A1 w mózgu na drodze wstrzyknięcia AAVCYP46A1.<br>– projekt realizowany w konsorcjum międzynarodowym (lider – Institut National de la Sante et de la Recherche Medicale, Francja)   | z ramienia ICHB PAN);<br>dr. N. Cartier (kierownik projektu, INSERM)   |           |  |
| 105.                             | 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.<br>Zadania ICHB PAN:<br>1. Testowanie wyciszających reagentów RNA w aspekcie ich toksyczności, dystrybucji w centralnym układzie nerwowym oraz ich efektywności w obniżaniu ekspresji zmutowanego genu;<br>2. Redukcja fenotypu patologicznego za pomocą RNAi w wybranych mysich modelach chorobowych oraz analiza długoterminowych efektów ubocznych.<br>– projekt realizowany w konsorcjum międzynarodowym (lider – Eberhard Karls Universität Tübingen, Niemcy) | dr hab. M. Figiel<br>prof. dr hab. W.J. Krzyżosiak<br>(kierownik zadań z ramienia ICHB PAN);<br>Dr. H.H.P. Nguyen (kierownik projektu, EKUT) | 2018–2022 | 900 100 <sup>101</sup>                         |
| <b>Program LIDER</b>             |   |  |           |  |
| 106.                             | 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                                      |
| <b>TANGO</b>                     |   |  |           |  |
| 107.                             | Wdrożenie metody wytworzenia 5'trifosforylowanych kwasów nukleinowych; TANGO-IV-A/0045/2019-00  | dr hab. M. Chmielewski   | 2021–2022 | 224 323,75                                     |
| <b>EuroHPC Joint Undertaking</b> |   |  |           |  |
| 108.                             | Adaptacyjne wielopoziomowe inteligentne zarządzanie danymi dla systemów eksaskalowych – ADMIRE; EuroHPCU/ADMIRE/03/2021   | dr hab. M. Figiel (kierownika zadań  | 2021–2024 | 7 968 786,25 EUR<br>275 250 EUR <sup>102</sup> |

<sup>101</sup> Wartość zadań realizowanych przez ICHB PAN.

<sup>102</sup> Wartość zadań realizowanych przez Instytut i PCSS dofinansowanych z Komisji Europejskiej.

|                             |  |   |           |  |
|-----------------------------|--|---|-----------|--|
|                             | Zadania ICHB PAN: WP 6 – Intelligent controller; WP 7 – Application co-design – projekt realizowany w konsorcjum międzynarodowym (lider – Universidad Carlos III De Madrid, Hiszpania)   | z ramienia ICHB PAN);<br>dr hab. inż.<br>A. Oleksiak<br>(kierownik zadań z ramienia PCSS);<br>prof. Jesus Carretero<br>(kierownik projektu, UC3M) |           | 1 169 041,80 <sup>103</sup>                      |
| <b>PROJEKTY ZAGRANICZNE</b> |  |   |           |  |
| 109.                        | Cell fate plasticity in animal development and tissue homeostasis;<br>EMBO IG 3615/EMBO SG   | dr hab. R. Ciosk  | 2017–2022 | 622 515<br>37 532,70 <sup>104</sup>              |
| 110.                        | Ensuring long-term sustainability of excellence in chemical biology within Europe and beyond – EU-OPENSUREEN-DRIVE; GA No 823893<br>– projekt realizowany w konsorcjum międzynarodowym: lider – European Infrastructure of Open Screening Platforms for Chemical Biology European Research Infrastructure Consortium (EU-OPENSUREEN ERIC, EU-OS), Niemcy | dr J. Kolanowski<br>(kierownika zadań z ramienia ICHB PAN);<br>dr. Philip Gribbon<br>(kierownik projektu, ERIC)                                   | 2019–2023 | 4 999 563,50 EUR<br>141 862,50 EUR <sup>98</sup> |
| 111.                        | 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                                       |
| 112.                        | Connect and align ELIXIR Nodes to deliver sustainable FAIR life-science data management services – ELIXIR – CONVERGE; 871075<br>Zadania ICHB PAN:<br>Zadanie 9. Coordinate nascent and established national data hubs focusing on brokering services to mobilise data and define and foster common best practices  | dr P. Zmora<br>(kierownika zadań z ramienia ICHB PAN); dr. Niklas Bloomberg   | 2021–2023 | 45 164 111,74<br>135 751,01 <sup>106</sup>       |

<sup>103</sup> Wartość zadań realizowanych przez Instytut i PCSS dofinansowanych z NCBR.

<sup>104</sup> EMBO Small Grant – wsparcie realizacji EMBO Instalation Grant.

<sup>106</sup> Wartość zadań realizowanych przez Instytut i PCSS.

|      |  |  |           |  |
|------|--|--|-----------|--|
|      | w ramach pakietu W9 Mobilisation of SARS-CoV-2 variant surveillance data tracking services and tools <sup>105</sup><br>– projekt realizowany w konsorcjum (lider – European Molecular Biology Laboratory)  | (kierownik projektu, EMBL)   |           |  |
| 113. | Yeast cell factory for mRNA bioproduction – YSCRIPT; 101042642<br>Zadania ICHB PAN: W1 – Generation of yeast cell factories for efficient mRNA bioproduction<br>W 4– Quality control and biological validation of bio-produced mRNA;<br>W 6 – Communication, Dissemination and Exploitation<br>– projekt realizowany w konsorcjum (lider – Centre National de la Recherche Scientifique) | dr hab. K. Pachulska-Wieczorek (kierownik zadań ramienia ICHB PAN);<br>prof. Chantel Pichon (kierownik projektu, CNRS) | 2022–2025 | 3 073 138,75 EUR<br>273 310 EUR <sup>107</sup> |
| 114. | Integrated Services for Infectious Disease Outbreak Research – ISIDORE; 101046133<br>Zadania ICHB PAN: WP 10 – Provision of services for diagnostic & therapeutic development<br>– projekt realizowany w konsorcjum (lider – European Research Infrastructure on Highly Pathogenic Agents)   | dr J. Kolanowski   | 2022–2025 | 20 998 624 EUR<br>8 740 EUR <sup>108</sup>     |
| 115. | Integrated SERVICES supporting a sustainable AGROecological transition – AgroServ; 101058020<br>Zadania ICHB PAN: WP 17-EU-OPENSREEN<br>– projekt realizowany w konsorcjum (lider – Centre National de la Recherche Scientifique CNRS)   | dr J. Kolanowski   | 2022–2027 | 14 252 873,35 EUR<br>72 626 EUR <sup>109</sup> |
| 116. | Alternative gene ends: the crosstalk of RNA cleavage and transcription termination – AlternativeEnds; 101042642<br>Zadania ICHB PAN: AIM 3 – Unbiased investigation of factors and pathways regulating alternative termination   | dr J. Kolanowski   | 2022–2027 | 1 493 850 EUR<br>49 250 EUR <sup>110</sup>     |

<sup>105</sup> Zadanie realizowane wspólnie przez Instytut i PCSS.

<sup>107</sup> Wartość zadań realizowanych przez ICHB PAN.

<sup>108</sup> Wartość zadań realizowanych przez ICHB PAN.

<sup>109</sup> Wartość zadań realizowanych przez ICHB PAN.

<sup>110</sup> Wartość zadań realizowanych przez ICHB PAN.

|   |  |   |           |   |
|---|--|---|-----------|---|
|   | - projekt realizowany w konsorcjum (lider – Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu)  |   |           |   |
| 117.  | Międzynarodowa konferencja „Non-coding RNA medicine”; EMBO Workshop  | dr hab. Barbara Uszczyńska-Ratajczak  | 2022–2023 | 102 860 EUR                                 |
| <b>PROGRAM OPERACYJNY INTELIGENTNY ROZWÓJ 2014–2020</b>                       |  |   |           |   |
| <b>Oś priorytetowa I Wsparcie prowadzenia prac B+R przez przedsiębiorstwa</b> |  |   |           |   |
| <b>Działanie 1.1. Projekty B+R przedsiębiorstw</b>                            |  |   |           |   |
| 118.  | Opracowanie wielkoskalowej syntezy kwasów nukleinowych z wykorzystaniem podłoży hybrydowych; POIR.01.01.01-00-1877/20<br>Zadania ICHB PAN:<br>Badania przemysłowe: etap 1; etap 3;<br>– projekt realizowany w konsorcjum (lider – FutureSynthesis Sp. z o. o.)   | dr hab. M. Chmielewski (kierownik zadań z ramienia ICHB PAN); mgr Joanna Chmielewska (zarządzanie projektem, FutureSynthesis) | 2021–2023 | 4 490 006,26<br>2 097 712,90 <sup>111</sup> |
| 119.  | 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<br>Zadania ICHB PAN:<br>1. Badania przemysłowe: etap 1, etap 2, etap 5;<br>2. Eksperymentalne prace rozwojowe: etap 6;<br>– projekt realizowany w konsorcjum (lider – ideas4biology Sp. z o. o.) | dr hab. A. Kurzyńska-Kokorniak (kierownik zadań z ramienia ICHB PAN);<br>dr Maciej Kokorniak (zarządzenie projektem, I4B)     | 2021–2023 | 3 817 093,75<br>1 783 906,25 <sup>112</sup> |

<sup>111</sup> Wartość zadań realizowanych przez ICHB PAN.

<sup>112</sup> Wartość zadań realizowanych przez ICHB PAN.

| <b>Oś priorytetowa IV Zwiększenie potencjału naukowo-badawczego</b>             |   |   |           |  |
|---|---|---|-----------|--|
| <b>Działanie 4.1. Badania naukowe i prace rozwojowe</b>                         |   |   |           |  |
| 120.  | Mapa Mikrobiomu Polski; POIR.04.01.02-00-0025/17-00<br>– projekt realizowany w konsorcjum (lider – ICHB PAN)  | dr hab. A. Philips  | 2018–2022 | 6 546 285,88<br>3 502 832,74 <sup>113</sup>    |
| <b>Działanie 4.2. Rozwój nowoczesnej infrastruktury badawczej sektora nauki</b> |   |   |           |  |
| 121.  | ECBiG – Europejskie Centrum Bioinformatyki i Genomiki; POIR.04.01.02-30-A004/16-00<br>Zadania ICHB PAN:<br>1. Stworzenie bazy danych genomicznych;<br>2. Narzędzia bioinformatyczne.<br>– projekt realizowany w konsorcjum (lider – ICHB PAN)   | prof. dr hab.<br>M. Figlerowicz   | 2016–2023 | 68 000 000<br>27 134 114 <sup>114</sup>        |
| 122.  | NEBI – Krajowy Ośrodek Badań Obrazowych w Naukach Biologicznych i Biomedycznych; POIR.04.02.00-00-C004/19-00<br>– projekt realizowany w konsorcjum (lider konsorcjum: Instytut Biologii Doświadczalnej im. M. Nenckiego PAN, Warszawa)  | prof. dr hab.<br>M. Figlerowicz<br>(kierownik z ramienia ICHB PAN);<br>prof. dr hab.<br>A. Dobrzyń<br>(kierownik projektu, IBD PAN) | 2019–2023 | 172 035 386,31<br>84 490 129,65 <sup>115</sup> |
| 123.  | ECBiG – Europejskie Centrum Bioinformatyki i Genomiki – MOSAIC; POIR.04.02.00-00-D017/20<br>Zadania ICHB PAN:<br>1. Wytworzenie infrastruktury do pozyskiwania biomedycznych danych uczących;<br>2. Wytworzenie infrastruktury do integracji i analizy danych z wykorzystaniem AI oraz do udostępniania zasobów i usług;<br>– projekt realizowany w konsorcjum (lider – ICHB PAN) | prof. dr hab.<br>M. Figlerowicz   | 2021–2023 | 186 830 423<br>129 167 853,77 <sup>116</sup>   |

<sup>113</sup> Wartość zadań realizowanych przez ICHB PAN.

<sup>114</sup> Wartość dofinansowania zadań realizowanych przez Instytut i PCSS.

<sup>115</sup> Wartość dofinansowania zadań realizowanych przez Instytut i PCSS.

<sup>116</sup> Wartość dofinansowania zadań realizowanych przez Instytut i PCSS.



| <b>Działanie 4.4. Zwiększanie potencjału kadrowego sektora B+R (Programy Fundacji na Rzecz Nauki Polskiej)</b> |  |                  |           |         |
|--|--|------------------|-----------|---------|
| 124.   | 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 | 2018–2022 | 799 933 |

**PROGRAM OPERACYJNY WIEDZA EDUKACJA ROZWÓJ 2014–2020**

| <b>Oś priorytetowa III Szkolnictwo wyższe dla gospodarki i rozwoju</b> |  |  |           |   |
|--|--|--|-----------|---|
| <b>Działanie 3.2. Studia doktoranckie</b>                              |  |  |           |   |
| 125.   | Środowiskowe interdyscyplinarne studia doktoranckie w zakresie nanotechnologii;<br>POWR.03.02.00-00-I032/16<br>Zadania ICHB PAN:<br>1. Przygotowanie, otwarcie i realizacja nowego programu studiów doktoranckich z nanotechnologii;<br>2. Organizacja staży i wyjazdów konferencyjnych.<br>– projekt realizowany w konsorcjum<br>(lider – Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu) | dr hab. M. Sobkowski<br>(kierownik zadań z ramienia ICHB PAN);<br>prof. dr hab. B. Mróz<br>(kierownik projektu – UAM)              | 2018–2023 | 2 475 777,50<br>469 556,50 <sup>117</sup> |
| 126.   | Interdyscyplinarne studia doktoranckie NanoBioTech;<br>POWR.03.02.00-00-I0011/16<br>– projekt realizowany w konsorcjum (lider – Politechnika Poznańska)  | dr hab. M. Sobkowski<br>(kierownik zadania z ramienia ICHB PAN);<br>prof. dr hab. inż. T. Jesionowski<br>(kierownik projektu – PP) | 2018–2023 | 2 549 895<br>752 272,50 <sup>106</sup>    |

<sup>117</sup> Wartość zadań realizowanych przez ICHB PAN.

| <b>Działanie 3.3. Umiejscowienie polskiego szkolnictwa wyższego</b> |  |                          |           |         |
|---|--|--------------------------|-----------|---------|
| <b>Projekt Welcome to Poland</b>                                    |  |                          |           |         |
| 127.  | Zwiększenie kompetencji i przygotowanie kompleksowej oferty obsługi i wsparcia studentów i kadry międzynarodowej w ICHB PAN;<br>PPI/WTP/2019/1/00055/U/00001 | dr hab.<br>M. Ruszkowski | 2019–2022 | 225 643 |

**WIELKOPOLSKI REGIONALNY PROGRAM OPERACYJNY NA LATA 2014–2020**

| <b>Oś priorytetowa II Społeczeństwo informacyjne</b>           |  |                                 |           |                             |
|--|--|---------------------------------|-----------|-----------------------------|
| <b>Działanie 2.1. Rozwój elektronicznych usług publicznych</b> |  |                                 |           |                             |
| 128.   | REGIONAL COVID-HUB; RPWP.02.01.01-30-0001/20 | prof. dr hab.<br>M. Figlerowicz | 2020–2022 | 2 387 587,10 <sup>118</sup> |

**AGENCJA BADAŃ MEDYCZNYCH**

| <b>Komercyjne badania kliniczne</b> |  |  |           |   |
|-------------------------------------|--|--|-----------|---|
| 129.                                | Opracowanie uniwersalnej platformy szybkiego reagowania, opartej na technologii RNA, zapewniającej krajowe bezpieczeństwo lekowe i epidemiologiczne;<br>2021/ABM/05/00004<br>Zadania ICHB PAN:<br>1. Design of therapeutic RNAs and creation of bioinformatic tools and databases;<br>2. Platform for chemical and biotechnological synthesis of short and long RNAs;<br>3. Design and testing of delivery strategies for short and long RNAs;<br>4. Assessment of therapeutic RNAs biological activity <i>in vitro</i> ;<br>5. Pre-clinical evaluation of the therapeutic RNA in animal models.<br>– projekt realizowany w ramach umowy konsorcjum (lider – Warszawskie Zakłady Farmaceutyczne POLFA S. A.) | prof. M. Figlerowicz<br>(kierownik B+R);<br>mgr Katarzyna Rusin(zarządzanie projektem, POLFA S.A.) | 2021–2027 | 93 852 588,56<br>35 207 716,16 <sup>119</sup> |

<sup>118</sup> Wartość realizowanych zadań przez Instytut i PCSS.

<sup>119</sup> Wartość dofinansowania zadań realizowanych przez Instytut i PCSS.

## Projekty realizowane w PCSS w 2022 roku

| Lp.  | Tytuł projektu, nr umowy   | Kierownik projektu   | Okres realizacji (rok) od-do | Przyznane środki            |
|--|--|--|------------------------------|-----------------------------|
| <b>PROJEKTY NARODOWEGO CENTRUM BADAŃ I ROZWOJU</b> |  |  |                              |                             |
| 1.   | Adaptacyjne wielopoziomowe inteligentne zarządzanie danymi dla systemów eksaskalowych – ADMIRE; EuroHPCU/ADMIRE/03/2021<br>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.<br>A. Oleksiak<br>(kierownik projektu z ramienia PCSS)<br>dr hab. M. Figiel<br>(kierownika zadań z ramienia ICHB PAN) | 2021–2024                    | 1 169 041,80 <sup>120</sup> |
| 2.   | PELOSHA – Personalizable services for supporting healthy ageing  | mgr inż.<br>M. Kosiedowski   | 2018–2022                    | 1 465 198,44                |
| 3.   | 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                |
| 4.   | 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                |
| 5.   | MALWINA – Opracowanie narzędzi pozwalających na analizę wyrafinowanych technicznie przestępstw popełnianych z użyciem szkodliwego oprogramowania   | mgr inż.<br>G. Frankowski  | 2019–2022                    | 3 628 270                   |
| 6.   | AssSyst – Budowa platformy do prowadzenia testów, eksperymentów procesowych oraz neutralizacji materiałów i urządzeń wybuchowych   | mgr inż. T. Piontek  | 2019–2022                    | 2 430 000                   |

<sup>120</sup> Wartość realizowanych zadań przez Instytut i PCSS dofinansowanych z NCBR.

|   |  |                             |           |              |
|---|--|-----------------------------|-----------|--------------|
| 7.  | SELF – Inteligentne koszulki zwiększające komfort życia  | mgr inż.<br>M. Kosiedowski  | 2020–2022 | 467 328      |
| 8.  | Safe-Home – Inteligentny monitoring bezpieczeństwa i stanu zdrowia osób starszych w środowisku domowym   | mgr inż.<br>M. Kosiedowski  | 2021–2024 | 498 286,77   |
| 9.  | QATM – Zastosowania technologii kwantowych w zarządzaniu ruchem lotniczym SZ RP  | dr hab. inż.<br>K. Kurowski | 2021–2024 | 4 078 750    |
| 10.                                       | MEDICS – System Zarządzania Informacją Medyczną oraz Wspomagania Procesu Ewakuacji Medycznej Na Polu Walki   | mgr inż.<br>G. Frankowski   | 2021–2024 | 4 898 875    |
| 11.                                       | SYGPAST – Skonstruowanie wielofunkcyjnej hybrydowej drukarki 3D z systemem kontroli jakości w czasie rzeczywistym  | mgr inż. M. Głowiak         | 2020–2023 | 2 781 562,50 |
| 12.                                       | eFlows4HPC – Rozwój inteligentnych scenariuszy aplikacyjnych w środowisku obliczeniowym EuroHPC  | dr inż. N. Meyer            | 2021–2023 | 235 719,60   |
| 13.                                       | PosEmo – PosEmo – Narzędzie do automatycznego określania zaangażowania i pobudzenia emocjonalnego osób w obrazie z kamery                                  | mgr inż. J. Pukacki         | 2022–2023 | 247 500      |
| 14.                                       | AI-NET-PROTECT – Providing Resilient & secure networks [Operating on Trusted Equipment] to CriTical infrastructures  | mgr inż. B. Belter          | 2022–2024 | 350 625      |
| 15.                                       | EMMA44 – Pozyskanie informacji z mediów elektronicznych z wykorzystaniem metod sztucznej inteligencji i uczenia maszynowego                                | dr inż. E. Kuśmerek         | 2022–2025 | 6 304 375    |
| <b>PROGRAMY MINISTRA EDUKACJI I NAUKI</b> |  |                             |           |              |
| 16.                                       | Inkubator Innowacyjności 4.0 - Inkubator Innowacyjności 4.0  | dr inż. C. Mazurek          | 2020–2022 | 699 300      |
| 17.                                       | Współfinansowanie krajowe projektu GEANT2020 (GN4-3) – Horizon 2020: H2020-SGA-INFRA-GEANT-2018 (Topic [a] Research and Education Networking)              | mgr inż. A.<br>Binczewski   | 2019–2022 | 448 412      |
| 18.                                       | Współfinansowanie krajowe projektu Open IACS – Open LOD platform based on HPC capabilities for Integrated Administration of Common Agriculture Policy      | dr R. Palma de Leon         | 2019–2023 | 605 493,41   |
| 19.                                       | Współfinansowanie krajowe projektu ENRICHEuropeana+ – Enriching Europeana through citizen science and artificial intelligence – Unlocking the 19th Century | mgr inż. T. Parkoła         | 2021–2022 | 195 798,05   |

|   |  |                             |           |  |
|---|--|-----------------------------|-----------|--|
| 20.                                     | Współfinansowanie krajowe projektu EUROfusion 2022 – Implementation of activities described in the Roadmap to Fusion during Horizon Europe through a joint programme of the members of the EUROfusion consortium   | dr inż. N. Meyer            | 2022      | 296 152,71                                 |
| <b>CENTRUM PROJEKTÓW POLSKA CYFROWA</b> |  |                             |           |  |
| 21.                                     | eDWIN  | dr inż. N. Meyer            | 2019–2022 | 4 159 652,17                               |
| 22.                                     | 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                               |
| <b>PROJEKTY ZAGRANICZNE</b>             |  |                             |           |  |
| 23.                                     | Connect and align ELIXIR Nodes to deliver sustainable FAIR life-science data management services – ELIXIR – CONVERGE; 871075<br>– projekt realizowany w konsorcjum (lider – European Molecular Biology Laboratory) | dr P. Zmora                 | 2021–2023 | 45 164 111,74<br>135 751,01 <sup>121</sup> |
| 24.                                     | Fed4Fireplus - Federation for FIRE Plus  | mgr inż. B. Belter          | 2017–2022 | 50 000 EUR                                 |
| 25.                                     | DEW-COOL-4-CDC – Low Energy Dew Point Cooling for Computing Data Centres   | dr hab. inż.<br>A. Oleksiak | 2017–2022 | 153 000 EUR                                |
| 26.                                     | 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 EUR                                |
| 27.                                     | PRACE-6IP – PRACE 6th Implementation Phase Project   | dr inż. N. Meyer            | 2019–2022 | 267 468 EUR                                |
| 28.                                     | HIDALGO – HPC and Big Data Technologies for Global Systems   | dr inż. N. Meyer            | 2018–2022 | 652 500 EUR                                |
| 29.                                     | EoCoE-II – Energy Oriented Center of Excellence: toward exascale for energy  | dr inż. N. Meyer            | 2019–2022 | 530 750 EUR                                |
| 30.                                     | 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 EUR                                |
| 31.                                     | SHOC – Social Sciences & Humanities Open Cloud   | mgr inż. T. Parkoła         | 2019–2022 | 411 250 EUR                                |

<sup>121</sup> Wartość realizowanych zadań przez ICHB PAN i PCSS.

|     |   |                             |           |                |
|-----|---|-----------------------------|-----------|----------------|
| 32. | SIEUSOIL – Sino-EU Soil observatory for intelligent Land Use Management   | dr R. Palma de Leon         | 2019–2022 | 208 875 EUR    |
| 33. | STARGATE – reSilienT fARminG by Adaptive microclimaTe managEmEnt  | dr R. Palma de Leon         | 2019–2023 | 180 500 EUR    |
| 34. | GEANT2020 (GN4-3) – H2020-SGA-INFRA-GEANT-2018 (Topic [a] Research and Education Networking                         | mgr inż.<br>A. Binczewski   | 2019–2022 | 5 870 886 EUR  |
| 35. | OPENQKD – Open European Quantum Key Distribution Testbed  | mgr inż.<br>P. Rydlichowski | 2019–2023 | 363 375 EUR    |
| 36. | Fair4Fusion – Fair for Fusion – open access for fusion data in Europe   | dr inż. N. Meyer            | 2019–2022 | 335 750 EUR    |
| 37. | EOSC-synergy – European Open Science Cloud – Expanding Capacities by building Capabilities                          | dr inż. N. Meyer            | 2019–2022 | 402 500 EUR    |
| 38. | DEMETER – Building an Interoperable, Data-Driven, Innovative and Sustainable European Agri-Food Sector              | dr R. Palma de Leon         | 2019–2023 | 333 500 EUR    |
| 39. | TIF00N – Advanced time/frequency comparison and dissemination through optical telecommunication networks            | mgr inż. K. Turza           | 2019–2022 | 57 000 EUR     |
| 40. | eLaryng – Europejski e-podręcznik chirurgii krtani – e-universytet medyczny oparty na transmisjach wideo z zabiegów | dr inż. C. Mazurek          | 2019–2022 | 104 650 EUR    |
| 41. | Open IACS – Open LOD platform based on HPC capabilities for Integrated Administration of Common Agriculture Policy  | dr R. Palma de Leon         | 2019–2023 | 405 263 EUR    |
| 42. | DIH4CPS – Fostering DIHs for Embedding Interoperability in Cyber-Physical Systems of European SMEs                  | dr inż. N. Meyer            | 2020–2022 | 171 625 EUR    |
| 43. | CS3MESH4EOSC – Interactive and agile/responsive sharing mesh of storage, data and applications for EOSC             | dr inż. N. Meyer            | 2020–2023 | 757 000 EUR    |
| 44. | SHOP4CF – Smart Human Oriented Platform for Connected Factories   | mgr A. Olszewski            | 2020–2023 | 529 500 EUR    |
| 45. | PJ13 – W2 ERICA – Enable RPAS Insertion in Controlled Airspace  | mgr inż. T. Piontek         | 2019–2023 | 126 237,04 EUR |
| 46. | EUHubs4Data – European Federation of Data Driven Innovation Hubs  | dr inż. N. Meyer            | 2020–2023 | 200 500 EUR    |
| 47. | SLICES-DS – Scientific Large-scale Infrastructure for Computing/Communication Experimental Studies – Design Study   | mgr inż. B. Belter          | 2020–2022 | 310 000 EUR    |

|     |   |                          |           |                |
|-----|---|--------------------------|-----------|----------------|
| 48. | CLONETS-DS – Clock Network Services – Design Study  | mgr inż. W. Bogacki      | 2020–2023 | 312 751,25 EUR |
| 49. | Change2Twin – Create and Harvest Offerings to support Manufacturing SMEs to become Digital Twin Champions                   | dr inż. C. Mazurek       | 2020–2024 | 388 100 EUR    |
| 50. | illuMINEation – illuMINEation – Bright concepts for a safe and sustainable digital mining future                            | dr inż. N. Meyer         | 2020–2023 | 321 500 EUR    |
| 51. | EuroCC – National Competence Centres in the framework of EuroHPC  | dr hab. inż. K. Kurowski | 2020–2022 | 377 850 EUR    |
| 52. | REnergetic – Community-empowered Sustainable Multi-Vector Energy Islands  | dr hab. inż. A. Oleksiak | 2020–2024 | 751 500 EUR    |
| 53. | MARVEL – Multimodal Extreme Scale Data Analytics for Smart Cities Environments  | dr inż. N. Meyer         | 2021–2023 | 224 000 EUR    |
| 54. | eFlows4Hpc – Enabling dynamic and Intelligent workflows in the future EuroHPCecosystem                                      | dr inż. N. Meyer         | 2021–2023 | 55 500 EUR     |
| 55. | EOSC FUTURE – EOSC FUTURE   | mgr inż. R. Tuminauskas  | 2021–2023 | 968 312 EUR    |
| 56. | RELIANCE – REsearch Lifecycle mAnagement for Earth Science Communities and CopErnicus users in EOSC                         | dr R. Palma de Leon      | 2020–2023 | 314 250 EUR    |
| 57. | GOF2.0 – GOF2.0 Integrated Urban Airspace VLD   | mgr inż. T. Piontek      | 2021–2022 | 296 500 EUR    |
| 58. | SLICES-SC – Scientific Large-scale Infrastructure for Computing/Communication Experimental Studies – Starting Community     | mgr inż. B. Belter       | 2021–2024 | 303 750 EUR    |
| 59. | ENRICHEuropeana+ – Enriching Europeana through citizen science and artificial intelligence – Unlocking the 19th Century     | mgr inż. T. Parkoła      | 2021–2022 | 142 524 EUR    |
| 60. | TEXTAROSSA – Towards EXtreme scale Technologies and Accelerators for euROhpc hw/Sw Supercomputing Applications for exascale | dr hab. inż. A. Oleksiak | 2021–2024 | 152 850 EUR    |
| 61. | 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  |
| 62. | SUCCESS – Supporting success for all – Universal Design Principles in Digital Learning for students with disabilities       | mgr inż. T. Piontek      | 2021–2023 | 61 995 EUR     |

|     |   |                             |           |  |
|-----|---|-----------------------------|-----------|--|
| 63. | ILIAD - INTEGRATED Digital Framework FOR Comprehensive MARITIME DATA AND INFORMATION SERVICES   | dr R. Palma de Leon         | 2022-2025 | 329 000 EUR                                    |
| 64. | GN4-3N – H2020-SGA-INFRAEANT-2018 Topic [b] Increase of Long-Term Backbone Capacity (GN4-3N)"   | mgr inż.<br>A. Binczewski   | 2019-2022 | 6 240 EUR                                      |
| 65. | Up2DigiSchool – Up2DigiSchool – A viable pedagogical approach for digital school education based on the experience of Up2U  | mgr inż. T. Piontek         | 2022-2025 | 71 050 EUR                                     |
| 66. | AI4EOSC – Artificial Intelligence for the European Open Science Cloud   | dr inż. N. Meyer            | 2022-2025 | 366 500 EUR                                    |
| 67. | Skills4EOSC – Skills for the European Open Science Commons: Creating a Training Ecosystem for Open and FAIR Science   | mgr inż.<br>R. Tuminauskas  | 2022-2025 | 206 000 EUR                                    |
| 68. | interTwin – An interdisciplinary Digital Twin Engine for science  | dr inż. N. Meyer            | 2022-2025 | 88 375 EUR                                     |
| 69. | AD4GD – All Data 4 Green Deal – An Integrated, FAIR Approach for the Common European Data Space   | dr R. Palma de Leon         | 2022-2025 | 438 500 EUR                                    |
| 70. | NIGHT4FUTURE - The Future of Earth is Possible Through Collaboration between Scientists from Different Fields   | mgr D. Niemir               | 2022-2024 | 29 500 EUR                                     |
| 71. | SLICES-PP – Scientific Large-scale Infrastructure for Computing/Communication Experimental Studies – Preparatory Phase  | mgr inż. B. Belter          | 2022-2025 | 295 000 EUR                                    |
| 72. | SoBigData RI PPP – SoBigData RI Preparatory Phase Project   | mgr inż. B. Belter          | 2022-2025 | 25 000 EUR                                     |
| 73. | ICOS – Towards a functional continuum operating system  | dr inż. N. Meyer            | 2022-2025 | 396 000 EUR                                    |
| 74. | AgriDataSpace – Building a European framework for the secure and trusted data space for agriculture   | dr R. Palma de Leon         | 2022-2024 | 90 684 EUR                                     |
| 75. | EUROfusion 2022 – Implementation of activities described in the Roadmap to Fusion during Horizon Europe through a joint programme of the members of the EUROfusion consortium | dr inż. N. Meyer            | 2022-2022 | 82 604 EUR                                     |
| 76. | Adaptacyjne wielopoziomowe inteligentne zarządzanie danymi dla systemów eksaskalowych – ADMIRE; EuroHPCU/ADMIRE/03/2021   | dr hab. inż.<br>A. Oleksiak | 2021-2024 | 7 968 786,25 EUR<br>275 250 EUR <sup>122</sup> |

<sup>122</sup> Wartość realizowanych zadań przez Instytut i PCSS dofinansowanych z Komisji Europejskiej.



|  |   |  |  |  |
|--|---|--|--|--|
|  | Zadania ICHB PAN: WP 6 – Intelligent controller<br>WP 7 – Application co-design<br>– projekt realizowany w konsorcjum międzynarodowym (lider – Universidad Carlos III De Madrid, Hiszpania) | (kierownik projektu z ramienia PCSS)<br>dr hab. M. Figiel<br>(kierownik zadań z ramienia ICHB) |  |  |
|--|---|--|--|--|

**PROGRAM OPERACYJNY INTELIGENTNY ROZWÓJ 2014–2020**

| <b>Oś priorytetowa IV Zwiększenie potencjału naukowo-badawczego</b>                  |   |                             |           |  |
|--|---|-----------------------------|-----------|--|
| <b>Działanie 4.2. Rozwój nowoczesnej infrastruktury badawczej sektora nauki POIR</b> |   |                             |           |  |
| 77.  | DARIAH-PL – Cyfrowa infrastruktura badawcza dla humanistyki i nauk o sztuce<br>DARIAH-PL  | mgr inż. T. Parkoła         | 2021–2023 | 99 800 000<br>54 420 635,68 <sup>123</sup>     |
| 78.  | 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<br>50 572 430,93 <sup>124</sup> |
| 79.  | PIONIER-LAB – Krajowa Platforma Integracji Infrastruktury Badawczej z Ekosystemami Innowacji  | mgr inż.<br>A. Binczewski   | 2018–2023 | 305 541 574<br>171 994 552,63 <sup>125</sup>   |
| 80.  | PRACE LAB – Współpraca w zakresie zaawansowanych obliczeń w Europie   | dr inż. N. Meyer            | 2019–2023 | 168 639 915,50<br>60 372 651,42 <sup>126</sup> |
| 81.  | PRACE-LAB2 – Współpraca w zakresie zaawansowanych obliczeń w Europie  | dr inż. N. Meyer            | 2020–2023 | 168 957 280<br>96 372 800,00 <sup>127</sup>    |
| 82.  | EuroHPC PL – Narodowa Infrastruktura Superkomputerowa dla EuroHPC – EuroHPC PL  | dr hab. inż.<br>K. Kurowski | 2021–2023 | 160 102 219,69<br>11 379 326,96 <sup>128</sup> |
| 83.  | 5G-PL – Krajowe laboratorium sieci i usług 5G wraz z otoczeniem   | mgr inż. B. Belter          | 2021–2023 | 166 599 999,79                                 |

<sup>123</sup> Wartość dofinansowania zadań realizowanych przez PCSS.

<sup>124</sup> Wartość dofinansowania zadań realizowanych przez PCSS.

<sup>125</sup> Wartość dofinansowania zadań realizowanych przez PCSS.

<sup>126</sup> Wartość dofinansowania zadań realizowanych przez PCSS.

<sup>127</sup> Wartość dofinansowania zadań realizowanych przez PCSS.

<sup>128</sup> Wartość dofinansowania zadań realizowanych przez PCSS.

|     |  |                           |           |   |
|-----|--|---------------------------|-----------|---|
|     |  |                           |           | 38 740 326,67 <sup>129</sup>                |
| 84. | NLPQT – Narodowe Laboratorium Fotoniki i Technologii Kwantowych                        | mgr inż.<br>A. Binczewski | 2018–2023 | 145 161 566,30<br>49 234 000 <sup>130</sup> |
| 85. | NEBI – NEBI – Krajowy Ośrodek Badań Obrazowych w Naukach Biologicznych i Biomedycznych | mgr inż. R. Pękal         | 2020–2023 | 60 351 69,69 <sup>131</sup>                 |
| 86. | ECBiG – Europejskie Centrum Bioinformatyki i Genomiki – MOSAIC                         | mgr inż. R. Pękal         | 2021–2023 | 49 156 605,04 <sup>131</sup>                |

**WIELKOPOLSKI REGIONALNY PROGRAM OPERACYJNY NA LATA 2014–2020**

|     |                    |  |           |                             |
|-----|--------------------|--|-----------|-----------------------------|
| 87. | AEROSFERA          | mgr inż. M. Czyrnek  | 2019–2022 | 4 831 440                   |
| 88. | REGIONAL COVID-HUB | prof. dr hab.<br>M. Figlerowicz<br>(kierownik<br>z ramienia ICHB);<br>mgr inż.<br>T. Piontek<br>(kierownik<br>z ramienia PCSS) | 2020–2022 | 2 387 587,10 <sup>131</sup> |

<sup>129</sup> Wartość dofinansowania zadań realizowanych przez PCSS.

<sup>130</sup> Wartość dofinansowania zadań realizowanych przez PCSS.

<sup>131</sup> Wartość dofinansowania zadań realizowanych przez Instytut i PCSS.

## Współpraca naukowa z partnerami krajowymi

---

- 1. Badania transkryptomyczne raka nerki w celu opracowania skutecznej terapii**  
Dr Arkadiusz Kajdasz; Zakład Metabolizmu RNA  
Prof. dr hab. Claudine Kieda; Wojskowy Instytut Medyczny, Warszawa
- 2. Badanie pochodnych 5-Dezaalloksazyny jako fotosensybilizatora tlenu singletowego i potencjalnej sondy fluorescencyjnej wrażliwej na reakcje redoks**  
Dr Dorota Kwiatek, dr Volodymyr Cherkas; Pracownia Testów i Obrazowania Molekularnego  
Dr Jacek Kolanowski; Zakład Sond Molekularnych i Proleków  
Prof. dr hab. Marek Sikorski, dr hab. Lucyna Mrówczyńska; Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu, Poznań
- 3. Opracowywanie algorytmów analizy danych wysokoprzepustowych**  
Dr Jacek Kolanowski; Zakład Sond Molekularnych i Proleków  
Dr hab. inż. Dariusz Brzeziński; Politechnika Poznańska, Poznań
- 4. Analizy behawioralne mysiego modelu choroby Huntingtona po zastosowaniu cząsteczki terapeutycznej amiRNA**  
Dr hab. Marta Olejniczak; Zakład Inżynierii Genomowej  
Dr inż. Joanna Suszyńska-Zajczyk; Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu, Poznań
- 5. Związki małowcząsteczkowe zawierające klastry boru**  
Mgr Katarzyna Biniek-Antosiak, prof. dr hab. Wojciech Rypniewski; Zakład Struktury i Funkcji Biomolekuł  
Dr hab. Agnieszka Olejniczak; Instytut Biologii Medycznej PAN, Łódź
- 6. Badania strukturalne peptydowych foldamerów**  
Dr Magdalena Bejger, prof. dr hab. Wojciech Rypniewski; Zakład Struktury i Funkcji Biomolekuł  
Dr hab. Łukasz Berlicki; Politechnika Wrocławska, Wrocław
- 7. Badania strukturalne białek hipertermofilnych**  
Dr Magdalena Bejger, mgr Katarzyna Biniek-Antosiak, prof. dr hab. Wojciech Rypniewski; Zakład Struktury i Funkcji Biomolekuł  
Prof. dr hab. Tadeusz Kaczorowski; Uniwersytet Gdański, Gdańsk  
Prof. dr hab. Łukasz Dziewit; Uniwersytet Warszawski, Warszawa
- 8. Wybór katalitycznych antysensownych oligonukleotydów ukierunkowanych na rodzinę białek BCL-2 do leczenia ostrej białaczki szpikowej**  
Dr Agnieszka Belter; Zakład Biologii Medycznej  
Dr Bartosz Grześkowiak; Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu, Poznań
- 9. Wpływ sorpcji kationów herbicydowych cieczy jonowych na mobilność 2,4-D w glebie rolniczej w połączeniu z bioróżnorodnością bakterii**  
Dr Daniel Baranowski; Zakład Biomolekularnego NMR  
Dr inż. Marta Woźniak-Karczewska, dr inż. Anna Parus, prof. dr hab. inż. Łukasz Chrzanowski; Politechnika Poznańska, Poznań
- 10. Wpływ długości pętli tymidynowych i ich położenia na stabilność i topologię dwupłaszczyznowych kwadrupleksów**  
Mgr Amadeusz Woś, dr Witold Andrałojć, dr Dorota Gudanis, prof. dr hab. Zofia Gdaniec  
Dr Karol Pasternak; Pracownia NMR  
Dr hab. inż. Jacek Czub; Politechnika Gdańska, Gdańsk
- 11. Badania strukturalne enzymów szlaku glikolitycznego**  
Prof. dr hab. Mariusz Jaskólski; Zakład Biologii Strukturalnej Eukariontów  
Prof. dr hab. Dariusz Rakus; Uniwersytet Wrocławski, Wrocław

12. **Badania strukturalne białek i peptydów amyloidogennych**  
Prof. dr hab. Mariusz Jaskólski; Zakład Biologii Strukturalnej Eukariontów  
Dr hab. inż. Aneta Szymańska; Uniwersytet Gdański, Gdańsk
13. **Aspekty topologiczne krystalografii**  
Prof. dr hab. Mariusz Jaskólski; Zakład Biologii Strukturalnej Eukariontów  
Dr Bartosz Naskręcki; Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu, Poznań
14. **Ewolucja i genetyka asparaginaz bakteryjnych**  
Prof. dr hab. Mariusz Jaskólski; Zakład Biologii Strukturalnej Eukariontów  
Prof. dr hab. Wojciech Karłowski; Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu, Poznań
15. **Asparaginazy klasy Ntn**  
Prof. dr hab. Mariusz Jaskólski; Zakład Biologii Strukturalnej Eukariontów  
Dr Joanna Loch; Uniwersytet Jagielloński, Kraków
16. **Analiza geometrii struktur HEPES i MES**  
Dr hab. inż. Dariusz Brzeziński; Zakład Biologii Strukturalnej Eukariontów  
Dr hab. Dominik Gront; Uniwersytet Warszawski, Warszawa
17. **Rola lakazy w patogenezie grzybów z rodzaju Leptosphaeria**  
Dr hab. Mirosław Gilski; Zakład Biologii Strukturalnej Eukariontów  
Prof. dr hab. Małgorzata Jędrzycka; Instytut Genetyki Roślin PAN, Poznań
18. **Badania nad oddziaływaniem proleków antywirusowych ze sztucznymi błonami komórkowymi- monowarstwa Langmuira**  
Prof. dr hab. Adam Kraszewski, prof. dr hab. Jacek Stawiński, dr hab. Michał Sobkowski, dr Joanna Romanowska  
Prof. dr hab. inż. Krystyna Prochaska, dr inż. Monika Rojewska; Politechnika Poznańska, Poznań
19. **Badanie aktywności rybonukleazy Dicer w kontekście infekcji herpeswirusowej**  
Dr hab. Anna Kurzyńska-Kokorniak; Zakład Biochemii Rybonukleoprotein  
Dr Natalia Koralewska, prof. dr hab. Marek Figlerowicz; Zakład Biologii Molekularnej i Systemowej  
Mgr Weronika Hoffmann, dr Andrea Lipińska, prof. dr hab. Krystyna Bieńkowska-Szewczyk; Międzyuczelniany Wydział Biotechnologii Uniwersytetu Gdańskiego i Gdańskiego Uniwersytetu Medycznego, Gdańsk
20. **Realizacja projektu: „Opracowanie uniwersalnej platformy szybkiego reagowania opartej na technologii RNA, zapewniającej lekowe i epidemiologiczne bezpieczeństwo kraju”**  
Prof. dr hab. Marek Figlerowicz; Zakład Biologii Molekularnej i Systemowej  
Dr hab. Marcin K. Chmielewski; Zakład Chemii Biopolimerów  
Dr hab. Maciej Figiel; Zakład Neurobiologii Molekularnej  
Dr hab. Agnieszka Fiszer; Zakład Biotechnologii Medycznej  
Dr hab. Luiza Handschuh; Pracownia Genomiki  
Dr hab. Marta Olejniczak; Zakład Inżynierii Genomowej  
Dr hab. Katarzyna Rolle; Zakład Neuroonkologii Molekularnej  
Prof. dr hab. Marta Szachniuk; Zakład Bioinformatyki Strukturalnej  
Dr hab. Anna Urbanowicz; Pracownia Inżynierii Białek  
Dr Paweł Zmora; Zakład Wirusologii Molekularnej  
Mgr Katarzyna Rusin; Warszawskie Zakłady Farmaceutyczne POLFA S. A., Warszawa
21. **Analiza seroprewalencji SARS-CoV-2 wśród pracowników medycznych w Polsce oraz identyfikacja czynników wpływających na poziom przeciwciał przeciwko SARS-CoV-2 w klasie IgG po zakażeniu koronawirusem i szczepieniu**  
Mgr Dagny Lorent, mgr inż. Rafał Nowak, dr Paweł Zmora; Zakład Wirusologii Molekularnej  
Lek. med. Dawid Luwański; Szpital Powiatowy we Wrześni, Września  
Prof. dr hab. n. med. Magdalena Pisarska-Krawczyk; Akademia Kaliska im. Prezydenta Stanisława Wojciechowskiego, Kalisz

- Prof. dr hab. n. med. Magdalena Figlerowicz; Uniwersytet Medyczny im. Karola Marcinkowskiego w Poznaniu, Poznań
22. **Analiza występowania mutacji w genie MIR142 w nowotworach mieloproliferacyjnych**  
Mgr Władysław Węgorek, mgr Adrian Tiré, dr Paulina Gałka-Marciniak,  
prof. dr hab. Piotr Kozłowski; Zakład Genetyki Molekularnej  
Dr hab. Luiza Handschuh; Pracownia Genomiki  
Prof. dr hab. Krzysztof Lewandowski; Uniwersytet Medyczny im. Karola Marcinkowskiego w Poznaniu, Poznań  
Prof. dr hab. Maciej Giefing; Instytut Genetyki Człowieka PAN, Poznań
23. **Rola mutacji HRAS u pacjentów z nadpłytkowością samoistną**  
Prof. dr hab. Piotr Kozłowski; Zakład Genetyki Molekularnej  
Prof. dr hab. Krzysztof Lewandowski; Uniwersytet Medyczny im. Karola Marcinkowskiego w Poznaniu, Poznań
24. **Analiza poziomu metylacji w genach związanych z nowotworem jajnika przy wykorzystaniu metody głębokiego sekwencjonowania amplikonów**  
Dr Malwina Suszyńska, prof. dr hab. Piotr Kozłowski; Zakład Genetyki Molekularnej  
Prof. dr hab. n. med. Cezary Cybulski; Pomorski Uniwersytet Medyczny w Szczecinie, Szczecin  
Prof. dr hab. n. med. Bartosz Wasąg; Gdański Uniwersytet Medyczny, Gdańsk
25. **Badanie obecności transkryptu FEN1 kodującego mitochondrialną izoformę tego białka w *A. thaliana***  
Dr hab. Anna Philips; Pracownia Bioinformatyki  
Dr hab. Wojciech Strzałka; Uniwersytet Jagielloński, Kraków
26. **Badanie mykobiomu jelitowego populacji polskiej oraz analiza korelacji pomiędzy zidentyfikowanymi gatunkami grzybów a metadanymi probantów**  
Dr hab. Anna Philips, dr Natalia Szóstak, mgr Katarzyna Tomela; Pracownia Bioinformatyki  
Prof. dr hab. Piotr Kozłowski; Zakład Genetyki Molekularnej  
Dr hab. Luiza Handschuh; Pracownia Genomiki  
Dr Anna Samelak-Czajka; Pracownia Analiz Pojedynczych Komórek  
Dr Kaja Milanowska, Łukasz Pruss; Ardigen S.A., Kraków  
Dr hab. Marcin Schmidt; Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu, Poznań
27. **Badania strukturalne materiałów niekrystalicznych**  
Dr hab. Krzysztof Brzeziński, dr Paweł Drożdżał; Zakład Biologii Strukturalnej Organizmów Prokariotycznych  
Prof. dr hab. Marta Płońska-Brzezińska; Uniwersytet Medyczny w Białymstoku, Białystok
28. **Badanie właściwości strukturalnych i spektroskopowych izokonazolu i bifonazolu**  
Dr hab. Marcin K. Chmielewski; Zakład Chemii Biopolimerów  
Dr hab. Jacek Kujawski; Uniwersytet Medyczny im. Karola Marcinkowskiego w Poznaniu, Poznań
29. **Zmierzenie długości życia wybranych szczepów *C. elegans***  
Dr hab. Rafał Ciosk; Zespół Biologii Integratywnej  
Dr hab. Wojciech Pokrzywa; Międzynarodowy Instytut Biologii Molekularnej i Komórkowej w Warszawie, Warszawa
30. **Realizacja projektu NCN – SONATA BIS 11 pt.: „Rola rodziny proteaz DPPIV w wyciszaniu transpozonów i zachowaniu integralności genomu”**  
Dr Agata Tyczewska; Pracownia Modelowych Organizmów Zwierzęcych  
Dr Rajani Gudipatti; Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu, Poznań
31. **Optymalizacja warunków biodruku w celu stworzenia konstruktów 3D mimikujących model raka wątroby do selekcji związków małowcząsteczkowych o potencjale terapeutycznym**  
Dr Dorota Gurda-Woźna, prof. dr hab. Eliza Wyszko; Pracownia Analiz Struktur Subkomórkowych  
Dr hab. Jakub D. Rybka; Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu, Poznań

32. **Realizacja projektu ECBiG-MOSAIC**  
 Prof. dr hab. Marek Figlerowicz, dr Lucyna Budźko, dr Natalia Koralewska, dr Ireneusz Stolarek; Zakład Biologii Molekularnej i Systemowej  
 Dr hab. Luiza Handschuh; Pracownia Genomiki  
 Dr hab. Paulina Jackowiak; Pracownia Analiz Pojedynczych Komórek  
 Dr hab. Magdalena Łuczak; Zakład Proteomiki Biomedycznej  
 Prof. dr hab. inż. Jacek Błażewicz, dr hab. inż. Piotr Łukasiak; Politechnika Poznańska, Poznań  
 Dr hab. n. med. Tomasz Rutkowski, dr hab. n. med. Małgorzata Oczko-Wojciechowska; Narodowy Instytut Onkologii im. Marii Skłodowskiej-Curie – Państwowy Instytut Badawczy, Oddział w Gliwicach, Gliwice  
 Prof. dr hab. n. med. Tomasz Hryniewiecki, dr hab. n. med. Cezary Kępka; Narodowy Instytut Kardiologii im. Stefana kardynała Wyszyńskiego – Państwowy Instytut Badawczy, Warszawa
33. **Analizy multiomiczne nowotworów krwi**  
 Prof. dr hab. Marek Figlerowicz, dr Lucyna Budźko, dr Natalia Koralewska, dr Ireneusz Stolarek; Zakład Biologii Molekularnej i Systemowej  
 Dr hab. Luiza Handschuh; Pracownia Genomiki  
 Dr hab. Paulina Jackowiak; Pracownia Analiz Pojedynczych Komórek  
 Dr hab. Magdalena Łuczak; Zakład Proteomiki Biomedycznej  
 Dr hab. Daniel Gackowski; Uniwersytet im. Mikołaja Kopernika w Toruniu, Toruń; Collegium Medicum im. Ludwika Rydygiera w Bydgoszczy, Bydgoszcz
34. **Analizy multiomiczne raka jajnika**  
 Prof. dr hab. Marek Figlerowicz, dr Lucyna Budźko, dr Natalia Koralewska, dr Ireneusz Stolarek; Zakład Biologii Molekularnej i Systemowej  
 Dr hab. Luiza Handschuh; Pracownia Genomiki  
 Dr hab. Paulina Jackowiak, dr Anna Samelak-Czajka; Pracownia Analiz Pojedynczych Komórek  
 Dr hab. Magdalena Łuczak; Zakład Proteomiki Biomedycznej  
 Dr n. med. Mikołaj Zaborowski; Uniwersytet Medyczny im. Karola Marcinkowskiego w Poznaniu, Poznań
35. **Identyfikacja miejsc m6A w genomie *S. mediterranea***  
 Prof. dr hab. Marek Figlerowicz, dr Ireneusz Stolarek; Zakład Biologii Molekularnej i Systemowej  
 Dr hab. Daniel Gackowski; Uniwersytet im. Mikołaja Kopernika w Toruniu, Toruń; Collegium Medicum im. Ludwika Rydygiera w Bydgoszczy, Bydgoszcz
36. **Charakterystyka aktywności mutantów białka APOBEC3A wobec metylowanych i hydroksymetylowanych substratów DNA i RNA**  
 Prof. dr hab. Marek Figlerowicz, dr Lucyna Budźko; Zakład Biologii Molekularnej i Systemowej  
 Dr hab. Daniel Gackowski; Uniwersytet im. Mikołaja Kopernika w Toruniu, Toruń; Collegium Medicum im. Ludwika Rydygiera w Bydgoszczy, Bydgoszcz
37. **Charakterystyka aktywności białek SNAD zidentyfikowanych u *Cyprinus carpio***  
 Prof. dr hab. Marek Figlerowicz, dr Lucyna Budźko; Zakład Biologii Molekularnej i Systemowej  
 Prof. dr hab. Andrzej Ciereszko; Instytut Rozrodu Zwierząt i Badań Żywności PAN, Olsztyn
38. **Mapowanie 5-metylocytozyny i 5-hydroksymetylocytozyny w genomie za pomocą NGS**  
 Prof. dr hab. Marek Figlerowicz, dr Lucyna Budźko, dr Ireneusz Stolarek; Zakład Biologii Molekularnej i Systemowej  
 Dr Bartosz Wojtaś; Instytut Biologii Doświadczalnej im. M. Nenckiego PAN, Warszawa
39. **Ocena możliwości wdrożenia preparatu enzymatycznego APOBEC3A**  
 Prof. dr hab. Marek Figlerowicz, dr Lucyna Budźko; Zakład Biologii Molekularnej i Systemowej  
 A&A Biotechnology, Gdańsk

40. **Charakterystyka oddziaływania nanocząstek opłaszczonych białkami z receptorami komórkowymi**  
Dr hab. Paulina Jackowiak, dr Anna Samelak-Czajka; Pracownia Analiz Pojedynczych Komórek  
Dr hab. Jakub D. Rybka; Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu, Poznań
41. **Identyfikacja 5-hydroksymetylouracylu za pomocą cytometrii przepływowej**  
Dr hab. Paulina Jackowiak, dr Anna Samelak-Czajka; Pracownia Analiz Pojedynczych Komórek  
Dr Lidia Gackowska; Uniwersytet im. Mikołaja Kopernika w Toruniu, Toruń; Collegium Medicum im. Ludwika Rydygiera w Bydgoszczy, Bydgoszcz
42. **Badania archeogenomiczne populacji średniowiecznej zamieszkującej dzisiejszą Wielkopolskę**  
Prof. dr hab. Marek Figlerowicz, mgr inż. Michał Zeńczak; Zakład Biologii Molekularnej i Systemowej  
Dr hab. Luiza Handschuh, dr inż. Małgorzata Marcinkowska-Swojak; Pracownia Genomiki  
Mgr Anna Wrześcińska, prof. dr hab. Andrzej Wyrwa; Muzeum Pierwszych Piastów na Lednicy, Lednogóra
43. **Badania krystalograficzne makromolekuł biologicznych**  
Dr hab. Krzysztof Brzeziński; Zakład Biologii Strukturalnej Organizmów Prokariotycznych  
Dr Joanna Loch; Uniwersytet Jagielloński, Kraków
44. **Badania strukturalne z wykorzystaniem mikroskopii krioelektronowej**  
Dr hab. Miłosz Ruszkowski; Zakład Biologii Strukturalnej Eukariontów  
Dr Michał Rawski, mgr Grzegorz Ważny; Uniwersytet Jagielloński, Kraków
45. **Badania wrażliwości ekotypów *Arabidopsis thaliana* na działanie bakterii *Pectobacterium carotovorum subsp. carotovorum***  
Dr hab. Agnieszka Żmieńko; Zakład Genomiki Roślin  
Dr hab. Aleksandra Obrepalska-Stęplowska; Instytut Ochrony Roślin – Państwowy Instytut Badawczy, Poznań  
Dr hab. Krzysztof Krawczyk; Instytut Włókien Naturalnych i Roślin Zielarskich – Państwowy Instytut Badawczy, Poznań
46. **Badania strukturalne małowcząsteczkowych związków biologicznie czynnych**  
Dr hab. Krzysztof Brzeziński, dr Paweł Drożdżał, mgr Magdalena Gaweł, mgr Marlena Komorowska; Zakład Biologii Strukturalnej Organizmów Prokariotycznych  
Prof. dr hab. Marta Płońska-Brzezińska, dr hab. Michał Tomczyk; Uniwersytet Medyczny w Białymstoku, Białystok
47. **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
48. **Analiza CNV genów *JAK2*, *PDL1* oraz *PDL2* u pacjentów z nadpłytkowością samoistną**  
Mgr Paulina Nawrocka, prof. dr hab. Piotr Kozłowski; Zakład Genetyki Molekularnej  
Dr hab. Luiza Handschuh; Pracownia Genomiki  
Prof. dr hab. Krzysztof Lewandowski; Uniwersytet Medyczny im. Karola Marcinkowskiego w Poznaniu, Poznań
49. **Walidacja markerów molekularnych istotnych dla czasu kwitnienia, wylegania roślin, właściwości geometrii pnia i rafinozy w grochu (*Pisum sativum L.*)**  
Dr Aneta Sawikowska; Pracownia Bioinformatyki  
Dr Magdalena Gawłowska; Instytut Genetyki Roślin PAN, Poznań

50. **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  
 Dr Marcin Sajek; Instytut Genetyki Człowieka PAN, Poznań
51. **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. Karola Marcinkowskiego w Poznaniu, Poznań
52. **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  
 Dr hab. Radosław Mrówczyński, dr Bartosz Grześkowiak; Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu, Poznań
53. **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
54. **Wykorzystanie metody CRISPR/Cas9 do inaktywacji genu tenascyny-C**  
 Dr hab. Katarzyna Rolle, dr Julia Misiorek; Zakład Neuroonkologii Molekularnej  
 Dr hab. Adolfo Rivero-Müller, dr Matthias Nees, Uniwersytet Medyczny w Lublinie
55. **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
56. **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
57. **Modelowanie i analiza metabolizmu węglowodanów w procesie rozwoju cukrzycy**  
 Dr hab. inż. Agnieszka Rybarczyk; Zakład Bioinformatyki Strukturalnej  
 Prof. dr hab. inż. Piotr Formanowicz; Politechnika Poznańska, Poznań  
 Dr hab. Dorota Formanowicz; Uniwersytet Medyczny im. Karola Marcinkowskiego w Poznaniu, Poznań
58. **Modelowanie i analiza metabolizmu cholesterolu w procesie rozwoju miażdżycy**  
 Dr hab. inż. Agnieszka Rybarczyk, dr inż. Marcin Radom; Zakład Bioinformatyki Strukturalnej  
 Prof. dr hab. inż. Piotr Formanowicz; Politechnika Poznańska, Poznań  
 Dr hab. Dorota Formanowicz; Uniwersytet Medyczny im. Karola Marcinkowskiego w Poznaniu, Poznań



59. **Wykorzystanie systemu wieloagentowego do symulowania populacji replikaz i syntaz**  
Dr hab. inż. Agnieszka Rybarczyk, mgr inż. Jarosław Synak; Zakład Bioinformatyki Strukturalnej  
Prof. dr hab. Jacek Błażewicz; Politechnika Poznańska, Poznań
60. **Analiza migracji wybranych miRNA pomiędzy komórkami raka piersi**  
Dr hab. inż. Agnieszka Rybarczyk; Zakład Bioinformatyki Strukturalnej  
Dr Tomasz Lehmann; Uniwersytet Medyczny im. Karola Marcinkowskiego w Poznaniu, Poznań
61. **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
62. **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
63. **Synteza, identyfikacja oraz określenie skuteczności herbicydowych cieczy jonowych (część syntetyczna zadania)**  
Dr Grzegorz Framski; Zakład Chemii Komponentów Kwasów Nukleinowych  
Prof. dr hab. inż. Łukasz Chrzanowski; Politechnika Poznańska, Poznań
64. **Synteza cieczy jonowych na bazie anionu dikamby i kationów pochodzenia naturalnego (choliny i betainy) oraz ocena ich sorpcji i migracji w glebach (część syntetyczna zadania)**  
Dr Grzegorz Framski; Zakład Chemii Komponentów Kwasów Nukleinowych  
Dr inż. Anna Parus; Politechnika Poznańska, Poznań
65. **Opracowanie metody pomiaru aktywności równowagowego transportera nukleozydów ENT1 (część syntetyczna zadania)**  
Dr hab. Tomasz Ostrowski; Zakład Chemii Komponentów Kwasów Nukleinowych  
Prof. dr hab. Andrzej Ciechanowicz; Pomorski Uniwersytet Medyczny w Szczecinie, Szczecin
66. **Analiza próbek surowicy w badaniach nad odpowiedzią zwierząt na zakażenie włósnikiem krętym**  
Dr hab. Magdalena Łuczak, dr inż. Joanna Watral; Zakład Proteomiki Biomedycznej  
Dr Michał Gondek; Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie, Lublin
67. **Badania kluczowych mechanizmów nabytej oporności na inhibitory proteasomów w szpiczaku plazmocytowym**  
Dr hab. Magdalena Łuczak, dr inż. Joanna Watral; Zakład Proteomiki Biomedycznej  
Dr Dominik Dytfeld; Uniwersytet Medyczny im. Karola Marcinkowskiego w Poznaniu, Poznań
68. **Wielkoskalowa analiza proteomiczna monocytów i stresu oksydacyjnego w miazdżycy związanej i niezwiązanej z przewlekłą chorobą nerek**  
Dr hab. Magdalena Łuczak, dr inż. Joanna Watral; Zakład Proteomiki Biomedycznej  
Dr hab. Dorota Formanowicz, prof. dr hab. Bartłomiej Perek; Uniwersytet Medyczny im. Karola Marcinkowskiego w Poznaniu, Poznań
69. **Próba identyfikacji białek w materiale kopalnym koralowców zebranych na terenie Polski**  
Dr hab. Magdalena Łuczak, dr Marta Nolka-Szaszner; Zakład Proteomiki Biomedycznej  
Prof. dr hab. Jarosław Stolarski; Instytut Paleobiologii im. R. Kozłowskiego PAN, Warszawa
70. **Wpływ długotrwałego wpływu nitrofuranów na bakterie środowiskowe**  
Dr hab. Magdalena Łuczak; Zakład Proteomiki Biomedycznej  
Mgr inż. Amanda Pacholak, prof. dr hab. inż. Ewa Kaczorek; Politechnika Poznańska, Poznań
71. **Egzosomy jako predyktory odpowiedzi na radioterapię u pacjentów z rakiem odbytnicy**  
Dr Łukasz Marczak, dr hab. inż. 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 Mielanćzyk; Śląski Uniwersytet Medyczny w Katowicach, Katowice
72. **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
73. **Usuwanie estrogenów przez lakazy unieruchomione na materiale poliakrylonitrylowym/polieterosulfonowym**  
Dr Łukasz Marczał; Pracownia Spektrometrii Mas  
Dr inż. Jakub Zdzarta, prof. dr hab. inż. Teofil Jesionowski; Politechnika Poznańska, Poznań
74. **Proteomika mózgow myszy poddanych wpływowi stresu i zachodniej diety**  
Dr Łukasz Marczał, dr hab. inż. Anna Wojakowska; Pracownia Spektrometrii Mas  
Dr Daniela Liśkiewicz, dr Marta Nowacka-Chmielewska; Akademia Wychowania Fizycznego im. Jerzego Kukuczki w Katowicach, Katowice
75. **Analiza metabolomiczna hodowli komórkowych *Cyathea Delgadii***  
Dr Łukasz Marczał; Pracownia Spektrometrii Mas  
Prof. dr hab. Jan Rybczyński; Polska Akademia Nauk, Ogród Botaniczny – Centrum Zachowania Różnorodności Biologicznej w Powsinie, Warszawa
76. **Mechanizmy molekularne choroby zwyrodnieniowej kolana**  
Mgr inż. Kamila Pełowska, mgr Anna Wasilewska-Burczyk, dr hab. Kamilla Grzywacz; Zakład Transkryptomiki Funkcjonalnej  
Dr hab. Tomasz Piontek, dr Paweł Bąkowski; Centrum Rehasport – Klinika Medycyny Ruchu, Poznań
77. **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; Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu, Poznań
78. **Analiza niekodujących RNA w gruczołach przysadki mózgowej**  
Dr Monika Piwecka, dr Ewelina Kałużna, mgr Adrian Sobusiak; Zakład Niekodujących RNA  
Dr n. med. Norbert Wąsik, prof. dr hab. n. med. Włodzimierz Liebert; Uniwersytet Medyczny im. Karola Marcinkowskiego w Poznaniu, Poznań
79. **Zastosowanie metody XRNAX do identyfikacji interaktomu RNA w mózgu**  
Dr Monika Piwecka, mgr inż. Marta Sztachera; Zakład Niekodujących RNA  
Dr Remigiusz Serwa; Międzynarodowy Instytut Mechanizmów i Maszyn Molekularnych PAN, Warszawa  
Dr Luiza Stanaszek; Instytut Medycyny Doświadczalnej i Klinicznej im. M. Mossakowskiego PAN, Warszawa
80. **Długoterminowe przechowywanie nasion**  
Prof. dr hab. Mirosława Z. Naskręt-Barciszewska; Zakład Biologii Medycznej  
Prof. dr hab. Paweł Chmielarz; Instytut Dendrologii PAN, Kórnik
81. **Badania aktywności biologicznej chiralnych helikatów Cu(I)**  
Dr Agnieszka Belter; Zakład Biologii Medycznej  
Dr Marta Fik-Jaskółka; Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu, Poznań

82. **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
83. **Termowrażliwe polimery**  
Dr hab. Marcin K. Chmielewski mgr Magdalena Paluch; Zakład Chemii Biopolimerów  
Dr Marcin Jarek; Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu, Poznań
84. **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
85. **Analiza właściwości biologicznych pochodnych 4-karboranylo-1,8-napftalimidów w komórkach raka wątrobokomórkowego HepG2**  
Dr Dorota Gurda-Woźna, dr Agnieszka Fedoruk-Wyszomirska, dr hab. Małgorzata Giel-Pietraszuk, prof. dr hab. Eliza Wyszko; Pracownia Analiz Struktur Subkomórkowych  
Dr hab. Agnieszka B. Olejniczak; Instytut Biologii Medycznej PAN, Łódź
86. **Zastosowanie 37-merowej sondy oligonukleotyduowej, jako indykatora do monitorowania zmian w metabolizmie komórek nowotworowych HeLa, MCF7 oraz MDA-MB-231**  
Dr Agnieszka Fedoruk-Wyszomirska, prof. dr hab. Eliza Wyszko; Pracownia Analiz Struktur Subkomórkowych  
Dr hab. Anna Dembska; Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu, Poznań
87. **Walidacja *in cellulo* maskowanych substratów bioluminogennych dla lucyferaz**  
Mgr Masroor Khan, dr Jacek Kolanowski; Zakład Sond Molekularnych i Proleków  
Dr Dorota Jakubczyk; Pracownia Chemii Medycznej  
Dr hab. Natalia Rozwadowska; Instytut Genetyki Człowieka PAN, Poznań
88. **Hodowla ciekłych kultur grzyba *Ramularia collo-cygni***  
Dr Dorota Jakubczyk; Pracownia Chemii Medycznej  
Prof. dr hab. Małgorzata Jędryczka, dr Witold Irzykowski; Instytut Genetyki Roślin PAN, Poznań
89. **Danio pręgowany – hodowla ryb**  
Mgr Monika Kwiatkowska; Zakład Biologii Obliczeniowej Niekodującego RNA  
Dr Joanna Dodzian; Międzynarodowy Instytut Biologii Molekularnej i Komórkowej w Warszawie, Warszawa
90. **Funkcjonalna charakterystyka lncRNA w genomie danio pręgowanego**  
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

---

- Rozwój metody analitycznej opartej na różnicowym barwieniu frakcji lipidowych w komórkach**  
Dr Jacek Kolanowski; Zakład Sond Molekularnych i Proleków  
Prof. Elizabeth New, Dr. Stuart Fraser; University of Sydney, Sydney, Australia
- Opracowanie analitycznych metod i narzędzi oceny stabilności i toksyczności nanomateriałów**  
Dr Jacek Kolanowski; Zakład Sond Molekularnych i Proleków  
Prof. Wojciech Chrzanowski; University of Sydney, Sydney, Australia
- Identyfikacja celu biologicznego Gryseofulwiny-GF94 metodami biologii molekularnej**  
Dr inż. Michał Jakubczyk, dr Jacek Kolanowski; Zakład Sond Molekularnych i Proleków  
Prof. Alwin Krämer; German Cancer Research Center in the Helmolz Association, Heidelberg, Niemcy

- Prof. Mads H. Clausen; Technical University of Denmark, Kongens Lyngby, Dania  
 Dr. Eduardo Domínguez Medina; Center for Research in Molecular Medicine and Chronic Disease, Santiago de Compostela, Hiszpania
4. **Odkrycie i potwierdzenie 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
  5. **Rozwój metod katalitycznych w warunkach mechanochemicznych, wprowadzanie farmakoforów zawierających fluor**  
 Dr inż. Michał Jakubczyk; Zakład Sond Molekularnych i Proleków  
 Dr. Viktor Iaroshenko; Matej Bel University in Banská Bystrica, Bańska Bystrzyca, Słowacja
  6. **Badania fizykochemiczne oraz biologiczne polimerów  $[[\text{CuL1}]\text{PF}_6]_n$  oraz  $[[\text{AgL1}]\text{BF}_4]_n$**   
 Dr Agnieszka Belter; Zakład Biologii Medycznej  
 Dr. Giovanni N. Roviello; Institute of Biostructures and Bioimaging of the National Research Council, Neapol, Włochy
  7. **Analiza poziomu metylacji w genach związanych z nowotworem jajnika przy wykorzystaniu metody głębokiego sekwencjonowania amplikonów**  
 Dr Malwina Suszyńska, prof. dr hab. Piotr Kozłowski; Zakład Genetyki Molekularnej  
 Dr. Magdalena Ratajska; University of Otago, Dunedin, Nowa Zelandia
  8. **Analiza CNV genu MIR142 u pacjentów z CLBCL**  
 Mgr Władysław Węgorek, dr Eliza Fraszczyk, prof. dr hab. Piotr Kozłowski; Zakład Genetyki Molekularnej  
 Prof. Dr. med. Wolfram Klapper; Christian-Albrecht University of Kiel, Kilonia, Niemcy  
 Dr. Julia Richter; University Medical Center Schleswig Holstein, Kilonia, Niemcy
  9. **Analiza genomów mutantów *P. gingivalis***  
 Dr hab. Anna Philips; Pracownia Bioinformatyki  
 Prof. Jan Potempa; University of Louisville, Louisville, Stany Zjednoczone
  10. **Zastosowanie sieci różnicowej opartej na modelu graficznym Gaussa (GGM) dla zbioru danych metabolomicznych z doświadczenia wieloczynnikowego**  
 Dr hab. Aneta Sawikowska; Pracownia Bioinformatyki  
 Prof. Carel Peeters, Dr. Jasper Engel; Wageningen University & Research Center, Wageningen, Holandia
  11. **Analityka termowrażliwych polimerów**  
 Dr hab. Marcin K. Chmielewski; Zakład Chemii Biopolimerów  
 Dr. Dongren Wang, Prof. Dr. Michael R. Buchmeiser; University of Stuttgart, Stuttgart, Niemcy
  12. **Identyfikacja i adnotacja elementów mobilnych w genomach roślinnych**  
 Dr hab. Agnieszka Żmieńko, mgr Anastasiia Satyr; Zakład Genomiki Roślin  
 Prof. Wojciech Makałowski; University of Muenster, Münster, Niemcy
  13. **Współpraca w ramach projektów grantowych NCN OPUS oraz Preludium Bis**  
 Dr. hab. Marzena Wojciechowska; Zakład Chorób Rzadkich  
 Prof. David Brook; University of Nottingham, Nottingham, Wielka Brytania  
 Dr. Saam Sedehizadeh; Nottingham University Hospitals NHS Trust, Nottingham, Wielka Brytania
  14. **Badania strukturalne kompleksów RNA z syntetycznymi ligandami**  
 Dr hab. Agnieszka Kiliszek, dr Leszek Błaszczak; Zakład Struktury i Funkcji Biomolekuł  
 Prof. Kazuhiko Nakatani; Osaka University, Osaka, Japonia
  15. **Badania strukturalne białek hipertermofilnych**  
 Prof. dr hab. Wojciech Rypniewski, dr Magdalena Bejger, mgr Katarzyna Biniek-Antosiak; Zakład Struktury i Funkcji Biomolekuł  
 Prof. Ida Steen; University of Bergen, Bergen, Norwegia

16. **Badania strukturalne RNA**  
Dr hab. Miłosz Ruszkowski; Zakład Biologii Strukturalnej Eukariontów  
Dr. Jia Sheng; State University of New York at Albany, Albany, Stany Zjednoczone
17. **Badania enzymów**  
Dr hab. Miłosz Ruszkowski; Zakład Biologii Strukturalnej Eukariontów  
Prof. Giuseppe Forlani; University of Ferrara, Ferrara, Włochy
18. **Badania hydroksymetylotransferaz serynowych i enzymów biosyntetyzujących histydyne u roślin**  
Dr hab. Miłosz Ruszkowski; Zakład Biologii Strukturalnej Eukariontów  
Dr. Roberto Contestabile; Sapienza University of Rome, Rzym, Włochy
19. **Analiza geometrii struktur HEPES i MES**  
Dr hab. Dariusz Brzeziński; Zakład Biologii Strukturalnej Eukariontów  
Prof. Maksymilian Chruszcz; University of South Carolina, Columbia, Stany Zjednoczone
20. **Walidacja struktury makromolekuł**  
Prof. dr hab. Mariusz Jaskólski; Zakład Biologii Strukturalnej Eukariontów  
Dr. Alexander Wlodawer; National Cancer Institute, Frederick, Stany Zjednoczone  
Prof. Wladek Minor; University of Virginia, Charlottesville, Stany Zjednoczone  
Dr. Bernhard Rupp; Medical University Innsbruck, Innsbruck, Austria
21. **Aspekty topologiczne krystalografii**  
Prof. dr hab. Mariusz Jaskólski; Zakład Biologii Strukturalnej Eukariontów  
Dr hab. inż. Zbigniew Dauter; National Cancer Institute, Lemont, Stany Zjednoczone
22. **Współpraca w ramach COST Action**  
Dr Ewa Woźniak-Gientka, prof. dr hab. Tomasz Twardowski; Zespół Biogospodarki i Zrównoważonego Rozwoju  
Dr. Dennis Eriksson; Swedish University of Agricultural Sciences, Uppsala, Szwecja
23. **Analiza publicznego postrzegania technologii edycji genów roślinnych**  
Dr Ewa Woźniak-Gientka, prof. dr hab. Tomasz Twardowski; Zespół Biogospodarki i Zrównoważonego Rozwoju  
Milica Perisic, Msc; KWS SAAT SE & Co. KGaA, Einbeck, Niemcy  
Dr. Anna Beniermann; Humboldt University of Berlin, Berlin, Niemcy  
Dr. Dennis Eriksson; Swedish University of Agricultural Sciences, Uppsala, Szwecja  
Dr. Nick Vangheluwe; Euroseeds, Bruksela, Belgia  
Prof. Dr. Godelieve Gheysen; Ghent University, Gandawa, Belgia  
Prof. Selim Cetiner, Dr. Abiri Naghmeh; Sabanci University, Stambuł, Turcja
24. **Analiza rozwoju biogospodarki w czasach pandemii COVID-19**  
Prof. dr hab. Tomasz Twardowski; Zespół Biogospodarki i Zrównoważonego Rozwoju  
Prof. Alfredo Aguilar; European Federation of Biotechnology, Barcelona, Hiszpania
25. **Badania termodynamiczne i strukturalne modyfikowanych RNA oraz badania RNA wirusa grypy**  
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
26. **Badania strukturalne RNA wirusa grypy**  
Prof. dr hab. Elżbieta Kierzek; Zakład Genomiki Strukturalnej RNA  
Prof. dr hab. Ryszard Kierzek; Zakład Chemii i Biologii Strukturalnej Kwasów Nukleinowych  
Prof. Walter Moss; Iowa State University, Ames, Stany Zjednoczone
27. **Molekularne podstawy aktywacji wirusów grypy przez transbłonowe proteazy serynowe typu II**  
Dr Paweł Zmora, mgr Rafał Nowak; Zakład Wirusologii Molekularnej  
Prof. Stefan Pöhlmann; Leibniz Institute for Primate Research, Getynga, Niemcy

28. **Nowe mechanizmy kontroli liczby kopii retrotranspozonów eukariotycznych w komórce**  
Dr hab. Katarzyna Pachulska-Wieczorek, dr 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
29. **Analiza struktury RNA w komórce i jej kompartmentach w skali transkryptomowej w *S. cerevisiae***  
Dr hab. Katarzyna Pachulska-Wieczorek, dr Julita Gumna, mgr inż. Angelika Andrzejewska-Romanowska; Zakład Struktury i Funkcji Retrotranspozonów  
Prof. David J. Garfinkel; University of Georgia, Athens, Stany Zjednoczone
30. **Współpraca przy realizacji projektu pt. „Yeast cell factory for mRNA Bioproduction” (Yscript)**  
Dr hab. Katarzyna Pachulska-Wieczorek, dr Julita Gumna; Zakład Struktury i Funkcji Retrotranspozonów  
Dr Leszek Błaszczuk; Zakład Struktury i Funkcji Biomolekuł  
Prof. Chantal Pichon, French National Centre for Scientific Research, Orlean, Francja
31. **Mechanizm zależnego od R2 wyciszania RNA. Badanie właściwości RNA, które warunkują jego wyciszenie za pośrednictwem R2**  
Dr hab. Katarzyna Pachulska-Wieczorek, dr Julita Gumna; Zakład Struktury i Funkcji Retrotranspozonów  
Dr hab. Rafał Ciosk; University of Oslo, Oslo, Norwegia
32. **Ocena inhibicji ekspresji genów przez chemicznie i strukturalnie zmodyfikowane gapmery**  
Dr hab. Anna Pasternak, dr inż. Jolanta Lisowiec-Wąchnicka; Zakład Bioinżynierii Kwasów Nukleinowych  
Prof. Jesper Wengel; University of Southern Denmark, Odense, Dania
33. **Badania strukturalne kasety PPC hDicer za pomocą małąkątowego rozpraszania neutronów (SANS)**  
Dr Kamil Szpotkowski, dr hab. Anna Kurzyńska-Kokorniak; Zakład Biochemii Rybonukleoprotein  
Dr. Joachim Kohlbrecher; Paul Scherrer Institute, Villingen, Szwajcaria
34. **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
35. **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
36. **Opracowanie i charakterystyka nowego modelu badawczego guzów mózgu**  
Dr hab. Katarzyna Rolle, mgr Żaneta Zarębska, dr Julia Misiorek, mgr Konrad Kuczyński; 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
37. **Wykonanie analizy CRISPR, oraz screening i analizy bioinformatyczne wyników badań**  
Dr hab. Marta Olejniczak, mgr Magdalena Dąbrowska; Zakład Inżynierii Genomowej  
Dr. Jacob Corn, Sebastian Sieger, MSc; Swiss Federal Institute of Technology in Zurich (ETH), Zurych, Szwajcaria

38. **Funkcja roślinnych metabolitów wtórnych w promocji wzrostu indukowanej przez endofity grzybowe**  
 Prof. dr hab. Paweł Bednarek, dr Anna Piasecka; Zakład Metabolomiki Funkcjonalnej Roślin  
 Dr. Ryohei Thomas Nakano; Max Planck Institute for Plant Breeding Research, Kolonia, Niemcy  
 Dr. Kenji Yamada; Uniwersytet Jagielloński, Kraków
39. **Rola kumaryn w oddziaływaniach z endofitycznymi bakteriami i tolerancji na niedobór jonów żelaza w *Arabidopsis***  
 Prof. dr hab. Paweł Bednarek, dr Anna Piasecka; Zakład Metabolomiki Funkcjonalnej Roślin  
 Prof. Dr. Paul Schulze-Lefert; Max Planck Institute for Plant Breeding Research, Kolonia, Niemcy
40. **Ewaluacja przewidzianych 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, Strasburg, Francja
41. **Analiza sekwencji kwadrupleksów**  
 Dr hab. inż. Maciej Antczak, prof. dr hab. inż. Marta Szachniuk; Zakład Bioinformatyki Strukturalnej  
 Prof. Thomas Villmann; Mittweida University of Applied Sciences, Mittweida, Niemcy
42. **Ewaluacja modeli 3D RNA zgłoszonych w konkursie CASP15**  
 Dr hab. inż. Maciej Antczak, prof. dr hab. inż. Marta Szachniuk; Zakład Bioinformatyki Strukturalnej  
 Dr. Krzysztof Fidelis, Dr. Andriy Kryshatfovych; University of California, Davis, Stany Zjednoczone  
 Dr. Rhiju Das; Stanford University School of Medicine, Stanford, Stany Zjednoczone  
 Prof. Eric Westhof; University of Strasbourg, Strasburg, Francja
43. **Porównywanie struktur 3D RNA obejmujących pseudowęzły**  
 Dr hab. inż. Maciej Antczak, prof. dr hab. inż. Marta Szachniuk; Zakład Bioinformatyki Strukturalnej  
 Dr. Luca Tesei, Michela Quadrini, MSc, Prof. Emanuela Merelli; University of Camerino, Camerino, Włochy
44. **Udokładnianie struktur 3D RNA nanocząsteczek**  
 Dr hab. inż. Maciej Antczak, prof. dr hab. inż. Marta Szachniuk; Zakład Bioinformatyki Strukturalnej  
 Dr. Ebbe Sloth Andersen, Nestor Sampedro Vallina, Dr. Emil Laust Kristoffersen, Kalinka Hansen; Aarhus University, Aarhus, Dania  
 Dr. Ewan McRoe; MRC Laboratory of Molecular Biology, Cambridge, Wielka Brytania
45. **Określenie wpływu modyfikacji na strukturę i stabilność termodynamiczną dupleksów RNA**  
 Dr Joanna Sarzyńska; Zakład Bioinformatyki Strukturalnej  
 Prof. dr hab. Ryszard Kierzek; Zakład Chemii i Biologii Strukturalnej Kwasów Nukleinowych  
 Prof. dr hab. Zofia Gdaniec, dr Witold Andrałojć; Zakład Biomolekularnego NMR  
 Prof. Ansuman Lahiri, Nivedita Dutta, MSc; University of Calcutta, Kolkata, Indie
46. **Przewidywanie parametrów termodynamicznych najbliższego sąsiedztwa (NN) na podstawie symulacji MD**  
 Dr Joanna Sarzyńska; Zakład Bioinformatyki Strukturalnej  
 Prof. Ansuman Lahiri, Nivedita Dutta, MSc; University of Calcutta, Kolkata, Indie

47. **Konsorcjum LifeTime**  
 Prof. dr hab. Marek Figlerowicz, dr Natalia Koralewska; Zakład Biologii Molekularnej i Systemowej  
 Dr hab. Paulina Jackowiak; Pracownia Analiz Pojedynczych Komórek  
 Dr hab. Luiza Handschuh; Pracownia Genomiki  
 Prof. Nikolaus Rajewsky; Berlin Institute for Medical Systems Biology, Max Delbrück Center for Molecular Medicine in the Helmholtz Association, Berlin, Niemcy  
 Prof. Geneviève Almouzni; Curie Institute, Paryż, Francja
48. **Wysokorozdzielcza transkryptomika przestrzenna**  
 Prof. dr hab. Marek Figlerowicz, dr Natalia Koralewska, dr Ireneusz Stolarek; Zakład Biologii Molekularnej i Systemowej  
 Dr hab. Paulina Jackowiak, dr Anna Samelak-Czajka; Pracownia Analiz Pojedynczych Komórek  
 Dr hab. Luiza Handschuh; Pracownia Genomiki  
 Prof. Nikolaus Rajewsky; Berlin Institute for Medical Systems Biology, Max Delbrück Center for Molecular Medicine in the Helmholtz Association, Berlin, Niemcy
49. **Eksploracja transkryptomów i eksomów AML w celu zrozumienia związków między profilem mutacyjnym, ekspresją genów i danymi klinicznymi**  
 Dr hab. Luiza Handschuh; Pracownia Genomiki  
 Prof. Yasuhiro Murakawa; Kyoto University, Kyoto, Japonia
50. **Analiza funkcjonalna transportera cytokinin MtABCG61**  
 Prof. dr hab. Michał Jasiński, dr Aleksandra Paweła, Krishanapriya Anirudhan; Zakład Fizjologii Molekularnej Roślin  
 Prof. Jeremy D. Murray; John Innes Centre, Norwich, Wielka Brytania
51. **Analiza funkcjonalna transportera cytokinin MtABCG40**  
 Prof. dr hab. Michał Jasiński, mgr inż. Tomasz Jamruszka, dr Joanna Banasiak; Zakład Fizjologii Molekularnej Roślin  
 Dr. Ondřej Novák; Palacký University Olomouc, Ołomuniec, Czechy
52. **Selektywność substratowa białka MtABCG56**  
 Prof. dr hab. Michał Jasiński, mgr inż. Konrad Pakuła, dr Wanda Biała-Leonhard; Zakład Fizjologii Molekularnej Roślin  
 Prof. Markus Geisler; University of Fribourg, Fryburg, Szwajcaria
53. **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
54. **Badania molekularnego transportu resveratrolu dla transportera ABCG z *Vitis vinifera***  
 Prof. dr hab. Michał Jasiński, dr Wanda Biała-Leonhard; Zakład Fizjologii Molekularnej Roślin  
 Dr. Katsuhiko Shiratake; Nagoya University, Nagoya, Japonia
55. **Badania nad P-selenowymi analogami nukleotydów**  
 Prof. dr hab. Adam Kraszewski, prof. dr hab. Jacek Stawiński, dr hab. Michał Sobkowski, dr Joanna Romanowska, dr Justyna Gołębiowska; Zakład Chemii Komponentów Kwasów Nukleinowych  
 Dr. Frank Sicheri, Dr. Salima Daou, Dr. Jonah Beenstock, University of Toronto, Toronto, Kanada
56. **Allelo-specyficzna analiza poziomu transkryptów *HTT* w modelu *mysim HD***  
 Dr hab. Agnieszka Fiszer, mgr Paweł Joachimiak; Zakład Biotechnologii Medycznej  
 Dr. Nicholas Caron, Prof. Michael Hayden; University of British Columbia, Vancouver, Kanada
57. **Analiza funkcji ciągów CAG w genie *ATN1* związanym z chorobą DRPLA**  
 Dr hab. Agnieszka Fiszer, mgr Weronika Pawlik, dr Magdalena Jazurek-Ciesiołka; Zakład Biotechnologii Medycznej  
 Dr. Grzegorz Kudła, Nabid Bhuiyan, MSc; University of Edinburgh, Edynburg, Wielka Brytania



58. **Badanie komórek Purkinjego w kontekście choroby SCA7**  
 Dr Paweł Świtoński, mgr Grażyna Adamek; Zakład Biotechnologii Medycznej  
 Dr. Albert La Spada; University of California Irvine, Irvine, Stany Zjednoczone  
 Luke Bartelt; Duke University, Durham, Stany Zjednoczone
59. **Podejście multiomiczne w analizie egzosomów jako predyktorów odpowiedzi na radioterapię u pacjentów z rakiem odbytnicy**  
 Dr hab. inż. Anna Wojakowska; Pracownia Spektrometrii Mas  
 Dr. Krzysztof Polanski; Wellcome Trust Sanger Institute, Cambridge, Wielka Brytania
60. **Identyfikacja aktywnych w próbkach pochodzących z kopalnych gatunków gąbek szklanych**  
 Dr hab. Magdalena Łuczak; Zakład Proteomiki Biomedycznej  
 Prof. dr hab. Marek Figlerowicz; Zakład Biologii Molekularnej i Systemowej  
 Prof. Hermann Ehrlich; Technical University of Bergakademie Freiberg, Freiberg, Niemcy
61. **Analiza proteomiczna w badaniach ekspresji BACH2 jako predyktora przeżywalności w przewlekłej białaczce limfocytowej**  
 Dr Łukasz Marczak; Pracownia Spektrometrii Mas  
 Dr. Katarzyna Szołtysek, Dr. Anna Walaszczyk; Newcastle University, Newcastle, Wielka Brytania
62. **Badanie metabolomu osocza krwi w chorobie Leśniowskiego-Crohna**  
 Dr Łukasz Marczak; Pracownia Spektrometrii Mas  
 Jakub Idkowiak, MSc Eng.; University of Pardubice, Pardubice, Czechy
63. **Analiza profilu ekspresji genów w przysadce mózgowej myszy i neuronach pierwotnych poddanych analizom typu utraty funkcji circRNA**  
 Dr Monika Piwecka, mgr inż. Marta Sztachera, mgr inż. Julian Zacharjasz; Zakład Niekodujących RNA  
 Prof. Nikolaus Rajewsky, Cledi Alicia Cerda Jara; Max Delbrück Center for Molecular Medicine in the Helmholtz Association, Berlin, Niemcy
64. **Określenie wpływu circRNA Cdr1as na fizjologię neuronów kory mózgowej**  
 Dr Monika Piwecka, mgr inż. Marta Sztachera, mgr inż. Julian Zacharjasz; Zakład Niekodujących RNA  
 Prof. Nikolaus Rajewsky, Cledi Alicia Cerda Jara; Max Delbrück Center for Molecular Medicine in the Helmholtz Association, Berlin, Niemcy
65. **Badanie circRNA w kontekście regulacji pracy mózgu i rytmu okołodobowego w mózgu**  
 Dr Monika Piwecka; Zakład Niekodujących RNA  
 Dr. Andranik Ivanov; Charité Medical University, Berlin, Niemcy
66. **Badanie circRNA w kontekście regulacji pracy mózgu i rytmu okołodobowego w mózgu i przysadce mózgowej**  
 Dr Monika Piwecka, dr Ewelina Kałużna; Zakład Niekodujących RNA  
 Dr. Rosa Chiara Paolicelli, Dr. Anne-Claire Compagnion; University of Lausanne, Lozanna, Szwajcaria
67. **Badanie funkcji circRNA Cdr1as i mikroRNA miR-7 w kontekście procesów zapalnych w mózgu i udaru niedokrwiennego**  
 Dr Monika Piwecka; Zakład Niekodujących RNA  
 Prof. Tarja Malm, Flavia Scoyni, MSc; University of Eastern Finland, Kuopio, Finlandia
68. **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
69. **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 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  
Prof. Luís Pereira de Almeida; University of Coimbra, Coimbra, Portugalia
70. **Współpraca w ramach sieci: The EU Joint Programme – Neurodegenerative Disease Research (JPND). Złożenie wniosku w konkursie pt. „Understanding the mechanisms of non-pharmacological interventions”**  
Dr hab. Maciej Figiel; Zakład Neurobiologii Molekularnej  
Dr. Thorsten Schmidt; University of Tübingen, Tybinga, Niemcy  
Prof. Luís Pereira de Almeida, Prof. Cláudia Cavadas; University of Coimbra, Coimbra, Portugalia  
Prof. Ülfet Pinar Erkekoğlu; Hacettepe University, Ankara, Turcja
71. **Określenie efektu wyciszenia genów kodujących deadenylazy oraz czynniki usuwające strukturę czapeczki (ang. decapping factors) metodą RNAi na regulację mRNA *ets-4* w *C. elegans***  
Dr Daria Sobańska; Zespół Biologii Integratywnej  
Dr. Pooja Kumari; University of Oslo, Oslo, Norwegia
72. **Analiza zachowawczości ewolucyjnej lncRNA**  
Dr Barbara Uszczyńska-Ratajczak; Zakład Biologii Obliczeniowej Niekodującego RNA  
Prof. Rory Johnson; University College Dublin, Dublin, Irlandia
73. **Optymalizacja protokołu celowanego sekwencjonowania RNA „Capture Long-read Sequencing”**  
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

### 1.A. Recenzowane artykuły z listy MEiN indeksowane w Journal Citation Reports

| Lp. | Nazwa czasopisma                                    | Autor/Autorzy  | Tytuł, rok, tom, strony / nr artykułu   | 5-letni IF | Punkty MEiN | Q  |
|-----|---|--|---|------------|-------------|----|
| 1.  | ACS SUSTAINABLE CHEMISTRY & ENGINEERING             | M. Wozniak-Karczewska, A. Parus, T. Ciesielski, A. Trzebny, R. Szumski, W. Wilms, J. Homa, <b>G. Framski</b> , <b>D. Baranowski</b> , R. Frankowski, A. Agola-Grzeskowiak, M. Niemczak, M. Dabert, A. Tancsics, L. Chrzanowski | Effect of Cation Sorption on 2,4-D Mobility of Herbicidal Ionic Liquids in Agricultural Soil Combined with Diversity of the Bacterial Community, 2022, 10, 12559–12568      | 9,458      | 140         | Q1 |
| 2.  | ACTA CRYSTALLOGRAPHICA SECTION D-STRUCTURAL BIOLOGY | <b>P.H. Malecki</b> , <b>B. Imiolczyk</b> , <b>J.F. Barciszewski</b> , J. Czyrko-Horczak, <b>J. Sliwiak</b> , <b>M. Gawel</b> , <b>K. Wozniak</b> , <b>M. Jaskolski</b> , <b>K. Brzezinski</b>                                 | Biochemical and structural insights into an unusual, alkali-metal-independent S-adenosyl-L-homocysteine hydrolase from Synechocystis sp. PCC 6803, 2022, 78, 865–882        | 6,009      | 100         | Q1 |
| 3.  | ACTA CRYSTALLOGRAPHICA SECTION D-STRUCTURAL BIOLOGY | J.I. Loch, A. Klonecka, K. Kadiolka, P. Bonarek, <b>J.F. Barciszewski</b> , <b>B. Imiolczyk</b> , <b>K. Brzezinski</b> , <b>M. Gilski</b> , <b>M. Jaskolski</b>  | Structural and biophysical studies of new L-asparaginase variants: lessons from random mutagenesis of the prototypic Escherichia coli Ntn-amidohydrolase, 2022, 78, 911–926 | 6,009      | 100         | Q1 |
| 4.  | ADVANCES IN ENGINEERING SOFTWARE                    | K. Halbiniak, R. Wyrzykowski, L. Szustak, A. Kulawik, <b>N. Meyer</b> , P. Gepner  | Performance exploration of various C/C++ compilers for AMD EPYC processors in numerical modeling of solidification, 2022, 166, 103078                                       | 8,153      | 140         | Q1 |

|     |                                     |   |  |        |     |    |
|-----|-------------------------------------|---|--|--------|-----|----|
| 5.  | ADVANCED SCIENCE                    | H. Ehrlich, <b>M. Luczak</b> , R. Ziganshin, I. Miksik, M. Wysokowski, P. Simon, I. Baranowska-Bosiacka, P. Kupnicka, A. Ereskovsky, R. Galli, S. Dyshlovoy, J. Fisher, K.R. Tabachnick, I. Petrenko, T. Jesionowski, A. Lubkowska, <b>M. Figlerowicz</b> , V.N. Ivanenko, A.P. Summers | Arrested in Glass: Actin within Sophisticated Architectures of Biosilica in Sponges, 2022, 9, 2105059  | 18,939 | 200 | Q1 |
| 6.  | ADVANCED SYNTHESIS & CATALYSIS      | S. Mkrtchyan, <b>M. Jakubczyk</b> , S. Lanka, M. Yar, T. Mahmood, K. Ayub, M. Sillanpaa, C.M. Thomas, V.O. Iaroshenko   | Mechanochemical Ni-Catalysed Arylation of Ortho-Hydroxyarylenaminones: Synthesis of Isoflavones, 2022, 364, 3512–3521  | 5,302  | 140 | Q1 |
| 7.  | AGRICULTURE-BASEL                   | M. Gawlowska, L. Lahut, L. Boros, <b>A. Sawikowska</b> , P. Kumar, M. Konopkiewicz, Z. Kaczmarek, W, Swiecicki  | Validation of Molecular Markers Significant for Flowering Time, Plant Lodging, Stem Geometry Properties, and Raffinose Family Oligosaccharides in Pea ( <i>Pisum sativum</i> L.), 2022, 12, 1125 | 3,459  | 100 | Q1 |
| 8.  | AMERICAN JOURNAL OF CANCER RESEARCH | T. Kubicki, K. Bednarek, M. Kostrzewska-Poczekaj, <b>M. Luczak</b> , K. Lewandowski, L. Gil, M. Jarmuz-Szymczak, D. Dytfeld   | Bortezomib- and carfilzomib-resistant myeloma cells show increased activity of all three arms of the unfolded protein response, 2022, 12, 3280–3293  | 6,083  | 100 | Q2 |
| 9.  | ANIMAL REPRODUCTION SCIENCE         | M. Rybska, M. Billert, M. Skrzypski, M. Kubiak, <b>M. Wozna-Wysocka</b> , A. Lukomska, J. Blaszczyk-Cichoszewska, M. Pomorska-Mol, B. Wasowska  | Canine cystic endometrial hyperplasia and pyometra may downregulate neuropeptide phoenixin and GPR173 receptor expression, 2022, 238, 106931   | 2,315  | 140 | Q2 |
| 10. | ANNALS OF HEMATOLOGY                | K. Lewandowski, Z. Kandula, M. Gniot, E. Paczkowska, P.M. Nawrocka,   | Essential thrombocythaemia progression to the fibrotic phase is associated with a decrease in JAK2 and PDL1 levels, 2022, 101, 2665–2677   | 3,605  | 70  | Q2 |

|     |  |   |  |       |     |    |
|-----|--|---|--|-------|-----|----|
|     |  | M. Wojtaszewska, M. Janowski,<br>M. Mariak, <b>L. Handschuh,</b><br><b>P. Kozlowski</b>   |  |       |     |    |
| 11. | ANTIOXIDANTS                           | <b>P. Pawelczak, A. Fedoruk-<br/>Wyszomirska, E. Wyszko</b>   | Antiaging Effect of 4-N-Furfurylcytosine in Yeast Model Manifests through Enhancement of Mitochondrial Activity and ROS Reduction, 2022, 11, 850   | 7,886 | 100 | Q1 |
| 12. | ANTIOXIDANTS                           | L. Kasprzak, <b>M. Twardawa,</b><br>P. Formanowicz,<br>D. Formanowicz   | The Mutual Contribution of 3-NT, IL-18, Albumin, and Phosphate Foreshadows Death of Hemodialyzed Patients in a 2-Year Follow-Up, 2022, 11, 355   | 7,886 | 100 | Q1 |
| 13. | APPLIED MICROBIOLOGY AND BIOTECHNOLOGY | <b>P. Machtel, A. Wasilewska-<br/>-Burczyk, J. Zacharjusz,<br/>K. Grzywacz</b>  | PTT-quant: a new method for direct identification and absolute quantification of premature transcription termination events, following the example of bacterial riboswitches, 2022, 106, 1557–1570 | 5,365 | 100 | Q1 |
| 14. | APPLIED SCIENCES-BASEL                 | <b>M. Ryczek, M. Pluta,<br/>L. Blaszczyk, A. Kiliszek</b>   | Overview of Methods for Large-Scale RNA Synthesis, 2022, 12, 1543  | 2,921 | 100 | Q2 |
| 15. | BIOINFORMATICS                         | B. Szawulak, <b>M. Radom,</b><br>P. Formanowicz   | Comparing Petri net-based models of biological systems using Holmes, 2022, 38, 465–4653  | 8,778 | 200 | Q1 |
| 16. | BIOINFORMATICS                         | M. Piernik, <b>D. Brzezinski,</b><br>P. Sztromwasser, K. Pacewicz,<br>W. Majer-Burman, M. Gniot,<br>D. Sielski, O. Bryzghalov,<br>A. Wozna, P. Zawadzki | DBFE: distribution-based feature extraction from structural variants in whole-genome data, 2022, 38, 4466–4473   | 8,778 | 200 | Q1 |
| 17. | BIOINFORMATICS                         | M. Zurkowski, T. Zok,<br><b>M. Szachniuk</b>  | DrawTetrado to create layer diagrams of G4 structures, 2022, 38, 3835–3826   | 8,778 | 200 | Q1 |
| 18. | BIOINFORMATICS                         | J. Wiedemann, J. Kaczor,<br><b>M. Milostan, J. Blazewicz,<br/>M. Szachniuk, M. Antczak</b>  | RNAloops: a database of RNA multiloops, 2022, 38, 4200–4205  | 8,778 | 200 | Q1 |

|     |                 |   |   |       |     |    |
|-----|-----------------|---|---|-------|-----|----|
| 19. | BIOINFORMATICS  | B. Adamczyk, <b>M. Antczak</b> ,<br><b>M. Szachniuk</b>   | RNAsoLo: a repository of cleaned PDB-derived RNA 3D structures, 2022, 38, 3668–3670   | 8,778 | 200 | Q1 |
| 20. | BIOLOGY – BASEL | D. Formanowicz, <b>M. Radom</b> ,<br><b>A. Rybarczyk</b> , K. Tanas,<br><b>P. Formanowicz</b>   | Control of Cholesterol Metabolism Using a Systems Approach, 2022, 11, 430   | 5,168 | 100 | Q1 |
| 21. | BIOMEDICINES    | J. Kaszynski, P. Bakowski,<br>B. Kiedrowski, L. Stolowski,<br><b>A. Wasilewska-Burczyk</b> ,<br><b>K. Grzywacz</b> , <b>T. Piontek</b>  | Intra-Articular Injections of Autologous Adipose Tissue or Platelet-Rich Plasma Comparably Improve Clinical and Functional Outcomes in Patients with Knee Osteoarthritis, 2022, 10, 684 | 5,225 | 100 | Q2 |
| 22. | BIOMEDICINES    | <b>A. Swiatkowska</b>   | p53 and Its Isoforms in Renal Cell Carcinoma-Do They Matter?, 2022, 10, 1330  | 5,225 | 100 | Q2 |
| 23. | BIOMOLECULES    | F. Morani, S. Doccini, D. Galatolo,<br>F. Pezzini, R. Soliymani,<br>A. Simonati, <b>M.M. Lalowski</b> ,<br>F. Gemignani, F.M. Santorelli  | Integrative Organelle-Based Functional Proteomics: In Silico Prediction of Impaired Functional Annotations in SACS KO Cell Model, 2022, 12, 1024  | 6,191 | 100 | Q2 |
| 24. | BIOMOLECULES    | A. Majewska, K. Brodaczevska,<br>A. Filipiak-Duliban, <b>A. Kajdasz</b> ,<br>C. Kieda   | miRNA Pattern in Hypoxic Microenvironment of Kidney Cancer-Role of PTEN, 2022, 12, 686  | 6,191 | 100 | Q2 |
| 25. | CANCERS         | C. Ciardullo, K. Szoltysek,<br>P. Ahou, M. Pietrowska,<br><b>L. Marczak</b> , E. Willmore,<br>A. Enshaei, A. Walaszczyk,<br>J.Y. Ho, V. Rand, S. Marshall,<br>A.G. Hall, C.J. Harrison,<br>M. Soundararajan, J. Eswaran | Low BACH2 Expression Predicts Adverse Outcome in Chronic Lymphocytic Leukaemia, 2022, 14, 23  | 6,886 | 140 | Q1 |
| 26. | CANCERS         | <b>U. Strybel</b> , <b>L. Marczak</b> ,<br>M. Zeman, K. Polanski,<br>L. Mielanczyk, O. Klymenko,<br><b>A. Samelak-Czajka</b> ,<br><b>P. Jackowiak</b> , M. Smolarz,<br>M. Chekan, E. Zembala-                           | Molecular Composition of Serum Exosomes Could Discriminate Rectal Cancer Patients with Different Responses to Neoadjuvant Radiotherapy, 2022, 14, 993                                   | 6,886 | 140 | Q1 |

|     |                               |  |   |       |     |    |
|-----|-------------------------------|--|---|-------|-----|----|
|     |                               | -Nozynska, P. Widlak,<br>M. Pietrowska, <b>A. Wojakowska</b>   |   |       |     |    |
| 27. | CANCER CELL<br>INTERNATIONAL  | D. Pietkiewicz, S. Plewa,<br><b>M. Zaborowski</b> , T.J. Garrett,<br>E. Matuszewska, Z.J. Kokot,<br>J. Matysiak  | Mass spectrometry imaging in gynecological cancers:<br>the best is yet to come, 2022, 22, 414   | 5,999 | 100 | Q2 |
| 28. | CANCER PREVENTION<br>RESEARCH | <b>M. Suszynska</b> , M. Ratajska,<br><b>P. Galka-Marciniak</b> ,<br><b>A. Ryszkowska</b> , D. Wydra,<br>J. Debniak, A. Jasiak, B. Wasag,<br>C. Cybulski, <b>P. Kozlowski</b>  | Variant Identification in BARD1, PRDM9, RCC1, and<br>RECQL in Patients with Ovarian Cancer by Targeted<br>Next-generation Sequencing of DNA Pools, 2022, 15,<br>151-160 | 4,317 | 140 | Q3 |
| 29. | CELLS                         | <b>M. Karwacka</b> , <b>M. Olejniczak</b>  | Advances in Modeling Polyglutamine Diseases Using<br>Genome Editing Tools, 2022, 11, 517  | 7,677 | 140 | Q2 |
| 30. | CELLS                         | M. Michalak, B.P. Plitta-Michalak,<br><b>M.Z. Naskret-Barciszewska</b> ,<br><b>J. Barciszewski</b> , P. Chmielarz  | DNA Methylation as an Early Indicator of Aging in<br>Stored Seeds of "Exceptional" Species Populus nigra<br>L., 2022, 11, 2080  | 7,677 | 140 | Q2 |
| 31. | CELLS                         | <b>P. Joachimiak</b> , <b>A. Ciesiolka</b> ,<br><b>G. Figura</b> , <b>A. Fiszer</b>  | Implications of Poly(A) Tail Processing in Repeat<br>Expansion Diseases, 2022, 11, 677  | 7,677 | 140 | Q2 |
| 32. | CELLS                         | S. Doccini, M. Marchese,<br>F. Morani, N. Gammaldi, S. Mero,<br>F. Pezzini, R. Soliymani, M. Santi,<br>G. Signore, A. Ogi, S. Rocchiccioli,<br>K.M. Kanninen, A. Simonati,<br><b>M.M. Lalowski</b> , F.M. Santorelli | Lysosomal Proteomics Links Disturbances in Lipid<br>Homeostasis and Sphingolipid Metabolism to CLN5<br>Disease, 2022, 11, 1840  | 7,677 | 140 | Q2 |
| 33. | CELLS                         | <b>A. Piasecka</b> , <b>A. Sawikowska</b> ,<br>N. Witaszak, A. Waskiewicz,<br>M. Kanczurzewska, J. Kaczmarek,<br><b>J. Lalak-Kanczugowska</b>  | Metabolomic Aspects of Conservative and Resistance-<br>Related Elements of Response to Fusarium culmorum<br>in the Grass Family, 2022, 11, 3213                         | 7,677 | 140 | Q2 |

|     |   |  |  |       |     |    |
|-----|---|--|--|-------|-----|----|
| 34. | CHEMBIOCHEM   | <b>J. Lisowiec-Wachnicka</b> ,<br>M.B. Danielsen, <b>E.A. Nader</b> ,<br>P.T. Jorgensen, J. Wengel,<br><b>A. Pasternak</b>   | Evaluation of Gene Expression Knock-Down<br>by Chemically and Structurally Modified Gamper<br>Antisense Oligonucleotides, 2022, 23, e202200168   | 3,167 | 70  | Q3 |
| 35. | CHEMICAL<br>COMMUNICATIONS                                  | G. Siemaszko, A. Hryniewiecka,<br>J. Brezcko, <b>K. Brzezinski</b> ,<br>M.E. Plonska-Brzezinska  | Carbon nano-onion induced organization<br>of polyacrylonitrile-derived block star polymers<br>to obtain mesoporous carbon materials, 2022, 58<br>6829–6832   | 5,976 | 200 | Q2 |
| 36. | CHEMISTRY – A<br>EUROPEAN JOURNAL                           | <b>W. Andralojc</b> ,<br><b>J. Wieruszewska</b> , <b>K. Pasternak</b> ,<br><b>Z. Gdaniec</b>   | Solution Structure of a Lanthanide-binding DNA<br>Aptamer Determined Using High Quality<br>pseudocontact shift restraints, 2022, 28, e202202114  | 4,822 | 140 | Q2 |
| 37. | COMPUTATIONAL AND<br>STRUCTURAL<br>BIOTECHNOLOGY<br>JOURNAL | <b>M. Machowska</b> , <b>P. Galka-</b><br><b>-Marciniak</b> , <b>P. Kozlowski</b>  | Consequences of genetic variants in miRNA genes,<br>2022, 20, 6443–6457  | 6,836 | 100 | Q1 |
| 38. | COMPUTATIONAL AND<br>STRUCTURAL<br>BIOTECHNOLOGY<br>JOURNAL | <b>M. Ruszkowski</b> , G. Forlani  | Deciphering the structure of Arabidopsis thaliana<br>5-enol-pyruvyl-shikimate-3-phosphate synthase:<br>An essential step toward the discovery of novel<br>inhibitors to supersede glyphosate, 2022, 20,<br>1494–1505 | 6,836 | 100 | Q1 |
| 39. | COMPUTER<br>COMMUNICATIONS                                  | S. Fdida, N. Makris, T. Korakis,<br>R. Bruno, A. Passarella,<br>P. Andreou, <b>B. Belter</b> , C. Crettaz,<br>W. Dabbous, Y. Demchenko,<br>R. Knopp  | SLICES, a scientific instrument for the networking<br>community, 2022, 193, 189–203  | 4,07  | 140 | Q1 |
| 40. | DIVERSITY   | B. Jackowiak, <b>M. Lawenda</b> ,<br>M.M. Nowak, <b>P. Wolniewicz</b> ,<br>J. Bloszyk, M. Urbaniak,<br>P. Szkudlarz, <b>D. Jedrasiak</b> ,<br>J. Wiland-Szymanska,<br>R. Bajaczyk, <b>N. Meyer</b> | Open Access to the Digital Biodiversity Database:<br>A Comprehensive Functional Model of the Natural<br>History Collections, 2022, 14, 596   | 2.906 | 70  | Q2 |



|     |   |   |   |       |     |    |
|-----|---|---|---|-------|-----|----|
| 41. | DRUG DELIVERY                               | A. Nowicki, <b>D. Wawrzyniak</b> , M. Czajkowski, M. Jozkowiak, M. Pawlak, M. Wierzchowski, <b>K. Rolle</b> , P. Skupin-Mrugalska, H. Piotrowska-Kempisty | Enhanced biological activity of liposomal methylated resveratrol analog 3'-hydroxy-3,4,5,4'-tetra-methoxystilbene (DMU-214) in 3D patient-derived ovarian cancer model, 2022, 29, 2459–2468         | 7,060 | 100 | Q1 |
| 42. | DYES AND PIGMENTS                           | P. Skupin-Mrugalska, T. Koczorowski, W. Szczolko, J. Długaszewska, <b>A. Teubert</b> , H. Piotrowska-Kempisty, T. Goslinski, L. Sobotta                   | Cationic porphyrazines with morpholinoethyl substituents – Syntheses, optical properties, and photocytotoxicities, 2022, 197, 109937  | 4,360 | 100 | Q1 |
| 43. | ECOLOGICAL INDICATORS                       | <b>N. Makowska-Zawierucha</b> , J. Mokracka, M. Malecka, P. Balazy, M. Chelchowski, D. Ignatiuk, K. Zawierucha  | Quantification of class 1 integrons and characterization of the associated gene cassettes in the high Arctic – Interplay of humans and glaciers in shaping the aquatic resistome, 2022, 145, 109633 | 6,643 | 140 | Q1 |
| 44. | ENTROPY                                     | J. Synak, <b>A. Rybarczyk</b> , <b>J. Blazewicz</b>   | RNA World Modeling: A Comparison of Two Complementary Approaches, 2022, 24, 536   | 2,642 | 100 | Q2 |
| 45. | FRONTIERS IN CELL AND DEVELOPMENTAL BIOLOGY | L.L. Wnag, P. Mohanasundaram, M. Lindstrom, M.N. Asghar, G. Sultana, <b>J.O. Misiorek</b> , Y.M. Jiu, H.B. Chen, D.M. Toivola, F. Cheng, J.E. Eriksson    | Vimentin Suppresses Inflammation and Tumorigenesis in the Mouse Intestine, 2022, 10, 862237   | 6,576 | 100 | Q1 |
| 46. | FRONTIERS IN IMMUNOLOGY                     | <b>A.J. Jasinska</b> , I. Pandrea, C. Apetrei   | CCR5 as a Coreceptor for Human Immunodeficiency Virus and Simian Immunodeficiency Viruses: A Prototypic Love-Hate Affair, 2022, 13, 835994  | 8,877 | 140 | Q1 |
| 47. | FRONTIERS IN MOLECULAR NEUROSCIENCE         | <b>M. Surdyka</b> , <b>E. Jesion</b> , A. Niewiadomska-Cimicka, Y. Trottier, <b>Z. Kalinowska-Poska</b> , <b>M. Figiel</b>                                | Selective transduction of cerebellar Purkinje and granule neurons using delivery of AAV-PHP.eB and AAVrh10 vectors at axonal terminal locations, 2022, 15, 947490                                   | 6,187 | 140 | Q1 |
| 48. | FRONTIERS IN MOLECULAR BIOSCIENCES          | <b>A. Ruszkowska</b> , Y.Y. Zheng, S. Mao, <b>M. Ruszkowski</b> , J. Sheng  | Structural Insights Into the 5'UG/3'GU Wobble Tandem in Complex With Ba <sup>2+</sup> Cation, 2022, 8, 762786   | 6,122 | 140 | Q1 |

|     |                                    |   |  |       |     |    |
|-----|------------------------------------|---|--|-------|-----|----|
| 49. | FRONTIERS IN ONCOLOGY              | A.M. Barciszewska, <b>A. Belter</b> , <b>I. Gawronska</b> , <b>M. Giel-Pietraszuk</b> , <b>M.Z. Naskret-Barciszewska</b>  | Cross-reactivity between histone demethylase inhibitor valproic acid and DNA methylation in glioblastoma cell lines, 2022, 12, 1033035             | 6,122 | 100 | Q2 |
| 50. | FRONTIERS IN PLANT SCIENCE         | <b>A. Zmienko</b> , <b>P. Wojciechowski</b> , <b>M. Figlerowicz</b>   | Editorial: Resolving the Complexity of Plant Genomes and Transcriptomes With Long Reads, 2022, 12, 832257  | 7,255 | 100 | Q1 |
| 51. | FUNCTIONAL PLANT BIOLOGY           | <b>G. Singh</b> , S. Sharma, S. Rawat, R.K. Sharma  | Plant Specialised Glycosides (PSGs): their biosynthetic enzymatic machinery, physiological functions and commercial potential, 2022, 49, 1009–1028 | 3,291 | 100 | Q2 |
| 52. | FUTURE GENERATION COMPUTER SYSTEMS | J. Ejarque, R.M. Badia, L. Albertin, G. Aloisio, E. Baglione, Y. Becerra, S. Boschert, J.R. Berlin, A. D'Anca, D. Elia, F. Exertier, S. Fiore, J. Flich, A. Folch, S.J. Gibbons, N. Koldunov, F. Lordan, S. Lorito, F. Lovholt, J. Macias, F. Marozzo, A. Michelini, M. Monterrubio-Velasco, M. Pienkowska, J. de la Puente, A. Queralt, E.S. Quintana-Orti, J.E. Rodriguez, F. Romano, R. Rossi, J. Rybicki, <b>M. Kupczyk</b> , J. Selva, D. Talia, R. Tonini, P. Trunfio, M. Volpe | Enabling dynamic and intelligent workflows for HPC, data analytics, and AI convergence, 2022, 134, 414–429   | 6,95  | 140 | Q1 |
| 53. | GEROSCIENCE                        | <b>A.J. Jasinska</b> , 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,  | Epigenetic clock and methylation studies in vervet monkeys, 2022, 44, 699–717  | 7,608 | 100 | Q1 |

|     |   |   |  |       |     |    |
|-----|---|---|--|-------|-----|----|
|     |   | N.B. Freimer, P.R. Woods,<br>S. Horvath   |  |       |     |    |
| 54. | GM CROPS & FOOD-<br>BIOTECHNOLOGY IN<br>AGRICULTURE AND<br>THE FOOD CHAIN     | <b>E. Wozniak-Gientka,</b><br><b>A. Tyczewska,</b> M. Perisic,<br>A. Beniermann, D. Eriksson,<br>N. Vangheluwe, G. Godelive,<br>S. Cetiner, N. Abiri,<br><b>T. Twardowski</b> | Public perception of plant gene technologies<br>worldwide in the light of food security, 2022, 13,<br>218–241  | 4,100 | 70  | Q2 |
| 55. | HUMAN GENETICS  | A. Kumari, S. Sedehizadeh,<br>J.D. Brook, <b>P. Kozłowski,</b><br><b>M. Wojciechowska</b>   | Differential fates of introns in gene expression due<br>to global alternative splicing, 2022, 141, 31–47   | 6,099 | 100 | Q1 |
| 56. | INTERNATIONAL<br>JOURNAL OF<br>BIOLOGICAL<br>MACROMOLECULES                   | <b>M. Grzechowiak,</b><br><b>A. Ruszkowska, J. Sliwiak,</b><br><b>A. Urbanowicz, M. Jaskolski,</b><br><b>M. Ruszkowski</b>  | New Aspects of DNA Recognition by Group II WRKY<br>Transcription Factor Revealed by Structural and<br>Functional Study of AtWRKY18 DNA Binding Domain,<br>2022, 213, 589–601 | 6,628 | 100 | Q1 |
| 57. | INTERNATIONAL<br>JOURNAL OF<br>ENVIRONMENTAL<br>RESEARCH AND<br>PUBLIC HEALTH | <b>M. Twardawa,</b> P. Formanowicz,<br>D. Formanowicz   | Chronic Kidney Disease as a Cardiovascular Disorder-<br>Tonometry Data Analyses, 2022, 19, 12339   | 4,799 | 140 | Q1 |
| 58. | INTERNATIONAL<br>JOURNAL OF<br>MOLECULAR SCIENCES                             | <b>D. Magner, R. Nowak,</b><br><b>E. Lenartowicz Onyekaa,</b><br><b>A. Pasternak, R. Kierzek</b>  | A structural Potential of Rare Trinucleotide Repeat<br>Tracts in RNA, 2022, 23, 5850   | 6,628 | 140 | Q1 |
| 59. | INTERNATIONAL<br>JOURNAL OF<br>MOLECULAR SCIENCES                             | A. Ivanov, D. Mattei,<br>K. Radscheit, A.C. Compagnion,<br>J.P. Pett, H. Herzel, R.C. Paolicelli,<br><b>M. Piwecka,</b> U. Meyer, D. Beule                                    | Analyses of circRNA Expression throughout<br>the Light-Dark Cycle Reveal a Strong Regulation<br>of Cdr1as, Associated with Light Entrainment<br>in the SCN, 2022, 23, 12347  | 6,628 | 140 | Q1 |
| 60. | INTERNATIONAL<br>JOURNAL OF<br>MOLECULAR SCIENCES                             | F. Dussart, <b>D. Jakubczyk</b>   | Biosynthesis of Rubellins in Ramularia collo-cygni-<br>Genetic Basis and Pathway Proposition, 2022, 23,<br>3475  | 6,628 | 140 | Q1 |

|     |   |  |  |       |     |    |
|-----|---|--|--|-------|-----|----|
| 61. | INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES | <b>M. Kazimierczyk, M. Wojnicka, E. Biala, P. Zydowicz-Machtel, B. Imiolczyk, T. Ostrowski, A. Kurzynska-Kokorniak, J. Wrzesinski</b>  | Characteristics of Transfer RNA-Derived Fragments Expressed during Human Renal Cell Development: The Role of Dicer in tRF Biogenesis, 2022, 23, 3644         | 6,628 | 140 | Q1 |
| 62. | INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES | <b>J. Gumna, M. Antczak, R.W. Adamiak, J.M. Bujnicki, S.J. Chen, F. Ding, P. Ghosh, J. Li, S. Mukherjee, C. Nithin, K. Pachulska-Wieczorek, A. Ponce-Salvatierra, M. Popena, J. Sarzynska, T. Wirecki, D. Zhang, S. Zhang, T. Zok, E. Westhof, Z. Miao, M. Szachniuk, A. Rybarczyk</b> | Computational Pipeline for Reference-Free Comparative Analysis of RNA 3D Structures Applied to SARS-CoV-2 UTR Models, 2022, 23, 9630                         | 6,628 | 140 | Q1 |
| 63. | INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES | M. Gabryel-Skrodzka, M. Nowak, <b>A. Teubert</b> , R. Jastrzab   | Coordination Chemistry of Phosphate Groups in Systems Including Copper(II) Ions, Phosphoethanolamine and Pyrimidine Nucleotides, 2022, 23, 13718             | 6,628 | 140 | Q1 |
| 64. | INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES | S. Rykowski, <b>D. Gurda-Wozna, M. Orlicka-Plocka, A. Fedoruk-Wyszomirska, M. Giel-Pietraszuk, E. Wyszko, A. Kowalczyk, P. Staczek, K. Biniek-Antosiak, W. Rypniewski</b> , A.B. Olejniczak  | Design of DNA Intercalators Based on 4-Carboranyl-1,8-Naphthalimides: Investigation of Their DNA-Binding Ability and Anticancer Activity, 2022, 23, 4598     | 6,628 | 140 | Q1 |
| 65. | INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES | E. Ilaslan, K. Kwiatkowska, M.J. Smialek, M.P. Sajek, Z. Lemanska, M. Alla, <b>D.M. Janecki</b> , J. Jaruzelska, K. Kusz-Zamelczyk   | Distinct Roles of NANOS1 and NANOS3 in the Cell Cycle and NANOS3-PUM1-FOXO1 Axis to Control G2/M Phase in a Human Primordial Germ Cell Model, 2022, 23, 6592 | 6,628 | 140 | Q1 |

|     |   |   |  |       |     |    |
|-----|---|---|--|-------|-----|----|
| 66. | INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES | <b>M. Nalewaj, M. Szabat</b>  | Examples of Structural Motifs in Viral Genomes and Approaches for RNA Structure Characterization, 2022, 23, 15917  | 6,628 | 140 | Q1 |
| 67. | INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES | J. Wisniewski, <b>J.F. Barciszewski</b> , J. Turlik, K. Baran, P. Duda, <b>M. Jakolski</b> , D. Rakus   | High-Resolution Crystal Structure of Muscle Phosphoglycerate Mutase Provides Insight into Its Nuclear Import and Role, 2022, 23, 13198                       | 6,628 | 140 | Q1 |
| 68. | INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES | E. Iłowska, <b>J.F. Barciszewski</b> , <b>M. Jaskolski</b> , A. Molinski, M. Kozak, A. Szymanska  | Identification of a Steric Zipper Motif in the Amyloidogenic Core of Human Cystatin C and Its Use for the Design of Self-Assembling Peptides, 2022, 23, 5800 | 6,628 | 140 | Q1 |
| 69. | INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES | K. Gutowska, D. Formanowicz, <b>P. Formanowicz</b>  | Interrelations between Iron and Vitamin A-Studied Using Systems Approach, 2022, 23, 1189   | 6,628 | 140 | Q1 |
| 70. | INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES | D. Lazewski, M. Kucinska, E. Potapkiy, J. Kuzminska, A. Tezyk, L. Popena, S. Jurga, <b>A. Teubert, Z. Gdaniec</b> , J. Kujawski, K. Grzyb, T. Pedzinski, M. Murias, M. Wierzchowski | Novel Short PEG Chain-Substituted Porphyrins: Synthesis, Photochemistry, and In Vitro Photodynamic Activity against Cancer Cells, 2022, 23, 10029            | 6,628 | 140 | Q1 |
| 71. | INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES | <b>B. Szutkowska, K. Wieczorek, R. Kierzek, P. Zmora</b> , J.M. Peterson, W.N. Moss, D.H. Mathews, <b>E. Kierzek</b>  | Secondary Structure of Influenza A Virus Genomic Segment 8 RNA Folded in a Cellular Environment, 2022, 23, 2452  | 6,628 | 140 | Q1 |
| 72. | INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES | A. Filipiak-Duliban, K. Brodaczewska, <b>A. Kajdasz</b> , C. Kieda  | Spheroid Culture Differentially Affects Cancer Cell Sensitivity to Drugs in Melanoma and RCC Models, 2022, 23, 1166  | 6,628 | 140 | Q1 |
| 73. | INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES | <b>J. Szpotkowska, K. Szpotkowski, J. Ciesiolka</b>   | Structural Characteristics of the 5'-Terminal Region of Mouse p53 mRNA and Identification of Proteins That Bind to This mRNA Region, 2022, 23, 9709          | 6,628 | 140 | Q1 |

|     |   |  |  |       |     |    |
|-----|---|--|--|-------|-----|----|
| 74. | INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES | K. Sutor-Swiezy, M. Antonik, E. Dzedzic, M. Bieniasz, P. Mielczarek, L. Popena, <b>K. Pasternak</b> , M. Tyszka-Czochara, S. Wybraniec                   | Structural Studies on Diverse Betacyanin Classes in Matured Pigment-Rich Fruits of <i>Basella alba</i> L. and <i>Basella alba</i> L. var. 'Rubra' (Malabar Spinach), 2022, 23, 11243 | 6,628 | 140 | Q1 |
| 75. | INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES | <b>K. Biniak-Antosiak, M. Bejger, J. Sliwiak, D. Baranowski</b> , A.S.A. Mohammed, D.I. Svergun, <b>W. Rypniewski</b>                                    | Structural, Thermodynamic and Enzymatic Characterization of N,N-Diacetylchitobiose Deacetylase from <i>Pyrococcus chitonophagus</i> , 2022, 23, 15736                                | 6,628 | 140 | Q1 |
| 76. | INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES | J.J. Rybczynski, <b>L. Marczak, M. Stobiecki, A. Strugala</b> , A. Mikula  | The Metabolite Content of the Post-Culture Medium of the Tree Fern <i>Cyathea delgadii</i> Sternb. Cell Suspension Cultured in the Presence of 2,4-D and BAP, 2022, 23, 11783        | 6,628 | 140 | Q1 |
| 77. | INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES | T. Dyrda-Terniuk, M. Sugajski, O. Pryshchepa, <b>J. Sliwiak</b> , M. Buszewska-Forajta, P. Pomastowski, B. Buszewski                                     | The Study of Protein-Cyclitol Interactions, 2022, 23, 2940   | 6,628 | 140 | Q1 |
| 78. | ISCIENCE                                    | <b>I. Stolarek, A. Samelak-Czajka, M. Figlerowicz, P. Jackowiak</b>  | Dimensionality reduction by UMAP for visualizing and aiding in classification of imaging flow cytometry data, 2022, 25, 105142   | 6,233 | 20  | Q1 |
| 79. | IUCRJ                                       | J.I. Loch, <b>J.F. Barciszewski, J. Sliwiak</b> , P. Bonarek, P. Wrobel, <b>K. Pokrywka</b> , I.G. Shabalin, W. Minor, <b>M. Jaskolski</b> , K. Lewinski | New ligand-binding sites identified in the crystal structures of $\beta$ -lactoglobulin complexes with desipramine, 2022, 9, 386–398   | 5,439 | 140 | Q1 |
| 80. | JOURNAL OF AGRONOMY AND CROP SCIENCE        | <b>J. Kuczynski, J. Gracz-Bernaciak, T. Twardowski</b> , W.M. Karlowski, <b>A. Tyczewska</b>   | Cold stress-induced miRNA and degradome changes in four soybean varieties differing in chilling resistance, 2022, 208, 777–794   | 4,859 | 140 | Q1 |
| 81. | JOURNAL OF APPLIED CRYSTALLOGRAPHY          | B. Naskrecki, <b>M. Jaskolski</b> , Z. Dauter  | The Euler characteristic as a basis for teaching topology concepts to crystallographers, 2022, 55, 154–167   | 4,475 | 100 | Q1 |

|     |  |  |   |        |     |    |
|-----|--|--|---|--------|-----|----|
| 82. | JOURNAL OF BIOMOLECULAR STRUCTURE AND DYNAMICS | <b>A. Belter, M. Popena</b> , M. Sajek, T. Wozniak, <b>M.Z. Naskret-Barciszewska, M. Szachniuk</b> , S. Jurga, <b>J. Barciszewski</b>      | A new molecular mechanism of RNA circularization and the microRNA sponge formation, 2022, 40, 3038–3045   | 4,297  | 70  | Q1 |
| 83. | JOURNAL OF CELL SCIENCE                        | B.B. Boumelhem, C. Pilgrim, V.E. Zwicker, <b>J.L. Kolanowski</b> , 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, 2022, 135, jsc258322  | 6,129  | 140 | Q2 |
| 84. | JOURNAL OF CELLULAR AND MOLECULAR MEDICINE     | <b>M. Grabowska, K. Kuczynski, M. Piwecka</b> , A. Rabiasz, <b>P. Glodowicz, D. Wawrzyniak</b> , M. Lekka, <b>K. Rolle</b>                 | miR-218 affects the ECM composition and cell biomechanical properties of glioblastoma cells, 2022, 26, 3913–3930  | 5,565  | 100 | Q2 |
| 85. | JOURNAL OF COMPUTER-AIDED MOLECULAR DESIGN     | N. Dutta, I. Deb, <b>J. Sarzynska</b> , A. Lahiri  | Data-informed reparameterization of modified RNA and the effect of explicit water models: application to pseudouridine and derivatives, 2022, 36, 205–224   | 3,897  | 70  | Q2 |
| 86. | JOURNAL OF ENVIRONMENTAL CHEMICAL ENGINEERING  | A. Parus, N. Lisiecka, J. Zembrzuska, <b>G. Framski</b> , M. Wozniak-Karczewska, M. Niemczak   | Evaluation of the influence of different cations on the mobility and performance of dicamba-based ionic liquids, 2022, 10, 108397   | 7,317  | 100 | Q1 |
| 87. | JOURNAL OF FUNCTIONAL BIOMATERIALS             | P. Bakowski, <b>K. Grzywacz</b> , A. Prusinska, K. Ciemieniewska-Gorzela, J. Gille, T. Piontek   | Autologous Matrix-Induced Chondrogenesis (AMIC) for Focal Chondral Lesions of the Knee: A 2-Year Follow-Up of Clinical, Proprioceptive, and Isokinetic Evaluation, 2022, 13, 277                                      | 6,07   | 100 | Q2 |
| 88. | JOURNAL OF HAZARDOUS MATERIALS                 | J. Zdarta, K. Jankowska, <b>U. Strybel, L. Marczak</b> , L.N. Nguyen, P. Oleskowicz-Popiel, T. Jesionowski                                 | Bioremoval of estrogens by laccase immobilized onto polyacrylonitrile/polyethersulfone material: Effect of inhibitors and mediators, process characterization and catalytic pathways determination, 2022, 432, 128688 | 12,984 | 200 | Q1 |

|     |   |  |  |        |     |    |
|-----|---|--|--|--------|-----|----|
| 89. | JOURNAL OF MOLECULAR BIOLOGY                          | <b>M. Szabat, M. Prochota, R. Kierzek, E. Kierzek,</b><br>D.H. Mathews   | A Test and Refinement of Folding Free Energy Nearest Neighbor Parameters for RNA Including N-6-Methyladenosine, 2022, 434, 167632                | 6,501  | 140 | Q1 |
| 90. | JOURNAL OF MOLECULAR STRUCTURE                        | <b>D. Baranowski, J. Boryski, T. Ostrowski</b>   | 7-( $\beta$ -d-Ribofuranosyl)-3-methylguanine: Synthesis from guanine and comparative multinuclear NMR studies, 2022, 1250, 131911               | 3,138  | 70  | Q3 |
| 91. | JOURNAL OF NEUROCHEMISTRY                             | <b>U. Kozłowska, C. Nicols, K. Wiatr, M. Figiel</b>  | From psychiatry to neurology: Psychedelics as prospective therapeutics for neurodegenerative disorders, 2022, 162, 89–108                        | 6,066  | 140 | Q2 |
| 92. | JOURNAL OF NEUROLOGY                                  | S. Sedehizadeh,<br><b>M. Wojciechowska,</b> A. Ketley,<br>J.D. Brook, P. Madison   | Splicing in two skeletal muscle transcripts correlates with clinical phenotype in myotonic dystrophy type 1 patients, 2022, 269, 2784–2787       | 6,174  | 100 | Q1 |
| 93. | JOURNAL OF SCHEDULING                                 | Y. Wang, X. Han, Y. Zhang,<br><b>J. Blazewicz</b>  | An improved approximation algorithm for a scheduling problem with transporter coordination, 2022, 38, 4466–4473                                  | 2,269  | 70  | Q3 |
| 94. | JOURNAL OF THE AMERICAN CHEMICAL SOCIETY              | <b>M. Jakubczyk,</b> S. Mkrtychyan,<br>M. Shkoor, S. Lanka, S. Budzak,<br>M. Ilias, M. Skorsepa,<br>V.O. Iaroshenko                              | Mechanochemical Conversion of Aromatic Amines to Aryl Trifluoromethyl Ethers, 2022, 144, 10438–10445   | 16,289 | 200 | Q1 |
| 95. | KNEE SURGERY<br>SPORTS<br>TRAUMATOLOGY<br>ARTHROSCOPY | P. Bakowski, <b>K. Bakowska-Zywicka,</b> K. Ciemniowska-Gorzela, T. Piontek  | Meniscectomy is still a frequent orthopedic procedure: a pending need for education on the meniscus treatment possibilities, 2022, 30, 1430–1435 | 4,407  | 100 | Q1 |
| 96. | LIFE SCIENCE ALLIANCE                                 | <b>B. Uszczyńska-Ratajczak,</b><br>S. Sugunan, <b>M. Kwiatkowska,</b><br>M. Migdal, S. Carbonell-Sala,<br>A. Sokol, C.L. Winata,<br>A. Chacinska | Profiling subcellular localization of nuclear-encoded mitochondrial gene products in zebrafish, 2022, 6, e202201514                              | 5,654  | 40  | Q1 |



|      |                                  |  |   |       |     |    |
|------|----------------------------------|--|---|-------|-----|----|
| 97.  | METABOLITES                      | J. Idkowiak, G. Kubiak-Tomaszewska, P. Gaterek, <b>L. Marczak</b> , J. Kaluzna-Czaplinska, W. Tarnowski, M. Uryszek, B. Bobrowska-Korczak  | Alterations in Blood Plasma Metabolome of Patients with Lesniowski-Crohn's Disease Shortly after Surgical Treatment – Pilot Study, 2022, 12, 529  | 5,531 | 100 | Q2 |
| 98.  | MICROBIOLOGY SPECTRUM            | A.E. Asangba, L. Mugisha, J. Rukundo, R.J. Lewis, A. Halajian, L. Cortes-Ortiz, R.E. Junge, M.T. Irwin, J. Karlson, A. Perkin, M. Watsa, G. Erkenwick, K.L. Bales, D.L. Patton, <b>A.J. Jasinska</b> , E. Fernandez-Duque, S.R. Leigh, R.M. Stumpf   | Large Comparative Analyses of Primate Body Site Microbiomes Indicate that the Oral Microbiome Is Unique among All Body Sites and Conserved among Nonhuman Primates, 2022, 10, e01643–21 | 8,113 | 100 | Q1 |
| 99.  | MICROORGANISMS                   | G. Forlani, G. Sabbioni, <b>M. Ruszkowski</b>  | Functional Characterization of <i>Saccharomyces cerevisiae</i> P5C Reductase, the Enzyme at the Converging Point of Proline and Arginine Metabolism, 2022, 10, 2077                     | 5,143 | 40  | Q2 |
| 100. | MICROPROCESSORS AND MICROSYSTEMS | G. Agosta, M. Aldinucci, C. Alvarez, R. Ammendola, Y. Arfat, O. Beaumont, M. Bernaschi, A. Biagioni, T. Boccali, B. Bramas, C. Brandolese, B. Cantalupo, M. Carrozzo, D. Cattaneo, A. Celestini, M. Celino, I. Colonnelli, P. Cretaro, P. D'Ambra, M. Danelutto, R. Esposito, L. Eyraud-Dubois, A. Filgueras, W. Fornaciari, O. Frezza, A. Galimberti, F. Giacomini, B. Goglin, D. | Towards EXtreme scale technologies and accelerators for euROhpc hw/Sw supercomputing applications for exascale: The TEXTAROSSA approach. 2022, 95, 104679                               | 2,438 | 40  | Q2 |

|      |                                   |   |  |       |     |    |
|------|-----------------------------------|---|--|-------|-----|----|
|      |                                   | Gregori, A. Guermouche, F. Iannone, <b>M. Kulczewski</b> , F. Lo Cicero, A. Lonardo, A.R. Martinelli, M. Martinelli, X. Martorell, G. Massari, S. Montanero, G. Mittone, R. Namyst, A. Oleksiak, P. Palazzari, P.S. Paolucci, F. Reghenzani, C. Rossi, S. Saponara, F. Simula, F. Terraneo, S. Thibault, M. Torquati, M. Turisini, P. Vicini, M. Vidal, D. Zoni, G. Zummo |  |       |     |    |
| 101. | MOLECULAR THERAPY - NUCLEIC ACIDS | <b>T. Czapik, J. Piasecka, R. Kierzek, E. Kierzek</b>   | Structural variants and modifications of hammerhead ribozymes targeting influenza A virus conserved structural motifs, 2022, 29, 64–74   | 9,044 | 140 | Q1 |
| 102. | MOLECULAR THERAPY-NUCLEIC ACIDS   | <b>A. Kotowska-Zimmer, L. Przybyl, M. Pewinska, J. Suszynska-Zajczyk, D. Wronka, M. Figiel, M. Olejniczak</b>   | A CAG repeat-targeting artificial miRNA lowers the mutant huntingtin level in the YAC128 model of Huntington's disease, 2022, 28, 702–715  | 9,044 | 140 | Q1 |
| 103. | MOLECULES                         | M. Kosno, T. Laskowski, J.E. Frackowiak, A. Potega, A. Kurdyn, <b>W. Andralojc</b> , J. Borzyszkowska-Bukowska, K. Szwarc-Karabyka, Z. Mazerska   | Acid-Base Equilibrium and Self-Association in Relation to High Antitumor Activity of Selected Unsymmetrical Bisacridines Established by Extensive Chemometric Analysis, 2022, 27, 3995 | 5,110 | 140 | Q2 |
| 104. | MOLECULES                         | A. Chyzy, D. Pawelski, V. Vivcharenko, A. Przekora, M. Bratychak, O. Astakhova, J. Breczko, <b>P. Drozdal</b> , M.E. Plonska-Brzezinska   | Microwave-Assisted Synthesis of Modified Glycidyl Methacrylate–Ethyl Methacrylate Oligomers, Their Physico-Chemical and Biological Characteristics, 2022, 27, 337                      | 5,110 | 140 | Q2 |

|      |                       |   |   |        |     |    |
|------|-----------------------|---|---|--------|-----|----|
| 105. | MOLECULES             | J.W. Strawa, K. Jakimiuk, L. Szoka, <b>K. Brzezinski</b> , <b>P. Drozdal</b> , J.A. Palka, M. Tomczyk   | New Polymethoxyflavones from <i>Hottonia palustris</i> Evoke DNA Biosynthesis-Inhibitory Activity in An Oral Squamous Carcinoma (SCC-25) Cell Line, 2022, 27, 4415  | 5,110  | 140 | Q2 |
| 106. | MOLECULES             | <b>N. Bartys</b> , <b>A. Pasternak</b> , <b>J. Lisowiec-Wachnicka</b>   | Optimization of Bifunctional Antisense Oligonucleotides for Regulation of Mutually Exclusive Alternative Splicing of PKM Gene, 2022, 27, 5682                       | 5,110  | 140 | Q2 |
| 107. | MOLECULES             | A. Pucowska, <b>M. Gawel</b> , <b>M. Komorowska</b> , <b>P. Drozdal</b> , <b>A. Arning</b> , D. Pawelski, <b>K. Brzezinski</b> , M.E. Plonska-Brzezinska  | Synthesis and Structural Characterization of Pyridine-2,6-dicarboxamide and Furan-2,5-dicarboxamide Derivatives, 2022, 27, 1819                                     | 5,110  | 140 | Q2 |
| 108. | MOLECULES             | <b>A. Piasecka</b> , <b>A. Sawikowska</b> , <b>N. Jedrzejczak-Rey</b> , <b>M. Pislewska-Bednarek</b> , <b>P. Bednarek</b>   | Targeted and Untargeted Metabolomic Analyses Reveal Organ Specificity of Specialized Metabolites in the Model Grass <i>Brachypodium distachyon</i> , 2022, 27, 5956 | 5,110  | 140 | Q2 |
| 109. | MOLECULES             | T. Koczorowski, W. Szczolko, P. Bakun, B. Wicher, L. Sobotta, M. Gdaniec, <b>A. Teubert</b> , J. Mielcarek, E. Tykarska, J. Korecki, K. Burda, T. Goslinski   | The Valence and Spin State Tuning of Iron(II/III) Porphyrazines with Bulky Pyrrolyl Periphery in Solution and Solid State, 2022, 27, 7820                           | 5,110  | 140 | Q2 |
| 110. | NANOSCALE             | <b>M. Ruszkowski</b> , <b>A. Strugala</b> , P. Indyka, G. Tresset, <b>M. Figlerowicz</b> , <b>A. Urbanowicz</b>   | Cryo-EM reconstructions of BMV-derived virus-like particles reveal assembly defects in the icosahedral lattice structure, 2022, 14, 3224–3233                       | 7,891  | 140 | Q1 |
| 111. | NATURE COMMUNICATIONS | T. Pekec, <b>J. Lewandowski</b> , <b>A.A. Komur</b> , <b>D. Sobanska</b> , Y. Guo, <b>K. Switonska-Kurkowska</b> , J.M. Malecki, A.A. Dubey, W. Pokrzywa, M. Frankowski, <b>M. Figiel</b> , <b>R. Ciosk</b> | Ferritin-mediated iron detoxification promotes hypothermia survival in <i>Caenorhabditis elegans</i> and murine neurons, 2022, 13, 4883                             | 17,764 | 200 | Q1 |

|      |                        |   |   |        |     |    |
|------|------------------------|---|---|--------|-----|----|
| 112. | NATURE COMMUNICATIONS  | <b>E. Kierzek</b> , H.J. Zhang, R.M. Watson, S.D. Kennedy, <b>M. Szabat</b> , <b>R. Kierzek</b> , D.H. Mathews  | Secondary structure prediction for RNA sequences including N6-methyladenosine, 2022, 13, 1271   | 17,764 | 200 | Q1 |
| 113. | NEW PHYTOLOGIST        | B. Seget, M. Bogdziewicz, J. Holeksa, M. Ledwon, F. Milne-Rostkowska, L. Piechnik, <b>A. Rzepczak</b> , M. Zywiec   | Costs and benefits of masting: economies of scale are reduced by negative density-dependence in seedling survival in Sorbus aucuparia, 2022, 233, 1931–1938 | 10,768 | 140 | Q1 |
| 114. | NUCLEIC ACIDS RESEARCH | T. Zok, N. Kraszewska, J. Miskiewicz, P. Pielacinska, M. Zurkowski, <b>M. Szachniuk</b>   | ONQUADRO: a database of experimentally determined quadruplex structure, 2022, 50, D253–D258   | 17,210 | 200 | Q1 |
| 115. | NUCLEIC ACIDS RESEARCH | K. Luwanski, V. Hluschenko, M. Popena, T. Zok, <b>J. Sarzynska</b> , D. Martsich, <b>M. Szachniuk</b> , <b>M. Antczak</b>   | RNAspider: a webserver to analyze entanglements in RNA 3D structures, 2022, 50, W663–W669   | 17,210 | 200 | Q1 |
| 116. | NUCLEIC ACIDS RESEARCH | <b>M. Biesiada</b> , M.Y. Hu, L.D. Williams, <b>K.J. Purzycka</b> , A.S. Petrov   | rRNA expansion segment 7 in eukaryotes: from Signature Fold to Tentacles, 2022, 50, 10717–10732   | 17,210 | 200 | Q1 |
| 117. | NUCLEIC ACIDS RESEARCH | <b>D. Sobanska</b> , <b>A.A. Komur</b> , <b>A. Chabowska-Kita</b> , <b>J. Gumna</b> , P. Kumari, <b>K. Pachulska-Wieczorek</b> , <b>R. Ciosk</b>                    | The silencing of ets-4 mRNA relies on the functional cooperation between REGE-1/Regnase-1 and RLE-1/Roquin-1, 2022, 50, 8226–8239                           | 17,210 | 200 | Q1 |
| 118. | NUTRIENTS              | M.M. Nowacka-Chmielewska, D. Liskiewicz, A. Liskiewicz, M. Przybyla, <b>L. Marczak</b> , <b>A. Wojakowska</b> , K. Grabowska, M. Grabowski, J.J. Barski, A. Malecki | Global Proteome Profiling of the Temporal Cortex of Female Rats Exposed to Chronic Stress and the Western Diet, 2022, 14, 1934                              | 7,185  | 140 | Q1 |

|      |  |  |  |       |     |    |
|------|--|--|--|-------|-----|----|
| 119. | PATHOGENS  | E. Morawiec, M. Miklasinska-Majdanik, J. Bartosiewicz-Wasik, R.D. Wojtyczka, D. Swolana, <b>I. Stolarek</b> , M. Czerwinski, A. Skubis-Sikora, M. Samul, A. Polak, C. Kruszniewska-Rajs, A. Pudelko, <b>M. Figlerowicz</b> , A. Bednarska-Czerwinska, T.J. Wasik | From Alpha to Delta-Genetic Epidemiology of SARS-CoV-2 (hCoV-19) in Southern Poland, 2022, 11, 780               | 4,580 | 100 | Q2 |
| 120. | PHOSPHORUS SULFUR AND SILICON AND THE RELATED ELEMENTS | <b>J. Golebiewska, J. Stawinski</b>  | Boranephosphonates. Unraveling chemistry of the P-BH <sub>3</sub> functional group, 2022, 197, 480–486           | 0,908 | 40  | Q4 |
| 121. | PHOSPHORUS SULFUR AND SILICON AND THE RELATED ELEMENTS | <b>J. Golebiewska, J. Stawinski</b>  | Second generation of nucleotide analogues, 2022, 197, 511–514  | 0,908 | 40  | Q4 |
| 122. | PLANT PHYSIOLOGY AND BIOCHEMISTRY                      | I. Nogues, B. Sekula, A. Angelaccio, <b>M. Grzechowiak</b> , A. Tramonti, R. Contestabile, <b>M. Ruszkowski</b>  | Arabidopsis thaliana serine hydroxymethyltransferases: functions, structures, and perspectives, 2022, 187, 37–49 | 5,731 | 70  | Q1 |
| 123. | PLASMA PHYSICS AND CONTROLLED FUSION                   | P. Strand, D.P. Coster, M. Plociennik, S. de Witt, I.A. Klampasos, J. Decker, F. Imbeaux, J.F. Artaud, B. Bosak, N. Cummings, L. Fleury, A. Ikononopoulos, S. Konstantopoulos, A. Ludvig-Osipov, P. Maini, J. Morales, <b>M. Owskiak</b>                         | A FAIR based approach to data sharing in Europe, 2022, 64, 104001  | 2,606 | 100 | Q3 |
| 124. | PLOS ONE   | <b>C. Roxo, A. Pasternak</b>   | Changes in physicochemical and anticancer properties modulated by chemically modified sugar                      | 4,069 | 100 | Q2 |

|      |  |  |   |       |     |    |
|------|--|--|---|-------|-----|----|
|      |  |  | moieties within sequence-related G-quadruplex structures, 2022, 23, e273528   |       |     |    |
| 125. | POSTEPY HIGIENY I MEDYCINY DOSWIADCZALNEJ              | M. Przymuszala, M. Gwit, J. Wasko, K. Moranska, <b>A. Kajdasz</b>  | Spinal muscular atrophy: Where are we now? Current challenges and high hopes, 2022, 76, 407–419   | 1,206 | 40  | Q4 |
| 126. | PROCEEDINGS OF THE ROYAL SOCIETY B-BIOLOGICAL SCIENCES | C.M.M. Gagnon, H. Svoldal, <b>A.J. Jasinska</b> , J.D. Cramer, N.B. Friemer, J.P. Grobler, T.R. Turner, C.A. Schmitt | Evidence of selection in the uncoupling protein 1 gene region suggests local adaptation to solar irradiance in savannah monkeys ( <i>Chlorocebus</i> spp.), 2022, 289, 20221254         | 6,030 | 140 | Q1 |
| 127. | PROCESS BIOCHEMISTRY                                   | V. Sriramavaratharajan, D.R. Chellappan, K. Shanmugam, <b>I. Mathialagan</b> , M. Ramar                              | Multi target interactions of essential oil nanoemulsion of <i>Cinnamomum travancoricum</i> against diabetes mellitus via in vitro, in vivo and in silico approaches, 2022, 118, 190–204 | 4,430 | 70  | Q2 |
| 128. | PROGRESS IN BIOPHYSICS & MOLECULAR BIOLOGY             | N. Dutta, I. Deb, <b>J. Sarzynska</b> , A. Lahiri  | Inosine and its methyl derivatives: Occurrence, biogenesis, and function in RNA, 2022, 169-170, 21–52   | 3,907 | 100 | Q1 |
| 129. | PROTEIN SCIENCE  | J.M. Macnar, <b>D. Brzezinski</b> , M. Chruszcz, D. Gront  | Analysis of protein structures containing HEPES and MES molecules, 2022, 31, e4415  | 6,237 | 100 | Q1 |
| 130. | PROTEIN SCIENCE  | <b>M. Jaskolski</b> , A. Wlodawer, Z. Dauter, W. Minor, B. Rupp  | Group depositions to the Protein Data Bank need adequate presentation and different archiving protocol, 2022, 31, 784–786   | 6,237 | 100 | Q1 |
| 131. | RNA  | F. Carracoza, <b>M. Antczak</b> , Z.C. Miao, E. Westhof, <b>M. Szachniuk</b>   | Evaluation of the stereochemical quality of predicted RNA 3D models in the RNA-Puzzles submissions, 2022, 28, 250–262   | 5,274 | 140 | Q2 |
| 132. | RNA  | A.D. Kauffmann, S.D. Kennedy, W.N. Moss, <b>E. Kierzek</b> , <b>R. Kierzek</b> , D.H. Turner                         | Nuclear magnetic resonance reveals a two hairpin equilibrium near the 3'-splice site of influenza A segment 7 mRNA than can be shifted by oligonucleotides, 2022, 28, 508–522           | 5,274 | 140 | Q2 |

|      |                    |  |  |        |     |    |
|------|--------------------|--|--|--------|-----|----|
| 133. | RNA BIOLOGY        | D. Gosavi, I. Wower, I.K. Beckmann, I.L. Hofacker, J. Wower, M.T. Wolfinger, <b>J. Sztuba-Solinska</b>   | Insights into the secondary and tertiary structure of the Bovine Viral Diarrhea Virus Internal Ribosome Entry Site, 2022, 19, 496–506                                | 6,486  | 100 | Q2 |
| 134. | SCIENTIFIC DATA    | M. Behnke, <b>M. Buchwald, A. Bykowski, S. Kupinski,</b> L.D. Kaczmarek  | Psychophysiology of positive and negative emotions, dataset of 1157 cases and 8 biosignals. 2022, 9, 10  | 11,212 | 140 | Q1 |
| 135. | SCIENTIFIC REPORTS | A. Zielezinski, J.I. Loch, W.M. Karlowski, <b>M. Jaskolski</b>   | Massive annotation of bacterial l-asparaginases reveals their puzzling distribution and frequent gene transfer events, 2022, 12, 15797                               | 5,516  | 140 | Q2 |
| 136. | SCIENTIFIC REPORTS | K.A. Ambrozkiwicz, <b>U. Kozłowska,</b> V. Haesler, E.R. Barnea, M. Mueller, M. Kurpisz  | Murine glial progenitor cells transplantation and synthetic Prelplantation Factor (sPIF) reduces inflammation and early motor impairment in ALS mice, 2022, 12, 4016 | 5,516  | 140 | Q2 |
| 137. | SCIENTIFIC REPORTS | <b>P. Galka-Marciniak,</b> Z. Kandula, <b>A. Tire, W. Wegorek,</b> K. Gwozdz-Bak, <b>L. Handschuh,</b> M. Giefing, K. Lewandowski, <b>P. Kozłowski</b>   | Mutations in the miR-142 gene are not common in myeloproliferative neoplasms, 2022, 12, 10924  | 5,516  | 140 | Q2 |
| 138. | SCIENTIFIC REPORTS | K. Gutowska, D. Kogut, M. Kardynska, <b>P. Formanowicz,</b> J. Smieja, K. Puszyński  | Petri nets and ODEs as complementary methods for comprehensive analysis on an example of the ATM–p53–NF-κB signaling pathways, 2022, 12, 1135                        | 5,516  | 140 | Q2 |
| 139. | SCIENTIFIC REPORTS | <b>N. Szostak,</b> A. Szymanek, J. Havranek, <b>K. Tomela,</b> <b>M. Rakoczy, A. Samelak-Czajka, M. Schmidt,</b> <b>M. Figlerowicz,</b> J. Majta, K. Milanowska-Zabel, <b>L. Handschuh, A. Philips</b> | The standardisation of the approach to metagenomic human gut analysis: from sample collection to microbiome profiling, 2022, 12, 8470                                | 5,516  | 140 | Q2 |

|      |                                     |  |   |       |     |    |
|------|-------------------------------------|--|---|-------|-----|----|
| 140. | TETRAHEDRON                         | W. Porolnik, M. Kasprzycka, K. Podciechowska, <b>A. Teubert</b> , J. Piskorz                             | Synthesis and spectroscopic properties of novel dipyrrole and tetrapyrrole-based photosensitizers with various biphenyl substituents, 2022, 127, 133088                             | 2,134 | 70  | Q2 |
| 141. | TUBERCULOSIS                        | S. Kalsum, <b>M. Otrocka</b> , B. Andersson, A. Welin, T. Schon, A. Jenmalm-Jensen, T. Lundback, M. Lerm | A high content screening assay for discovery of antimycobacterial compounds based on primary human macrophages infected with virulent Mycobacterium tuberculosis, 2022, 135, 102222 | 2,973 | 100 | Q3 |
| 142. | VACCINES                            | <b>D. Lorent, R. Nowak</b> , D. Luwanski, M. Pisarska-Krawczyk, M. Figlerowicz, <b>P. Zmora</b>          | The Longitudinal Analysis on the Anti-SARS-CoV-2 Antibodies among Healthcare Workers in Poland- Before and after BNT126b2 mRNA COVID-19 Vaccination, 2022, 10, 1576                 | 5,325 | 140 | Q2 |
| 143. | VIRUSES-BASEL                       | <b>M. Zawadzka, A. Andrzejewska-Romanowska, J. Gumna</b> , D.J. Garfinkel, <b>K. Pachulska-Wieczorek</b> | Cell Compartment-Specific Folding of Ty1 Long Terminal Repeat Retrotransposon RNA Genome, 2022, 14, 2007  | 5,811 | 100 | Q2 |
| 144. | VIRUSES-BASEL                       | <b>M. Soszynska-Jozwiak, A. Ruszkowska, R. Kierzek</b> , C.A. O'Leary, W.N. Moss, <b>E. Kierzek</b>      | Secondary Structure of Subgenomic RNA M of SARS-CoV-2, 2022, 14, 322  | 5,811 | 100 | Q2 |
| 145. | WILEY INTERDISCIPLINARY REVIEWS-RNA | <b>M. Kordys, R. Sen, Z. Warkocki</b>  | Applications of the versatile CRISPR-Cas13 RNA targeting system, 2022, 13, e1694  | 9,655 | 140 | Q1 |
| 146. | WILEY INTERDISCIPLINARY REVIEWS-RNA | A. Baud, <b>M. Derbis</b> , K. Tutak, K. Sobczak   | Partners in crime: Proteins implicated in RNA repeat expansion diseases, 2022, 13, e1709  | 9,655 | 140 | Q1 |
| 147. | WILEY INTERDISCIPLINARY REVIEWS-RNA | <b>M. Kolinski, E. Kaluzna, M. Piwecka</b>   | RNA-protein interactomes as invaluable resources to study RNA viruses: Insights from SARS CoV-2 studies, 2022, 13, e1727  | 9,655 | 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.  | BIODIVERSITY RESEARCH AND CONSERVATION           | M.M. Nowak, <b>M. Lawenda</b> , <b>P. Wolniewicz</b> , <b>M. Urbaniak</b> , B. Jackowiak  | The Adam Mickiewicz University Nature Collections IT system (AMUNATCOLL): portal, mobile application and graphical interface, 2022, 65, 49–67  | 20           |
| 2.  | BIOTECHNOLOGIA                                   | <b>E. Wozniak-Gientka</b> , <b>A. Tyczewska</b> , <b>T. Twardowski</b>  | Public opinion on biotechnology and genetic engineering in the European Union: Polish consumer study, 2022, 103, 185–201   | 70           |
| 3.  | COMPUTATIONAL METHODS FOR DIFFERENTIAL EQUATIONS | A. Marciniak, B. Szyszka, <b>T. Hoffmann</b>  | An interval version of the Kuntzmann-Butcher method for solving the initial value problem, 2022, 10, 44–60   | 20           |
| 4.  | OTOLARYNGOLOGIA POLSKA/THE POLISH OTOLARYNGOLOGY | P. Nogal, <b>M. Buchwald</b> , M. Staskiewicz, <b>S. Kupinski</b> , <b>J. Pukacki</b> , <b>C. Mazurek</b> , J. Jackowska, M. Wierzbicka | Endoluminal larynx anatomy model – towards facilitating deep learning and defining standards for medical images evaluation with artificial intelligence algorithms, 2022, 76(5), 1–9 | 100          |
| 5.  | POSTĘPY BIOCHEMII                                | <b>E. Filipiak</b> , <b>J. Golebiewska</b>  | Nukleozydo boranofosfoniany jako potencjalne środki terapeutyczne, 2022, 68, 142–148   | 70           |
| 6.  | POSTĘPY BIOCHEMII                                | E.A. Korczmar, <b>A. Belter</b> , <b>M.Z. Naskret-Barciszewska</b> , S. Jurga, J. Barciszewski  | Epigenetyka na Ziemi i w kosmosie, 2022, 68, 169–178   | 70           |
| 7.  | POSTĘPY BIOCHEMII                                | <b>J. Banasiak</b>  | System odpornościowy roślin – model zygzakowy, 2022, 68, 123–128   | 70           |
| 8.  | POSTĘPY BIOCHEMII                                | <b>P. Pietras</b> , K. Kaminska, S. Pecherz, J. Sobkowiak, <b>K. Grzywacz</b>   | Heterogeniczność rybosomów jako nowy element regulacji translacji, 2022, 68, 425–433   | 70           |
| 9.  | POSTĘPY NEONATOLOGII                             | <b>P. Pawalowski</b> , <b>C. Mazurek</b> , T. Szczapa   | Zastosowanie rozwiązań telemedycznych w neonatologii, 2022, 28, 43–48  | 20           |
| 10. | SEMANTIC WEB                                     | D. Zeginis, E. Kalampokis, <b>R. Palma</b> , R. Atkinson, K.A. Tarabanis  | A Semantic Meta-Model for Data Integration and Exploitation in Precision Agriculture and Livestock Farming, 2022, 3156–4370  | 140          |

|     |                |  |   |    |
|-----|----------------|--|---|----|
| 11. | STAR PROTOCOLS | <b>M. Urbanek-Trzeciak,<br/>P. Kozlowski, P. Galka-Marciniak</b> | miRMut: Annotation of mutations in miRNA genes from human whole-exome or whole-genome sequencing, 2022, 3, 101023 | 20 |
|-----|----------------|--|---|----|

### 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.  | FEBS OPEN BIO    | <b>P. Joachimiak, A. Ciesiolka,<br/>G. Figura, E. Kozłowska,<br/>P.M. Switonski, A. Fiszer</b>   | Droplet-digital PCR protocol for precise, quantitative and allele-specific determination of endogenous transcripts associated with polyQ diseases, 2022, 12, SI, 121 | 2,676 | 70           |
| 2.  | FEBS OPEN BIO    | <b>Z. Warkocki</b>   | Post-transcriptional regulation of LINE-1 retrotransposition by enzymes modifying RNA ends, 2022, 12, SI, 48   | 2,676 | 70           |
| 3.  | FEBS OPEN BIO    | <b>M. Gilski, P. Drozdal,<br/>T. Manszewski, K. Brzezinski,<br/>M. Jaskolski</b>   | Ultrahigh-resolution X-ray structures of Z-DNA in complex with biogenic polyamine and potassium cations, 2022, 12, SI, 278   | 2,676 | 70           |
| 4.  | FEBS OPEN BIO    | <b>M. Jaskolski, J. Loch, M. Gilski,<br/>M. Grzechowiak, K. Pokrywka,<br/>B. Imiolczyk, J. Sliwiak, S. Diusenova,<br/>J. Lewandowski, A. Zielezinski,<br/>W. Karłowski</b> | The mysterious active site of Class 3 L-asparaginases, 2022, 12, SI, 13  | 2,676 | 70           |
| 5.  | FEBS OPEN BIO    | J. Loch, A. Klonecka, K. Kadziolka,<br>P. Bonarek, <b>J.F. Barciszewski,<br/>B. Imiolczyk, K. Brzezinski, M. Gilski,<br/>K. Lewinski, M. Jaskolski</b>                     | Lessons from random mutagenesis of the prototypic E. coli Ntn-amidohydrolase EcAIII, 2022, 12, SI, 230   | 2,676 | 70           |
| 6.  | FEBS OPEN BIO    | <b>M. Grzechowiak, J. Loch, S. Diusenova,<br/>J. Lewandowski, J. Sliwiak, M. Gilski,<br/>M. Jaskolski</b>  | Preliminary structural and functional studies of fungal Class 3 asparaginases, 2022, 12, SI, 178   | 2,676 | 70           |

|     |   |   |   |        |     |
|-----|---|---|---|--------|-----|
| 7.  | FEBS OPEN BIO                                   | A. Sciuk, J. Loch, P. Bonarek, <b>K. Brzezinski, J.F. Barciszewski</b> , K. Lewinski, <b>M. Jaskolski</b>   | Structural and functional characterization of V120S variant of E. coli EcAIII Ntn-amidohydrolase, 2022, 12, SI, 233   | 2,676  | 70  |
| 8.  | FEBS OPEN BIO                                   | <b>K. Pokrywka, B. Imiolczyk, M. Grzechowiak, J. Loch, M. Gilski, M. Jaskolski</b>  | Probing the catalytic mechanism of Rhizobium etli inducible asparaginase, 2022, 12, SI, 237   | 2,676  | 70  |
| 9.  | EUROPEAN JOURNAL OF HUMAN GENETICS              | <b>M. Suszynska</b> , M. Ratajska, <b>A. Ryszkowska</b> , J. Debniak, D. Wydra, C. Cybulski, B. Wasag, <b>P. Kozlowski</b>  | Analysis of BARD1, PRDM9, RCC1, and RECQL in patients with ovarian cancer by targeted next-generation sequencing of DNA pools, 2022, 30, S1, 418  | 4,833  | 100 |
| 10. | JOURNAL OF NEUROLOGY, NEUROSURGERY & PSYCHIATRY | <b>K. Switonska-Kurkowska, J. Kubis, J.M. Delimata, L. Handschuh, M. Figiel</b>   | Juvenile HD fused brain organoids of dorsal and ventral origin to understand early neurodevelopmental aspects of neurodegenerative diseases, 2022, 93 (Suppl 1) A14-A15; DOI: 10.1136/jnnp-2022-ehdn.41 | 12,011 | 140 |
| 11. | JOURNAL OF NEUROLOGY NEUROSURGERY & PSYCHIATRY  | <b>P. Joachimiak, A. Ciesiolka, G. Figura, E. Kozlowska, P.M. Switonski, M. Surdyka, Z. Kalinowska-Poska, M. Figiel</b> , N.S. Caron, M.R. Hayden, <b>A. Fiszer</b>                                       | Precise and allele-specific quantitation of endogenous <i>HTT</i> transcript alleles using droplet-digital PCR, 2022, 93 (Suppl 1) A20-A21; DOI: 10.1136/jnnp-2022-ehdn.58                              | 12,011 | 140 |
| 12. | JOURNAL OF NEUROLOGY, NEUROSURGERY & PSYCHIATRY | <b>M. Surdyka</b> , A. Niewiadomska-Cimicka, <b>Z. Kalinowska-Poska, E. Jesion</b> , E. Singer-Mikosch, L. Fievet, <b>A. Fiszer</b> , N.S. Caron, M.R. Hayden, H.P. Nguyen, Y. Trottier, <b>M. Figiel</b> | CAG-targeted brain-permeable protein lowering strategy tested in polyQ mouse models, 2022, 93 (Suppl 1) A85-A86; DOI: 10.1136/jnnp-2022-ehdn.229  | 12,011 | 140 |
| 13. | JOURNAL OF NEUROLOGY, NEUROSURGERY & PSYCHIATRY | G. Pepe, L. Capocci, F. Marracino, S.J. Moons, A. Sonmez, <b>K. Switonska-Kurkowska</b> , P. Scarselli, D. Di Cicco, <b>M. Figiel</b> , T.J. Boltje, R. Parlato, A. Di Pardo, V. Maglione                 | The defective metabolism of polysialic acid (polysia) may represent an effective therapeutic target in hd pre-clinical models, 2022, 93 (Suppl 1) A-91; DOI: 10.1136/jnnp-2022-ehdn.245                 | 12,011 | 140 |
| 14. | ANNALS OF ONCOLOGY                              | <b>P. Nawrocka-Muszynska</b> , K. Pacewicz, M.M.I. Dzin, P. Sztromwasser, M. Dabrowski,   | Improved response prediction to immune checkpoint inhibitors by combining TMB and WGS-driven genomic features in NSCLC, 2022, 33, 7, 1047–1048  | 29,61  | 200 |

|  |  |   |  |  |
|--|--|---|--|--|
|  |  | D. Sielski, W. Burman, R. Matkowski,<br>P. Kasprzak, S. Szymanski, M. Piernik,<br>A. Wozna, P. Zawadzki |  |  |
|--|--|---|--|--|

#### 1.D. Recenzowane artykuły w innych czasopismach naukowych

| Lp. | Nazwa czasopisma | Autor/Autorzy                                      | Tytuł, rok, tom, strony/nr artykułu   |
|-----|------------------|--|---|
| 1.  | BIOCHEM          | E. Wanowska, A. McFeely, <b>J. Sztuba-Solinska</b> | The Role of Epitranscriptomic Modifications in the Regulation of RNA-Protein Interactions, 2022, 2, 241–259 |

#### 1.E. Recenzowane artykuły konferencyjne z listy MEiN

| Lp. | Nazwa czasopisma   | Autor/Autorzy   | Tytuł, rok, tom, strony /artykuł   | Punkty MEiN* |
|-----|--|---|--|--------------|
| 1.  | COMMUNICATIONS IN COMPUTER AND INFORMATION SCIENCE, 1646 CCIS                      | <b>B. Walter</b> , B. Marovic, I. Garnizov, <b>M. Wolski</b> , A. Todosijevic   | Two Case Studies on Implementing Best Practices for Software Process Improvement [w:] Systems, Software and Services Process Improvement. EuroSPI 2022. Communications in Computer and Information Science, red. M. Yilmaz, P. Clarke, R. Messnarz, B. Woran, 1646 CCIS, 259–270, Springer | 70           |
| 2.  | INTERNATIONAL GEOSCIENCE AND REMOTE SENSING SYMPOSIUM (IGARSS)                     | E. Trasatti, D. Stelitano, C. Bignami, L. Merucci, <b>R. Palma</b> , S. Corradini, L. Guerrieri, C. Tolomei, S. Mantovani, S. Salvi | Open Science for the Geohazard Community through Research Lifecycle Services. 2022, 17–22 July, 2022, 4078–4077  | 20           |
| 3.  | PROCEEDINGS OF 55TH HAWAII INTERNATIONAL CONFERENCE ON SYSTEM SCIENCES, HICSS 2022 | <b>C. Mazurek</b> , <b>M. Stroinski</b>   | Technology pillars for digital transformation of cities based on open software architecture for end2end data streaming. HICSS 2022, Virtual Event /Maui, Hawaii, USA, January 4–7, 2022  | 140          |

|    |  |   |   |    |
|----|--|---|---|----|
| 4. | PROCEEDINGS OF THE IEEE/IFIP NETWORK OPERATIONS AND MANAGEMENT SYMPOSIUM 2022: NETWORK AND SERVICE MANAGEMENT IN THE ERA OF CLOUDIFICATION, SOFTWARE RIZATION AND ARTIFICIAL INTELLIGENCE, NOMS 2022 | V. Kjorveziroski, P.V. Vuletic, <b>L. Lopatowski</b> , F. Loui                                      | On-Demand Network Management with NMaaS: Network Management as a Service, Electrical and Electronics Engineers Inc.                             | 70 |
| 5. | PROCEEDINGS, 2022 OPTICAL FIBER COMMUNICATIONS CONFERENCE AND EXHIBITION (OFC)   | J.Y. Cho, J.-J. Pedreno-Manresa, S. Patri, K. Abdelli, C. Tropschug, J. Zou, <b>P. Rydlichowski</b> | DeepALM: Holistic Optical Network Monitoring based on Machine Learning, art. no. M3Z.11. Institute of Electrical and Electronics Engineers Inc. | 80 |
| 6. | RESEARCH CHALLENGES IN INFORMATION SCIENCE   | <b>M. Wolski, K. Martyn, B. Walter</b>  | A Recommender System for EOSC. Challenges and Possible Solutions, 2022, 446 LNBIP, 70–87  | 70 |

## 2.A. Rozdziały w monografiach lub podręcznikach akademickich

| Lp. | Wydawca monografii | Autor/Autorzy   | Tytuł rozdziału, tytuł monografii   | Rok, tom, strony | Punkty MEiN* |
|-----|--------------------|---|---|------------------|--------------|
| 1.  | CRC PRESS          | N. Zhou, L. Zhong, D. Hoppe, B. Pejak, O. Marko, J. Cardona, M. Czerkawski, I. Andonovic, C. Michie, C. Tachtatzis, E. Alexakis, P. Mavrepis, D. Kyriazis, <b>M. Pospieszny</b> | CYBELE: A Hybrid Architecture of HPC and Big Data for AI Applications in Agriculture. [w:] HPC, Big Data, and AI Convergence Towards Exascale: Challenge and Vision, red. O. Terzo, J. Martinovic | 2022, 255–272    | 80           |

|    |  |   |  |               |    |
|----|--|---|--|---------------|----|
| 2. | ELSEVIER   | <b>M. Grabowska, J.O. Misiorek, Z. Zarebska, K. Rolle</b>   | Applications of noncoding RNAs in brain cancer patients [w:] Clinical Applications of Noncoding RNAs in Cancer, red. S.C. Gupta, K.B. Challagundla,  | 2022, 17–64   | 80 |
| 3. | FNCE   | <b>C. Odrzygodz, W. Kielbasinski</b>  | Indywidualny plan badawczy [w:] Szkoły Doktorskie. Aktualne problemy i wyzwania, red. J. Olszewski, J. Szczepowski, A. Wilk, L. Kominek  | 2022, 89–105  | 80 |
| 4. | FNCE   | <b>C. Odrzygodz, W. Kielbasinski</b>  | Ocena śródkresowa doktorantów [w:] Szkoły Doktorskie. Aktualne problemy i wyzwania, red. J. Olszewski, J. Szczepowski, A. Wilk, L. Kominek   | 2022, 107–124 | 80 |
| 5. | INSTITUTE OF ELECTRICAL AND ELECTRONICS ENGINEERS INC. | <b>A. Radziuk, G. Gryziak, J. Pukacki, W. Podyma, K. Wilk, R. Taracinski, M. Blaszcak, J.H. Czembor</b>                     | IoT based solution for seed collection management of genebank 2022 IEEE International Conference on Omni-Layer Intelligent Systems, COINS 2022   | 2022, 379–383 | 80 |
| 6. | INSTITUTE OF ELECTRICAL AND ELECTRONICS ENGINEERS INC. | <b>S. Mueller, M. Plociennik, M. Zacharczuk, A. Fojud, M. Blaszcak, A. Laskowska, R. Palma, M. Jakubowska, A. Wojtowicz</b> | Leveraging IoT solutions as a base for development of the agriculture advisory services [w:] 2022 IEEE International Conference on Omni-Layer Intelligent Systems, COINS 2022  | 2022, 319–324 | 80 |
| 7. | INSTITUTE OF ELECTRICAL AND ELECTRONICS ENGINEERS INC. | <b>K. Turza, A. Binczewski, W. Bogacki, P. Krehlik, L. Sliwczynski</b>  | The National System for Distribution of Reference Optical Carrier-first link evaluation. 2022 Joint Conference of the European Frequency and Time Forum and IEEE International Frequency Control Symposium, EFTF/IFCS 2022 – Proceedings | 2022, 1–2     | 80 |
| 8. | INSTITUTE OF ELECTRICAL AND ELECTRONICS ENGINEERS INC. | S. Kleisarchaki, L. Gurgen, Y. Mitike Kassa, <b>M. Krystek, D. Gonzalez Vidal</b>   | Optimization of Soft Mobility Localization with Sustainable Policies and Open Data. 2022 18th International Conference on Intelligent Environments, IE 2022 – Proceedings  | 2022, 1–8     | 80 |

|     |  |  |  |                |    |
|-----|--|--|--|----------------|----|
| 9.  | INSTITUTE OF ELECTRICAL AND ELECTRONICS ENGINEERS INC. | J. Vojtech, L. Altmannova, V. Smotlacha, R. Velc, R. Vohnout, H. Schnatz, T.C. Liebisch, V. Capone, T. Chiotis, G. Roberts, D. Vicinanza, <b>A. Binczewski, W. Bogacki, K. Turza</b> , P.-E. Pottie, P. Tuckey, D. Calonico, C. Clivati, V. Curri, R. Holzwarth, B. Sprenger, O. Cip, L. Pravdova, S. Rerucha, J.D. Alonso, E.R. Vidal, T. Garcia, B. Rat, J. Kodet, U. Schreiber, J. Kusche, D. Meschede, S. Schroder, S. Stellmer, P. Nogas, R. Urbaniak, P. Krehlik, L. Sliwczynski, A. Amy-Klein, C. Chardonnet, N. Quintin, A. Seeds, B. Desruelle, J. Lautier-Gaud, V. Menoret, M. Rabault | CLONETS-DS – Clock Network Services-Design Study Strategy and Innovation for Clock Services over Optical Fibre. Optics InfoBase Conference Papers  | 2022, JTh3A.27 | 80 |
| 10. | POLITECHNIKA ŚLĄSKA, GLIWICE                           | <b>M. Twardawa</b> , P. Formanowicz  | Wieloagentowa symulacja polaryzacji makrofagów towarzyszących nowotworom (eng. Multiagent simulation of tumor-associated macrophages polarisation) [w:] Automatykacja procesów dyskretnych. Teoria i zastosowania. Vol II, red. A. Swierniak, J. Krystek | 2022, 113–121  | 80 |
| 11. | POLSKIE WYDAWNICTWO EKONOMICZNE                        | <b>P. Pawlewski, A. Olszewski, C. Mazurek</b>  | Strukturyzacja przestrzeni produkcyjnej koniecznym krokiem w tworzeniu cyfrowych bliźniaków fabryk [w:] Inżynieria zarządzania. Cyfryzacja produkcji. Aktualności badawcze 4, red. R. Knosal   | 2022, 547–556  | 80 |
| 12. | SPIE   | J. Vojtech, R. Vohnout, O. Havlis, P. Pospisil, M. Slapak, R. Velc, L. Altmannova, T. Horvath, J. Kundrat, M. Hazlinsky, E. Andriantsarazo, <b>P. Rydlichowski</b>   | First Cross-Border Trial of Quantum Key Distribution Sharing Fiber Line with Data and Accurate Time Transmissions [w:] Quantum Communications and Quantum Imaging XX, red. K.S. Deacon, R.E. Meyers  | 2022, 122380H  | 80 |

|     |          |   |  |                 |    |
|-----|----------|---|--|-----------------|----|
| 13. | SPRINGER | <b>R. Palma</b> , I. Roussaki, T. Dohmen, R. Atkinson, S. Brahma, C. Lange, G. Routis, <b>M. Plociennik</b> , <b>S. Mueller</b> | Agricultural Information Model [w:] Information and Communication Technologies for Agriculture – Theme III: Decision. Springer Optimization and Its Applications, red. D.D. Bochtis, C. Gron Sorensen, S. Fountas, V. Moysiadis, P.M. Pardalos   | 2022, 184, 3–36 | 80 |
| 14. | SPRINGER | <b>J. Blaszczyński</b> , G. Salvatore, B. Matarazzo, M. Szelag  | Dominance-Based Rough Set Approach: Basic Ideas and Main Trends [w:] Intelligent Decision Support Systems. Combining Operations Research and Artificial Intelligence – Essays in Honor of Roman Słowiński. Book series: Multiple Criteria Decision Making (MCDM), red. S. Greco, V. Mousseau., J. Stefanowski, C. Zopounidis | 2022, 353–382   | 80 |

## 2.B. Redakcja monografii lub podręcznika akademickiego

| Lp. | Wydawca monografii/podręcznika | Redaktorzy                             | Tytuł, rok, tom / strony                                      | Punkty MEiN* |
|-----|--------------------------------|--|---|--------------|
| 1.  | SPRINGER                       | H. Koroniak,<br><b>J. Barciszewski</b> | Seria: RNA Technologies, Messenger RNA Therapeutics, 2022, 13 | 80           |

## 3. Artykuły popularnonaukowe:

### 1. **M. Gazecka**, **P. Zmora**

Szczepionki przeciwko COVID-19.

*WODNIK*, 2022, 146, 10-11. ISSN 1505-4330

### 2. D. Pleiter, S. Varrette, E. Krishnasamy, E. Ozdemir, **M. Pilc**

Security in an evolving European HPC Ecosystem

[www.prace-ri.eu](http://www.prace-ri.eu), <https://prace-ri.eu/wp-content/uploads/Security-in-an-Evolving-European-HPC-Ecosystem.pdf>.



## 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. Marcelego 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

Prof. dr hab. Paweł Bednarek

Prof. dr hab. Jacek Błazewicz

*członek rzeczywisty PAN*

Dr hab. Marcin K. Chmielewski, prof. ICHB

Dr hab. Mariola Dutkiewicz

Dr hab. Maciej Figiel, prof. ICHB

Prof. dr hab. Marek Figlerowicz

*członek korespondent PAN*

Dr hab. Agnieszka Fiszer, prof. ICHB

Prof. dr hab. Zofia Gdaniec

Dr hab. Kamilla Grzywacz, prof. ICHB

Dr hab. Luiza Handschuh, prof. ICHB

Prof. dr hab. Michał Jasiński

Prof. dr hab. Mariusz Jaskólski

*członek rzeczywisty PAN*

Prof. dr hab. Elżbieta Kierzek

Prof. dr hab. Piotr Kozłowski

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 Pachulska-Wieczorek, prof. ICHB

Dr hab. Katarzyna Rolle, prof. ICHB

Prof. dr hab. Wojciech Rypniewski

Dr hab. Michał Sobkowski, prof. ICHB

Prof. dr hab. Marta Szachniuk

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. Marcelego 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

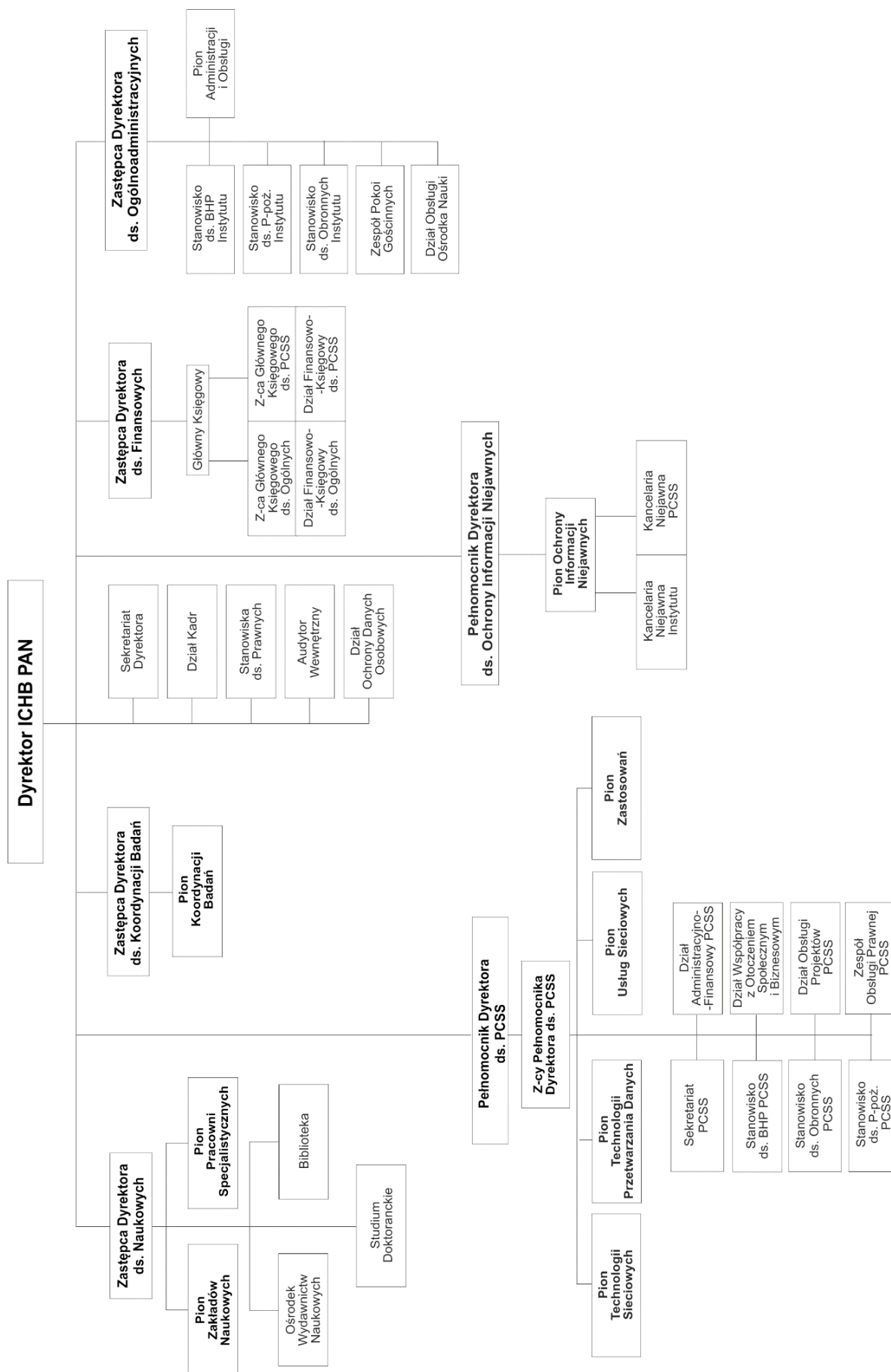
Prof. dr hab. Adam Szewczyk  
Instytut Biologii Doświadczalnej  
im. M. Nenckiego PAN, Warszawa

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 (2022)



### Załącznik 3. Struktura organizacyjna zakładów naukowych ICHB PAN (2022)

| Nazwa zakładu  | Kierownik   | Typ zakładu |
|--|---|-------------|
| 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 Eukariontów                  | dr hab. Miłosz Ruszkowski, prof. ICHB PAN             | 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 Chorób Rzadkich                                     | dr hab. Marzena Wojciechowska, prof. ICHB PAN         | ZML         |
| Zakład Genomiki Roślin                                     | dr hab. Agnieszka Żmieńko, prof. ICHB PAN             | 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: dr Paweł Zmora

| Data       | Prezentujący                 | Temat  |
|------------|------------------------------|--|
| 10.01.2022 | Mgr Monika Kwiatkowska       | Making zebrafish the dark horse in long noncoding RNA research   |
| 17.01.2022 | Dr Paweł Zmora               | Anti-SARS-CoV-2 antibodies among IBCH employees  |
| 24.01.2022 | Mgr inż. Marek Kazimierczyk  | Differential expression of transfer RNA-derived fragments during renal cell development. The role of Dicer in tRF biogenesis               |
| 31.01.2022 | Mgr Natalia Bartyś           | Optimization of oligonucleotides sequences for efficient splicing modulation in cancer cell lines  |
| 07.02.2022 | Dr Agnieszka Belter          | The epigenetic effect of temozolomide and valproic acid on glioblastoma cell lines in therapeutic condition                                |
| 14.02.2022 | Mgr Katarzyna Nowis          | Bioinformatic identification of circRNAs and putative protein factors involved in their biogenesis in <i>Arabidopsis thaliana</i>          |
| 21.02.2022 | Mgr Ilkin Aygün              | Mechanistic characterization of XRN2-mediated premature transcription termination  |
| 28.02.2022 | Mgr Martyna Pluta            | Non-nucleotide linkers – synthesis and application for RNA structural studies  |
| 07.03.2022 | Dr Piotr Małecki             | S-adenosyl-L-homocysteine hydrolase as a target for drug development against <i>Pseudomonas aeruginosa</i>                                 |
| 14.03.2022 | Mgr Paweł Joachimiak         | Precise and allele-specific quantitation of endogenous transcripts associated with polyQ diseases using droplet-digital PCR                |
| 18.03.2022 | Prof. Gunter Meister         | Non-coding RNA and RNA modifications as mediators of post-transcriptional gene regulation  |
| 21.03.2022 | Prof dr hab. Ryszard Kierzek | Folding of RNA with N6-methyladenosine   |
| 28.03.2022 | Mgr Magdalena Paluch         | Design and synthesis of new thermos-responsive polymer and an investigation of the intramolecular thermal cyclization in polymeric systems |
| 03.06.2022 | Dr. Liran Shlush             | The aging of the blood system and early diagnosis of leukemia  |
| 05.08.2022 | Dr Dawid Nowak               | Defining drivers and evolution of prostate cancer metastasis   |
| 08.09.2022 | Prof. dr hab. Józef Dulak    | Induced pluripotent stem cells for cardiac disease modelling and experimental therapy of heart failure                                     |
| 16.09.2022 | Dr Tomasz Nodzyński          | PIN-pointing at the winds of change blowing through the greens   |
| 03.11.2022 | Prof. Nicolaus Rajewsky      | Cell-based interceptive medicine   |
| 18.11.2022 | Prof. Gael Cristofari        | The uniqueness of repeated sequences and how to reveal it  |

|            |                               |  |
|------------|-------------------------------|--|
| 25.11.2022 | Dr Wojciech Galej             | Structural studies of the intron recognition by the spliceosome                                  |
| 29.11.2022 | Prof. Carlo Vascotto          | Mitochondrial DNA stability in hepatocellular carcinoma  |
| 05.12.2022 | Mgr Katarzyna Biniek-Antosiak | Structural studies of chitinolytic enzymes from <i>Pyrococcus chitonophagus</i>                  |
| 12.12.2022 | Dr Marta Szabat               | G-quadruplex-forming sequences from the influenza A virus genome and their structural properties |

## Załącznik 5. Program RNA Salon Poznań

Organizacja: dr hab. Zbigniew Warkocki, prof. ICHB

| Data       | Prezentujący  | Temat  |
|------------|---|--|
| 11.01.2022 | Marta Seczyńska<br>Interdisciplinary research Centre<br>at the University of Cambridge,<br>Wielka Brytania  | How do cells protect their genome<br>against retroelement invasion?  |
| 21.01.2022 | Prof. Johannes Bluijssen<br>Laboratorium Genetyki Człowieka,<br>Uniwersytet im. Adama Mickiewicza<br>w Poznaniu   | Time – dependent IFN-induced<br>chromatin interaction and gene<br>transcription shape the anti-viral<br>response |
| 04.02.2022 | Dr Małgorzata Srebniak<br>Department of Clinical Genetics Erasmus<br>MC, Rotterdam, Holandia  | NIPT: possibilities beyond first<br>trimester prenatal screening for<br>trisomy 13, 18 and 21                    |
| 11.02.2022 | Prof. dr hab. Marek Świtoński<br>Wydział Medycyny Weterynaryjnej<br>i Zootechniki,<br>Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu                                   | Genetics of sex development disorders<br>in mammals – a comparative approach                                     |
| 18.02.2022 | Dr. Urszula McClurg<br>Institute of Systems, Molecular &<br>Integrative Biology, University of Liverpool,<br>Wielka Brytania                                | Meiosis, mitosis and ‘the in between’<br>– what happens when gene expression<br>regulation goes wrong            |
| 04.03.2022 | Magdalena Masłoń<br>Zakład Ekspresji Genów, Uniwersytet<br>im. Adama Mickiewicza w Poznaniu   | Co- and post-transcriptional gene<br>expression regulation in development  |
| 11.03.2022 | Dr hab. Michał Gdula<br>Zakład Ekspresji Genów, Uniwersytet<br>im. Adama Mickiewicza w Poznaniu   | How to shut down a whole<br>chromosome? SmcHD1, epigenetics<br>and 4D genome in X inactivation                   |
| 18.03.2022 | Prof. Gunter Meister<br>University of Regensburg, Niemcy  | Non-coding RNAs and RNA<br>modifications as mediators<br>of post-transcriptional gene regulation                 |
| 01.04.2022 | Dr Agnieszka Rybak-Wolf<br>Max Delbrück Center for Molecular<br>Medicine, Berlin, Niemcy  | Human brain organoids as a novel tool<br>for modeling of brain development<br>and neurological disorders         |
| 08.04.2022 | Prof. Li Mei Pai<br>Molecular Medicine Research Center, Chang<br>Gung University; Liver Research Center,<br>Chang Gung Memorial Hospital, Taipei,<br>Taiwan | Phase separation of CTP synthase<br>in Drosophila development and human<br>cancers                               |
| 25.04.2022 | dr. Felix Dietlein, MD<br>Boston Children’s Hospital, Harvard<br>University, Stany Zjednoczone  | Exploring and characterizing somatic<br>mutation events in the noncoding cancer<br>genome                        |
| 29.04.2022 | Dr Magdalena Dziembowska<br>Uniwersytet Warszawski  | The role of mitochondria in the<br>pathomechanism of autism-associated<br>neurodevelopmental disorders           |
| 10.06.2022 | Dr Aleksandra Pękowska<br>Instytut Biologii Doświadczalnej<br>im. Nenckiego PAN w Warszawie   | CTCF and CTCF-mediated chromatin<br>loops in cell differentiation  |

|            |   |   |
|------------|---|---|
| 30.09.2022 | Prof. Elmar Wahle<br>Institute of Biochemistry, Halle University,<br>Niemcy           | Post-transcriptional regulation<br>of the Drosophila nanos mRNA   |
| 07.10.2022 | Dr hab. Zbigniew Warkocki<br>Instytut Chemii Bioorganicznej PAN                       | On how RNA metabolism enzymes<br>post-transcriptionally regulate LINE-1<br>retrotransposons                                 |
| 14.10.2022 | Dr. Amrutha Swaminathan<br>Weizmann Institute of Science, Rehovot,<br>Izrael          | What makes some individuals fitter than<br>others: The developmental<br>underpinnings of stress resilience                  |
| 28.10.2022 | Dr. Lea Haarup Gregersen<br>University of Copenhagen, Dania                           | Guardians of transcriptional integrity:<br>RNA polymerase II associated factors<br>regulating co-transcriptional processing |
| 18.11.2022 | Prof. Geal Cristofari<br>Institute of Research on Cancer and Aging,<br>Nicea, Francja | The uniqueness of repeated sequences<br>and how to reveal it  |



# RNA regulation in brain function and disease



neuro  
**RNA**  
CONFERENCE

28 - 30 SEPTEMBER 2022

---

### Panel Sessions

- | Single-cell and Spatial Transcriptomics in Brain Research
- | RNA Regulation in Neurons and Glia
- | RNA in Brain Pathology: Neurodegeneration
- | RNA in Brain Pathology: Neuro-oncology
- | Nucleic Acid Therapies in the Brain

---

### Registration

ABSTRACT SUBMISSION DEADLINE:  
**9 September, 2022**

REGISTRATION FEE:  
**12 EUR**

MORE INFORMATION:  
[www.neurorna2022.com](http://www.neurorna2022.com)

### Speakers

**Sten Linnarsson** | keynote speaker  
Karolinska Institute, SE

**Marek Bartosovic**  
Karolinska Institute, SE

**Nicole Deglon**  
Lausanne University, CH

**Joseph Dougherty**  
Washington University School of Medicine, US

**Bozena Kaminska-Kaczmarek**  
Nencki Institute of Experimental Biology, PL

**Anna Krichevsky**  
Harvard Medical School, US

**Gracjan Michlewski**  
International Institute of Molecular and Cell Biology, PL

**Jeroen Pasterkamp**  
University Medical Center Utrecht, NL

**Rickie Patani**  
Francis Crick Institute, UK

**Agnieszka Rybak-Wolf**  
Max Delbrück Center for Molecular Medicine, DE

**Evgenia Salta**  
Netherlands Institute for Neuroscience, NL

**Krzysztof Sobczak**  
Adam Mickiewicz University, PL

**Hagen Tilgner**  
Weill Cornell Medicine, US

**Itay Tirosh**  
Weizmann Institute of Science, IL





## PROGRAMME

**note:** conference time is Central European Summer Time (CEST)

| 28 September 2022 - Wednesday  |   |
|--|---|
| 9:00 – 9:10  | Welcome Address from the Conference Chairs  |
| 9:10 – 10:10   | <b>Keynote Lecture</b><br><b>Sten Linnarsson</b> (Karolinska Institute, SE)<br>Cellular architecture of the human brain   |
| <b>Session 1 - Single-cell and Spatial Transcriptomics in Brain Research</b><br><i>Moderator: Monika Piwecka</i> |   |
| 10:10 – 10:45  | <b>Bożena Kamińska-Kaczmarek</b> (Nencki Institute of Experimental Biology, PL)<br>Brain tumor microenvironment at single-cell resolution   |
| 10:45 – 11:10  | <b>Marek Bartosovic</b> (Karolinska Institute, SE)<br>Multimodal profiling of the epigenome at single-cell resolution   |
| 11:10 – 11:45  | <b>Özgün Gökçe</b> (Ludwig-Maximilian-University LMU, DE)<br>Single-cell and spatial transcriptomics characterisation of the mouse white-matter reveals adaptive immune system as driver of white matter aging              |
| 11:45 – 12:20  | <b>Agnieszka Rybak-Wolf</b> (Berlin Institute for Medical Systems Biology, DE)<br>From single cells sequencing to new therapeutic approaches for Herpes Simplex virus 1 driven encephalitis                                 |
| 12:20 – 13:00  | Lunch break   |
| 13:00 – 13:20  | <b>Franz Ake</b> (Bellvitge Institute for Biomedical Research IDIBELL, ES) – <i>short talk</i><br>Characterization of alternative polyadenylation at single cell resolution in Alzheimer Disease                            |
| 13:20 – 13:40  | <b>Ivano Legnini</b> (Berlin Institute for Medical Systems Biology, DE) – <i>short talk</i><br>Spatio-temporal, optogenetic control of gene expression in organoids   |
| 13:40 – 14:00  | <b>Rotem Ben Tov Perry</b> (Weizmann Institute of Science, IL) – <i>short talk</i><br>Roles of Silc1 lncRNA in the peripheral and central nervous system  |
| <b>Poster Session 1 (Posters P.1 - P.17)</b>   |   |
| 14:00 – 15:30  | Viewing posters   |
| <b>Session 2 - RNA Regulation in Neurons and Glia</b><br><i>Moderator: Monika Piwecka</i>                        |   |
| 15:30 – 16:05  | <b>Jeroen Pasterkamp</b> (University Medical Center Utrecht, NL)<br>Small and circular non-coding RNAs in neural development and neurological disease   |
| 16:05 – 16:40  | <b>Hagen Tilgner</b> (Weill Cornell Medicine, NY, USA)<br>Brain isoforms in space and time  |
| 16:40 – 17:15  | <b>Joseph Dougherty</b> (Washington University School of Medicine, USA)<br>Regulation of translation in glia  |
| 17:15 – 17:30  | Coffee break  |
| 17:30 – 17:50  | <b>Orna Issler</b> (Icahn School of Medicine at Mount Sinai, USA) – <i>short talk</i><br>A cell-type-specific role for long non-coding RNAs in depression   |
| 17:50 – 18:10  | <b>Andranik Ivanov</b> (Berlin Institute of Health, Charité Berlin, DE) – <i>short talk</i><br>Circular RNA Cdr1as is dynamically regulated during the circadian rhythm and linked to light-induced phase shifts in the SCN |
| 18:10 – 18:30  | <b>Mollie K. Meffert</b> (The Johns Hopkins University School of Medicine, USA) – <i>short talk</i><br>Growth regulatory miRNAs in neuroplasticity and development  |

| 29 September 2022 - Thursday  |  |
|---|--|
| <b>Session 3 - RNA in Brain Pathology: Neurodegeneration</b>          |  |
| <i>Moderator: Agnieszka Fiszler</i>                                   |  |
| 10:00 – 10:35   | <b>Rickie Patani</b> (The Francis Crick Institute, UK)<br>Deciphering cell type specific molecular aberrations in ALS using human stem cell models   |
| 10:35 – 11:10   | <b>Gracjan Michlewski</b> (International Institute of Molecular and Cell Biology, PL)<br>RP-CONA (RNA Pull-Down Confocal NANoscanning) detects small molecules targeting RNA-protein interactions, implicated in Parkinson's disease |
| 11:10 – 11:45   | <b>Evgenia Salta</b> (Netherlands Institute for Neuroscience, NL)<br>Harnessing the endogenous regenerative potential to 'rejuvenate' the Alzheimer's brain: from microRNAs to single-cell RNA sequencing                            |
| 11:45 – 12:05   | <b>Katarzyna Tutak</b> (Adam Mickiewicz University, PL) – <i>short talk</i><br>Novel RAN translation modifiers of RNA harboring expanded CGG repeats in Fragile X-associated syndrome  |
| 12:05 – 12:25   | <b>Pawel Joachimiak</b> (Institute of Bioorganic Chemistry, PL) – <i>short talk</i><br>Precise and accurate allele-specific quantitation of ATXN3 and HTT transcripts in polyQ disease models  |
| 12:25 – 12:45   | <b>Sambhavi Puri</b> (Boston University School of Medicine, USA) – <i>short talk</i><br>Identification of circRNAs linked to Alzheimer's Disease and Related Dementias   |
| 12:45 – 13:30   | Lunch break  |
| <b>Poster Session II (Posters P.18 – P.33)</b>                        |  |
| 13:30 – 15:00   | Viewing posters  |
| <b>Session 4 - RNA in Brain Pathology: Neuro-oncology</b>             |  |
| <i>Moderator: Katarzyna Rolke</i>                                     |  |
| 15:00 – 15:35   | <b>Itay Tirosh</b> (Weizmann Institute of Science, IL)<br>Intra-tumor heterogeneity and cellular hierarchies in glioma   |
| 15:35 – 16:10   | <b>Agnieszka Bronisz</b> (Mossakowski Medical Research Centre, PL)<br>Molecular geography of the stress response in the brain tumor glioblastoma - the lesson from transcriptome signatures  |
| 16:10 – 16:45   | <b>Anna Krichevsky</b> (Harvard Medical School, USA)   |
|   | A long road from the discovery of oncogenic non-coding RNAs in the brain to glioblastoma therapy development   |
| 16:45 – 17:05   | <b>Żaneta Zarębska</b> (Institute of Bioorganic Chemistry, PL) – <i>short talk</i><br>Molecular mechanism of action and clinical relevance of circCLIP2 in glioblastoma  |
| 17:05 – 17:25   | <b>Katarzyna B. Leszczyńska</b> (Nencki Institute of Experimental Biology, PL) – <i>short talk</i><br>Epigenetic modulation leads to the decrease of H3K27M oncohistone and transcriptomic changes in pediatric high-grade gliomas   |
| 30 September 2022 - Friday  |  |
| <b>Session 5 - Nucleic Acid Therapies in the Brain</b>                |  |
| <i>Dedicated to the Memory of Professor Włodzimierz J. Krzyżosiak</i> |  |
| <i>Moderator: Marta Olejniczak</i>                                    |  |
| 9:00 – 9:35   | <b>Krzysztof Sobczak</b> (Adam Mickiewicz University, PL)<br>Compounds which alleviate the pleiotropic toxicity of RNA harboring expanded CGG repeats in the Fragile X-associated syndrome   |
| 9:35 – 10:10  | <b>Nicole Déglon</b> (Lausanne University Hospital and Lausanne University, CH)<br>CRISPR-based approaches for the treatment of polyQ disease  |
| 10:10 – 10:45   | <b>Leontien van der Bent</b> (uniQure biopharma B.V., NL)<br>Gene therapy for the treatment of CNS disorders: miQURE technology  |
| 10:45 – 11:05   | <b>Savani A. Anbalagan</b> (Adam Mickiewicz University, PL) – <i>short talk</i><br>Idiosyncrasy of antisense oligonucleotide targeting protein-coding gene embedded with non-coding RNA in vivo                                      |
| 11:05 – 11:25   | <b>Lorea Blazquez</b> (Biodonostia Health Research Institute, ES) – <i>short talk</i><br>Manipulation of RNA-misprocessing with CRISPR-dCas13 as a new therapeutic approach in neurodegenerative disorders                           |
| 11:25 – 12:00   | Closing Remarks & Poster Awards  |

**14-18 marca 2022**  
godz. 17.00-19.00

Sala Turkusowa Oddziału PAN w Poznaniu  
Pałac Działyńskich, Stary Rynek 78/79

# 13. Tydzień MÓZGU w Poznaniu



Organizatorzy:  
PAN  
Polska Akademia Nauk Oddział w Poznaniu  
Instytut Chemii Bioorganicznej PAN w Poznaniu  
Instytut Genetyki Człowieka PAN w Poznaniu

## PROGRAM

- 14.03 Poniedziałek:** Inauguracja – Mózg i jego ewolucja  
Otwarcie i prowadzenie:  
prof. dr hab. Marek Świłtoński, czł. rzecz. PAN  
Prezes Oddziału PAN w Poznaniu  
Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu
- 17.00 **Heterogenność komórek w mózgu**  
Dr Monika Piłwecka  
Instytut Chemii Bioorganicznej PAN w Poznaniu
- 18.00 **Ewolucja mózgu**  
Dr Aleksandra Pękowska  
Instytut Biologii Doświadczalnej Im. M. Nenckiego PAN  
w Warszawie
- 15.03 Wtorek** Niezwykłe właściwości psychotropowe  
litu oraz tajemnice wężu psa  
Prowadzenie: prof. dr hab. Michał Witt, czł. koresp. PAU  
dyrektor Instytutu Genetyki Człowieka PAN w Poznaniu
- 17.00 **Tajemnice i możliwości wykorzystania  
węchu psa**  
Prof. dr hab. Tadeusz Jezłowski  
Instytut Genetyki i Biotechnologii Zwierząt PAN  
w Jastrzębcu
- 18.00 **Jon litu – niezwykle środek psychotropowy**  
Prof. dr hab. Janusz Rybakowski  
czł. koresp. PAN, Uniwersytet Medyczny  
Im. K. Marcinkowskiego w Poznaniu
- 16.03 Środa** Czy można uzdrowić nasze neurony?  
Prowadzenie: prof. dr hab. Marek Figlerowicz  
czł. koresp. PAN, dyrektor Instytutu Chemii  
Bioorganicznej PAN w Poznaniu
- 17.00 **Zaburzenia neurorozwojowe – choroby  
„porwanych sieci” neuronów**  
Prof. IMiD dr hab. Dorota Hoffman-Zacharska  
Instytut Matki i Dziecka w Warszawie
- 18.00 **Rzadkie choroby neurologiczne – strategie  
terapeutyczne wykorzystujące RNA**  
Prof. UAM dr hab. Krzysztof Sobczak  
Uniwersytet Im. A. Mickiewicza w Poznaniu
- 17.03 Czwartek** Pułapki uzależnień i związek  
chłoniaków z mózgiem  
Prowadzenie: prof. dr hab. Marek Figlerowicz  
czł. koresp. PAN, dyrektor Instytutu Chemii  
Bioorganicznej PAN w Poznaniu
- 17.00 **Chłoniaki a mózg – czy jest jakiś  
związek?**  
Prof. IGCCZ PAN dr hab. Maciej Giefling  
Instytut Genetyki Człowieka PAN w Poznaniu
- 18.00 **Neurobiologia uzależnień**  
Prof. dr hab. Ryszard Przewlocki  
Instytut Farmakologii PAN Im. J. Maja w Krakowie
- 18.03 Piątek** Depresja i stres – jak sobie radzić?  
Prowadzenie: prof. dr hab. Michał Witt, czł. koresp. PAU  
dyrektor Instytutu Genetyki Człowieka PAN w Poznaniu
- 17.00 **Depresja dzieci i młodzieży – dlaczego  
patrzemy, ale nie widzimy?**  
Prof. dr hab. n. med. Agnieszka Stopień  
Uniwersytet Medyczny Im. K. Marcinkowskiego  
w Poznaniu
- 18.00 **Stres rodzicielski i wypalenie  
rodzicielskie. Dlaczego sielanka zamienia  
się w koszmar?**  
Dr Konrad Plotrowski  
Uniwersytet SWPS, Filia w Poznaniu  
Wstęp wolny.  
**ODKRYWAJ Z NAMI TAJEMNICE MÓZGU!**

Organizatorzy:



Partnerzy honorowi:



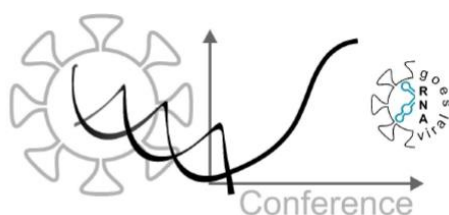
Partner:



Partnera medialni:



## Załącznik 8. Program RNA goes viral



**Thursday / Czwartek, 20.10.2022.**

**Session 'RNA goes scientific' (online, in English)**

|               |   |
|---------------|---|
| 12.00 – 12.50 | <i>SARS-CoV-2 entry into cells and its inhibition</i> (Prof. Stefan Pöhlmann, Infection Biology Unit, German Primate Center – Leibniz Institute for Primate Research, Göttingen, Niemcy)  |
| 12.50 – 13:40 | <i>Imaging SARS-CoV-2 infection in vitro and in vivo</i> (Prof. Luis Martinez-Sobrido, Texas Biomedical Research Institute, San Antonio, USA)   |
| 13:40 – 14:10 | <i>Conserved RNA secondary structure motifs as targets for the influenza A virus inhibition</i> (Dr Julita Piasecka, Department of RNA structural genomics, Institute of Bioorganic Chemistry Polish Academy of Sciences, Poznan, Poland) |
| 14:10 – 14:30 | Lunch break   |
| 14:30 – 14:55 | <i>Phase-separated biomolecular condensates in cell biology and virology</i> (Prof. Pravin Sehgal, New York Medical Center, USA)  |
| 14:55 – 15:45 | <i>NMR spectra and molecular dynamics simulations of single stranded, short RNAs provide insight into strengths and weaknesses of force fields for predicting 3D structure</i> (Prof. Douglas H. Turner, University of Rochester, USA)    |
| 15:45 – 16:35 | <i>Binders selective for double-stranded RNAs over single-stranded RNAs and their biotech applications</i> (Prof. Gang Chen, School of Life and Health Sciences, The Chinese University of Hong Kong, Shenzhen, PR China)                 |

**Piatek / Friday, 21.10.2022 r.**

**Sesja 'RNA goes popular' (hybrydowo, w języku polskim)**

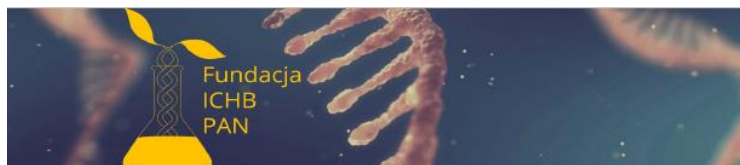
|               |  |
|---------------|--|
| 9.00 – 9.15   | Przywitanie uczestników (Elżbieta Kopińska, dr Paweł Zmora)  |
| 9.15 – 10.15  | Grypa - niedoceniany problem zdrowia publicznego w przebiegu pandemii COVID-19 (prof. dr hab. Lidia Brydak, Krajowy Ośrodek ds. Grypy, Narodowy Instytut Zdrowia Publicznego Państwowy Zakład Higieny)   |
| 10.15 – 11.00 | mRNA - przyszłość medycyny chorób zakaźnych? (dr hab. Piotr Rzymiski, prof. UMP, Zakład Medycyny Środowiskowej, Uniwersytet Medyczny im. K. Marcinkowskiego w Poznaniu)  |
| 11.00 – 11.15 | przerwa kawowa   |
| 11.15 – 12.00 | Pandemia koronawirusa w Wielkopolsce (Agnieszka Pachciarz, Wielkopolski Oddział Wojewódzkiego Narodowego Funduszu Zdrowia)   |
| 12.00 – 12.25 | Choroby importowane z tropików w dobie pandemii COVID-19 – doświadczenia Kliniki Chorób Tropikalnych i Pasożytniczych UMP w Poznaniu (dr Szymon Nowak, Katedra i Klinika Chorób Tropikalnych i Pasożytniczych, Uniwersytet Medyczny im. K. Marcinkowskiego w Poznaniu) |
| 12.25 – 13.10 | COVID-19 – koniec pandemii czy początek nowych kłopotów? (dr Paweł Zmora, Zakład Wirusologii Molekularnej, Instytut Chemii Bioorganicznej Polskiej Akademii Nauk)  |
| 13.10 – 14.00 | przerwa lunchowa   |
| 14.00 – 14.45 | Posłaniec w strzykawce. Zrozumieć szczepionkę C-19 (prof. dr hab. Jan Barciszewski, Instytut Chemii Bioorganicznej Polskiej Akademii Nauk)   |

**Session 'RNA goes doctoral' (hybrid, in English)**

|               |   |
|---------------|---|
| 14.45 – 15.45 | <i>Sesja studencka / Student's session</i><br>- doniesienia ustne (12 min. prezentacji + 3 min. dyskusji) oraz e-postery (3 min. prezentacji + 2 min. dyskusji) wybrane wśród nadesłanych zgłoszeń<br>- oral presentation (12 min. presentation + 3 min. discussion) and e-posters (3 min. presentation + 2 min. discussion) chosen among sent applications |
| 15.45 – 16.00 | <i>Zakończenie konferencji</i> (Elżbieta Kopińska, dr Paweł Zmora)  |

Konferencja 'RNA goes viral' została dofinansowana przez Ministra Edukacji i Nauki w ramach programu "Doskonała Nauka".

## Załącznik 9. Program Nauki Społeczne wobec kryzysu pandemii COVID-19



### Program konferencji „Nauki Społeczne wobec kryzysu pandemii COVID-19”

[LINK](#)

27.10.2022 r.

Moderator: Prof. UAM dr hab. Dorota Piontek

#### Sesja A

- 10:00 – 10:30 **mgr Artur Marcin Lorek**  
*Działalność sądów rodzinnych okręgu poznańskiego w pierwszej fazie epidemii COVID-19*
- 10:30 – 11:00 **mgr Artur Kacper Górski**  
*Realizacja konstytucyjnego prawa do sądu w dobie pandemii COVID-19*
- 11:00 – 11:30 **mgr Artur Marcin Lorek**  
*Jakościowe aspekty zmiany w funkcjonowaniu sądów powszechnych w kontekście uwarunkowań epidemicznych*
- 11:30 – 12:00 **mgr Artur Kacper Górski**  
*Odpowiedzialność odszkodowawcza w stanie epidemii i zagrożenia epidemicznego*

#### Sesja B

- 12:30 – 13:00 **mgr Norbert Arszulowicz**  
*Zasoby niematerialne a konkurencyjność przedsiębiorstw*
- 13:00 – 13:30 **mgr Maciej Górny**  
*Crowdsourcing w Gospodarce 4.0*

#### Wystąpienie specjalne

- 13:30 – 14:30 **dr Paweł Łokić**  
*Pierwsze miesiące pandemii COVID-19 w audycjach informacyjnych polskiej telewizji. Analiza zawartości programów informacyjnych TVP1, Polsat i TVN*

28.10.2022 r.

Moderator: Prof. UAM dr hab. Szymon Ossowski

#### Sesja A

- 10:00 – 10:30 **mgr Rafał Gerymski**  
*Cyberseksualność wśród Anonimowych Seksoholików podczas COVID-19; wyniki badania podłużnego*
- 10:30 – 11:00 **dr Piotr Lizakowski**  
*Bezpieczeństwo zdrowotne – istotny element bezpieczeństwa państwa*

#### Sesja B

- 11:30 – 12:00 **mgr inż. Sylwia Kuziemkowska, mgr inż. Donata Wysocka, dr hab. Elżbieta Grzelak-Kostulska, prof. UMK, dr hab. Jadwiga Biegańska, prof. UMK**  
*Szanse na rozwój turystyki w miastach sieci Cittaslow w dobie pandemii*
- 12:00 – 12:30 **mgr Łukasz Szal**  
*Konsultacje społeczne (online) jako przykład aktywnej partycypacji społecznej w dobie pandemii COVID-19 – projekt Serce Gminy*
- 12:30 – 13:00 **mgr inż. Adam Wronkowski**  
*Percepcja i zachowania przestrzenne użytkowników miejskich otwartych przestrzeni publicznych w trakcie pandemii COVID-19*

#### Wystąpienie specjalne

- 13:00 - 14:00 **dr Dariusz Dymek**  
*Bezpieczeństwo zdrowotne w zarządzaniu kryzysowym. Analiza doświadczeń pandemii COVID-19 w Wielkopolsce. Wnioski i rekomendacje*

14:00 **Zakończenie konferencji**

Fundacja ICHB PAN  
ul. Wieniawskiego 17/19, 61-713 Poznań  
NIP: 7831785289 KRS: 0000743800  
[fundacja@ibch.poznan.pl](mailto:fundacja@ibch.poznan.pl)  
34 1090 2590 0000 0001 4781 3417



**ICHB PAN**