



INSTYTUT CHEMII BIOORGANICZNEJ
Polskiej Akademii Nauk



PAŁAC W TURWI



Sprawozdanie z działalności w roku 2023

Poznań, marzec 2024

SPRAWOZDANIE

z działalności w roku 2023

Instytut Chemii Bioorganicznej Polskiej Akademii Nauk
Ośrodek Wydawnictw Naukowych • Poznań, marzec 2024

Instytut Chemii Bioorganicznej Polskiej Akademii Nauk
Sprawozdanie z działalności w roku 2023

Przygotowanie

Julia Brzoska-Karwat, Magdalena Łuczak
Elżbieta Adamczyk, Paweł Goderski
Karolina Korycka, Bartosz Szubiński

Okładka

Laserowy skan Pałacu w Turwi
Jacek Walczak, Maciej Jaśkiewicz
Dział Nowych Mediów PCSS

Redakcja techniczna

Ewa Rozmiarek

Wydawca

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

Druk i oprawa

Moś i Łuczak, Poznań

SPIS TREŚCI

WSTĘP	5
INFORMACJE OGÓLNE	9
Dyrekcja	9
Uprawiane specjalności naukowe	9
Struktura organizacyjna	9
Zatrudnienie.....	12
Międzynarodowy Zespół Doradczy	13
Działalność publikacyjna.....	13
Działalność naukowa	13
Projekty strategiczne	14
Dotacje, finansowanie projektów badawczych, inwestycyjnych i innych.....	17
Rozwój kadry naukowej.....	18
Kształcenie doktorantów.....	23
Uczestnicy innych form kształcenia.....	23
Wynalazki.....	24
Działalność wydawnicza	24
Nagrody i wyróżnienia.....	25
Organizacja seminariów i konferencji naukowych.....	28
Najważniejsze osiągnięcia.....	29
Pozostałe ważne wyniki	35
HR Excellence in Research	45
Działalność statutowa	46
Tematy statutowe realizowane w roku 2023.....	46
Informacja o wykorzystaniu dotacji na finansowanie kosztów związanych z utrzymaniem specjalnego urządzenia badawczego (SPUB)	49
Opis działalności naukowej	50
Zakład Bioinformatyki Strukturalnej	50
Zakład Biologii Molekularnej i Systemowej	53
Zakład Biomolekularnego NMR	58
Zakład Chemii Komponentów Kwasów Nukleinowych	60
Zakład Fizjologii Molekularnej Roślin	63
Zakład Genetyki Molekularnej	65
Zakład Genomiki Strukturalnej RNA.....	67
Zakład Metabolomiki Funkcjonalnej Roślin	69
Zakład Struktury i Funkcji Biomolekuł	71
Zakład Biochemii Rybonukleoprotein.....	73
Zakład Bioinżynierii Kwasów Nukleinowych.....	76
Zakład Biologii Komórek Nerwowych	78
Zakład Biologii Obliczeniowej Niekodującego RNA	79

Zakład Biologii Strukturalnej Eukariontów	81
Zakład Biologii Strukturalnej Organizmów Prokariotycznych	84
Zakład Biotechnologii Medycznej.....	86
Zakład Chemii Biopolimerów.....	89
Zakład Chorób Rzadkich	91
Zakład Genomiki Roślin	93
Zakład Inżynierii Genomowej.....	94
Zakład Neurobiologii Molekularnej.....	97
Zakład Neuroonkologii Molekularnej.....	100
Zakład Niekodujących RNA	103
Zakład Proteomiki Biomedycznej	105
Zakład Sond Molekularnych i Proleków	107
Zakład Struktury i Funkcji RNA.....	110
Zakład Transkryptomiki Funkcjonalnej	112
Zakład Wirusologii Molekularnej.....	114
Zakład Biologii Medycznej	116
Zakład Chemii i Biologii Strukturalnej Kwasów Nukleinowych.....	118
Zespół Biogospodarki i Zrównoważonego Rozwoju.....	120
Zespół Automatyki i Robotyki Laboratoryjnej	121
Projekty realizowane w Instytucie w 2023 roku.....	122
Projekty realizowane w PCSS w 2023 roku.....	142
Współpraca naukowa z partnerami krajowymi.....	150
Współpraca naukowa z partnerami zagranicznymi	160
Spis publikacji	168
ZAŁĄCZNIKI.....	194
Załącznik 1. Skład Rady Naukowej kadencji 2023–2026.....	194
Załącznik 2. Schemat organizacyjny ICHB PAN (2023).....	196
Załącznik 3. Struktura organizacyjna zakładów naukowych ICHB PAN (2023).....	197
Załącznik 4. SeminaRIA Instytutu Chemii Bioorganicznej PAN.....	198
Załącznik 5. Program RNA Salon Poznań	200
Załącznik 6. Program „Understand and Describe Life” – 35-lecie Instytutu Chemii Bioorganicznej PAN i 30-lecie Poznańskiego Centrum Superkomputerowo-Sieciowego.....	201
Załącznik 7. Program 14. Tydzień Mózgu	204
Załącznik 8. Program EMBO Workshop „Non-coding RNA medicine”	205
Załącznik 9. Program Znaczenie komunikacji w budowie świadomości społecznej szczepień przeciw COVID i grypie.....	210
Załącznik 10. Program HIPOTEZA GAI w kontekście lokalnych i globalnych działań na rzecz bioróżnorodności.....	211
Załącznik 11. Program Nauka na Wakacjach	213

WSTĘP

Szanowni Państwo,

z przyjemnością przedstawiamy Państwu kolejne roczne sprawozdanie z działalności Instytutu Chemii Bioorganicznej Polskiej Akademii Nauk. Rok 2023 był rokiem znaczących zmian organizacyjnych, a takie momenty są dobrą okazją do podsumowań. Podczas gdy cała Polska żyła wyborami parlamentarnymi, a potem w napięciu śledziła transmisje z obrad nowego sejmu, w Instytucie dobiegała końca trzecia i ostatnia kadencja prof. dr. hab. Marka Figlerowicza jako Dyrektora ICHB PAN. Z dniem 1 grudnia 2023 r. Prezes PAN, prof. dr. hab. Marek Konarzewski powołał na to stanowisko, zgodnie z rekomendacją komisji konkursowej, dr hab. Luizę Handschuh, prof. ICHB PAN, która przez ostatnie 2 lata pełniła funkcję Zastępcy Dyrektora ds. Naukowych.

O ile jednak wybory parlamentarne i wydarzenia, które po nich nastąpiły, wywołały ogromne emocje w społeczeństwie, o tyle zmiana władzy w ICHB PAN przebiegła płynnie i bez zakłóceń. To w dużej mierze zasługa Dyrektora Figlerowicza, który pozostawił Instytut w doskonałej kondycji. Pod Jego zarządem dynamicznie rozwinął się pion naukowy, a wspierający go pion administracyjny został znacząco zreformowany. Liczba pracowników wzrosła trzykrotnie, przekraczając w 2023 r. 400 osób, a w połączeniu z PCSS, zbliżając się do 900. Zarządzanie tak dużą jednostką jest prawdziwym wyzwaniem. Przez ostatnie lata prof. dr. hab. Marek Figlerowicz stawiał mu czoła przy wsparciu czterech zastępców, do których w 2023 r. dołączyła Agnieszka Konrad jako Zastępca Dyrektora ds. Współpracy. Także kierownictwo PCSS zostało poszerzone o drugiego Zastępcę Pełnomocnika Dyrektora ds. PCSS, którym został Robert Pękal. Zmiana na stanowisku Dyrektora z oczywistych względów spowodowała konieczność powołania nowego Zastępcy ds. Naukowych. Funkcję tę, na wniosek nowej Dyrektora, pozytywnie zaopiniowany przez Radę Naukową ICHB PAN, objęła dr hab. Magdalena Łuczak, prof. ICHB PAN. Pozostali zastępcy, a także pełnomocnicy Dyrektora ds. PCSS, trwają na swoich stanowiskach, dzięki czemu zachowaliśmy płynność działania.

W minionym roku znacząco wzrosły możliwości lokalowe Instytutu. Nasi pracownicy zyskali dostęp do nowych przestrzeni w wyremontowanym budynku B, zwanym odtąd BLU (Budynek Laboratoriów Użytkowników). Mogliśmy dzięki temu zwolnić część powierzchni wynajmowanej w Centrum Zaawansowanych Technologii UAM na kampusie Morasko. Udało się też pozyskać pierwszy milion złotych na remont pałacu w Turwi, dzięki wygranej w konkursie „Nasz Zabytek” Fundacji BGK Most the Most. Przez cały rok trwały intensywne prace związane z rewitalizacją willi przy ul. Wieniawskiego 21/23. Jednocześnie kończyliśmy realizację kilku strategicznych projektów (POL-OPENSREEN, NEBI, ECBiG, ECBiG-MOSAIC, PIONIER-LAB, PRACE, Krajowy Magazyn Danych), w ramach których powstały lub zostały rozbudowane nowoczesne platformy do badań naukowych, prac rozwojowych i usług, znajdujące się na Polskiej Mapie Infrastruktury Badawczej.

Rok 2023 był także rokiem podwójnego jubileuszu: 35-lecia istnienia ICHB PAN oraz 30-lecia działalności Poznańskiego Centrum Superkomputerowo-Sieciowego (PCSS). Obchody okrągłych rocznic świętowaliśmy dwukrotnie: we wrześniu 30-lecie PCSS w połączeniu z 20-leciem sieci

PIONIER, a w listopadzie 35-lecie ICHB PAN i 30-lecie PCSS. Listopadowym obchodom towarzyszyła międzynarodowa konferencja naukowa „Understand and Describe Life”, na którą przybyło szereg znamienitych gości z Polski i zagranicy. Możemy z całą pewnością stwierdzić, że było to spotkanie z nauką na światowym poziomie.

Mimo licznych wyzwań organizacyjnych oraz ograniczonego budżetu instytucji finansujących badania (przede wszystkim NCN), udało się nam zdobyć środki na realizację kilkudziesięciu nowych projektów. Łącznie w 2023 roku realizowano blisko 200 projektów i opublikowano ponad 160 prac naukowych, w tym, w takich czasopismach jak Genome Biology, Nucleic Acid Research czy Cellular and Molecular Life Sciences. Znakomite prace przeglądowe ukazały się w Nature Reviews Neurology, Molecular Plant i Ageing Research Reviews.

Otwarte zostały dwa nowe zakłady w obszarze badań biomedycznych, na czele których stanęli młodzi badacze, dr Paweł Świtoński i dr Katarzyna Klonowska. Oboje uzyskali stopień doktora w ICHB PAN i wrócili do Instytutu po odbyciu kilkuletnich staży naukowych w USA. W związku z planowanym przejściem na emeryturę dwojga zasłużonych Profesorów, prof. dr. hab. Wojciecha Rypniewskiego i prof. dr. hab. Zofii Gdaniec, przeprowadziliśmy również konkurs na nowe zakłady w obszarze badań strukturalnych kwasów nukleinowych. Wyłonieni w konkursie nowi liderzy to dr hab. Agnieszka Kiliszek, prof. ICHB PAN oraz dr Witold Andrałojć – specjaliści w dziedzinie analiz kwasów nukleinowych metodami krystalografii i NMR. Dwoje innych młodych naukowców uzyskało w 2023 r. stopnie doktora habilitowanego, dr hab. Agata Tyczewska, prof. ICHB PAN w dyscyplinie nauki biologiczne, a dr hab. Jacek Kolanowski w dyscyplinie nauki chemiczne. W 2023 r. odnotowaliśmy również rekordową liczbę obronionych doktoratów – Rada Naukowa ICHB PAN nadała aż 22 stopnie doktora, w tym 18 w naukach biologicznych i 4 w naukach chemicznych.

Pracownicy Instytutu zdobyli wiele nagród, w tym m.in. DIAMENTY 2023, przyznane przez Komitet Krystalografii PAN prof. dr. hab. Mariuszowi Jaskólskiemu i dr. hab. Miłoszowi Ruszkowskiemu, prof. ICHB PAN oraz ich współpracownikom; stypendium Ministra Edukacji i Nauki dla wybitnych młodych naukowców przyznane dr Paulinie Gałce-Marciniak; stypendium doktoranckie L’Oréal-UNESCO „Dla Kobiet i Nauki” przyznane mgr inż. Angelice Andrzejewskiej-Romanowskiej czy stypendium START 2023 FNP, przyznane dr Annie Kotowskiej-Zimmer. Prof. dr. hab. Marek Figlerowicz został wybrany na członka korespondenta Wydziału IV Przyrodniczego PAU, a prof. dr. hab. Andrzej Legocki otrzymał zaszczytny tytuł doktora *honoris causa* nadany przez Uniwersytet im. Adama Mickiewicza. Przedstawiciele naszego Instytutu: prof. dr. hab. Jan Barciszewski, prof. dr. hab. Elżbieta Kierzek, prof. dr. hab. Piotr Kozłowski, dr hab. Maciej Figiel, prof. ICHB PAN i dr hab. Agnieszka Fiszer, prof. ICHB PAN, zostali wybrani do Komitetów Naukowych PAN.

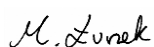
W afiliowanym przy Instytucie Poznańskim Centrum Superkomputerowo-Sieciowym stanęły pierwsze komputery kwantowe, stanowiące zaczątek węzła obliczeń kwantowych w ramach IBM Quantum Network w tej części Europy. Na lotnisku w Kąkolewie zakończono budowę laboratorium PSNC Aerospace Lab wraz z odnawialnymi źródłami i magazynami energii. Znaczące inwestycje sprzętowe poczyniono ze środków 10 projektów strukturalnych, przeznaczonych na rozwój przedsięwzięć z Polskiej Mapy Infrastruktury Badawczej. Europejski Hub Innowacji Cyfrowych, którego liderem jest PCSS, otrzymał nagrodę BDVA i-Space Gold, przyznawaną za jakość i wysoki poziom badań i innowacji opartych na sztucznej inteligencji. Z kolei Internetowa Platforma Doradztwa i Wspomagania Decyzji w Integrowanej Ochronie Roślin (eDWIN), której partnerem jest PCSS, otrzymała dwa Złote Medale za wyróżniającą się innowacyjność na targach Polagra Premiery.

Dla administracji rok 2023 także był dużym wyzwaniem. Ze względu na kończące się projekty z programów POIR, pracownicy Pionu Koordynacji Badań, Pionu Finansowego oraz Działu Zamówień Publicznych ICHB PAN mieli mnóstwo pracy. Podobnie było w PCSS. Wystarczy wspomnieć,

że łączna wysokość środków, którymi dysponowaliśmy w roku 2023 wynosiła 688 mln zł. Środki pozyskane przez ICHB PAN z subwencji i dotacji rządowych stanowiły 28 mln zł. Główny składnik tej kwoty to subwencja na utrzymanie potencjału badawczego w wysokości 26,84 mln zł (wzrost o 2,36 mln zł w stosunku do 2022 r.). Dodatek (0,8 mln zł) stanowiła dotacja na utrzymanie specjalnego urządzenia badawczego (SPUB). Kwota pozyskana z grantów NCN wyniosła 20,19 mln zł. Na finansowanie projektów strukturalnych Instytut otrzymał 18,64 mln zł. Łącznie finansowanie z projektów wynosiło 48,6 mln zł. PCSS pozyskało na swoją działalność z różnego typu grantów (głównie unijnych) ponad 611 mln zł.

Mimo iż rok 2024 nie zapowiada się tak optymistycznie jak poprzedni, patrzymy w przyszłość z nadzieją. Wierzymy, że nowy rząd dotrzyma obietnic i zwiększy nakłady na płace dla pracowników nauki oraz na badania naukowe. W oczekiwaniu na to starajmy się „robić swoje” i róbmy to jak najlepiej – publikujmy, piszmy nowe projekty, kształćmy młodych adeptów nauki. To z pewnością zaowocuje nowymi osiągnięciami w kolejnych latach.

Z-ca Dyrektora
ICHB PAN
ds. Naukowych



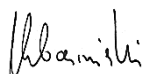
dr hab.
Magdalena Łuczak, prof. ICHB PAN

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. Współpracy



mgr
Agnieszka Konrad

Z-ca Dyrektora
ICHB PAN
ds. Ogólnoadministracyjnych



mgr
Małgorzata Radwańska-Borucka

Dyrektor ICHB PAN



dr hab.
Luiza Handschuh, prof. ICHB PAN

INFORMACJE OGÓLNE

Dyrekcja

Dyrektor: PROF. DR HAB. MAREK FIGLEROWICZ (do 30.11.2023 r.)

Dyrektor: DR HAB. LUIZA HANDSCHUH, PROF. ICHB PAN (od 01.12.2023 r.)

Zastępca Dyrektora ds. Naukowych: DR HAB. MAGDALENA ŁUCZAK, PROF. ICHB PAN

Zastępca Dyrektora ds. Ogólnoadministracyjnych: MGR MAŁGORZATA RADWAŃSKA-BORUCKA

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

Zastępca Dyrektora ds. Współpracy: MGR AGNIESZKA KONRAD

Zastępca Dyrektora ds. Finansowych: MGR ADAM KUBASIŃSKI

Uprawiane specjalności naukowe

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

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 2023 r. (w porządku chronologicznym)

1. Zmieniono nazwę Działu ds. Współpracy z Administracją na Dział Wsparcia Badań i powołano mgr Katarzynę Chojnącką na stanowisko Kierownika (01.01.2023 r.).
2. Rozwiązano Zakład Biologii Rozwoju (dr hab. Takashi Miki, prof. ICHB PAN, 31.05.2023 r.).
3. Zmieniono nazwę Zakładu Struktury i Funkcji Retrotranspozonów na Zakład Struktury i Funkcji RNA (dr hab. Katarzyna Pachulska-Wieczorek, prof. ICHB PAN, 01.08.2023 r.).
4. Zawieszono działalność Zakładu Metabolizmu RNA z dniem 1.08.2023 r. na okres 1 roku.
5. Powołano Zakład Biologii Komórek Nerwowych (dr Paweł Świtoński, 01.08.2023 r.).
6. Zmieniono nazwę Pracowni Modelowych Organizmów Zwierzęcych na Pracownię Modelowych Organizmów Bezkręgowych (dr hab. Agata Tyczewska, prof. ICHB PAN, 01.09.2023 r.).
7. Afiliowano Pracownię Modelowych Organizmów Bezkręgowych przy Zakładzie Biotechnologii Medycznej (01.09.2023 r.).
8. Afiliowano Pracownię Modelowych Organizmów Ssaczych przy Zakładzie Neuroonkologii Molekularnej (01.09.2023 r.).
9. Afiliowano Pracownię Analiz Struktur Subkomórkowych (prof. dr hab. Eliza Wyszko) przy Zakładzie Inżynierii Genomowej (01.09.2023 r.).
10. Zmieniono kierownika Pracowni Hodowli Komórkowych i Tkankowych (dr Natalia Koralewska, 01.10.2023 r.)
11. Utworzono Pion ds. Współpracy i powołano mgr Agnieszkę Konrad na stanowisko Zastępcy Dyrektora ds. Współpracy (01.10.2023 r.)
12. Powołano dr hab. Luizę Handschuh, prof. ICHB PAN na stanowisko Dyrektora Instytutu (01.12.2023 r.)
13. Powołano dr hab. Magdalenę Łuczak, prof. ICHB PAN na stanowisko Zastępcy Dyrektora ds. Naukowych (11.12.2023 r.).
14. Rozwiązano Zakład Struktury i Funkcji Biomolekuł (prof. dr hab. Wojciech Rypniewski, 31.12.2023 r.).
15. Rozwiązano Zakład Transkryptomiki Funkcjonalnej (dr hab. Kamilla Grzywacz, prof. ICHB PAN, 31.12.2023 r.).

W wyniku przeprowadzonych zmian na koniec 2023 r. w Instytucie działało 30 zakładów (9 ZW, 2 ZS i 19 ZML), 13 pracowni specjalistycznych oraz 2 zespoły merytoryczne.

W skład Instytutu Chemii Bioorganicznej PAN w 2023 r. wchodziły następujące jednostki organizacyjne:

I. Instytut

1. Pion Zakładów Naukowych

- Zakład Biochemii Rybonukleoprotein (dr hab. Anna Kurzyńska-Kokorniak, prof. ICHB PAN),
- Zakład Bioinformatyki Strukturalnej (prof. dr hab. Marta Szachniuk),
- Zakład Bioinżynierii Kwasów Nukleinowych (prof. dr hab. Anna Pasternak),
- Zakład Biologii Komórek Nerwowych (dr Paweł Świtoński),
- 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 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 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 hab. Jacek Ł. Kolanowski),
 - Zakład Struktury i Funkcji Biomolekuł (prof. dr hab. Wojciech Rypniewski),
 - Zakład Struktury i Funkcji RNA (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, prof. ICHB PAN),
 - Pracownia Genomiki (dr hab. Luiza Handschuh, prof. ICHB PAN),
 - Pracownia Diagnostyki Molekularnej WGW ICHB PAN (dr Elżbieta Lenartowicz Onykaa),
 - Pracownia Spektrometrii Mas (dr Łukasz Marczak).
- Centrum Biologii Chemicznej ERIC*
- Pracownia Chemii Medycznej (dr Dorota Jakubczyk),
 - Pracownia Testów i Obrazowania Molekularnego (dr Dorota Kwiatek).
- Centrum Układów Modelowych*
- Pracownia Hodowli Komórkowych i Tkankowych (dr Natalia Koralewska),
 - Pracownia Modelowych Organizmów Ssaczych (dr Łukasz Przybył),
 - Pracownia Modelowych Organizmów Bezkręgowych (dr hab. Agata Tyczewska, prof. ICHB PAN).
- 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 ds. Współpracy.**

8. **Pion Administracji i Obsługi.**
9. **Inne jednostki organizacyjne i stanowiska.**

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

Afiliowane przy Instytucie Poznańskie Centrum Superkomputerowo-Sieciowe (PCSS) powstało w 1993 r. Zadaniem PCSS jest umożliwienie poznańskiemu i krajowemu środowisku naukowemu korzystania z sieci POZMAN i PIONIER oraz z zasobów obliczeniowych i informacyjnych utrzymanych w Centrum, a także prowadzenie prac badawczo-rozwojowych związanych z technologiami informacyjno-komunikacyjnymi. Struktura PCSS przedstawia się następująco:

1. **Pion Technologii Sieciowych.**
2. **Pion Technologii Przetwarzania Danych.**
3. **Pion Usług Sieciowych.**
4. **Pion Zastosowań.**
5. **Inne jednostki organizacyjne i stanowiska**
 - Zespół PSNC Aerospace Lab,
 - Zespół PSNC Future Labs,
 - Zespół PSNC Media Solution Lab,
 - Dział Współpracy i Kontaktów z Otoczeniem,
 - Pozostałe Działy i Zespoły Administracji oraz Obsługi.

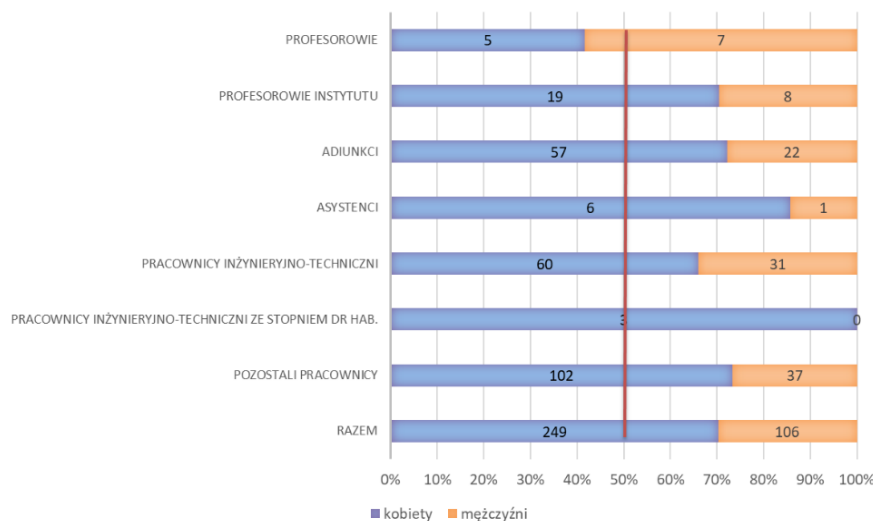
Zatrudnienie

Zgodnie ze stanem z dnia 31.12.2023 roku, w ICHB PAN pracowały 893 osoby, w tym 378 kobiet. Liczba ta obejmuje: 355 pracowników i 65 doktorantów Instytutu (w tym 6 doktorantów na etatach), w sumie 414 osób oraz 479 pracowników afiliowanego przy Instytucie Poznańskiego Centrum Superkomputerowo-Sieciowego (PCSS).

Wśród zatrudnionych w Instytucie było:

- 12 profesorów,
- 27 profesorów Instytutu (w tym 1 z tytułem profesora),
- 79 adiunktów (w tym 5 ze stopniem doktora habilitowanego),
- 7 asystentów (w tym 4 ze stopniem doktora),
- 230 pozostałych (w tym 91 pracowników inżynieryjno-technicznych i technicznych w Zakładach i Pracowniach, 3 z nich ze stopniem doktora habilitowanego).

Zatrudnienie średnioroczne w 2023 r. (nieuwzględniające doktorantów studium doktoranckiego i szkoły doktorskiej): Instytut – 332,72 etatu, PCSS – 411,98 etatu.



Ryc. 1. Zatrudnienie w ICHB PAN według stanowisk i płci (stan na 31.12.2023 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 2023 r. pracownicy ICHB PAN opublikowali łącznie 167 prac. Dorobek ten obejmował:

- artykuły i rozprawy w czasopismach naukowych - 135, w tym 123 w czasopismach recenzowanych, wyróżnionych przez *Journal Citation Reports*;
- materiały z konferencji zamieszczone w wykazie czasopism - 12;
- książki i rozdziały - 15;
- redakcję monografii lub podręcznika - 2;
- artykuły popularnonaukowe - 3.

Działalność naukowa

W roku sprawozdawczym w Instytucie realizowano:

- 33 zadania statutowe,
- 121 projektów finansowanych, w tym:
 - a) 95 z Narodowego Centrum Nauki (NCN);
 - b) 1 z Narodowego Centrum Badań i Rozwoju (NCBR) w ramach Programu Lider;
 - c) 1 z Narodowej Agencji Wymiany Akademickiej (NAWA) w ramach Programu Polskie Powroty;
 - d) 5 z Ministerstwa Edukacji i Nauki (MEiN): POL-OPENSSCREEN, Diamentowy Grant, 2 projekty w ramach Doskonała Nauka oraz Perły Nauki;
 - e) 5 z Programu Operacyjnego Inteligentny Rozwój (POIR): 2 za pośrednictwem NCBR i 3 za pośrednictwem Ośrodka Przetwarzania Informacji (OPI);
 - f) 2 z Programu Operacyjnego Wiedza Edukacja Rozwój (POWER) za pośrednictwem NCBR;
 - g) 1 z Agencji Badań Medycznych (ABM) w ramach programu Rozwój Innowacyjnych Rozwiązań Terapeutycznych z Wykorzystaniem Technologii RNA;
 - h) 11 z inicjatyw międzynarodowych: 7 w ramach programu Komisji Europejskiej Horyzont 2020, 1 w ramach EuroHPC Joint Undertaking, 1 za pośrednictwem European Molecular Biology Organisation (EMBO) i 2 za pośrednictwem Polskiej Akademii Nauk (PAN).

Szczegółowy wykaz projektów znajduje się na s. 122.

Z kolei w Poznańskim Centrum Superkomputerowo-Sieciowym realizowano 82 projekty, finansowane w ramach:

- a) Narodowego Centrum Badań i Rozwoju (NCBR) - 14,
- b) Ministerstwa Edukacji i Nauki (MEiN) - 4,
- c) Centrum Projektów Polska Cyfrowa - 1,
- d) inicjatyw międzynarodowych - 46,
- e) Programu Operacyjnego Inteligentny Rozwój (POIR) - 10, za pośrednictwem Ośrodka Przetwarzania Informacji (OPI),

- f) Fundacji Rozwoju Systemu Edukacji – 4,
- g) Ministerstwa Cyfryzacji – 1,
- h) Agencji Badań Medycznych – 1,
- i) Wielkopolskiego Regionalnego Programu Operacyjnego (WRPO 2014+) – 1, za pośrednictwem Urzędu Marszałkowskiego Województwa Wielkopolskiego.

Szczegółowy wykaz projektów PCSS znajduje się na s. 142.

Cztery projekty były realizowane wspólnie przez Instytut i PCSS.

Projekty strategiczne

Genomiczna Mapa Polski



Genomiczna Mapa Polski (GMP) to specjalistyczna infrastruktura bioinformatyczna tworzona przez konsorcjum w składzie: Instytut Chemii Bioorganicznej PAN (lider), Politechnika Poznańska (partner naukowy) oraz Centrum Badań DNA Sp. z o.o. (partner biznesowy) 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 ta składa się z:

- baz danych pochodzących z masowego sekwencjonowania ok. 6 tys. pełnych ludzkich genomów;
- narzędzi bioinformatycznych do wielkoskalowej analizy genomów.

GMP zawiera następujące elementy:

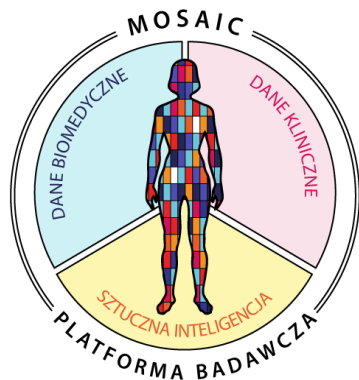
- Polski Genom Referencyjny – genom referencyjny powstający na podstawie bardzo szczegółowej analizy genomów 30 osób (10 triów w schemacie dziecko-matka-ojciec). Ich analiza prowadzona jest z zastosowaniem kilku różnych, wzajemnie uzupełniających się technologii sekwencjonowania genomowego DNA, w tym technologii opartych na krótkich i długich odczytach;
- Mapa Zmienności Genetycznej – zbiór danych i narzędzi powstający na podstawie sekwencjonowania ok. 3,4 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 dodatkowe 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 ponad 1 tys. sekwencji całogenomowych pochodzących od przedstawicieli mniejszości etnicznych i regionalnych zamieszkujących Polskę.

W roku 2023 zakończono prace związane z implementacją bazy danych genomicznych i powiązanych z nią narzędzi bioinformatycznych powstałych w ramach projektu. Zbiór danych z sekwencjonowania całogenomowego wzbogacono o 384 próbki, zsekwencjonowane z zastosowaniem technologii amerykańskiej. Weszły one w skład Mapy Zmienności Genetycznej. W całym projekcie zebrano łącznie ponad 6 tys. próbek DNA mieszkańców Polski. Dane pochodzące z sekwencjonowania zebranych próbek, wraz z informacjami pozyskanymi w postaci ankiet czy dodatkowych wyników badań, stanowią unikatową bazę danych odzwierciedlającą zmienność genetyczną mieszkańców Polski. Baza ta może się stać referencją w różnego rodzaju badaniach

genomicznych i medycznych. Pomoże też Polsce przystąpić do międzynarodowych inicjatyw, takich jak Beyond 1 Million Genomes (B1MG) czy European 1+ Million Genomes (1+MG).

Kierownikiem projektu jest prof. Marek Figlerowicz. Realizacja projektu zakończyła się 31 grudnia 2023 r., jednak wciąż trwają prace związane z fazą trwałości.

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) było 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. Przedsięwzięcie to otwiera drogę do praktycznego zastosowania najnowszych zdobyczy nauki w medycynie oraz do stworzenia w Polsce warunków do rozwoju nowego typu medycyny zapobiegawczej – tzw. medycyny interceptywnej (ang. *interceptive medicine*), skupionej na identyfikacji niepożądanych zmian zachodzących w pojedynczych komórkach, a następnie usuwaniu tych zmian zanim doprowadzą do rozwoju choroby.

Zgodnie z zaplanowaną w Studium Wykonalności architekturą platformy MOSAIC, w efekcie przeprowadzonych w ramach projektu prac, wytworzona została infrastruktura składająca się z fizycznych i wirtualnych stanowisk badawczych tworzących cztery moduły funkcjonalne obejmujące: (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 ma 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.

Projekt ECBiG-MOSAIC, współfinansowany ze środków Unii Europejskiej w ramach Europejskiego Funduszu Rozwoju Regionalnego, realizowany był przez Konsorcjum, w składzie: Instytut Chemii Bioorganicznej PAN (lider), w tym PCSS, Narodowy Instytut Onkologii im. Marii Skłodowskiej-Curie Państwowy Instytut Badawczy, Politechnika Poznańska, Narodowy Instytut Kardiologii Stefana kardynała Wyszyńskiego Państwowy Instytut Badawczy. Kierownikiem był prof. Marek Figlerowicz.

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 stworzyły 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. Utworzono komponenty platformy obejmujące specjalistyczne stanowiska służące do bioobrazowania na wszystkich poziomach organizacji układów żywych. W obrębie platformy 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. Stworzono specjalistyczną infrastrukturę informatyczną oraz opracowano dedykowane protokoły umożliwiające gromadzenie, przetwarzanie i analizę danych obrazowych. W wyniku realizacji projektu NEBI powstały:

- 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;
- 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.

Wyniki uzyskane w ramach realizacji projektu przyczynią 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 kierowała czteroosobowa grupa: prof. Marek Figlerowicz i prof. Michał Jasiński, którzy reprezentują Instytut oraz dr Cezary Mazurek i dr hab. Krzysztof Kurowski, będący reprezentantami PCSS. Realizację projektu zakończono 31 grudnia 2023 r., jednak wciąż trwają prace

związane z fazą trwałości NEBI, polegające m.in. na promowaniu wyników projektu oraz coraz szerszym udostępnianiu infrastruktury i świadczeniu usług badawczych dla zarówno krajowych, jak i międzynarodowych instytucji naukowych oraz wszystkich zainteresowanych przedsiębiorców z kraju i zagranicy.

Platforma do projektowania, syntezy i testowania terapeutyków oraz szczepionek RNA



**AGENCJA
BADAŃ
MEDYCZNYCH**

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 podstawowych nie od razu doprowadzą 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. Jednym z takich działań było ogłoszenie przez Agencję Badań Medycznych konkursu na rozwój innowacyjnych rozwiązań terapeutycznych z wykorzystaniem technologii RNA (ABM/2021/5). Pod koniec 2021 r. ICHB PAN uzyskał w ramach tego konkursu środki na realizację 6-letniego projektu 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.

Dotacje, finansowanie projektów badawczych, inwestycyjnych i innych

Subwencja MEiN – utrzymanie potencjału badawczego: 26 843 329,41 zł, w tym:

Subwencja podstawowa: 26 528 900 zł

Subwencja na finansowanie Poznańskiej Szkoły Doktorskiej: 314 429,41 zł

Dotacja MEiN – specjalne urządzenie badawcze ECBiG: 800 000 zł

Dotacja MEiN – wniesienie wkładu krajowego na rzecz udziału we wspólnym

międzynarodowym programie lub przedsięwzięciu PolOpenScreen: 392 739,49 zł

Stypendia MEiN dla Wybitnych Młodych Naukowców: 123 970 zł

Projekty: 48 604 379,43 zł, w tym:

Projekty MEiN: 75 477,44 zł

Projekty NCN: 20 188 507,08 zł

Projekty NCBR: 323 402,28 zł

Projekty NAWA: 290 854,50 zł

Program MEiN Premia na Horyzoncie 2: 25 744,78 zł

Program ABM: 5 417 238,38 zł

Projekty strukturalne: 18 637 219,81 zł, w tym:

– Program Operacyjny Inteligentny Rozwój (projekty badawcze): 1 658 110,94 zł

– Program Operacyjny Inteligentny Rozwój (projekty infrastrukturalne): 16 826 167,46 zł

– Program Operacyjny Wiedza Edukacja Rozwój: 152 941,41 zł

Projekty z Wielkopolskiego Regionalnego Programu Operacyjnego 2014+: 948 999,41 zł
Projekty z Funduszy Norweskiego Mechanizmu Finansowego: 588 677,80 zł
Projekty Horyzont 2020: 734 632,29 zł
Projekty Horyzont Europa: 126 415,24 zł
Projekty zagraniczne inne: 589 329,50 zł
Pozostałe: 657 880,92 zł.

Wpływy z tytułu dotacji na działalność oraz finansowanie projektów badawczych i inwestycyjnych w PCSS w roku 2023 wyniosły 611 144 618,49 zł (w tym na dotacje na inwestycje i projekty inwestycyjne 506 350 297,76 zł). PCSS posiada wyodrębnione rachunki bankowe, na których księgowane są wszystkie wpływy i wydatki związane z jego działalnością.

Szczegółowe sprawozdanie PCSS za 2023 r. stanowi osobny dokument pt. *Raport 2023. Cyfrowa nauka, gospodarka i społeczeństwo*.

Rozwój kadry naukowej

W 2023 roku Prezydent RP nadał **dr hab. Annie Pasternak** tytuł profesora w dziedzinie nauk ścisłych i przyrodniczych, w dyscyplinie nauki chemiczne.

Stopień naukowy doktora habilitowanego uzyskali:

Agata Tyczewska

Tytuł ocenianego osiągnięcia: Molekularne odpowiedzi roślin uprawnych na warunki stresu środowiskowego w klimacie umiarkowanym na przykładzie kukurydzy zwyczajnej (*Zea mays*) i stresu herbicydowego oraz soi (*Glycine max* L.) i stresu zimna

Nadany przez: Instytut Chemii Bioorganicznej PAN

Dyscyplina: nauki biologiczne

Data nadania: 06.02.2023 r.

Jacek Ł. Kolanowski

Tytuł ocenianego osiągnięcia: Opracowanie i praktyczne wykorzystanie sond fluorescencyjnych do skuteczniejszego wykrywania i wizualizacji substancji bionieorganicznych w systemach biologicznych

Nadany przez: Instytut Chemii Bioorganicznej PAN

Dyscyplina: nauki chemiczne

Data nadania: 13.07.2023 r.

Stopień naukowy doktora uzyskali:

Katarzyna Biniak-Antosiak

Tytuł rozprawy: Badania strukturalne enzymów chitynolitycznych z *Pyrococcus chitonophagus*

Promotor: prof. dr hab. Wojciech Rypniewski

Promotor pomocniczy: dr inż. Magdalena Bejger

Nadany przez: Instytut Chemii Bioorganicznej PAN

Dyscyplina: nauki chemiczne

Data obrony: 24.04.2023 r.

Data nadania: 28.06.2023 r.

Tomasz Jamruszka (z wyróżnieniem)

Tytuł rozprawy: Analiza funkcjonalna transportera ABCG biorącego udział w negatywnej regulacji gęstości korzeni bocznych i liczby brodawek u *Medicago truncatula*

Promotor: prof. dr hab. Michał Jasiński

Promotor pomocniczy: dr Joanna Banasiak

Nadany przez: Instytut Chemii Bioorganicznej PAN
Dyscyplina: nauki biologiczne
Data obrony: 06.06.2023 r.
Data nadania: 28.06.2023 r.

Łukasz Witucki

Tytuł rozprawy: Epigenetyczny mechanizm deregulacji szlaku sygnałowego mTOR i procesu autofagii w nowych mysich modelach choroby Alzheimera
Promotor: prof. dr hab. Hieronim Jakubowski
Promotor pomocniczy: dr inż. Joanna Suszyńska-Zajczyk
Nadany przez: Instytut Chemii Bioorganicznej PAN
Dyscyplina: nauki biologiczne
Data obrony: 10.10.2023 r.
Data nadania: 19.10.2023 r.

Marcin Biesiada

Tytuł rozprawy: Modelowanie przestrzennych struktur RNA w badaniach ewolucji na poziomie molekularnym i projektowaniu nanocząstek RNA
Promotor: dr hab. Katarzyna Pachulska-Wieczorek, prof. ICHB PAN
Promotor pomocniczy: dr Katarzyna Purzycka
Nadany przez: Instytut Chemii Bioorganicznej PAN
Dyscyplina: nauki chemiczne
Data obrony: 23.11.2023 r.
Data nadania: 06.12.2023 r.

Małgorzata Marszałek-Zeńczak (z wyróżnieniem)

Tytuł rozprawy: Udział polimorfizmu liczby kopii w kształtowaniu wewnątrzgatunkowej zmienności strukturalnej metabolicznych klastrów genów u *Arabidopsis thaliana*
Promotor: dr hab. Agnieszka Żmieńko, prof. ICHB PAN
Nadany przez: Instytut Chemii Bioorganicznej PAN
Dyscyplina: nauki biologiczne
Data obrony: 29.11.2023 r.
Data nadania: 06.12.2023 r.

Katarzyna Nowis

Tytuł rozprawy: Podejścia bioinformatyczne w badaniach kolistych RNA u roślin
Promotor: prof. dr hab. Marek Figlerowicz
Promotor pomocniczy: dr hab. Anna Philips, prof. ICHB PAN
Nadany przez: Instytut Chemii Bioorganicznej PAN
Dyscyplina: nauki biologiczne
Data obrony: 13.12.2022 r.
Data nadania: 25.01.2023 r.

Konrad Pakuła

Tytuł rozprawy: Molekularne podstawy selektywnego transportu fenylopropanoidów przez białko ABCG46 z *Medicago truncatula*
Promotor: prof. dr hab. Michał Jasiński
Promotor pomocniczy: dr hab. Jacek Ł. Kolanowski
Nadany przez: Instytut Chemii Bioorganicznej PAN
Dyscyplina: nauki biologiczne
Data obrony: 19.12.2022 r.
Data nadania: 29.03.2023 r.

Konrad Kuczyński (z wyróżnieniem)

Tytuł rozprawy: Wykorzystanie nanotechnologii w badaniach właściwości biologicznych i biomechanicznych komórek nowotworowych

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

Nadany przez: Instytut Chemii Bioorganicznej PAN

Dyscyplina: nauki biologiczne

Data obrony: 08.02.2023 r.

Data nadania: 14.02.2023 r.

Aleksandra Jarmołowicz

Tytuł rozprawy: Small molecules interacting with Influenza virus RNA and SARS-CoV-2 RNA as potential inhibitors of replication

Promotor: prof. dr hab. Elżbieta Kierzek

Nadany przez: Instytut Chemii Bioorganicznej PAN

Dyscyplina: nauki chemiczne

Data obrony: 28.03.2023 r.

Data nadania: 29.03.2023 r.

Natalia Bartyś

Tytuł rozprawy: Optymalizacja potencjału oligonukleotydów antysensowych w regulacji alternatywnego splicingu w nowotworowych liniach komórkowych

Promotor: prof. dr hab. Anna Pasternak

Promotor pomocniczy: dr inż. Jolanta Lisowiec-Wąchnicka

Nadany przez: Instytut Chemii Bioorganicznej PAN

Dyscyplina: nauki biologiczne

Data obrony: 23.03.2023 r.

Data nadania: 29.03.2023 r.

Kinga Ciechanowska

Tytuł rozprawy: Nowe spojrzenie na domenę helikazową ludzkiej rybonukleazy Dicer i jej aktywności biochemiczne, ze szczególnym uwzględnieniem aktywności wiązania RNA

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

Nadany przez: Instytut Chemii Bioorganicznej PAN

Dyscyplina: nauki biologiczne

Data obrony: 28.03.2023 r.

Data nadania: 29.03.2023 r.

Alicja Komur (z wyróżnieniem)

Tytuł rozprawy: „Hibernacja” u *C. elegans*: przetrwanie stresu związanego z zimnem poprzez detoksykację żelaza za pośrednictwem ferrytyny

Promotor: dr hab. Rafał Ciosk

Promotor pomocniczy: dr Daria Sobańska

Nadany przez: Instytut Chemii Bioorganicznej PAN

Dyscyplina: nauki biologiczne

Data obrony: 28.02.2023 r.

Data nadania: 07.03.2023 r.

Cezary Odrzygóźdź

Tytuł rozprawy: Identyfikacja oraz wstępna charakterystyka białek odpowiedzialnych za międzykomórkowy transport kwasów nukleinowych u *Schmidtea mediterranea*

Promotor: prof. dr hab. Marek Figlerowicz

Promotor pomocniczy: dr Natalia Koralewska
Nadany przez: Instytut Chemii Bioorganicznej PAN
Dyscyplina: nauki biologiczne
Data obrony: 27.03.2023 r.
Data nadania: 29.03.2023 r.

Ewelina Jesion

Tytuł rozprawy: Wpływ poziomu białka CYP46A1 w mózgu mysiego modelu Ki150 w kontekście roli metabolizmu cholesterolu w patogenezie ataksji rdzeniowo-mózdkowej typu 3.
Promotor: dr hab. Maciej Figiel, prof. ICHB PAN
Promotor pomocniczy: dr inż. Magdalena Surdyka
Nadany przez: Instytut Chemii Bioorganicznej PAN
Dyscyplina: nauki biologiczne
Data obrony: 19.05.2023 r.
Data nadania: 28.06.2023 r.

Piotr Piasecki

Tytuł rozprawy: Charakterystyka mysich modeli SCA3/MJD KI91 I KI150 ze szczególnym uwzględnieniem patogenezy w tkance, interakcji zmutowanej ataksyny 3 i zmian transkrypcyjnych w mózgu
Promotor: dr hab. Maciej Figiel, prof. ICHB PAN
Nadany przez: Instytut Chemii Bioorganicznej PAN
Dyscyplina: nauki biologiczne
Data obrony: 19.05.2023 r.
Data nadania: 28.06.2023 r.

Magdalena Paluch

Tytuł rozprawy: Projektowanie, synteza i badanie właściwości responsywnych polimerów z funkcją termo-uwalniania
Promotor: dr hab. Marcin K. Chmielewski, prof. ICHB PAN
Promotor pomocniczy: dr Marcin Jarek
Nadany przez: Instytut Chemii Bioorganicznej PAN
Dyscyplina: nauki chemiczne
Data obrony: 26.05.2023 r.
Data nadania: 28.06.2023 r.

Agnieszka Szczepańska

Tytuł rozprawy: Wybrane aspekty oddziaływań pomiędzy ludzką rybonukleazą Dicer i cząsteczkami kwasów nukleinowych
Promotor: dr hab. Anna Kurzyńska-Kokorniak, prof. ICHB PAN
Nadany przez: Instytut Chemii Bioorganicznej PAN
Dyscyplina: nauki biologiczne
Data obrony: 07.07.2023 r.
Data nadania: 27.09.2023 r.

Paulina Nawrocka-Muszyńska (z wyróżnieniem)

Tytuł rozprawy: Mutacje somatyczne i zmiany liczby kopii w raku podstawnokomórkowym skóry-ze szczególnym uwzględnieniem mutacji w niekodujących częściach genów i miRNomie
Promotor: prof. dr hab. Piotr Kozłowski
Promotor pomocniczy: dr Paulina Gałka-Marciniak
Nadany przez: Instytut Chemii Bioorganicznej PAN

Dyscyplina: nauki biologiczne
Data obrony: 07.07.2023 r.
Data nadania: 27.09.2023 r.

Paweł Joachimiak

Tytuł rozprawy: Charakterystyka molekularna transkryptów *HTT* i *ATXN3* w kontekście ich roli w patogenezie i użycia jako cele w terapii chorób poliglutaminowych HD i SCA3

Promotor: dr hab. Agnieszka Fiszer, prof. ICHB PAN
Nadany przez: Instytut Chemii Bioorganicznej PAN
Dyscyplina: nauki biologiczne
Data obrony: 20.09.2023 r.
Data nadania: 27.09.2023 r.

Carolina Sofia Pereira Roxo (z wyróżnieniem)

Tytuł rozprawy: Badania właściwości strukturalnych oraz fizykochemicznych G-kwadrupeksów potencjalnie związanych z aktywnością antyproliferacyjną

Promotor: prof. dr hab. Anna Pasternak
Promotor pomocniczy: dr Weronika Kotkowiak
Nadany przez: Instytut Chemii Bioorganicznej PAN
Dyscyplina: nauki biologiczne
Data obrony: 19.09.2023 r.
Data nadania: 27.09.2023 r.

Marta Wojnicka (z wyróżnieniem)

Tytuł rozprawy: Potencjalna aktywność DNazowa oraz możliwe funkcje biologiczne wybranych wariantów delecyjnych ludzkiej rybonukleazy Dicer

Promotor: dr hab. Anna Kurzyńska-Kokorniak, prof. ICHB PAN
Nadany przez: Instytut Chemii Bioorganicznej PAN
Dyscyplina: nauki biologiczne
Data obrony: 04.12.2023 r.
Data nadania: 06.12.2023 r.

Klementyna Marciniak

Tytuł rozprawy: Identyfikacja regulatorowych RNA w metycylinoopornym szczepie *Staphylococcus aureus* (MRSA) z wykorzystaniem wysokoprzepustowego sekwencjonowania (Term-seq)

Promotor: dr hab. Kamilla Grzywacz, prof. ICHB PAN
Nadany przez: Instytut Chemii Bioorganicznej PAN
Dyscyplina: nauki biologiczne
Data obrony: 21.12.2023 r.
Data nadania: 22.12.2023 r.

Krzysztof Martyn

Tytuł rozprawy: Multiple Criteria Decision Analysis methods inspired by other sub-disciplines of artificial intelligence (Metody wielokryteriowego wspomaganie decyzji inspirowane innymi poddyscyplinami sztucznej inteligencji)

Promotor: dr hab. inż. Miłosz Kadziński, prof. PP
Nadany przez: Rada Dyscypliny Informatyka Techniczna i Telekomunikacja Politechniki Poznańskiej
Dyscyplina: informatyka techniczna i telekomunikacja
Data obrony: 20.11.2023 r.
Data nadania: 28.11.2023 r.

Adam Olszewski

Tytuł rozprawy: Model gotowości przedsiębiorstwa do wdrożenia bliźniaka cyfrowego

Promotor: dr hab. inż. Paweł Pawlewski, prof. PP

Promotor pomocniczy: dr inż. Karolina Werner-Lewandowska

Nadany przez: Komisja Doktorska Rady Dyscypliny Naukowej Wydziału Inżynierii Zarządzania Politechniki Poznańskiej

Dyscyplina: nauki o zarządzaniu i jakości

Data obrony: 17.10.2023 r.

Data nadania: 13.11.2023 r.

Franciszek Sidorski

Tytuł rozprawy: Wykorzystanie odnawialnych źródeł i magazynów energii w stacjach ładowania autobusów elektrycznych

Promotor: prof. dr hab inż. Aleksandra Rakowska

Promotor pomocniczy: dr hab inż. Bartosz Ceran, prof. PP

Nadany przez: Rada Dyscypliny Inżynierii Środowiska, Górnictwa i Energetyki Politechniki Poznańskiej

Dyscyplina: inżynieria środowiska, górnictwo i energetyka

Data obrony: 17.10.2023 r.

Data nadania: 19.10.2023 r.

Kształcenie doktorantów

Środowiskowe Studium Doktoranckie działające przy ICHB PAN w 2023 roku liczyło 21 słuchaczy. Spośród nich w ICHB PAN doktoraty przygotowywało 17 osób. 22 osobom Rada Naukowa ICHB PAN nadała stopnie doktora.

Do Poznańskiej Szkoły Doktorskiej Instytutów Polskiej Akademii Nauk (PSD IPAN¹) w roku 2023 przyjęto 24 osoby. Obecnie PSD IPAN liczy 87 doktorantów, przy czym zdecydowaną większość (69%) stanowią kobiety (60). Cudzoziemcy stanowią ok. 26% doktorantów (23 osoby) z: Albanii (1), Indii (10), Kamerunu (1), Libanu (1), Nigerii (1), Pakistanu (3), Turcji (2), Ukrainy (2), Wielkiej Brytanii (1), Wietnamu (1). Najwięcej doktorantów kształci się w ICHB PAN – 45 osób (ok. 52% wszystkich doktorantów PSD IPAN).

Uczestnicy innych form kształcenia

W 2023 roku 85 uczniów szkół średnich i studentów z różnych polskich i zagranicznych uczelni (m.in. z Uniwersytetu im. Adama Mickiewicza w Poznaniu, Politechniki Poznańskiej, Uniwersytetu Przyrodniczego w Poznaniu, Uniwersytetu Medycznego im. Karola Marcinkowskiego w Poznaniu, Uniwersytetu Gdańskiego, Uniwersytetu Jagiellońskiego w Krakowie, Politechniki Gdańskiej, Uniwersytetu Umea w Szwecji, Instytutu Genetyki Roślin PAN w Poznaniu, I Liceum Ogólnokształcącego im. K. Marcinkowskiego w Poznaniu), realizowało w laboratoriach Instytutu swoje prace magisterskie, odbywało praktyki, staże lub uczestniczyło w zajęciach na indywidualnym toku studiów.

¹ PSD IPAN tworzą: Instytut Chemii Bioorganicznej PAN; Instytut Genetyki Roślin PAN; Instytut Genetyki Człowieka PAN; Instytut Fizyki Molekularnej PAN; Instytut Dendrologii PAN.

Wynalazki

W 2023 r. dokonano jednego międzynarodowego zgłoszenia wynalazku.

Numer zgłoszenia międzynarodowego: PCT/PL2023/050017 (P.440687)

Data zgłoszenia: 17.03.2023 r.

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

Autorzy: **Maciej Figiel, Piotr Piasecki, Kalina Wiatr**

Uzyskano 2 krajowe patenty:

Nr patentu: PL 243776

Nr zgłoszenia: P.405224

Data uzyskania: 04.07.2023

Tytuł: Częsteczka kwasu nukleinowego, kasetta ekspresyjna, wektor ekspresyjny, komórka eukariotycznego gospodarza i zastosowanie cząsteczki kwasu nukleinowego w terapii chorób wywoływanych ekspansją trójnukleotydowych powtórzeń typu CAG.

Twórcy: **Włodzimierz Krzyżosiak, Marta Olejniczak, Paulina Gałka-Marciniak, Agnieszka Fiszer**

Nr patentu: PL 243777

Nr zgłoszenia: P.422094 (wydzielony z P.405224)

Data uzyskania: 04.07.2023

Tytuł: Częsteczka kwasu nukleinowego, kasetta ekspresyjna, wektor ekspresyjny, komórka eukariotycznego gospodarza i zastosowanie cząsteczki kwasu nukleinowego w terapii chorób wywoływanych ekspansją trójnukleotydowych powtórzeń typu CAG.

Twórcy: **Włodzimierz Krzyżosiak, Marta Olejniczak, Paulina Gałka-Marciniak, Agnieszka Fiszer**

oraz uzyskano prawo ochrony na jeden znak towarowy:

Nr prawa ochronnego: R.363593 – wspólne prawo ochronne z Politechniką Poznańską (ECBiG)

Nr zgłoszenia: Z.538606

Data udzielenia: 11.05.2023

Autorzy: Piotr Łukasiak, Jacek Błazewicz, **Marek Figlerowicz, Luiza Handschuh**, Gabriela Deling

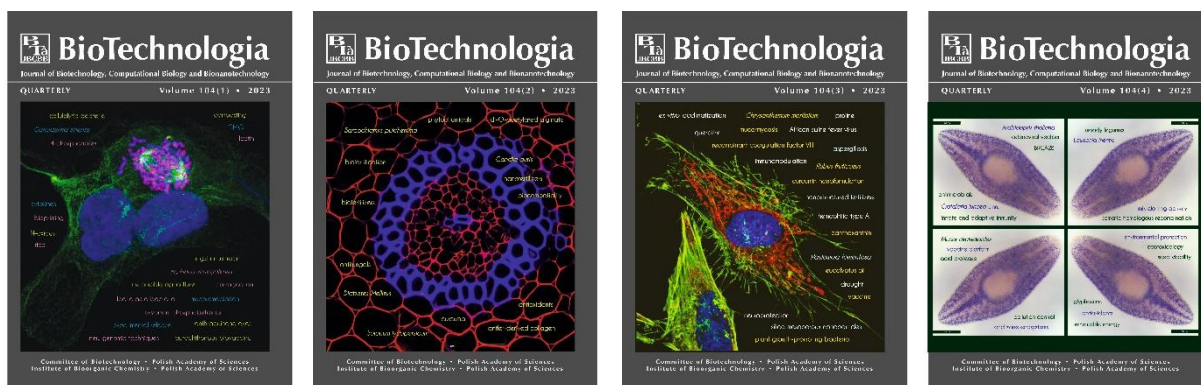
Działalność wydawnicza

Instytut Chemii Bioorganicznej PAN posiada własny Ośrodek Wydawnictw Naukowych, który w 2023 roku prowadził działalność wydawniczą, obejmującą publikację dwóch czasopism oraz wydanie jednej książki.

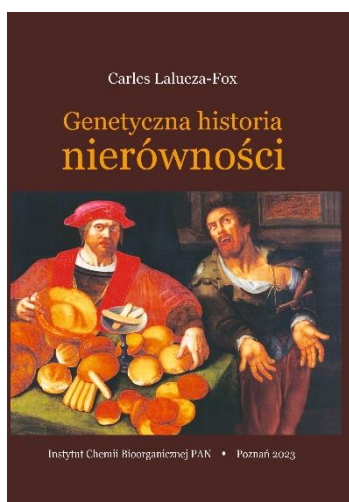
Czasopisma

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 hab. Agata Tyczewska, prof. ICHB PAN. Jak co roku wydano 4 numery, a ich łączny nakład wyniósł 600 egz. Opublikowano 31 artykułów nie tylko z zakresu biotechnologii, ale również biologii obliczeniowej i 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 są dostępne w Internecie na zasadzie Open Access na platformie Termedii.



Computational Methods in Science and Technology, to kwartalnik wydawany przez OWN i PCSS. Redaktorami są prof. dr hab. Krzysztof Witold Wojciechowski, dr Maciej Stroński i prof. dr hab. Jan Węglarz. Tematyka dotyczy metod obliczeniowych i technologii informatycznych. Artykuły są dostępne w Internecie na zasadzie *Open Access* na platformie PCSS pod adresem <http://cmst.eu/>.



Książka

Carles Lalueza-Fox, *Genetyczna historia nierówności*, w przekładzie Andrzeja Wójtowicza. Praca w oryginale ukazała się nakładem wydawnictwa MIT Press w roku 2022. Carles Lalueza-Fox jest biologiem, specjalistą w obszarze badań kopalnego DNA i genetyki ewolucyjnej. Od 2008 roku prowadzi badania w Instytucie Biologii Ewolucyjnej Uniwersytetu Pompeu Fabra w Barcelonie. Wcześniej odbył staże podoktorskie na uniwersytetach w Cambridge i Oxfordzie, pracował również dla islandzkiej firmy deCODE Genetics, pioniera genetycznych badań populacyjnych i ich zastosowania w medycynie personalizowanej. Książka pokazuje przykłady nierówności społecznych, odkrytych dzięki badaniom DNA populacji ludzkich z różnych regionów świata.

Nagrody i wyróżnienia

Nagrody krajowe i zagraniczne przyznane pracownikom ICHB PAN:

- Złoty Krzyż Zasługi za zasługi w działalności naukowo-badawczej: Artur Binczewski, dr hab. inż. Krzysztof Kurowski, dr inż. Cezary Mazurek, dr inż. Norbert Meyer, dr hab. Marta Olejniczak, prof. ICHB PAN, prof. dr hab. Anna Pasternak, dr hab. Jan Wrzesiński, prof. ICHB PAN;
- Srebrny Krzyż Zasługi za zasługi w działalności naukowo-badawczej: dr hab. Paulina Jackowiak, prof. ICHB PAN, dr hab. Agnieszka Kiliszek, prof. ICHB PAN, dr hab. Anna Kurzyńska-Kokorniak, prof. ICHB PAN, dr hab. Magdalena Łuczak, prof. ICHB PAN, Robert Pękal, Tomasz Piontek, dr hab. Miłosz Ruszkowski, prof. ICHB PAN, dr hab. Anna Urbanowicz, prof. ICHB PAN;

- Brązowy Krzyż Zasługi za zasługi w działalności naukowo-badawczej: dr Joanna Banasiak, Bartosz Belter, Krzysztof Kołat, dr Łukasz Marczak, dr hab. inż. Ariel Oleksiak, Tomasz Parkoła, Marcin Płóciennik, dr hab. Agata Tyczewska, prof. ICHB PAN;
- Medal Srebrny za Długoletnią Służbę, za wzorowe, wyjątkowo sumienne wykonywanie obowiązków wynikających z pracy zawodowej: Maciej Brzeźniak, Radosław Januszewski, dr inż. Marcin Lawenda, Bartosz Lewandowski, Robert Szuman, dr inż. Krzysztof Turza, dr inż. Paweł Wolniewicz, Marcin Wolski;
- Medal Brązowy za Długoletnią Służbę, za wzorowe, wyjątkowo sumienne wykonywanie obowiązków wynikających z pracy zawodowej: Tomasz Kuczyński, Piotr Rydlichowski, Joanna Urbaniak, Maciej Wiśniewski;
- Medal uznania i wdzięczności za zasługi dla Instytutu: Elżbieta Adamczyk, Magdalena Augustyniak, Ewa Bartoszek, dr Jakub Barciszewski, Krzysztof Bąk; Julia Brzoska-Karwat, Małgorzata Dąbkiewicz, Agnieszka Konrad, Elżbieta Kopińska, dr Natalia Koralewska, prof. dr hab. Adam Kraszewski, Adam Kubasiński, Agnieszka Ławniczak, Dorota Nosal, Małgorzata Radwańska-Borucka, Agata Redmer, Anna Sarnowska, prof. dr hab. Michał Sobkowski, prof. ICHB PAN, dr Paweł Stróżycki, Grażyna Wawrzyniak, Katarzyna Wielentejczyk, Renata Wilnicka, Teresa Wojciechowska, dr Andrzej Wójtowicz, Marcin Zieliński;
- Nadanie tytułu *doktora honoris causa* Uniwersytetu im. Adama Mickiewicza Profesorowi Andrzejowi B. Legockiemu, byłemu Dyrektorowi ICHB PAN i Przewodniczącemu Rady Naukowej ICHB PAN, „w hołdzie wybitnej osobowości nauki w Polsce, wielkiemu naukowcowi, chemikowi o uznanym autorytecie międzynarodowym, znakomitemu administratorowi, organizatorowi i społecznikowi”;
- Nadanie tytułu Członka Honorowego PTBioch, w uznaniu za ogromne zaangażowanie w działalność Towarzystwa, dla prof. dr. hab. Andrzeja B. Legockiego;
- Wybór na członka korespondenta Wydziału IV Przyrodniczego Polskiej Akademii Umiejętności (PAU) prof. dr. hab. Marka Figlerowicza;
- Złoty Medal „Verba Docent – Exempla Trahunt Słowa Uczą – Przykłady Pociągają” przyznany przez Towarzystwo im. Hipolita Cegielskiego dla prof. dr. hab. Marka Figlerowicza;
- Nominacja do bazy AcademiaNet zawierającej profile kobiet-naukowców, które prezentują doskonałość naukową oraz wybitne osiągnięcia w dziedzinie nauki, dla:
 - prof. dr hab. Anny Pasternak;
 - dr hab. Katarzyny Pachulskiej-Wieczorek, prof. ICHB PAN;
- Wybór naukowców z Instytutu do Komitetów Naukowych Polskiej Akademii Nauk:
 - do Komitetu Biologii Molekularnej Komórki wybrano: prof. dr. hab. Jana Barciszewskiego, dr. hab. Macieja Figla, prof. dr hab. Elżbietę Kierzek, prof. dr. hab. Piotra Kozłowskiego;
 - do Komitetu Biotechnologii wybrano: prof. dr. hab. Jana Barciszewskiego, dr hab. Agnieszkę Fiszer, prof. ICHB PAN;
 - do Komitetu Genetyki Człowieka i Patologii Molekularnej wybrano prof. dr. hab. Piotra Kozłowskiego;
- Nagroda JM Rektora Politechniki Poznańskiej za wybitne osiągnięcia naukowe i dydaktyczne w roku 2022, dla prof. dr hab. Marty Szachniuk i dr. hab. Macieja Antczaka;
- Wybór prof. dr hab. Marty Szachniuk do Rady Kuratorów Wydziału IV (Nauk Technicznych) Polskiej Akademii Nauk na kadencję 2023–2026;
- Wybór do Komitetu Stypendialnego Rady Federacji Europejskich Towarzystw Biochemicznych (FEBS) dr. Pawła Świtońskiego;
- Umieszczenie na okładce *ACS Medicinal Chemistry Letters* artykułu: *Physicochemical and antiproliferative characteristics of RNA and DNA sequence-related G-quadruplexes* dr Weroniki Kotkowiak, mgr Carolyni Roxo i prof. dr hab. Anny Pasternak (publikacja:

W. Kotkowiak, C. Roxo, A. Pasternak *Physicochemical and antiproliferative characteristics of RNA and DNA sequence-related G-quadruplexes*, *ACS Medicinal Chemistry Letters* 2023, 14, 35–40);

- Nagroda w konkursie The International Design Awards (IDA) za projekt AGAMEDE dla Instytutu Chemii Bioorganicznej PAN (dr. Radosław Pilarski). Powstałe w Instytucie laboratorium AGAMEDE otrzymało tytuł „Honorable Mention” w kategorii “Other Interior Designs”;
- Nagroda IF Product Design Award w konkursie organizowanym przez International Forum Design dla systemu AGAMEDE, opracowanego przez zespół Instytutu Chemii Bioorganicznej PAN – dr Radosław Pilarski;
- Honorowe wyróżnienie – DIAMENTY 2023 przyznane przez Komitet Krystalografii Polskiej Akademii Nauk:
 - w kategorii *Krystalografia biologiczna i medyczna* za najlepszą pracę krystalograficzną opublikowaną przez polskich autorów w 2022 r. dla autorów pracy w *International Journal of Biological Macromolecules*, *New aspects of DNA recognition by group II WRKY transcription factor revealed by structural and functional study of AtWRKY18 DNA binding domain*: dr Marty Grzechowiak, dr Agnieszki Ruszkowskiej, dr Joanny Śliwiak, dr hab. Anny Urbanowicz, prof. ICHB PAN, prof. dr hab. Mariusza Jaskólskiego i dr hab. Miłosza Ruszkowskiego, prof. ICHB PAN;
 - w kategorii *Teoria, metodyka i dydaktyka krystalografii* dla autorów pracy w *Journal of Applied Crystallography*, *The Euler characteristic as a basis for teaching topology concepts to crystallographers*: prof. dr. hab. Mariusza Jaskólskiego *et al.*;
- Nagroda Polskiego Towarzystwa Promieniowania Synchrotronowego za najlepszą pracę opublikowaną w 2021 r. wykorzystującą promieniowanie synchrotronowe, przyznana w styczniu 2023 r. Nagrodę otrzymali: dr Barbara Imiołczyk, dr Joanna Śliwiak, dr Magdalena Bejger, dr. hab. Mirosław Gilski, prof. dr. hab. Mariusz Jaskólski, za pracę pt. „Crystal structures of the elusive Rhizobium etli l-asparaginase reveal a peculiar active site” opublikowaną w *Nature Communications*;
- Stypendium Ministra Edukacji i Nauki dla wybitnych młodych naukowców, przyznane dr Paulinie Gałka-Marciniak;
- Stypendium doktoranckie w ramach 23. edycji programu L’Oréal-UNESCO „Dla Kobiet i Nauki” przyznane mgr inż. Angelice Andrzejewskiej-Romanowskiej;
- Stypendium START 2023 FNP przyznane przez Fundację na rzecz Nauki Polskiej dla dr Anny Kotowskiej-Zimmer;
- Stypendium *The Kosciuszko Foundation ExchangeToTheUS* na rok akademicki 2023/2024 w ramach programu Exchange to the U.S., finansowanego przez KF, umożliwiające polskiemu uczonemu realizację projektów badawczych lub artystycznych na amerykańskich uczelniach, dla dr. Piotra Małeckiego;
- Nominacja do Nagrody Heisiga, przyznawanej przez Uniwersytet Wrocławski, za badania strukturalne białek o dużym znaczeniu dla rozwoju medycyny i wkład w udoskonalenie metod krystalografii rentgenowskiej, dla prof. dr. hab. Mariusza Jaskólskiego;
- Nominacja do nagrody EDUinspiracje 2023 w kategorii „Synergia dla edukacji” za projekt pn. „Europejski e-podręcznik chirurgii krtani – e-universytet medyczny oparty na transmisjach wideo z zabiegów” dla Poznańskiego Centrum Superkomputerowo-Sieciowego;
- Powołanie pracowników ICHB PAN na członków Wielkopolskiego Forum Inteligentnych Specjalizacji – działania podejmowanego w związku z Programem Fundusze Europejskie dla Wielkopolski 2021–2027 (FEW 2021+): dr Lucyny Budźko i dr. Cezarego Odrzygóździa;

- Nagroda dla mgr. Juliana Zacharjasza przyznana przez Polskie Towarzystwo Biochemiczne, za szczególnie interesujące przedstawienie prac biochemicznych;
- Nagrody Dyrektora ICHB PAN:
 - za najlepszą w roku 2022 pracę doktorską dla dr Magdaleny Dąbrowskiej (*Optymalizacja technologii CRISPR-Cas9 w kontekście celowania w sekwencji powtarzające się*);
 - za najlepszą pracę przeglądową w 2022 r. dla dr Joanny Banasiak i prof. dr. hab. Michała Jasińskiego (*ATP-binding cassette transporters in nonmodel plants*);
 - za najlepszą pracę eksperymentalną w 2022 r. dla dr Anny Kotowskiej-Zimmer, dr. Łukasza Przybyła, mgr inż. Marianny Pewińskiej, (dr inż. Joanny Suszyńskiej-Zajczyk), mgr inż. Doroty Wronki, dr. hab. Macieja Figła, prof ICHB PAN, dr hab. Marty Olejniczaka, prof ICHB PAN (*A CAG repeat-targeting artificial miRNA lowers the mutant huntingtin level in the YAC128 model of Huntington's disease*);
 - za najlepsze postery w 2022 r. wyłonione spośród 64 prezentowanych na sesji posterowej:
 - dla dr Eweliny Kałużnej, mgr inż. Juliana Zacharjasza, mgr inż. Marty Sztachery, dr Moniki Piweckiej (*Surveying the transcriptome of mouse pituitary gland in space and time*)
 - dla mgr. Pawła Pawelczaka, dr Agnieszki Fedoruk-Wyszomirskiej, dr hab. Małgorzaty Giel-Pietraszuk, prof. ICHB PAN, dr Doroty Gurdy-Woźnej, prof. dr hab. Elizy Wyszko (*Anti-aging properties of 4-N-furfurylcytosine*);
- Nagroda im. Włodzimierza Mozołowskiego przyznana mgr. inż. Julianowi Zacharjaszowi przez Polskie Towarzystwo Biochemiczne za doniesienie plakatowe prezentowane na V kongresie BIO2023 w Szczecinie;
- Wyróżnienie zgłoszenia konferencyjnego mgr inż. Marty Sztachery do prezentacji ustnej przez Komitet Naukowy zjazdu „The Polish RNA Biology Meeting”;
- Wyróżnienie zgłoszenia konferencyjnego dr Moniki Piweckiej do prezentacji ustnej przez Komitet Organizacyjny EMBO Workshop „Gene Regulatory Mechanisms in Neural Fate Decisions” (Hiszpania 2023),
- Nagroda za najlepszy poster prezentowany podczas 19th International Workshop on Plant Membrane Biology (Tajwan, Taipei) dla dr. Tomasza Jamruszki;
- Nagroda/dofinansowanie projektu „Identification of cell-type specific miRNA regulation in neuroendocrine cells”, przyznana dr Monice Piweckiej przez firmę Eclipse-Bio (USA);
- Wybór przez Firmę Bio-Techne zdjęcia z eksperymentu RNAScope mgr inż. Marty Sztachery do kalendarza: *2023 Art of RNAScope Calendar*, gdzie reprezentowało miesiąc wrzesień.

Organizacja seminariów i konferencji naukowych

Instytutowe Seminaria Naukowe

Organizacja i prowadzenie: dr Paweł Zmora (program w załączeniu, s. 198).

Poznański Salon RNA

Spotkania dyskusyjne poświęcone naukom o życiu, organizowane cyklicznie w ICHB PAN (9 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. 200).

14. Tydzień Mózgu

13–17.03.2023 r. Poznań, organizatorzy: Polska Akademia Nauk – Oddział w Poznaniu, Instytut Chemii Bioorganicznej PAN, Instytut Genetyki Człowieka PAN w Poznaniu, ok. 1 200 uczestników, 10 referatów (program w załączeniu, s. 204).

„Understand and Describe Life”

35-lecie Instytutu Chemii Bioorganicznej PAN i 30-lecie Poznańskiego Centrum Superkomputerowo-Sieciowego. Organizatorzy: Instytut Chemii Bioorganicznej wraz z afiliowanym przy nim Poznańskim Centrum Superkomputerowo-Sieciowym, ok. 500 uczestników, 31 referatów (program w załączeniu, s. 201).

EMBO Workshop „Non-coding RNA medicine”

15–18.05.2023 r. konferencja, organizatorzy: dr hab. Barbara Uszczyńska Ratajczak, prof. ICHB PAN, Instytut Chemii Bioorganicznej PAN, ok. 105 uczestników, 49 wystąpień w ramach 6 sesji tematycznych (program w załączeniu, s. 205)

Konferencje naukowe zorganizowane przez Fundację ICHB PAN:

Znaczenie komunikacji w budowie świadomości społecznej szczepień przeciw COVID i grypie

26–27.10.2023 r. konferencja krajowa (hybrydowo), organizatorzy: Instytut Chemii Bioorganicznej PAN, ok. 300 uczestników, 6 referatów (program w załączeniu, s. 210).

„Hipoteza Gai w kontekście lokalnych i globalnych działań na rzecz bioróżnorodności”

20–21.11.2023 r. konferencja krajowa, organizatorzy: Instytut Chemii Bioorganicznej PAN we współpracy z Instytutem Filmu, Mediów i Sztuk Audiowizualnych UAM, ok. 50 uczestników, 24 referaty (program w załączeniu, s. 211).

Najważniejsze osiągnięcia

Historia genetyczna społeczeństwa państwa Piastów

Pojawienie się Słowian w Europie Środkowo-Wschodniej było przedmiotem ponad 200-letniej debaty, napędzanej dwiema sprzecznymi hipotezami. Pierwsza zakłada, że Słowianie dotarli na obszar dzisiejszej Polski nie wcześniej niż w VI wieku naszej ery; druga, że zamieszkiwali ten region już w epoce żelaza. Testowanie obu hipotez nie jest trywialne, zważywszy, że kremacja zmarłych była dominującym zwyczajem w Europie Środkowej od późnej epoki brązu do średniowiecza. W efekcie przeprowadzonych analiz odkryto bliskie pokrewieństwo między populacjami związanymi z kulturą Wielbarską a współczesnymi i kopalnymi populacjami północnoeuropejskimi. Stwierdzono, że osoby z okresu żelaza miały wszystkie komponenty genetyczne niezbędne do powstania populacji państwa Piastów. Zebrane dane dowodzą, że populacja związana z kulturą Wielbarską została utworzona przez migrantów z północy, którzy najprawdopodobniej dotarli do regionu dzisiejszej Polski na początku pierwszego tysiąclecia naszej ery i zmieszali się z autochtonami. Przedstawione wyniki są zgodne z hipotezą zakładającą genetyczną kontynuację między okresem żelaza a średniowieczem w Europie Środkowo-Wschodniej. Archeogenomika to dynamicznie rozwijająca się interdyscyplinarna dziedzina badawcza napędzana rozwojem technik umożliwiających pozyskiwanie i analizę kopalnego DNA (aDNA). Ostatnie postępy w badaniach aDNA znacząco przyczyniły się do zwiększenia naszego zrozumienia historii naturalnej ludzi. Jednym z najważniejszych wyzwań stojących przed archeogenomiką jest integracja wysoko heterogennych danych genetycznych, archeologicznych i antropologicznych oraz ich kompleksowa analiza, uwzględniająca zmiany zachodzące w czasie i przestrzeni. Dzięki takiemu podejściu

można wyjaśnić związki między przeszłymi populacjami w kontekście migracji czy rozwoju kulturowego. Aby sprostać tym wyzwaniom, opracowano portal internetowy Human AGEs. Skupia się on na tworzeniu wszechstronnych wizualizacji przestrzennych i czasowych obejmujących informacje genetyczne, archeogenomiczne i archeologiczne, które mogą być dostarczane przez użytkownika lub ładowane z grafowej bazy danych. Interaktywna aplikacja mapy może wyświetlać wiele warstw danych w różnych formach, takich jak wykresy bąbelkowe, wykresy kołowe, mapy ciepła czy chmury tagów. Wizualizacje te można modyfikować za pomocą różnych opcji grupowania, filtrowania i stylizacji, a stan mapy można eksportować do obrazu o wysokiej rozdzielczości lub zapisać jako plik sesji do późniejszego użytku. Human AGEs, wraz z samouczkiem, są dostępne pod adresem <https://archeogenomics.eu/>

Publikacje:

I. Stolarek, M. Zeńczak, L. Handschuh, A. Juras, M. Marcinkowska-Swojak, A. Spinek, A. Dębski, M. Matla, H. Kóčka-Krenz, J. Piontek, Polish Archaeogenomics Consortium Team, M. Figlerowicz
Genetic history of East-Central Europe in the first millennium CE
GENOME BIOLOGY 2023, 24: 173

Ł. Ciecierski, I. Stolarek, M. Figlerowicz

Human AGEs: an interactive spatio-temporal visualization and database of human archeogenomics

NUCLEIC ACIDS RESEARCH 2023, 51: 269–273

Współpraca:

Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu

Finansowanie:

projekt NCN SYMFONIA nr 2014/12/W/NZ2/00466 (kierownik projektu: Marek Figlerowicz)

Antynowotworowe właściwości kwadrupleksów

Projekt miał na celu zaprojektowanie nowych cząsteczek G-kwadrupleksów o potencjalnym znaczeniu antynowotworowym. Przeprowadzono syntezę nowych cząsteczek bispecyficznych G-kwadrupleksów ukierunkowanych jednocześnie na dwa cele molekularne, potencjalnie istotne dla przeżycia komórek nowotworowych. Uzyskane cząsteczki poddane zostały kompleksowym badaniom termodynamicznym, które umożliwiły wybór najbardziej obiecujących kandydatów. Przeanalizowano ich właściwości fizykochemiczne i aktywność antyproliferacyjną w liniach komórek nowotworowych i wykazano istotne obniżenie ich żywotności. Jednocześnie przeanalizowano i porównano właściwości fizykochemiczne i biologiczne oligonukleotydów tworzących G-kwadrupleksy RNA oraz DNA. Międzycząsteczkowe G-kwadrupleksy różniły się długością pętli, liczbą G-tetrad i homogennością rdzenia. Badania pokazały, że nawet niewielkie różnice w sekwencji inicjują pewne zmiany właściwości G-kwadrupleksów. Kwadrupleksy DNA są mniej stabilne termicznie niż ich odpowiedniki RNA, bardziej zróżnicowane topologicznie i są lepszymi kandydatami na inhibitory proliferacji komórek nowotworowych. Najwyższą aktywność antyproliferacyjną w badanej grupie cząsteczek zaobserwowano dla dwóch G-kwadrupleksów DNA o homogennym rdzeniu i niższej zawartości reszt tymidynowych w pętlach. Zastosowanie tych cząsteczek doprowadziło do zmniejszenia żywotności komórek do 65% i 33%, odpowiednio dla linii komórkowych HeLa i MCF-7. Wyniki mogą być wykorzystane w nowych podejściach do terapii nowotworów i projektowaniu leków opartych na G-kwadrupleksach.

Publikacje:

C. Roxo, K. Zielińska, A. Pasternak

Bispecific G-quadruplexes as inhibitors of cancer cells growth

BIOCHIMIE 2023, 214(Pt A): 91–100

W. Kotkowiak, C. Roxo, A. Pasternak

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

ACS MEDICINAL CHEMISTRY LETTERS 2023, 14, 1: 35–40

Finansowanie:

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

projekt NCN OPUS nr 2020/37/B/NZ7/02008 (kierownik projektu: Anna Pasternak)

projekt NCN PRELUDIUM nr 2019/35/N/NZ7/02777 (kierownik projektu: Carolina Roxo)

Allelospecyficzna analiza poziomu ekspresji genów

Nierównowaga alleliczna to ważny, choć trudny do analizy, aspekt wielu chorób, w tym chorób poliglutaminowych (poliQ), które są spowodowane ekspansją szlaków trinukleotydowych CAG w obrębie określonych genów. W ramach przeprowadzonych badań, zidentyfikowano warianty SNP występujące w sekwencji transkryptów HTT i ATXN3 (związanych z chorobą Huntingtona (HD) i ataksją rdzeniowo-mózdkową typu 3 (SCA3)), pozwalające na odróżnienie allelu zmutowanego od prawidłowego. Następnie, informacje te wykorzystano w technice ddPCR do ilościowego określenia poziomu ekspresji poszczególnych alleli. Analizy przeprowadzono w próbkach uzyskanych z ludzkich linii komórkowych HD i SCA3: fibroblastów, indukowanych pluripotentnych komórek macierzystych, neuronalnych komórek macierzystych oraz neuronów. Analogiczne eksperymenty wykonano na materiale z tkanki mózgowej pobranej z biallelicznego modelu mysiego HD (Hu 128/21). Metodę allelo-specyficznego ddPCR wykorzystano także do sprawdzenia poziomu alleli po zastosowaniu metod inżynierii genetycznej, CRISPR-Cas9, oraz do oceny efektywności działania allelo-selektywnych oligonukleotydów. Uzyskane wyniki pozwoliły sformułować nowe spostrzeżenia odnośnie zmian w poziomie ekspresji alleli podczas różnicowania neuronalnego.

Publikacja:

P. Joachimiak, A. Ciesiołka, E. Kozłowska, P.M. Świtoński, G. Figura, A. Ciołek, G. Adamek,

M. Surdyka, Ż. Kalinowska-Pośka, M. Figiel, N.S. Caron, M. R. Hayden, A. Fiszer

Allele-specific quantitation of ATXN3 and HTT transcripts in polyQ disease models

BMC BIOLOGY 2023, 21: 17

Współpraca:

University of British Columbia, Vancouver, Kanada

Finansowanie:

Projekt NCN OPUS nr 2015/19/B/NZ2/02453 (kierownik: Adam Ciesiołka)

Projekt NCN OPUS nr 2021/41/B/NZ3/03803 (kierownik: Agnieszka Fiszer)

Projekt ERA-NET-E-RARE-3/III/TreatPolyQ/08/2018 (kierownik: Maciej Figiel)

Badania strukturalne i funkcjonalne transporterów ABC

Wiele roślinnych transporterów ABC nie zostało jeszcze szczegółowo scharakteryzowanych zarówno pod względem strukturalnym jak i funkcjonalnym. Z wykorzystaniem metod dynamiki molekularnej przeprowadzono symulacje dla transportera MtABCG46 oraz cząsteczek transportowanych przez to białko. Określono zależności strukturalne, bariery energetyczne, a także wpływ hydrolizy ATP na rearanżacje helis alfa tworzących pasaż dla transportu. W cząsteczce transportera zidentyfikowano przejściową ścieżkę dostępu, która jest bezpośrednio zaangażowana w rozpoznawanie i selektywny transport 4-kumaranu i likwirytygeniny przez błonę komórkową. We współpracy z zespołem zagranicznym opracowano testy aktywności enzymatycznej transporterów ABC. Białka te często łączą rozpoznawanie i translokację cząsteczek przez błony biologiczne z hydrolizą ATP. W przypadku niektórych z nich wykazano, że hydroliza ATP

jest stymulowana obecnością transportowanych molekuł. Wykorzystując tę obserwację opracowano testy enzymatyczne do identyfikacji endogennych ligandów transportera. Testy te, dzięki swojej prostocie i jednocześnie dużej czułości stanowią ważne i nowe narzędzie w badaniach przesiewowych mających na celu poszukiwanie endogennych molekuł transportowanych przez białka ABC. Metodę przetestowano w różnych układach modelowych, m.in. w *Medicago truncatula* i *Arabidopsis thaliana*. W przypadku *Arabidopsis* stanowiła ona ważne wsparcie przy identyfikacji kamaleksyny jako endogennego substratu dla białka AtABCG36.

Publikacje:

K. Pakuła, C. Sequeiros-Borja, W. Biala-Leonhard, A. Pawela, J. Banasiak, A. Bailly, M. Radom, M. Geisler, J. Brezovsky, M. Jasiński

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

CELLULAR AND MOLECULAR LIFE SCIENCES 2023, 80,105

B. Aryal, J. Xia, Z. Hu, M. Stumpe, T. Tsering, J. Liu, J. Huynh, Y. Fukao, N. Glöckner, H.Y. Huang, G. Sáncho-Andrés, K. Pakula, J. Ziegler, K. Gorzolka, M. Zwiewka, T. Nodzyński, K. Harter, C. Sánchez-Rodríguez, M. Jasiński, S. Rosahl, M.M. Geisler

An LRR receptor kinase controls ABC transporter substrate preferences during plant growth-defense decisions

CURRENT BIOLOGY 2023, 33(10): 2008–2023.e8

Współpraca:

University of Fribourg, Szwajcaria

Finansowanie:

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

projekt NCN PRELUDIUM nr 2021/41/N/NZ1/04030 (kierownik projektu: Konrad Pakuła)

Analiza strukturalna wirusa grypy

Wirus grypy A (IAV) jest wirusem układu oddechowego powodującym epidemie i pandemie. Wiedza na temat drugorzędowej struktury RNA IAV *in vivo* jest kluczowa dla lepszego zrozumienia biologii wirusa i opracowania nowych leków przeciwwirusowych. Stosując podejścia SHAPE-MaP i DMS-MaPseq zbadano struktury drugorzędowe genomowego RNA (vRNA) pandemicznego szczepu grypy A/California/04/2009 (H1N1) w wirionie oraz w komórce. Określono struktury drugorzędowe wszystkich ośmiu segmentów vRNA *in virio*. Warto zauważyć, że po raz pierwszy pokazano drugorzędową strukturę vRNA w żywych komórkach (vRNA5, 7 i 8). Określono potencjalnie funkcjonalne motywy strukturalne istniejące w środowiskach *in virio* i *in cellulo*. Motywy te mogą odgrywać kluczową rolę w cyklu replikacyjnym wirusa. Ponadto przeprowadzono analizę struktur vRNA pod względem dokładności przewidywań oraz konserwatywności par zasad znajdując wiele wysoce zachowanych motywów vRNA dla szczepów typu A. Odkryte motywy strukturalne vRNA mogą stanowić potencjalnie dobre cele nowych strategii antygrypowych nakierowanych na RNA.

Publikacja:

B. Mirska, T. Woźniak, D. Lorent, A. Ruszkowska, J.M. Peterson, W.N. Moss, D.H. Mathews, R. Kierzek, E. Kierzek

In vivo secondary structural analysis of Influenza A virus genomic RNA

CELLULAR AND MOLECULAR LIFE SCIENCES 2023, 80(5): 136

Współpraca:

University of Rochester, Stany Zjednoczone

Iowa State University, Ames, Stany Zjednoczone

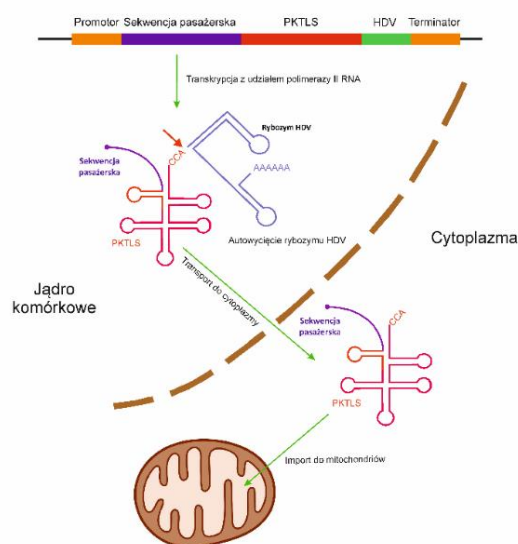
Finansowanie:

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

projekt NCN OPUS nr 2020/39/B/NZ1/03054 (kierownik projektu: Elżbieta Kierzek)

projekt NCN PRELUDIUM nr 2021/41/B/NZ1/03819 (kierownik projektu: Elżbieta Kierzek)

Wykorzystanie katalitycznych RNA do regulacji ekspresji ludzkich genów mitochondrialnych



Mutacje w genomie mitochondrialnym są częstymi przyczynami poważnych patologii. W celu eliminacji patologicznych RNA, opracowano nową strategię manipulacji poziomem RNA w komórkach ludzkich przy użyciu fragmentów genomów RNA wirusów roślinnych: mozaiki tytoniu oraz bromowirusa. Ze względu na podobieństwo strukturalne do tRNA możliwy był efektywny transport sekwencji aktywnych katalitycznie (rybozymów) do wnętrza mitochondriów. Uzyskano specyficzne obniżenie poziomu docelowego mitochondrialnego mRNA ATP6, oraz białka ATP6, przy jednoczesnym braku efektów niespecyficznych. Zmiany ekspresji ATP6 wskazywały na znaczące upośledzenie łańcucha fosforylacji oksydacyjnej oraz deficyty w oddychaniu komórkowym.

Opracowana strategia oferuje ogromne możliwości bezpośredniego badania funkcji ludzkich genów mitochondrialnych, a także może być w przyszłości skutecznym narzędziem terapeutycznym w chorobach mitochondrialnych.

Publikacja:

P. Głodowicz, K. Kuczyński, R. Val, A. Dietrich, K. Rolle

Mitochondrial transport of catalytic RNAs and targeting of the organellar transcriptome in human cells

JOURNAL OF MOLECULAR CELL BIOLOGY 2023, mjad051

Współpraca:

CNRS Strasbourg, Francja

Zbadanie struktury i aktywności enzymów HISN6 i GDH2 kluczowych dla metabolizmu aminokwasów u roślin

W pracy ujawniono, że enzym HISN6, będący częścią roślinnego szlaku biosyntezy histydyny, wykazuje niezwykle wysokie powinowactwo do fosforanu histydynolu (HOLP) i unikalne cechy strukturalne, takie jak drgający niczym struna region w pobliżu miejsca aktywnego. Region ten jest konserwatywny u roślin, a jego ruch w kierunku miejsca aktywnego enzymu jest kluczowym elementem cyklu katalitycznego. Odkrycie to może mieć potencjalne zastosowanie w projektowaniu i opracowywaniu nowych herbicydów ukierunkowanych na enzymy roślinne HISN6, nieobecne u zwierząt. Zbadano również enzym GDH2 pochodzący z modelowej rośliny *Arabidopsis thaliana*, niezbędny w metabolizmie azotu i węgla. Odkryto, że wbrew oczekiwaniom, enzym ten nie zawiera klasycznego miejsca wiązania wapnia (tzw. EF-hand). Z kolei porównawcze badania enzymatycznej aktywności wykazały, że GDH1 i GDH2 charakteryzują podobne parametry kinetyczne, a wapń ma nieznaczny wpływ na aktywność. Analiza profilu ekspresji genów ujawniła, że GDH2 jest najbardziej rozpowszechnioną izoformą u *A. thaliana*, co podkreśla jego znaczenie w biologii roślin.

Publikacje:

M. Grzechowiak, J. Sliwiak, M. Jaskólski, M. Ruszkowski
Structural and functional studies of *Arabidopsis thaliana* glutamate dehydrogenase isoform 2 demonstrate enzyme dynamics and identify its calcium binding site
PLANT PHYSIOLOGY AND BIOCHEMISTRY 2023, 201: 107895

M. Rutkiewicz, I. Nogues, W. Witek, S. Angelaccio, R. Contestabile, M. Ruszkowski
Insights into the substrate specificity, structure, and dynamics of plant histidinol-phosphate aminotransferase (HISN6)
PLANT PHYSIOLOGY AND BIOCHEMISTRY 2023, 196: 759–773

Współpraca:

Sapienza University of Rome, Włochy

Finansowanie:

projekt NCN SONATA nr 2018/31/D/NZ1/03630 (kierownik projektu: Miłosz Ruszkowski)

Oszacowanie przebiegu epidemii mpox w Poznaniu w oparciu o analizę ścieków

Dotychczas wirus mpox występował głównie w Afryce Środkowo-Zachodniej i wywoływał chorobę mpox (dawniej małpia ospa). W 2022 roku po raz pierwszy wykryto rozprzestrzenianie się tego wirusa poza terenem endemicznym, głównie w Europie oraz Ameryce Północnej, a mpox zidentyfikowano u ponad 92 tysięcy osób. Przy czym skala epidemii może być znacząco niedoszacowana ze względu na łagodny przebieg zakażenia. W wyniku przeprowadzonych badań, wykazano obecność DNA wirusa mpox w próbkach pobranych w okresie od lipca do grudnia 2022, z dwóch oczyszczalni ścieków w Poznaniu. Jednakże, częstość występowania DNA wirusa mpox w próbkach ścieków nie korelowała z ilością przypadków zachorowań na terenie miasta Poznań. Stwierdzono, że skala epidemii wirusa mpox była niedoszacowana, a wiele zakażeń nie zostało zidentyfikowanych przez system ochrony zdrowia. Wykazano, że epidemiologia oparta o ścieki jest obiecującym, uzupełniającym dane kliniczne, dodatkowym narzędziem służącym do określania skali epidemii wirusa mpox.

Publikacja:

M. Gazecka, J. Śniezek, K. Maciołek, A. Kowala-Piaskowska, P. Zmora
Mpox virus detection in the wastewater and the number of hospitalized patients in the Poznan metropolitan area, Poland
INTERNATIONAL JOURNAL OF INFECTIOUS DISEASES 2023, 133: 75–77

Współpraca:

Aquanet Laboratorium, Poznań
Uniwersytet Medyczny im. Karola Marcinkowskiego, Poznań

Finansowanie:

Wydział Gospodarki Komunalnej, Miasto Poznań

Identyfikacja związku pomiędzy mykobiomem jelitowym człowieka a cechami społecznymi, behawioralnymi, fizjologicznymi i zdrowiem gospodarza

A. PHILIPS, N. SZÓSTAK, L. HANDSCHUH, M. FIGLEROWICZ, A. SAMELAK-CZAJKA, P. KOZŁOWSKI

Stwierdzono, że mykobiota ludzkiego jelita jest zdominowana przez drożdże z rodzaju *Saccharomyces*, *Malassezia* i *Candida*. Wykazano także, że czynniki związane z gospodarzem, takie jak stan zdrowia, dieta, wiek i stan cywilny, wpływają na zmienność mykobioty jelitowej. Uzyskane wyniki ukazują potencjał diagnostyczny do tej pory zaniedbywanego komponentu mikrobioty jelitowej, jakim są grzyby. W wyniku prac przeanalizowano i podsumowano dotychczasowe doniesienia

naukowe dotyczące roli mykrobioty jelitowej w schorzeniach takich jak alkoholowa i niealkoholowa choroba wątroby, pierwotne stwardniające zapalenie dróg żółciowych, marskość wątroby i rak wątrobowokomórkowy. Przeanalizowano także potencjalną rolę grzybów jako probiotyków chroniących przed chorobami wątroby i wspierających ich leczenie.

Publikacje:

N. Szostak, L. Handschuh, A. Samelak-Czajka, K. Tomela, M. Schmidt, L. Pruss, K.

Milanowska-Zabel, **P. Kozłowski, A. Philips**

Host Factors Associated with Gut Mycobiome Structure

MSYSTEMS 2023, 8, e00986-22

N. Szostak, M. Figlerowicz, A. Philips

The emerging role of the gut mycobiome in liver diseases

GUT MICROBES 2023, 15, 2211922

Finansowanie:

projekt Mapa Mikrobiomu Polski nr POIR.04.01.01-00-0025/17 (kierownik projektu: Anna Philips)

Pozostałe ważne wyniki

Identyfikacja polimorfizmów strukturalnych o potencjalnym znaczeniu adaptacyjnym w obrębie metabolicznych klastrów genów *Arabidopsis*

M. MARSZAŁEK-ZEŃCZAK, A. SATYR, P. WOJCIECHOWSKI, M. ZEŃCZAK, P. SOBIESZCZAŃSKA, K. BRZEZIŃSKI, T. IEFIMENKO, M. FIGLEROWICZ, A. ŻMIENKO

Zbadano różnice strukturalne w obrębie metabolicznych klastrów genów, tj. zgrupowań genów zaangażowanych we wspólny szlak biosyntezy u *Arabidopsis thaliana*. Poprzez analizę ponad tysiąca ekotypów pokazano, że klastry biosyntezy tirucalladienu i marneralu mają niewielką zmienność i podlegają utrwaleniu, co można powiązać z ich ważną rolą w rozwoju rośliny. Z kolei klastry biosyntezy talianolu i, szczególnie, arabidiolu/baruolu, wykazują znaczną różnorodność. U jednej trzeciej badanej populacji wykryto dużą insercję chromosomową wynikającą z duplikacji genów *CYP705A2* i *BARS1*. Wykazano, że homolog *BARS1*, który nazwano *BARS2*, koduje nową syntazę oksydoskwalenu, a ekotypy z insercją mają odmienną dynamikę wzrostu korzeni i występują naturalnie w cieplejszym klimacie w porównaniu z pozostałymi ekotypami. Dokonane odkrycia podkreślają rolę dynamicznie ewoluujących genów metabolizmu wtórnego w adaptacji roślin do środowiska i różnorodności fenotypowej. Wyniki opublikowano w *Frontiers in Plant Science*.

Rola metabolizmu wtórnego tryptofanu w formowaniu mikrobiomu roślin

A.K. BASAK, A. PIASECKA, J. HUCKLENBROICH, G.M. TÜRKSOY, R. GUAN, P. ZHANG, F. GETZKE, R. GARRIDO-OTER, S. HACQUARD, K. STRZAŁKA, P. BEDNAREK, K. YAMADA, R.T. NAKANO

Określono rolę pochodnych tryptofanu i związanych z retikulum endoplazmatycznym myrozynaz w formowaniu mikrobiomu korzenia *Arabidopsis thaliana* (wyniki opublikowano w *New Phytologist*).

WebTetrado: serwer służący do ekstrakcji, klasyfikacji i wizualizacji tetrad oraz kwadrupleksów w strukturach 3D RNA

M. B. ADAMCZYK, M. ŻURKOWSKI, M. SZACHNIUK, T. ŻOK

Opracowano nowatorski serwer obliczeniowy pozwalający analizować struktury 3D kwadrupleksów. Posiada on przyjazny interfejs oraz oferuje szereg zaawansowanych funkcji, w tym automatyczną identyfikację, adnotację, klasyfikację i wizualizację rozpatrywanych motywów. System przetwarza struktury 3D zarówno określone eksperymentalnie, jak i przewidywane obliczeniowo

w formatach odpowiednio PDB i PDBx/mmCIF. Wspiera on zarówno kanoniczne G-kwadrupeksy, jak również kwadrupeksy innego typu oraz potrafi rozpoznawać kwadrupeksy jednocząsteczkowe, dwucząsteczkowe i tetramolekularne. Wyniki opublikowano w *Nucleic Acids Research*.

Specjalizowane algorytmy pozwalające na dopasowywanie struktur 3D RNA o oczekiwanej jakości/rozdzielczości

M. ŻURKOWSKI, M. ANTCZAK, M. SZACHNIUK

Opracowano oraz udostępniono w postaci otwartego oprogramowania dwie specjalizowane heurystyki umożliwiające elastyczne dopasowywanie struktur 3D RNA, przeszukujące przestrzeń rozwiązań na podstawie własności geometrycznych struktur (GEOS) oraz bazujące na symulacji inspirowanej ewolucją biologiczną (GENS). Pozwalają one na znajdowanie rozwiązań w trybie zarówno zależnym, jak i niezależnym od sekwencji o oczekiwanej jakości/rozdzielczości (poniżej wcześniej określonego progu RMSD wprowadzonego przez użytkownika). W pracy przeprowadzono kompleksową ewaluację czasową, jak i jakościową zaproponowanych algorytmów w kontekście innych szeroko stosowanych metod dopasowywania struktur 3D RNA, analizując nie tylko alternatywne konformacje uzyskane dla tych samych sekwencji, ale również struktury różniące się długością i złożonością. Wyniki opublikowano w *Bioinformatics*.

Kompleksowa ewaluacja metod stosujących techniki uczenia maszynowego do przewidywania struktur drugorzędowych RNA

M. JUSTYNA, M. ANTCZAK, M. SZACHNIUK

Aktualnie dysponujemy szeregiem metod obliczeniowych pozwalających na przewidywanie struktur drugorzędowych RNA. Wśród nich można wyróżnić te, które opierają się na tradycyjnych podejściach optymalizacyjnych, jak również te stosujące z powodzeniem techniki uczenia maszynowego. Podejścia tradycyjne wielokrotnie były ewaluowane na przestrzeni ostatnich lat. Niestety w przypadku metod wykorzystujących uczenie maszynowe problem przeprowadzenia wiarygodnej ewaluacji jest dość złożony. W opublikowanej pracy porównanych zostało 15 metod przewidywania struktury drugorzędowej RNA, z których 6 wykorzystuje modele głębokiego uczenia, kolejne 3 to metody wykorzystujące tradycyjne techniki uczenia maszynowego, a pozostałe 6 metod to podejścia kontrolne niewykorzystujące żadnych podejść uczenia maszynowego. Następnie podsumowano podstawowe własności szeroko stosowanych podejść uczenia maszynowego oraz przeprowadzono trzy eksperymenty, które pozwoliły ocenić jakość predykcji (i) na podstawie reprezentantów nieredundantnych klas struktur 3D RNA, (ii) wybranych, nieznanych sekwencji należących do rodzin dostępnych w Rfam, oraz (iii) zupełnie nowych rodzin, które pojawiły się w Rfam. Opublikowane wyniki jasno wskazują, że algorytmy oparte na głębokim uczeniu (takie jak SPOT-RNA czy Ufold) mogą uzyskiwać lepsze wyniki niż konkurenci, jeśli rozkład danych odpowiada rozkładowi występującemu zarówno w zbiorach uczącym, jak i testowym. Jednak podczas przewidywania struktur 2D dla nowych rodzin RNA ich efektywność jest porównywalna z pozostałymi metodami. Zdefiniowano również podstawowe wymagania, które powinny spełniać metody uczenia maszynowego, opracowywane do rozwiązywania problemów wywodzących się z dziedziny bioinformatyki strukturalnej. Wyniki opublikowano w *Briefings in Bioinformatics*.

Badanie oddziaływań bisakrydyn o właściwościach przeciwnowotworowych z DNA oraz identyfikacja produktów metabolizmu tych związków

T. LASKOWSKI, M. KOSNO, W. ANDRAŁOJĆ, A. POTĘGA, D. RAFALSKA, D. KAZIMIERCZYK, A. PAWŁOWICZ, J.E. FRACKOWIAK, J. BORZYSZKOWSKA-BUKOWSKA, P. SZCZEBLEWSKI, N. RADOŃ, M. ŚWIERŻEWSKA, A. WOŹNY, E. PALUSZKIEWICZ, Z. MAZERSKA

Wykorzystując metody spektroskopii NMR zbadano dla serii asymetrycznych bisakrydyn ich zdolność do interkalacji do cząsteczek DNA oraz ich preferencje sekwencyjne.

Równolegle przeprowadzono analizę strukturalną NMR produktu metabolizmu jednego z badanych związków i wyznaczono jego strukturę kowalencyjną. Wyniki opublikowano w *Scientific Reports* i *Molecules*.

Opracowanie nowej metody fosforylacji nukleozydów

M. MATERNA, J. STAWIŃSKI, M. SOBKOWSKI

Opracowano nową metodę fosforylacji nukleozydów z wykorzystaniem fosfobetain oksyonio wych jako produktów pośrednich. Odpowiednio zablokowany nukleozyd poddawany jest reakcji z H-fosfonianem difenylowym, a następnie z *N*-tlenkiem *N*-metylomorfoliny, co prowadzi do powstania nukleozydowej fosfobetainy oksyoniowej, która po schłodzeniu krystalizuje. Związek ten deaminuje się za pomocą chlorku trimetylosililu, a produkt końcowy uzyskuje się przez desililację metanolem i oczyszcza chromatograficznie. Wszystkie reakcje przebiegają szybko (maks. kilka minut), a reagenty są niedrogie i dostępne komercyjnie. Wydajność dochodzi do >90%. W trakcie prac wyizolowano też i scharakteryzowano nieznane dotąd fosfobetainy oksyonio we nukleozydów. Wyniki opublikowano w *Biotechnologii*.

Synteza rybozydu kinetyny i jego analogów oraz określenie ich cytotoksyczności względem komórek nowotworowych

E. TOTOŃ, N. LISIAK, A. ROMANIUK-DRAPAŁA, G. FRAMSKI, E. WYSZKO, T. OSTROWSKI

Zsyntetyzowano *N*⁶-[(furan-2-ylo)metylo]adenozynę (rybozyd kinetyny) oraz związki pokrewne, zawierające modyfikacje w części zasadowej (analog furan-3-yłowy, tien-2-yłowy, 8-aza i 2-amino, a także 2-(furfuryloamino)adenozynę) lub w części cukrowej (2'-deoksyrybozyd i arabinozyd). Poddano je badaniom na cytotoksyczność stosując różne czasy inkubacji wobec panelu pięciu reprezentatywnych linii komórek nowotworowych i, dla porównania, jednej linii komórek nie-nowotworowych. Rybozyd 8-azakinetyny uznano za najbardziej obiecujący, pod względem aktywności i selektywności działania przy wydłużonym czasie ekspozycji (IC₅₀ = 1.1 μM względem komórek OVCAR-3 i MIA PaCa-2, natomiast IC₅₀ = 4.6 μM względem komórek prawidłowych MRC-5). Związek ten stanowi dobry punkt wyjścia do dalszych planowanych badań pod kątem optymalizacji struktury omawianej klasy związków (opublikowano *Bioorganic & Medicinal Chemistry Letters*).

Zbadanie oddziaływań dalekiego zasięgu między nieulegającymi translacji regionami mRNA p53

A. KILISZEK, W. RYPNIEWSKI, L. BŁASZCZYK

Celem badań było poznanie sposobu, w jaki odległe regiony mRNA p53 wchodzą w bezpośrednie oddziaływanie oraz roli białek w tym procesie. Przeprowadzone analizy po raz pierwszy wykazały, że jeden z czynników regulujących translację białka p53, nukleolina, wykazuje aktywność opiekuńczą wobec kwasów nukleinowych (ang. RNA chaperone), dzięki czemu stymuluje tworzenie oddziaływania dalekiego zasięgu między regionami niekodującymi 5' i 3' mRNA p53. Z użyciem rozbudowanej analizy biochemicznej oraz mutacyjnej zidentyfikowano motywy strukturalne w mRNA p53, które odgrywają kluczową rolę podczas tworzenia tego oddziaływania. Na podstawie przeprowadzonych badań zaproponowano model opisujący tworzenie zależnego od nukleoliny oddziaływania dalekiego zasięgu w mRNA p53, który nie tylko tłumaczy ten niezwykle ciekawy sposób regulacji translacji, ale także pozwala zrozumieć w nowym świetle dotychczasowe wyniki badań funkcjonalnych. Wyniki opublikowano w *RNA*.

Badania strukturalne kompleksów białko-kwas nukleinowy: przegląd wybranych technik

K. SZPOTKOWSKI, K. WÓJCIK, A. KURZYŃSKA-KOKORNIAK

Specyficzne oddziaływania pomiędzy białkami i kwasami nukleinowymi leżą u podstaw prawidłowego funkcjonowania wszystkich komórek. Na podstawie dostępnych danych literaturo-

wych oraz dotychczasowego doświadczenia badawczego scharakteryzowano podstawowe techniki umożliwiające badanie kompleksów białek z kwasami nukleinowymi: krystalografię, jądrowy rezonans magnetyczny, mikroskopię elektronową, mikroskopię sił atomowych, małokątowe rozpraszanie promieniowania rentgenowskiego, małokątowe rozpraszanie neutronów, dichroizm kołowy oraz spektroskopię w podczerwieni. Każda technika została omówiona pod kątem jej kontekstu historycznego, rozwoju i osiągnięć w ciągu ostatnich lat, a także słabych i mocnych stron. W pracy pokazano również, że jeżeli jedna z technik nie dostarcza zadowalających rezultatów, to łączenie różnych technik badawczych pozwala na pełniejsze zrozumienie strukturalnych i funkcjonalnych aspektów oddziaływań białko-kwas nukleinowy. Wyniki opublikowano w *Computational and Structural Biotechnology Journal*.

Ataksja rdzeniowo-mózdkowa typu 7: molekularne mechanizmy i nadzieje na leczenie

P.M. ŚWITOŃSKI, A.R. LA SPADA

Wykorzystując własne dane eksperymentalne i przegląd literaturowy, przeprowadzono dogłębną charakterystykę zmian komórkowych i molekularnych tworzących kaskadę patologiczną w ataksji rdzeniowo-mózdkowej typu 7. Zaproponowano mechanistyczny model, który łączy ekspresję zmutowanej ataksyny 7 z obserwowaną degeneracją komórek PC i fotoreceptorów w siatkówce oka. Dla każdego mechanistycznego węzła w zaproponowanym modelu opisano istniejące lub potencjalne interwencje farmakologiczne mogące modulować ścieżkę i przyczynić się do łagodzenia objawów SCA7. Wyniki opublikowano w *Trials for Cerebellar Ataxias. Contemporary Clinical Neuroscience*.

Opisanie na poziomie strukturalnym przemian fotochemicznych białka PR-10 (MtN13) w kompleksie z fotouczulaczem 3CB (3-karboksybenzofenonem)

M. IGNASIAK-KCIUK, K. NOWICKA-BAUER, M. GRZECHOWIAK, T. RAVNSBORG, K. FRĄCKOWIAK, O. JENSEN, M. JASKÓLSKI, B. MARCINIAK

Badano proces fotoutleniania w układzie modelowym, gdzie 3-karboksybenzofenon (3CB) służył jako fotouczulacz, a białko MtN13 z rodziny PR-10 jako wygaszacz. Proces ten jest z natury złożony ze względu na skomplikowaną strukturę białka i liczne potencjalne punkty, w których 3CB może oddziaływać i powodować jego utlenianie. Badania metodą spektrometrii mas pozwoliły zidentyfikować reszty aminokwasowe (Met, Tyr, Asp i Phe) tworzące z fotouczulaczem addukty. Z kolei analiza HPLC-MS związków modelowych oraz wolnych aminokwasów i dipeptydów pozwoliła poznać szczegółowe mechanizmy wygaszania 3CB. Pionierskie badania krystalograficzne w tej dziedzinie ukazały specyficzne wiązanie cząsteczki 3CB w hydrofobowej wnęce białka, wskazując w ten sposób miejsca wygaszenia stanu wzbudzonego 3CB*. Na podstawie uzyskanych wyników zaproponowano mechanizm indukowanego fotochemicznie utleniania białka MtN13. Stwierdzono, że możliwość wiązania fotoutleniacza na powierzchni białka lub w jego wnęce jest istotnym czynnikiem determinującym mechanizm utleniania. Wyniki opublikowano w *Free Radical Biology and Medicine*.

Rola N-glikozydowych pochodnych β -D-rybozy w układach biologicznych

K. WOŹNIAK, K. BRZEZIŃSKI

W pracy wykazano, że nukleotydy i nukleozydy oparte na β -D-rybozie posiadają unikalne cechy chemiczne i strukturalne, które prawdopodobnie ułatwiły ich selekcję jako podstawowe elementy budulcowe w początkowych etapach życia na Ziemi. Związki te biorą udział w kluczowych procesach metabolicznych, w tym w kodowaniu informacji genetycznej, katalizie komórkowej, wytwarzaniu czy magazynowaniu energii. Uniwersalna funkcja N-rybozydów silnie sugeruje, że ich obecność w środowisku była prawdopodobnie kluczowa dla zainicjowania pierwotnych procesów katalitycznych, wykorzystujących RNA, peptydy, jony i kofaktory oparte głównie na cząsteczce adenozyne. W trakcie ewolucji życia, szlaki metaboliczne wykorzystujące katalityczne

cząsteczki RNA zostały zastąpione reakcjami katalizowanymi przez enzymy. Jednak wiele enzymów nadal wykorzystuje pierwotne kofaktory, które funkcjonowały w świecie RNA. Z czasem złożoność metabolizmu wymusiła wykorzystanie kofaktorów nukleotydowych innych, niż pochodne β -D-rybozy, oparte na adenozyne. Opublikowano w *Biomolecules*.

Analiza funkcji atrofiny-1 oraz jej dysfunkcji w chorobie DRPLA

B. NOWAK, E. KOZŁOWSKA, W. PAWLIK, A. FISZER

W artykule zebrano i podsumowano dotychczasową wiedzę na temat funkcji białka atrofiny-1 oraz dysfunkcji jej zmutowanej formy, która wywołuje rzadką chorobę neurodegeneracyjną DRPLA (zanik jądra zębatego, jądra czerwiennego i jądra niskowzgórzowego). Omówiono dane epidemiologiczne oraz symptomy kliniczne DRPLA. Przedstawiono charakterystykę genu *ATN1* oraz produktów jego ekspresji (transkrypt, białko), jak również szczegółowo przeanalizowano ich funkcje. Ponadto opisano dostępne modele komórkowe i zwierzęce DRPLA oraz potencjalne podejścia terapeutyczne dla tej nieuleczalnej choroby. Zaproponowano przyszłe kierunki badań nad DRPLA. Opublikowano w *Movement Disorders*.

Biologiczna rola tRNA i krótkich RNA pochodzących z tRNA w starzeniu i długowieczności modelowych organizmów

A. TYCZEWSKA, A. RZEP CZAK, D. SOBAŃSKA, K. GRZYWACZ

Starzenie to proces, w którym osłabieniu ulegają różne funkcje organizmu, a jego zdolność do utrzymania homeostazy i przeciwstawienia się szkodliwemu wpływowi środowiska ulega stopniowemu zmniejszeniu. Z tej przyczyny, starzenie definiuje się również jako zależne od czasu zmiany zwyrodnieniowe zachodzące w organizmie, tkankach, komórkach oraz cząsteczkach takich jak DNA i RNA. Proces ten obejmuje szereg mechanizmów, takich jak deregulacja autofagii, dysfunkcja mitochondriów, skracanie telomerów, stres oksydacyjny, ogólnoustrojowy stan zapalny i zaburzenia metabolizmu. Choć starzenie się nie jest chorobą, jest główną przyczyną patologii związanych z wiekiem, takich jak nowotwory, choroby neurologiczne i układu krążenia. W artykule przeglądowym zebrano wyniki analiz danych literaturowych wskazujących na istotność metabolizmu tRNA, epitranskryptomu i możliwą rolę fragmentów RNA pochodzących z tRNA w regulacji długości życia oraz długowieczności w organizmach modelowych. Badania takich gatunków jak: *Saccharomyces cerevisiae*, *Schizosaccharomyces pombe*, *Caenorhabditis elegans*, *Drosophila melanogaster* oraz *Mus musculus*, ujawniły, że mechanizmy regulacji długości życia są wyjątkowo konserwatywne w trakcie ewolucji. W wyniku pionierskich badań genetycznych u *C. elegans* wykazano, że geny związane z długowiecznością są zachowane u drożdży, much i myszy. Przez długi czas tRNA uważano jedynie za cząsteczki transportujące aminokwasy do rybosomu podczas translacji. Niemniej jednak wiele badań biologicznych pokazało, że tRNA są uwikłane w różnorodne procesy fizjologiczne i patologiczne. Praca przedstawia analizę doniesień literaturowych na temat roli jaką pełnią cząsteczki tRNA i fragmenty z nich pochodzące w starzeniu organizmów i długowieczności. Opublikowano w *Ageing Research Reviews*.

Biotechnologia rolnicza szansą dla zapewnienia bezpieczeństwa żywnościowego

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

W artykule przedstawiono założenia Celów Zrównoważonego Rozwoju (*Sustainable Developmental Goals*) oraz Europejskiego Zielonego Ładu (*European Green Deal*) związane z osiągnięciem bezpieczeństwa żywnościowego i zrównoważonego rozwoju w rolnictwie Unii Europejskiej, z uwzględnieniem powyższych zagrożeń. Omówiono przyszłość systemów biotechnologii rolniczej i sztucznej inteligencji, biorąc pod uwagę ich potencjał w osiąganiu celu, jakim jest bezpieczeństwo żywnościowe. Paradoksalnie, wykazują obecną trudną sytuację może pozwolić politykom i zainteresowanym stronom UE wykorzystać możliwości i potencjał sektora biotechnologicznego. Wyniki krytycznej analizy wskazały, że inicjatywy podjęte przez KE oraz Cele

Zrównoważonego Rozwoju wydają się nieosiągalne do realizacji w wyznaczonym czasie. Opublikowano w *Trends in Biotechnology*.

Inteligentne polimery podstawione pirydyno-2-ylem wrażliwe na termicznie wyzwalaną cyklizację grup bocznych

M. PALUCH, M.K. CHMIELEWSKI

Opracowano koncepcję oraz przeprowadzono syntezę nowych polimerów reagujących na temperaturę i pH, których konstrukcja jest oparta na monomerach pirydyno-2-yłowych. Syntezę tych materiałów wykonano przy użyciu polimeryzacji rodnikowej kontrolowanej odwracalnym przenoszeniem łańcucha przez addycyjną fragmentację (RAFT). Badanie UV-VIS wewnątrzcząsteczkowej cyklizacji termicznej w zsyntetyzowanych polimerach potwierdziło, że szybka i całkowita eliminacja małych bicyklicznych cząsteczek jest możliwa w układach polimerowych. Możliwość usuwania łańcuchów bocznych w wysokich temperaturach pozwala na zmianę właściwości polimeru na jonowy charakter. Proces ten jest obiecujący w projektowaniu materiałów do dostarczania leków. Wyniki opublikowano w *European Polymer Journal*.

Różnice w wewnątrzgatunkowej zmienności liczby kopii konserwatywnych i niekonserwatywnych genów mikroRNA u Arabidopsis

A. SAMELAK-CZAJKA, P. WOJCIECHOWSKI, M. MARSZAŁEK-ZEŃCZAK, M. FIGLEROWICZ, A. ŻMIENKO

Zbadano zakres różnic w liczbie kopii genów mikroRNA (MIR) w >1000 ekotypach Arabidopsis. Wykazano, że MIR konserwatywne pod względem występowania i funkcji, nie wykazują dużej zmienności w szczególności, niezwykle rzadkie były ich delecje. Z kolei MIR występujące tylko w wybranych taksonach i często o niezidentyfikowanej funkcji wykazywały umiarkowaną zmienność. Zaobserwowano również przeciwny trend w stopniu polimorfizmu MIR w zależności od ich sąsiedztwa względem transpozonów bądź genów kodujących białko. Z kolei liczba kopii MIR zaangażowanych w epigenetyczną kontrolę transpozonów podlegających reaktywacji we wczesnej fazie rozwoju pozostawała zwykle niezmienna. U Col-0 wysoka zmienność liczby kopii niezachowawczych MIR była związana z ich obniżoną ekspresją w liściach, kwiatostanach i strąkach w porównaniu z grupą niezmienną. Uzyskane dane wskazują, że odsetek MIR wykazujących polimorfizm liczby kopii u Arabidopsis jest powiązany z ich wiekiem, funkcją i lokalizacją genomową. Wyniki opublikowano w *Functional & Integrative Genomics*.

Synteza nowych pochodnych 1,8-naftalamidów wiążących DNA, wykazujących właściwości przeciwnowotworowe

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

Otrzymano serię pochodnych 1,8-naftalamidów na drodze reakcji amidowania i redukcyjnego aminowania. Następnie przeanalizowano fizykochemiczne właściwości nowych pochodnych 4-karboranylo-3-nitro-1,8-naftalamidów. Do dalszych badań w komórkowym modelu raka wątroby (HepG2) i normalnych ludzkich fibroblastach (MRC-5) wybrano związki, które silnie oddziaływały z DNA (34–37; $\Delta T_m = 10,00\text{--}13,00^\circ\text{C}$). Wykazano, że związki te powodują inhibicję wzrostu komórek HepG2, poprzez zatrzymanie cyklu komórkowego w fazie G2M. Ponadto wykazano, że wywołują one stres oksydacyjny, powodują wzrost stężenia jonów Fe^{2+} , peroksydację lipidów oraz wzrost potencjału błony mitochondrialnej, co w konsekwencji prowadzi do śmierci komórek na drodze ferroptozy. Z użyciem mikroskopii konfokalnej wykazano, że związki te lokalizują się wewnątrz lizosomów oraz zdolne są do selektywnej permeabilizacji błon lizosomalnych komórek nowotworowych, czego nie zaobserwowano w komórkach MRC-5. Wyniki opublikowano w *Journal of Enzyme Inhibition and Medicinal Chemistry*.

Transkryptomika pojedynczych komórek i transkryptomika przestrzenna w badaniach nad złożonością mózgu w zdrowiu i chorobie

M. PIWECKA, N. RAJEWSKY, A. RYBAK-WOLF

W ostatniej dekadzie technologie wykorzystujące analizy pojedynczych komórek zostały udoskonalone do tego stopnia, że są wykorzystywane jako standardy analityczne w badaniach molekularnych. Obecnie te metody pozwalają na ilościową ocenę ekspresji genów z wystarczającą dokładnością, aby precyzyjnie rozróżnić nawet subtelne różnice między typami i stanami komórek, zapewniając w ten sposób doskonałe narzędzie do badań nad ośrodkowym układem nerwowym i jego zaburzeniami. Sekwencjonowanie RNA pojedynczych komórek wymaga dysocjacji tkanek, co wiąże się z utratą informacji o przestrzennym umiejscowieniu komórek. Nowoczesne, przestrzenne metody transkryptomiczne umożliwiają natomiast ocenę ekspresji genów z zachowaniem organizacji strukturalnej tkanki. Na podstawie badań własnych i przeglądu literatury, dokonano omówienia i krytycznej oceny sposobu, w jaki transkryptomika pojedynczych komórek i transkryptomika przestrzenna, przyczyniają się do rozwikłania patomechanizmów leżących u podstaw zaburzeń mózgu. Skoncentrowano się na trzech obszarach: selektywnej podatności neuronów na patologię, dysfunkcji neuroimmunologicznej i badaniach specyficzności komórkowej w aspekcie odpowiedzi na leczenie. Opublikowano w *Nature Reviews Neurology*.

Długotrwały wpływ nitrofuranów obecnych w ściekach na wybrane szczepy bakterii ściekowych

A. PACHOLAK, J. ŻUR-PIŃSKA, A. PIŃSKI, Q.A. NGUYEN, M. LIGAJ, M. ŁUCZAK, L.D. NGHIEM, E. KACZOREK

Nitrofurany są środkami bakteriobójczymi o szerokim spektrum działania, często stosowanymi w dużych ilościach w terapii. W pracy zbadano wpływ dwóch przedstawicieli nitrofuranu, nitrofurantoiny (NFT) i furaltadonu (FTD) na trzy szczepy bakteryjne wyizolowane ze ścieków. Do charakterystyki szczepów wykorzystano sekwencjonowanie całego genomu bakterii oraz metody metabolomiczne i elektrochemiczne w celu zrozumienia zmian zachodzących po 12-miesięcznej ekspozycji na nitrofurany. Znaczące zaburzenia zaobserwowano w metabolizmie aminokwasów i cukrów oraz biosyntezie aminoacylo-tRNA. Ekspozycja na NFT i FTD wywoływała efekty mutagenne, wpływała na syntezę białek, aktywność metaboliczną i wzmagiała stres oksydacyjny w komórkach, co wykazano na podstawie podwyższonej aktywności katalazy i S-transferazy glutationu. Uzyskane wyniki dostarczają nowych informacji na temat potencjalnych zagrożeń wynikających z długotrwałej obecności związków bakteriobójczych w środowisku. Wyniki opublikowano w *Science of the Total Environment*.

Ocena metod odzyskiwania oleju *Fragaria vesca* L.: charakterystyka, stabilność i potencjał bioaktywny

Ł. MARCZAK, A. WOJAKOWSKA, M. GRAJZER, B. WIATRAK, P. JAWIEŃ, R. WIEJAK, E. RÓJ, W. GRZEBIELUCH, A. PRESCHA

Olej z nasion poziomki (*Fragaria vesca* L.) odzyskiwano z wykorzystaniem tłoczenia na zimno (CP) oraz ekstrakcji nadkrytycznym dwutlenkiem węgla (SCO₂E), z zastosowaniem różnych czasów ekstrakcji. Materiał scharakteryzowano pod kątem składu i jakości. Ocenę cytotoksyczności uzyskanych olejów przeprowadzono przy użyciu linii komórek ludzkich fibroblastów skórnych. Uzyskane wyniki pokazały, że oba oleje charakteryzują się wysoką stabilnością oksydacyjną, a żadne z badanych próbek nie wykazały cytotoksyczności w testach wymywania dehydrogenazy mleczanowej i sulforodaminy B. Jednakże oleje uzyskane z użyciem 15- i 30-minutowej ekstrakcji metodą SCO₂E, okazały się cytotoksyczne w teście MTT, przy CC₅₀ w stężeniu odpowiednio 3,4 i 5,5%. Podsumowując, uzyskane wyniki wskazują, że w zależności od sposobu odzysku olej może mieć różną charakterystykę. Wyniki opublikowano w *Foods*.

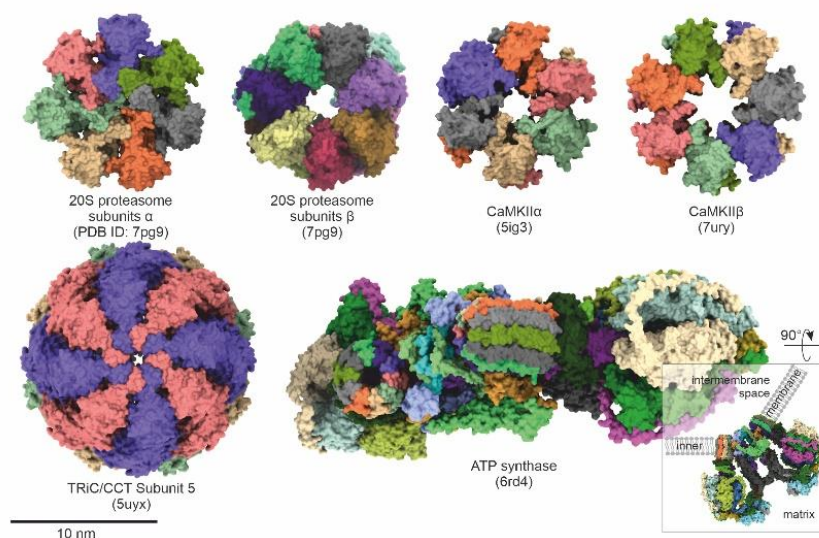
Opracowanie i zastosowanie zestawu protokołów opartych o techniki mikroskopii fluorescencyjnej (w tym FLIM) do badania obecności oraz efektów pochodnych związków flawinowych na komórki

A. GOLCZAK, D. PRUKAŁA, E. SIKORSKA, M. GIERSEWSKI, Z. ANWAR, V. CHERKAS, D. KWIATEK, E. SIKORSKA, I. KHMELINSKII, G. BURDZIŃSKI, A. KUBIAK, N. VARMA, T. PĘDZIŃSKI, S. MURPHREE, R. CIBULKA, L. MRÓWCZYŃSKA, J. Ł. KOLANOWSKI, M. SIKORSKI

Analogi i pochodne flawin, dzięki możliwości modyfikacji właściwości fluorescencyjnych i redoks, znajdują zastosowanie m.in. jako sondy fluorescencyjne do badania stanu redoks komórek, sensybilizatory tlenu singletowego czy związki bioaktywne (cytotoksyczne oraz antyoksydanty). Opracowanie tych narzędzi wymaga opracowywania skutecznych metod monitorowania tych związków i ich wpływu na modele komórkowe. We współpracy z UAM w Poznaniu, opracowano zestaw protokołów eksperymentalnych, opartych o techniki mikroskopii fluorescencyjnej (m.in. FLIM oraz skany spektralne) pozwalających na rozróżnianie sygnałów samych związków od sygnałów wynikających z ich wpływu na komórkę. To umożliwia skorelowanie efektów komórkowych z parametrami fluorescencyjnymi oraz redoks tych substancji i tym samym bardziej wiarygodną ocenę potencjału związków jako sond oraz związków biologicznie czynnych. Wyniki opublikowano w *Scientific Reports* i *Photochemical & Photobiological Sciences*.

Zmienione interakcje ataksyny-3 z dużymi kompleksami białkowymi w modelu SCA3 Ki150. Specyficzna struktura kompleksów związanych z ataksyną-3 w postaci kolistych multimerów

P. PIASECKI, K. WIATR, M. RUSZKOWSKI, Ł. MARCZAK, Y. TRITTIER, M. FIGIEL



Zbadano interakcje ataksyny-3 zawierającej długi ciąg poliQ z dużymi multimerowymi kompleksami białkowymi homozygotycznych myszy Ki150/150. Odkryto, że zmutowana ataksyna-3 nieprawidłowo oddziałuje z podjednostkami dużych kompleksów, takich jak Cct5 i 6, Tcp1 oraz Camk2a i Camk2b. Zaobserwowano, że kompleksy wykazują kolistą strukturę molekularną, co można powiązać z procesem tworzenia agregatów. Co interesujące agregaty pierścieniowe są etapem pośrednim w stosunku do włóknistych agregatów, co wskazuje na nowy sposób interakcji ataksyny-3. Zidentyfikowane kompleksy białkowe biorą udział w transporcie mitochondriów w aksonach. Odkryto zmieniony transport i ruchliwość mitochondriów wzdłuż neurytów SCA3 Ki150. Wyniki opublikowano w *Frontiers in Molecular Neuroscience*.

Biologiczna rola tRNA i krótkich RNA pochodzących z tRNA w patogennych i niepatogennych gatunkach drożdży

A. TYCZEWSKA, K. GRZYWACZ

Krótkie RNA pochodzące z tRNA zidentyfikowano we wszystkich królestwach i obecnie są one częściej uznawane za jeden z podstawowych potranskrypcyjnych regulatorów ekspresji genów. Chociaż uznaje się, że drożdże chorobotwórcze mają istotne znaczenie dla zdrowia ludzkiego, ostatnio coraz większą uwagę zwraca się także na drożdże niepatogenne. W artykule przedstawiono krytyczną ocenę odkryć dokonanych w ciągu ostatnich 15 lat w dziedzinie krótkich RNA pochodzących z tRNA u różnych patogennych i niepatogennych gatunków drożdży. Opublikowano w *Yeast*.

Opracowanie protokołu wysokoprzepustowego próbkowania struktury RNA SHAPE-MaP

K. GRZYWACZ, A. CHEŁKOWSKA-PAUSZEK, M. PLUCINSKA-JANKOWSKA, M. ŻYWIICKI

Próbkowanie chemiczne jest od dziesięcioleci jednym z najpopularniejszych narzędzi do badania struktury drugorzędowej RNA. Ostatnio opracowano protokoły jednoczesnej analizy wielu RNA, umożliwiające badanie dynamiki struktury RNA *in vivo* w całym transkryptomie. Jedną z najpopularniejszych metod jest selektywne acylowanie grup 2'-OH, analizowane poprzez wydłużanie startera i profilowanie mutacyjne (SHAPE-MaP). W badaniu przeprowadzono analizę wpływu: enzymów odwrotnej transkrypcji, warunków buforowych i sond chemicznych na właściwości biblioteki cDNA i jakość sygnałów strukturalnych pochodzących z profilowania mutacji. Uzyskane wyniki ujawniły, że odwrotna transkryptaza SuperScript IV (SSIV) jest skutecznym enzymem do profilowania mutacyjnego adduktów SHAPE. Ponadto przedstawiono rolę kationów Mn^{2+} w modulowaniu wydajności odczytu SSIV. Wyniki opublikowano w *International Journal of Molecular Sciences*.

Ocena efektywności leczenia choroby zwyrodnieniowej stawu kolanowego po autologicznym wstrzyknięciu tkanki tłuszczowej

P. BĄKOWSK, J. KASZYŃSKI, C. BAKA, T. KACZMAREK, K. CIEMNIEWSKA-GORZELA, K. BĄKOWSKA-ŻYWIICKA, T. PIONTEK

Choroba zwyrodnieniowa stawu kolanowego (KOA) jest przewlekłą, postępującą chorobą, która wpływa na jakość życia i może powodować niepełnosprawność i izolację społeczną. Chrząstka stawowa ma niewielki potencjał naprawy, więc coraz więcej badań kładzie nacisk na zastosowanie terapii komórkowej. Podskórna tkanka tłuszczowa (AAT) człowieka stanowi rezerwuuar mezenchymalnych komórek macierzystych i może być pobrana podczas małoinwazyjnej procedury. Celem badania było określenie, którzy pacjenci KOA, odniosą największe korzyści z leczenia jednorazową, dostawową iniekcją AAT. Wyniki terapii oceniano na podstawie kwestionariuszy oceny stawu kolanowego: KOOS, IKDC 2000, WOMAC i EQ-5D-5L, oraz natężenia dolegliwości bólowych w skali NRS, zastosowanych przed leczeniem oraz po $27 \pm 6,5$ miesięcznej obserwacji. Główny wniosek z badania sugerował, że pacjenci w II stopniu zaawansowania choroby zwyrodnieniowej stawu kolanowego z prawidłowym BMI odnoszą największe korzyści z terapii iniekcją AAT. Wyniki opublikowano w *Archives of Orthopaedic and Trauma Surgery*.

Epidemiologia oraz identyfikacja czynników ryzyka zarażenia *Echinococcus multilocularis*

M. STEFANIAK, M. DERDA, P. ZMORA, S. NOWAK

Alweokokoza (AE) jest przewlekłą chorobą odzwierzęcą wywoływaną przez larwalną postać *Echinococcus multilocularis*. U ludzi może przekształcić się w poważną, przewlekłą infekcję wątroby, która nieleczona prowadzi do śmierci. Celem pracy była ocena czynników ryzyka zakażeń *E. multilocularis* oraz opis przebiegu klinicznego AE w grupie 36 chorych hospitalizowanych w Klinice Chorób Tropikalnych i Pasożytniczych w Poznaniu. U większości pacjentów zakażenie *E. multilocularis* rozpoznawano na podstawie badań obrazowych oraz testów immunologicznych.

Zaobserwowano, że wśród uczestników badania większość pacjentów uprawiała ziemię, hodowała zwierzęta, pracowała w lesie lub była zatrudniona w schroniskach dla zwierząt. Wykazano, że regularne badania obrazowe jamy brzusznej i wykrywanie swoistych przeciwciał przeciwko *E. multilocularis* wśród osób z grup ryzyka zwiększają wczesną wykrywalność choroby i poprawiają rokowanie kliniczne. Wyniki opublikowano w *Pathogens*.

Analiza przeciwciał przeciwko SARS-CoV-2 u osób zaszczepionych szczepionkami BNT126b2 i ChAdOx1

D. LORENT, R. NOWAK, M. JANKOWSKA, Ł. KUSZEL, P. ZMORA

Określono poziom przeciwciał przeciwko SARS-CoV-2 wśród wielkopolskich nauczycieli, będących w grupie wysokiego ryzyka zachorowania na COVID-19, po dwóch tygodniach i trzech miesiącach od szczepienia przeciwko COVID-19 jedną z dwóch rodzajów szczepionek: mRNA (BNT126b2) lub wektorową (ChAdOx1). Stwierdzono, że poziom przeciwciał przeciwko SARS-CoV-2 był znacznie wyższy wśród osób zaszczepionych BNT126b2, ale zanikanie przeciwciał było wolniejsze wśród osób zaszczepionych ChAdOx1. Ponadto osoby zaszczepione ChAdOx1 znacznie częściej skarżyły się na skutki uboczne szczepionki. W materiale pobranym od uczestników badania nie znaleziono żadnych przeciwciał przeciwko nukleoproteinie SARS-CoV-2 wskazujących na zakażenie wirusem, zarówno dwa tygodnie, jak i trzy miesiące po szczepieniu, co potwierdza wysoką skuteczność obu szczepionek. Wyniki opublikowano w *Vaccines*.

Opracowanie nowych inhibitorów wnikania nowo pojawiających się wirusów

A. PAWEŁCZYK, R. NOWAK, M. GAZECKA, A. JELIŃSKA, L. ZAPRUTKO, P. ZMORA

Przeprowadzono badania potencjału koniugatów molekularnych kannabidiolu (CBD) i niesteroidowych leków przeciwzapalnych (NSAID) jako nowatorskich dwukierunkowych środków przeciwwirusowych, np. przeciwko SARS-CoV-1/2. Zsyntezowane związki zostały scharakteryzowane za pomocą różnych technik spektroskopowych. Aktywność biologiczną trzech koniugatów molekularnych (CBD-ibuprofen, CBD-ketoprofen i CBD-naproxen) oceniono *in vitro* przy użyciu pseudotypów zawierających białko kolca nowo pojawiających się koronawirusów – SARS-CoV-1/2 oraz „żywego” wirusa grypy typu A. Wyniki wykazały, że niektóre koniugaty CBD-NSAID znacząco hamują wnikanie SARS-CoV-1/2, ale nie wykazują aktywności przeciwwirusowej przeciw wirusowi grypy typu A. Badania sugerują potencjalną terapeutyczną rolę koniugatów molekularnych CBD-NSAID w leczeniu nowo pojawiających się infekcji koronawirusami. Wyniki opublikowano w *Pathogens*.

Wykorzystanie juglonu w terapii guzów mózgu

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

Glejak wielopostaciowy (GBM) jest najczęstszym i najbardziej agresywnym pierwotnym guzem mózgu. Całkowita resekcja, radioterapia i chemioterapia z temozolomidem nie są w stanie zniszczyć wszystkich komórek nowotworowych, dlatego potrzebne są nowe strategie terapeutyczne. Juglon (J), który wykazuje działanie cytotoksyczne, antyproliferacyjne i przeciwinwazyjne na różne komórki, może być obiecującym środkiem w terapii GBM. W pracy analizowano poziom markera epigenetycznego DNA (m^5C) oraz znacznika komórkowego uszkodzenia oksydacyjnego (8-oksodeoksyguanozyna). Pokazano samodzielnie działanie juglonu oraz w skojarzeniu z temozolomidem na komórki glejaka wielopostaciowego. Wykazano, że juglon wywołuje silny stres oksydacyjny, o czym świadczy duży wzrost 8-okso-dG i zmniejsza m^5C w DNA komórek nowotworowych. W połączeniu z TMZ, juglon moduluje poziom obu związków markerowych. Wyniki sugerują, że w celu uzyskania lepszej efektywności leczenia GBM można zastosować połączenie juglonu i temozolomidu. Wyniki opublikowano w *International Journal of Molecular Sciences*.

Edycja genomu roślin jako kluczowa technologia w zrównoważonej biogospodarce

E. WOŹNIAK-GIENTKA, A. TYCZEWSKA

W artykule określono, w jaki sposób nowe techniki genomowe mogą wspierać rozwój zrównoważonej biogospodarki, a także pomóc w osiągnięciu celów zrównoważonego rozwoju, np. związanych z zakończeniem głodu. Dzięki zastosowaniu technologii CRISPR-Cas9 hodowcy mogą poprawić tolerancję roślin na suszę czy ekstremalne upały, a także zwiększyć zawartość składników odżywczych w plonach. Wskazano przykłady roślin, które już zostały w ten sposób ulepszone. Edycję genomów można wykorzystać do rozpoznawania alergenów, modeli chorób, hipoalergicznego żywności lub modyfikacji odpowiedzi immunologicznej. Przykładem może być zastosowanie podejścia CRISPR-Cas9 do edycji genomu pszenicy w celu zmniejszenia zawartości glutenu, co może przynieść obiecujące efekty w przypadku chorych na celiakię – genetyczną chorobę autoimmunologiczną. Technologia CRISPR-Cas9 może być przydatna do oczyszczania wody pitnej z bakterii chorobotwórczych, a także do przyspieszania wzrostu drzew, np. topoli, która jest doskonałym surowcem do produkcji biopaliw. Wyniki opublikowano w *EFB Bioeconomy Journal*.

HR Excellence in Research



HR EXCELLENCE IN RESEARCH

Instytut Chemii Bioorganicznej PAN od 2016 roku posiada prestiżowe wyróżnienie HR Excellence in Research przyznawane przez Komisję Europejską. Stanowi to potwierdzenie starań Instytutu o zapewnienie naukowcom najlepszych warunków pracy i prowadzenie transparentnej rekrutacji zgodnej z wytycznymi „Europejskiej Karty Naukowca” i „Kodeksu Postępowania przy rekrutacji pracowników naukowych”.

Wyróżnienie HR Excellence in Research zobowiązuje Instytut do ciągłego doskonalenia. W tym celu systematycznie ewaluje się utrzymanie przyjętych standardów. W roku sprawozdawczym funkcjonowała grupa robocza ds. wdrażania polityki HR Excellence in Research, składająca się z przedstawicieli wszystkich grup zawodowych. Zespół ten podejmował działania na rzecz dalszego uatrakcyjnienia warunków pracy i procesu rekrutacji naukowców oraz zapewnienia optymalnej atmosfery do prowadzenia badań. Przewodniczącym zespołu jest dr hab. Michał Sobkowski, prof. ICHB PAN.

W 2022 roku Instytut złożył raport z wdrażania strategii HR, który został zaakceptowany przez Komisję Europejską. W 2023 roku ustalono termin wizytacji ekspertów Komisji w celu weryfikacji zmian, jakie zaszły w ICHB PAN od czasu uzyskania wyróżnienia. Wizytacja odbędzie się dnia 27 lutego 2024 roku.

W 2023 roku w ramach implementacji polityki loga HR podjęto szereg działań, m.in. zaktualizowana została broszura „Podstawowe zasady organizacji i funkcjonowania ICHB PAN”, dostępna dla pracowników i doktorantów w języku polskim i angielskim, wprowadzono Politykę Antymobbingową oraz Regulamin Pracy Zdalnej. Otwarto wyremontowaną salę dawnej restauracji, przeznaczoną na miejsce spotkań i seminariów zakładowych (Journal Club).

Działalność statutowa

Tematy statutowe realizowane w roku 2023

1. Zakład Metabolomiki Funkcjonalnej Roślin
Kierownik: prof. dr hab. Paweł Bednarek
Temat: *Metabolity wtórne w regulacji odpowiedzi immunologicznej na wzorce molekularne związane z patogenem* (K)
2. Zakład Biologii Strukturalnej Organizmów Prokariotycznych
Kierownik: dr hab. Krzysztof Brzeziński, prof. ICHB PAN
Temat: *Badania strukturalne makromolekul oraz małowzrostekowych związków bioaktywnych* (K)
3. Zakład Chemii Biopolimerów
Kierownik: dr hab. Marcin K. Chmielewski, prof. ICHB PAN
Temat: *Synteza i analityka modyfikowanych biopolimerów* (K)
4. Zakład Neurobiologii Molekularnej
Kierownik: dr hab. Maciej Figiel, prof. ICHB PAN
Temat: *Definiowanie nowych mechanizmów chorób neurodegeneracyjnych z użyciem mysich i komórkowych (iPSC) modeli chorób poliQ* (K)
5. 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)
6. Zakład Biotechnologii Medycznej
Kierownik: dr hab. Agnieszka Fiszer, prof. ICHB PAN
Temat: *Biologia RNA związanych z chorobami neurodegeneracyjnymi wywoływanymi ekspansją ciągów powtórzeń* (K)
7. Zakład Biomolekularnego NMR
Kierownik: prof. dr hab. Zofia Gdaniec
Temat: *Analiza struktury i dynamiki kwasów nukleinowych metodami biomolekularnego NMR* (K)
8. Zakład Transkryptomiki Funkcjonalnej
Kierownik: dr hab. Kamilla Grzywacz, prof. ICHB PAN
Temat: *Charakterystyka mechanizmów molekularnych regulacji ekspresji genów w stanach fizjologicznych i patologicznych w organizmach modelowych* (M)
Zadanie 1: *Regulacja posttranskrypcyjna w procesach rozwojowych modelowych organizmów zwierzęcych* (K);
Pracownia Modelowych Organizmów Bezkęgowych (dr hab. Agata Tyczewska, prof. ICHB PAN)
Zadanie 2: *Przeciwwzrostkowy efekt związków małowzrostekowych w organizmach modelowych i liniach komórkowych* (N);
Pracownia Analiz Struktur Subkomórkowych (prof. dr hab. Eliza Wyszko)
9. Zakład Fizjologii Molekularnej Roślin
Kierownik: prof. dr hab. Michał Jasiński
Temat: *Badania mechanizmów transportu związków niskowzrostekowych decydujących o cechach użytkowych roślin uprawnych* (K)
10. Zakład Genomiki Strukturalnej RNA
Kierownik: prof. dr hab. Elżbieta Kierzek
Temat: *Uniwersalne elementy strukturalne RNA wirusów* (M)

11. Zakład Chemii i Biologii Strukturalnej Kwasów Nukleinowych
Kierownik: prof. dr hab. Ryszard Kierzek
Temat: *Termodynamika modyfikowanych kwasów nukleinowych* (K)
12. Zakład Sond Molekularnych i Proleków
Kierownik: dr hab. Jacek Ł. Kolanowski
Temat: *Rozwój niskocząsteczkowych narzędzi molekularnych do zastosowań w badaniach biologicznych i środowiskowych* (K)
13. Zakład Genetyki Molekularnej
Kierownik: prof. dr hab. Piotr Kozłowski
Temat: *Opracowanie nowych metod, testów i strategii analiz genetycznych* (K)
14. Zakład Biochemii Rybonukleoprotein
Kierownik: dr hab. Anna Kurzyńska-Kokorniak, prof. ICHB PAN
Temat: *Poszukiwanie nowych układów modelowych do badania oddziaływań białko-kwas nukleinowy* (K)
15. Zakład Proteomiki Biomedycznej
Kierownik: dr hab. Magdalena Łuczak, prof. ICHB PAN
Temat: *Optymalizacja i zastosowanie przesiewowych i celowanych metod proteomicznych w badaniach biomedycznych* (K)
16. Zakład Biologii Rozwoju
Kierownik: dr hab. Takashi Miki, prof. ICHB PAN
Temat: *Mechanizmy i role degradacji RNA w rozwoju zwierząt* (K)
17. Zakład Biologii Medycznej
Kierownik: prof. dr hab. Mirosława Naskręt-Barciszewska
Temat: *Wykorzystanie zmodyfikowanych nukleotydów RNA i DNA w diagnostyce medycznej i biotechnologii* (K)
18. Zakład Inżynierii Genomowej
Kierownik: dr hab. Marta Olejniczak, prof. ICHB PAN
Temat: *Rozwijanie technologii edycji genomów oraz metod oceny jej efektywności i specyficzności* (K)
19. Zakład Struktury i Funkcji RNA
Kierownik: dr hab. Katarzyna Pachulska-Wieczorek, prof. ICHB PAN
Temat: *Badania zależności między strukturą RNA i jego funkcją w procesach komórkowych oraz replikacji wirusów* (K)
20. Zakład Bioinżynierii Kwasów Nukleinowych
Kierownik: prof. dr hab. Anna Pasternak
Temat: *Badania właściwości fizykochemicznych oraz biologicznych modyfikowanych oligonukleotydów o potencjale diagnostycznym oraz terapeutycznym* (K)
21. Zespół Automatyki i Robotyki Laboratoryjnej
Kierownik: dr Radosław Pilarski
Temat: *Kombinatoryczne badania przesiewowe i optymalizacja bioprocessów z wykorzystaniem systemu AGAMEDE* (N)
22. Zakład Niekodujących RNA
Kierownik: dr Monika Piwecka
Temat: *Regulacja ekspresji genów na poziomie niekodujących RNA w układzie nerwowym ssaków* (K)
23. Zakład Neuroonkologii Molekularnej
Kierownik: dr hab. Katarzyna Rolle, prof. ICHB PAN
Temat: *Rola RNA w mechanizmach inwazji komórek nowotworowych guzów mózgu* (N)

Zadanie: *Immunologia w badaniach przedklinicznych* (N);
Pracownia Modelowych Organizmów Ssaczych (dr Łukasz Przybył)

24. Zakład Biologii Strukturalnej Eukariontów
Kierownik: dr hab. Miłosz Ruszkowski, prof. ICHB PAN
Temat: *Badania strukturalne białek i kwasów nukleinowych* (K)
25. Zakład Struktury i Funkcji Biomolekuł
Kierownik: prof. dr hab. Wojciech Rypniewski
Temat: *Badania zależności między strukturą i funkcją biomolekuł* (K)
26. Zakład Chemii Komponentów Kwasów Nukleinowych
Kierownik: dr hab. Michał Sobkowski, prof. ICHB PAN
Temat: *Synteza, struktura i aktywność biologiczna komponentów kwasów nukleinowych i ich analogów* (K)
27. Zakład Bioinformatyki Strukturalnej
Kierownik: prof. dr hab. Marta Szachniuk
Temat: *Modele i algorytmy w bioinformatyce strukturalnej* (K)
28. Zakład Biologii Obliczeniowej Niekodującego RNA
Kierownik: dr hab. Barbara Uszczyńska-Ratajczak, prof. ICHB PAN
Temat: *Zastosowanie metod obliczeniowych do identyfikacji genów niekodujących białek w genomach kręgowców* (K)
29. Zakład Metabolizmu RNA
Kierownik: dr hab. Zbigniew Warkocki, prof. ICHB PAN
Temat: *Badanie roli białek wiążących RNA w metabolizmie RNA u człowieka* (K)
30. Zakład Chorób Rzadkich
Kierownik: dr hab. Marzena Wojciechowska, prof. ICHB PAN
Temat: *Poszukiwanie nowych biomarkerów i podejść terapeutycznych w chorobach rzadkich człowieka* (M)
31. Zespół Biogospodarki i Zrównoważonego Rozwoju
Kierownik: dr Ewa Woźniak-Gientka
Temat: *Biogospodarka i biotechnologia – aspekty ekonomiczne, społeczne i prawne* (K)
32. Zakład Wirusologii Molekularnej
Kierownik: dr Paweł Zmora
Temat: *Oddziaływania pomiędzy patogenem a komórką gospodarza* (K)
33. Zakład Genomiki Roślin
Kierownik: dr hab. Agnieszka Żmieńko, prof. ICHB PAN
Temat: *Identyfikacja i badanie roli wariantów strukturalnych w modelowych genomach roślinnych* (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 wspierała dotacja na utrzymanie specjalnego urządzenia badawczego (SPUB) przyznana na lata 2021–2023. Dotacja w wysokości 2,4 mln zł pozwoliła na utrzymanie aparatury naukowo-badawczej Europejskiego Centrum Bioinformatyki i Genomiki (ECBiG). W ramach ECBiG w roku 2023 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 Bezkręgowych, Pracownia Modelowych Organizmów Ssaczych, Pracownia Bioinformatyki i Pracownia Analiz Pojedynczych Komórek.

Ze środków dotacji w roku 2023 dokonano napraw i konserwacji sprzętu za łączną kwotę ponad 140 tys. zł. Niespełna 120 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 196 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, takich jak Noc Naukowiec 2023.

Opis działalności naukowej

Zakład Bioinformatyki Strukturalnej

Kierownik Zakładu: prof. dr hab. inż. Marta Szachniuk (1 STATUT)²

Skład osobowy³

Pracownicy naukowcy:

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

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

Pracownicy techniczni:

dr inż. Paweł Boiński (0,5 GRANTY)

dr Mariusz Popena (0,1 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)

inż. Marta Maćkowiak (0,15 GRANTY)

Profesorowie afiliowani:

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. Identyfikacja, klasyfikacja i specjalizowana wizualizacja tetrad oraz kwadrupeksów w strukturach 3D RNA/DNA.
2. Opracowanie platformy pozwalającej na projektowanie produktów terapeutycznych opartych o kwasy nukleinowe.
3. Opracowanie nowych algorytmów dopasowywania struktur 3D RNA charakteryzujących się wysoką precyzją, elastycznością i wydajnością.
4. Kompleksowa ewaluacja metod stosujących techniki uczenia maszynowego w kontekście podejść tradycyjnych w celu przewidywania struktur drugorzędowych RNA na podstawie reprezentatywnych zbiorów nieredundantnych struktur RNA.
5. Przewidywanie *in silico* oraz ocena jakości struktur 3D RNA zgłaszanych w V rundzie konkursu RNA-Puzzles.

Opis zrealizowanych prac

1. Opracowano nowatorski serwer obliczeniowy *WebTetrado* pozwalający użytkownikom na identyfikację, klasyfikację i wizualizację kwadrupeksów oraz wchodzących w ich skład tetrad.
2. Opracowano system *BIOREDISE* pozwalający na projektowanie terapii opartej o kwasy nukleinowe poprzez konstrukcję dedykowanych wektorów plazmidowych (dla mRNA/RNAi) reprezentowanych przez sekwencje, jej elementy składowe oraz specjalizowaną wizualizację.
3. Opracowano dwie dedykowane heurystyki umożliwiające elastyczne dopasowywanie struktur 3D RNA poszukujące rozwiązania o zadanej przez użytkownika jakości z wykorzystaniem metaheurystyki ogólnego przeznaczenia, jaką jest algorytm genetyczny (*GENS*) oraz

² W nawiasach podano źródło finansowania pracowników.

³ Stan na 31.12.2023 r.

specjalizowanego podejścia bazującego na własnościach geometrycznych struktur 3D RNA (*GEOS*).

4. Przeprowadzono ewaluację 15 metod przewidujących strukturę drugorzędową RNA, w tym 9 wykorzystujących techniki uczenia maszynowego. Przygotowano trzy eksperymenty bazujące na reprezentatywnych zbiorach struktur/sekwencji RNA. Wyznaczono rozkłady wartości miary *Interaction Network Fidelity* w kontekście parowań kanonicznych, niekanonicznych, wszystkich oraz pseudowęzłów.
5. Przewidziano 35 modeli dla 4 sekwencji docelowych w ramach konkursu RNA-Puzzles oraz przeprowadzono ewaluację jakości zgłoszeń dla PZ23, który zawiera kwadrupleks.
6. Przeanalizowano dostępne zasoby danych o strukturach RNA pod kątem ich wykorzystania do wytrenowania predyktorów 3D RNA opartych o głębokie uczenie.

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

The research goals

1. Identification, classification, and specialized visualization of tetrads and quadruplexes in 3D RNA/DNA structures.
2. Development of a platform to enable the design of nucleic acid-based therapeutic products.
3. Development of novel algorithms for 3D alignment of the RNA structure characterized with high precision, flexibility, and efficiency.
4. Comprehensive evaluation of methods applying machine learning techniques in the context of traditional approaches to predict RNA secondary structures, based on a representative sets of non-redundant RNA structures.
5. *In silico* prediction and quality assessment of 3D RNA structures submitted in the 5th round of the RNA-Puzzles competition.

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

1. A novel *WebTetrado* computational server was developed that enables users to identify, classify, and visualize quadruplexes and their constituent tetrads.
2. A *BIOREDIS* system was developed to allow the design of nucleic acid-based therapeutics through the construction of dedicated plasmid vectors (for mRNA/RNAi), represented by the sequence, its components, and specialized visualization.
3. Two dedicated heuristics were developed to enable flexible alignment of 3D RNA structures seeking a solution of user-set quality, using a general-purpose meta-heuristic, such as genetic algorithm (*GENS*) and a specialized approach based on geometric properties of 3D RNA structures (*GEOS*).
4. Evaluation of 15 methods that predicted the secondary structure of RNA was carried out (9 of which used machine learning techniques). Three experiments were prepared on the basis of representative sets of RNA structures / sequences. Distributions of the *Interaction Network Fidelity* measure values in the context of canonical, non-canonical, all, and pseudoknot pairings were determined.
5. 35 models were predicted for 4 target sequences in the RNA-Puzzles competition, and the quality assessment of the submissions for PZ23, which includes a quadruplex.
6. Available data resources on RNA structures were analyzed for their use in training 3D RNA predictors based on deep learning.

Publikacje

1. M. Zurkowski, **M. Antczak**, **M. Szachniuk**
High-quality, customizable heuristics for RNA 3D structure alignment
BIOINFORMATICS 2023, 39, btad315
2. A. Kryshtafovych, **M. Antczak**, **M. Szachniuk**, **T. Zok**, R.C. Kretsch, R. Rangan, P. Pham, R. Das, X. Robin, G. Studer, J. Durairaj, J. Eberhardt, A. Sweeney, M. Topf, T. Schwede, K. Fidelis, J. Moulton

New prediction categories in CASP15

PROTEINS-STRUCTURE FUNCTION AND BIOINFORMATICS 2023, 91, 1550–1557

3. **J. Sarzynska, M. Popenda, M. Antczak, M. Szachniuk**
RNA tertiary structure prediction using RNAComposer in CASP15
PROTEINS-STRUCTURE, FUNCTION AND BIOINFORMATICS 2023, 91, 1790–1799
4. M. Justyna, **M. Antczak, M. Szachniuk**
Machine learning for RNA 2D structure prediction benchmarked on experimental data
BRIEFINGS IN BIOINFORMATICS 2023, 24, bbad153
5. **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
CELLULAR AND MOLECULAR LIFE SCIENCES 2023, 80,105
6. **A. Rybarczyk**, D. Formanowicz, **M. Radom**, P. Formanowicz
Cholesterol Metabolism Pathways Disturbances in Atherosclerosis-Analyses Using Stochastic Petri Net-Based Model
APPLIED SCIENCES-BASEL 2023, 13, 6149
7. **A. Rybarczyk**, T. Lehmannm 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 cel
JOURNAL OF APPLIED GENETICS 2023, 64, 105–124
8. **A. Rybarczyk**, D. Formanowicz, P. Formanowicz
Key Therapeutic Targets to Treat Hyperglycemia-Induced Atherosclerosis Analyzed Using a Petri Net-Based Model
METABOLITES 2023, 13, 1191
9. 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 2023, 41, 2221–2230
10. F. Carrascoza, P. Lukasiak, W. Nowak, **J. Blazewicz**
Ab Initio Study of Glycine Formation in the Condensed Phase: Carbon Monoxide, Formaldimine, and Water Are Enough
ASTROPHYSICAL JOURNAL 2023, 956, 140
11. **J. Blazewicz**, B. Moseley, E. Pesch, D. Trystram, G.C. Zhang
Mathematical challenges in scheduling theory
JOURNAL OF SCHEDULING 2023, 26, 519–521
12. Y.W. Sang, J.Q. Wang, M. Sterna, **J. Blazewicz**
Single machine scheduling with due date assignment to minimize the total weighted lead time penalty and late work
OMEGA-INTERNATIONAL JOURNAL OF MANAGEMENT SCIENCE 2023, 121, 102923

Prace przyjęte do druku

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

Predicting nearest neighbor free energies of modified RNA with LIE: results for pseudouridine and N1-methylpseudouridine within RNA duplexes

PHYSICAL CHEMISTRY CHEMICAL PHYSICS, DOI: 10.1039/d3cp02442c

Zakład Biologii Molekularnej i Systemowej

Kierownik Zakładu: prof. dr hab. Marek Figlerowicz (1 STATUT)⁴

Skład osobowy⁵

Pracownicy naukowci:

dr Lucyna Budźko (0,05 STATUT/0,95 GRANTY)
dr Urszula Kozłowska (1 GRANTY)
dr Ireneusz Stolarek (0,2 STATUT/0,8 GRANTY)
dr Cezary Odrzygóźdź (1 GRANTY)

Pracownicy techniczni:

dr Magdalena Alejska (01 STATUT/0,9 GRANTY)
mgr Aleksandra Mierzwa (1 GRANTY)
mgr Marcin Osuch (1 GRANTY)
mgr Jarosław Sikora (1 GRANTY)
mgr Paulina Szarek (1 GRANTY)
mgr inż. Michał Zeńczak (1 GRANTY)
mgr Joanna Delimata-Raczek (1 GRANTY)
Szymon Melewski (1 GRANTY)
mgr Aleksandra Błaszczak (1 GRANTY)
mgr Łukasz Ciecierski (1 GRANTY)
dr Marcin Jukiewicz (0,5 GRANTY)
dr Mikołaj Zaborowski (0,5 GRANTY)
dr Elżbieta Dziabaszewska (0,25 GRANTY)
mgr Magdalena Kaczmarek (0,25 GRANTY)
mgr Katarzyna Tomela (0,5 GRANTY)

Doktoranci:

mgr inż. Karolina Hoffa-Sobiech (0,05 STATUT/0,95 GRANTY)

Afiliowani profesorowie:

dr hab. Zbigniew Warkocki, prof. ICHB PAN (0,7 STATUT/0,3 GRANTY)

Pracownia Hodowli Komórkowych i Tkankowych

Kierownik: dr Natalia Koralewska (0,05 STATUT/0,95 GRANTY)

(do 30.09.2023 r.: dr Paweł Stróżycki)

Pracownicy naukowci:

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

Pracownicy techniczni:

dr Paweł Stróżycki (0,1 STATUT/0,9 GRANTY)
dr Mariola Piślewska-Bednarek (0,1 STATUT/0,9 GRANTY)
Magdalena Puszczuk (0,1 STATUT/0,9 GRANTY)
Hanna Glapiak (0,25 STATUT)

Pracownia Genomiki

Kierownik: dr hab. Luiza Handschuh, prof. ICHB PAN (1 STATUT)

Pracownicy naukowci:

dr Małgorzata Marcinkowska-Swojak (0,05 STATUT/0,95 GRANTY)
dr Paweł Wojciechowski (0,5 STATUT)

⁴ W nawiasach podano źródło finansowania pracowników.

⁵ Stan na 30.11.2023 r.

Pracownicy techniczni:

dr Jan Podkowiński (1 GRANTY)

mgr Magdalena Rakoczy (1 GRANTY)

Pracownia Analiz Pojedynczych Komórek

Kierownik: dr hab. Paulina Jackowiak, prof. ICHB PAN (0,03 STATUT/0,97 GRANTY)

Pracownicy techniczni:

dr Anna Samelak-Czajka (1 GRANTY)

dr inż. Małgorzata Marszałek-Zeńczak (1 GRANTY)

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

Doktoranci:

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)
3. Badanie roli białek wiążących RNA w metabolizmie RNA u człowieka (K)
(dr hab. Zbigniew Warkocki, prof. ICHB PAN)

Opis prowadzonej działalności naukowej finansowanej z subwencji i projektów

Cel badań

Poznanie mechanizmów generujących zmienność genomów i transkryptomów na poziomie pojedynczych cząsteczek, komórek i organizmów.

Opis zrealizowanych prac

W ramach działań statutowych: (i) scharakteryzowano aktywność białka APOBEC3A wobec niekanonicznych substratów DNA i RNA. Wykazano, że APOBEC3A deaminuje cytydyny w obrębie G-kwadrupleksów i w ten sposób wpływa na ich strukturę i stabilność; (ii) zoptymalizowano protokół do przestrzennej analizy ekspresji genów z rozdzielczością do pojedynczych komórek i wygenerowano pierwsze zestawy danych dla raka jajnika. Dodatkowo, wykorzystując cytometrię obrazową, scharakteryzowano komórki nowotworowe krążące w płynie otrzewnowym, pod kątem ich morfologii i obecności biomarkerów powierzchniowych; (iii) wykazano wiązanie niektórych niekodujących RNA przez białko MOV10 oraz występowanie w tych niekodujących RNA metylacji adeniny w pozycji N6. W projekcie OPUS (kierownik dr hab. Paulina Jackowiak, prof. ICHB PAN, cel projektu identyfikacja niekodujących RNA zaangażowanych w kształtowanie trajektorii rozwojowych komórek *S. mediterranea*) scharakteryzowano transkryptom pojedynczych komórek na wybranych etapach regeneracji wypławka. W projekcie LIDER (kierownik dr Ireneusz Stolarek, cel projektu: stworzenie platformy obliczeniowej wspomagającej reprogramowanie trajektorii różnicowania komórek) opracowano protokoły hodowli kardiomiocytów z komórek iPS i wykorzystano je do identyfikacji wariantów transkryptów powstających w trakcie różnicowania kardiomiocytów.

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

The research goals

Understanding the mechanisms generating genome and transcriptome variability at the level of single molecules, cells and organisms.

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

As the statutory research: (i) the activity of the APOBEC3A protein against non-canonical DNA and RNA substrates was characterized. APOBEC3A has been shown to deaminate cytidines within G-quadruplexes, and thus influence their structure and stability; (ii) a protocol for spatial gene expression analysis with single-cell resolution was optimized, and the first data sets for ovarian cancer were generated. Additionally, using imaging cytometry, cancer cells circulating in the peritoneal fluid were characterized in terms of their morphology and the presence of surface biomarkers; (iii) binding of some non-coding RNAs by the MOV10 protein and the occurrence of N6 methylated adenine in these non-coding RNAs were demonstrated. In the OPUS project (PI: dr hab. Paulina Jackowiakprof ICHB PAN, project goal: identification of non-coding RNAs involved in shaping the developmental trajectories of *S. mediterranea* cells), the transcriptome of single cells at selected stages of planaria regeneration was characterized. In the LIDER project (PI: Dr. Ireneusz Stolarek, project goal: creating a computational platform supporting the reprogramming of cell differentiation trajectories), protocols for culturing cardiomyocytes from iPS cells were developed and used to identify transcript variants arising during cardiomyocyte differentiation.

Publikacje

1. **M. Marszalek-Zenczak, A. Satyr, P. Wojciechowski, M. Zenczak, P. Sobieszczanska, K. Brzezinski, T. Ifimenko, M. Figlerowicz, A. Zmienko**
Analysis of Arabidopsis non-reference accessions reveals high diversity of metabolic gene clusters and discovers new candidate cluster members
FRONTIERS IN PLANT SCIENCE 2023, 14, 1104303
2. **A. Samelak-Czajka, P. Wojciechowski, M. Marszalek-Zenczak, M. Figlerowicz, A. Zmienko**
Differences in the intraspecies copy number variation of Arabidopsis thaliana conserved and nonconserved miRNA genes
FUNCTIONAL & INTEGRATIVE GENOMICS 2023, 23, 120
3. **N. Szostak, M. Figlerowicz, A. Philips**
The emerging role of the gut mycobiome in liver diseases
GUT MICROBES 2023, 15, 2211922
4. **L. Ciecierski, I Stolarek, M. Figlerowicz**
Human AGEs: an interactive spatio-temporal visualization and database of human archeogenomics
NUCLEIC ACIDS RESEARCH 2023, 51, W269-W273
5. **I. Stolarek, M. Zenczak, L. Handschuh, A. Juras, M. Marcinkowska-Swojak, A. Spinek, A. Debski, M. Matla, H. Kocka-Krenz, J. Piontek, Polish Archeogenomics Consortium, M. Figlerowicz**
Genetic history of East-Central Europe in the first millennium CE
GENOME BIOLOGY 2023, 24, 173
6. N. Izycka, **M.P. Zaborowski, L. Ciecierski, K. Jaz, S. Szubert, C. Miedziarek, M. Rezler, K. Piatek-Bajan, A. Synakiewicz, A. Jankowska, M. Figlerowicz, K. Sterzynska, E. Nowak-Markwitz**
Cancer Stem Cell Markers-Clinical Relevance and Prognostic Value in High-Grade Serous Ovarian Cancer (HGSOC) Based on The Cancer Genome Atlas Analysis
INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES 2023, 24, 12746
7. **L. Budzko, K. Hoffa-Sobiech, P. Jackowiak, M. Figlerowicz**
Engineered deaminases as a key component of DNA and RNA editing tools
MOLECULAR THERAPY – NUCLEIC ACIDS 2023, 34, 102062

8. **A. Zmienko, P. Wojciechowski, M. Figlerowicz**
Editorial: Resolving the complexity of plant genomes and transcriptomes with long reads, volume II
FRONTIERS IN PLANT SCIENCE 2023, 14, 1326500
9. **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 2023, 64, 80–93
10. J. Michalski, **C. Odrzygozdz**, P. Mester, D. Narozna, T. Clapa
Defeat undefeatable: Ionic liquids as novel antimicrobial agents
JOURNAL OF MOLECULAR LIQUIDS 2023, 369, 120782
11. **Z. Warkocki**
An update on post-transcriptional regulation of retrotransposons
FEBS LETTERS 2023, 59, 380–406
12. A. Neves, N. P. Willassen, E. Hjerde, I. Cuesta, C. S. Martin, H. Inno, D. Pilvar, K. Ng, D. Salgado, J. van Helden, W. Gu, M. Popleteeva, J. Dopazo, T. Suri, J. Paces, C. Mazurek, K. Kurowski, **N. Koralewska**, G. Maier, ELIXIR CONVERGE WP9 community
A survey into the contribution of regional/national pathogen data platforms and on the resources needed to develop and maintain them.
F1000RESEARCH 2023, 12(ELIXIR):1590
13. **N. Szostak, L. Handschuh, A. Samelak-Czajka, K. Tomela, M. Schmidt**, L. Pruss, K. Milanowska-Zabel, **P. Kozłowski, A. Philips**
Host Factors Associated with Gut Mycobiome Structure
MSYSTEMS 2023, 8, e00986-22
14. K. Kulak, N. Wojciechowska, **A. Samelak-Czajka, P. Jackowiak**, A. Bagniewska-Zadworna
How to explore what is hidden? A review of techniques for vascular tissue expression profile analysis
PLANT METHODS 2023, 19, 129
15. K. Jaz, C. Miedziarek, E. Piasek, A. Florek, E. Nowak-Markwitz, **M.P. Zaborowski**
Choriocarcinoma complicated with intra-abdominal and intrapleural hemorrhage in pregnancy – case report
FRONTIERS IN ONCOLOGY 2023, 13, 1198553
16. D. Pietkiewicz, **M.P. Zaborowski**, K. Jaz, E. Matuszewska, A. Swiatly-Blaszkiewicz, T. Kluz, Z.J. Kokot, E. Nowak-Markwitz, J. Matysiak
Serum Proteomic Profiles of Patients with High and Low Risk of Endometrial Cancer Recurrence
INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES 2023, 24, 14528
17. **M. Marcinkowska-Swojak, I. Stolarek, M. Zenczak, L. Handschuh, M. Figlerowicz**
Historia biologiczna populacji Homo sapiens zamieszkujących centralną i wschodnią części Europy
HISTORIA SLAVORUM OCCIDENTIS 2023 1, 143–165
18. W. Kielbasinski, M. Horajski, **C. Odrzygozdz**, J. Szczepkowski
The impact of university cooperation with the socio-economic environment in the context of quality assurance in higher education
TORUN INTERNATIONAL STUDIES 2023, 1, 31–49

Prace przyjęte do druku

M. Marcinkowska-Swojak, I. Stolarek, L. Handschuh, M. Figlerowicz
Społeczeństwo państwa Piastów – historia zapisana w DNA
W SIECI HISTORII (<https://wsiecihistorii.pl/>)

Projekty realizowane w Zakładzie i Pracowniach w 2023 r.

1. Kompleksowa analiza transkryptomu *Schmidtea mediterranea* – identyfikacja niekodujących RNA zaangażowanych w rozwój linii komórkowych podczas regeneracji; (OPUS)
Kierownik projektu: dr hab. Paulina Jackowiak, prof. ICHB PAN
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. ECBiG – Europejskie Centrum Bioinformatyki i Genomiki; (POIR) – projekt realizowany w konsorcjum; lider projektu: ICHB PAN
Kierownik projektu: prof. dr hab. Marek Figlerowicz
4. 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
5. ECBiG – Europejskie Centrum Bioinformatyki i Genomiki – MOSAIC; (POIR) – projekt realizowany w konsorcjum; lider projektu: ICHB PAN
Kierownik projektu: prof. dr hab. Marek Figlerowicz
6. 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-OPEN-SCREEN”; 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 hab. Jacek Ł. Kolanowski
7. 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
8. Platforma obliczeniowa do optymalizacji ścieżek rozwojowych komórek w celu uzyskania populacji jednorodnych; (LIDER)
Kierownik projektu: dr Ireneusz Stolarek
9. Określenie roli końców 5' i 3' mRNA LINE-1 w biologii tego retrotranspozonu; (OPUS)
Kierownik projektu: dr hab. Zbigniew Warkocki, prof. ICHB PAN
10. Badanie urydlacji RNA jako mechanizmu regulacji ekspresji genów u człowieka; (SONATA)
Kierownik projektu: dr hab. Zbigniew Warkocki, prof. ICHB PAN
11. Identyfikacja białek znoszących oddziaływanie białka PABPC1 z ogonem poli(A) mRNA we wczesnej apoptozie; (MINIATURA)
Kierownik projektu: dr Damian Janecki
12. Międzynarodowa konferencja „Understand and describe life” – 35-lecie istnienia Instytutu Chemii Bioorganicznej PAN”; (DOSKONAŁA NAUKA)
Kierownik projektu: prof. dr hab. Marek Figlerowicz

Zakład Biomolekularnego NMR

Kierownik Zakładu: prof. dr hab. Zofia Gdaniec (1 STATUT)⁶

Skład osobowy⁷

Pracownicy naukowcy:

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

dr Daniel Baranowski (0,9 STATUT/0,1 GRANTY)

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

Pracownicy techniczni:

dr Karolina Zielińska (0,6 STATUT/0,4 GRANTY)

Doktoranci:

mgr Aleksandra Cioch-Biniaś (stypendium NCN)

mgr Aleksandra Pawłowicz (stypendium NCN)

mgr Mikołaj Podlewski (stypendium NCN)

mgr Ewa Połomska (stypendium NCN)

mgr Amadeusz Woś (stypendium NCN)

Pracownia NMR

Kierownik: dr Karol Pasternak (0,5 STATUT/0,5 GRANTY)

Pracownicy techniczni:

mgr Anna Teubert (0,5 STATUT/0,5 GRANTY)

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

Stworzenie ulepszonych wariantów terapeutyków celujących w mRNA

Opis zrealizowanych prac

Przedmiotem badań były cząsteczki kwasów nukleinowych DNA i RNA mające potencjalne zastosowanie w regulacji ekspresji genów, oligorybonukleotydy antysensowe (ASO) i DNAzyny. Modelowe ASO nakierowane są na mRNA kodujące białko EGFR, a po związaniu z mRNA tworzą struktury hybrydowe typu dupleks-kwadrupleks. Z kolei cząsteczki ASO zawierające kowalencyjnie przyłączony ligand (ASO-L) tworzą struktury, w których domena kwadrupleksu jest dodatkowo stabilizowana oddziaływaniem z ligandem. Badania na komórkach raka płaskonabłonkowego A431, wykazały, że antysensy typu ASO-L skuteczniej obniżają poziom białka EGFR w porównaniu z ich niemodyfikowanymi odpowiednikami.

Wykorzystanie cząsteczek DNAzymów do kontroli poziomu mRNA w komórkach jest obecnie ograniczone z powodu niskiej dostępności ich kofaktorów – jonów metali dwuwartościowych. Zrozumienie mechanizmów oddziaływań DNAzymów z jonami metali może otworzyć perspektywę projektowania ich wariantów aktywnych w warunkach komórkowych. W tym celu rozwiązano strukturę przestrzenną DNAzemu 8-17 w obecności jonów Zn^{2+} oraz ważnych biologicznie jonów Mg^{2+} . Uzyskane wyniki wykazały zaangażowanie więcej niż jednego jonu metalu w proces aktywacji DNAzemu 8-17.

⁶ W nawiasach podano źródło finansowania pracowników.

⁷ Stan na 31.12.2023 r.

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

The research goals

The development of improved variants of mRNA-targeting therapeutics.

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

The subject of the research were nucleic acid molecules, DNA and RNA, with potential applications in the regulation of gene expression, antisense oligoribonucleotides (ASO) and DNAzymes. The applied ASO target mRNA encoding the EGFR protein and upon binding to mRNA, form duplex-quadruplex hybrid structures. On the other hand, ASO molecules containing covalently attached ligands (ASO-L) adopt structures in which the quadruplex domain is additionally stabilized by interaction with the ligand. Studies on A431 human epidermoid carcinoma epithelial cells showed that ASO of the ASO-L type more effectively reduce the level of EGFR protein compared to their unmodified counterparts.

The use of DNAzyme molecules to control mRNA levels in cells is currently limited due to the low availability of their cofactors – divalent metal ions. Understanding the mechanisms of interactions between DNAzymes and metal ions may open the possibility of designing their variants active under cellular conditions. To achieve this, the spatial structure of the 8-17 DNAzyme was resolved in the presence of Zn²⁺ ions and biologically relevant Mg²⁺ ions. The obtained results demonstrated the involvement of more than one metal ion in the activation of the 8-17 DNAzyme.

Publikacje

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 2023, 1274, 134588
2. T. Laskowski, M. Kosno, **W. Andralojc**, J.E. Frackowiak, J. Borzyszkowska-Bukowska, P. Szczeblewski, N. Radon, M. Swierzewska, A. Wozny, E. Paluszkiewicz, Z. Mazerska
The interactions of monomeric acridines and unsymmetrical bisacridines (UAs) with DNA duplexes: an insight provided by NMR and MD studies
SCIENTIFIC REPORTS 2023, 13, 3431
3. A. Potega, D. Rafalska, D. Kazimierczyk, M. Kosno, **A. Pawlowicz**, **W. Andralojc**, E. Paluszkiewicz, T. Laskowski
In Vitro Enzyme Kinetics and NMR-Based Product Elucidation for Glutathione S-Conjugation of the Anticancer Unsymmetrical Bisacridine C-2028 in Liver Microsomes and Cytosol: Major Role of Glutathione S-Transferase M1-1 Isoenzyme
MOLECULES 2023, 28, 6812
4. N. Lisiecka, A. Parus, V. Verkhovetska, J. Zembruska, M. Simpson, **G. Framski**, M. Niemczak, **D. Baranowski**, T. Cajthaml, L. Chrzanowski
Effect of cation hydrophobicity in dicamba-based ionic liquids on herbicide accumulation and bioavailability in soil
JOURNAL OF ENVIRONMENTAL CHEMICAL ENGINEERING 2023, 11, 111008
5. 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 2023, 370, 120981

6. **C. Roxo, K. Zielinska, A. Pasternak**

Bispecific G-quadruplexes as inhibitors of cancer cells growth
BIOCHIMIE 2023, 214, 91–100

Projekty realizowane w Zakładzie i Pracowni w 2023 r.

1. 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

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

Kierownik projektu: dr Witold Andrałojć

3. 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

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

Kierownik projektu: dr Witold Andrałojć

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

Kierownik projektu: dr Dorota Gudanis-Sobocińska

Zakład Chemii Komponentów Kwasów Nukleinowych

Kierownik Zakładu: dr hab. Michał Sobkowski, prof. ICHB PAN (1 STATUT)⁸

Skład osobowy⁹

Pracownicy naukowci:

dr hab. Tomasz Ostrowski, prof. ICHB PAN (1 STATUT)

dr Dagmara Baraniak (1 STATUT)

dr Joanna Romanowska (1 STATUT)

Pracownicy techniczni:

dr Grzegorz Framski (0,5 STATUT/0,5 GRANTY)

Doktoranci:

mgr inż. Tomasz Modrzyński (stypendium ICHB)

Profesorowie afiliowani:

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, prof. ICHB PAN)

⁸ W nawiasach podano źródło finansowania pracowników.

⁹ Stan na 31.12.2023 r.

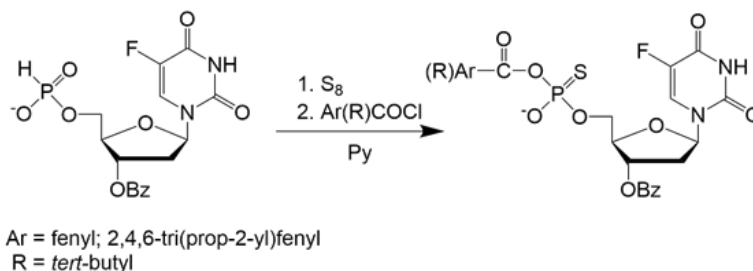
Opis prowadzonej działalności naukowej finansowanej z subwencji i projektów

Cel badań

1. Synteza, struktura i aktywność biologiczna komponentów kwasów nukleinowych i ich analogów (temat statutowy). Poszukiwanie nowych pochodnych nukleotydów jako potencjalnych proleków. Badania strukturalne analogów nukleozydów.
2. Synteza, struktura i aktywność biologiczna komponentów kwasów nukleinowych i ich analogów (grant SONATA, kier. dr Dagmara Baraniak).

Opis zrealizowanych prac

1. Opracowano metodę syntezy cytotoksycznych analogów nukleotydów zawierających *O*-acylowaną monoestrową grupę tiofosforanową. Do tej pory związki takie uchodziły za nietrwałe. Trwają badania ich aktywności biologicznej. Publikacja w przygotowaniu.



Kontynuowano prace dotyczące oddziaływań analogów nukleotydów z błonami biologicznymi (współpraca z prof. K. Prochaską). Stwierdzono silne interakcje badanych związków z błonami. Dalsze badania są w toku.

Przygotowano serię analogów rybozydu kinetyny zawierających modyfikację w części zasadowej lub cukrowej, a następnie w ramach współpracy z Katedrą Chemii Klinicznej i Diagnostyki Molekularnej UMP określono zależność pomiędzy ich strukturą, a cytotoksycznością wobec komórek nowotworowych i kontrolnych. Publikacja: *Bioorganic & Medicinal Chemistry Letters*.

2. Finalizowanie prac eksperymentalnych dotyczących syntezy analogów dimerów nukleozydów z krótkim łącznikiem 1,2,3-triazolowym za pomocą reakcji „klik”. Równolegle prowadzono proste syntezy związane z blokowaniem nukleozydów do kolejnych syntez, otrzymując jako ważne substraty głównie pochodne dC oraz kłofarabiny. Opracowano procedurę syntezy i oczyszczania N4-Bz-5'-N3-dC.

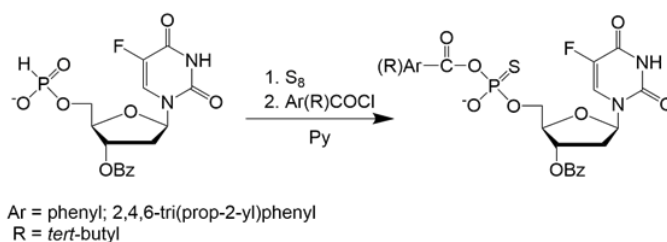
The description of research activity funded by the statutory subsidy and grants

The research goals

1. Synthesis, structure, and biological activity of nucleic acid components and their analogues (statutory topic)
Search for new nucleotide derivatives as potential prodrugs
Structural studies of nucleoside analogues
2. Synthesis, structure and biological activity of nucleic acid components and their analogs (SONATA grant, PI: Dr. Dagmara Baraniak)

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

1. A method for the synthesis of cytotoxic nucleotide analogs containing an *O*-acylated phosphorothioate monoester group was developed. So far, such compounds were considered unstable. Their biological activity is being studied. Paper in preparation.



Studies on the interactions of nucleotide analogues with membranes were continued (cooperation: Prof. K. Prochaska). Strong interactions of the tested compounds with membranes were found. Further studies are in progress.

A series of kinetin riboside analogs containing a modification in the base or sugar was prepared, and the relationship between their structure and cytotoxicity against cancer and normal cells was determined in cooperation with the Department of Clinical Chemistry and Molecular Diagnostics, PUMS. Paper: *Bioorganic & Medicinal Chemistry Letters*.

2. Final studies on the synthesis of nucleoside dimer analogues with a short 1,2,3-triazole linker using the “click” reaction. In parallel, simple syntheses involving the blocking of nucleosides for subsequent syntheses were carried out. Mainly dC and clofarabine derivatives were obtained as important substrates. A procedure for the synthesis and purification of N^4 -Bz-5'-N₃-dC was developed.

Publikacje

1. T. Ostrowski

Bioactive furanyl- or thienyl-substituted nucleobases, nucleosides and their analogues
MINI-REVIEWS IN MEDICINAL CHEMISTRY 2023, 23, 633–650

2. 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 2023, 370, 120981

3. N. Lisiecka, A. Parus, V. Verkhovetska, J. Zembrzuska, M. Simpson, G. Framski, M. Niemczak,

D. Baranowski, T. Cajthaml, L. Chrzanowski
Effect of cation hydrophobicity in dicamba-based ionic liquids on herbicide accumulation and bioavailability in soil
JOURNAL OF ENVIRONMENTAL CHEMICAL ENGINEERING 2023, 11, 111008

4. A. Syguda, L. Lawniczak, P. Wrobel, F. Walkiewicz, G. Framski, A. Parus, M. Wozniak-Karczewska,

M. Niemczak, A. Gierka, L. Chrzanowski
Biodegradable amidequats, derivatives of caprylic and pelargonic acids as cationic surfactants for agricultural applications
JOURNAL OF MOLECULAR LIQUIDS 2023, 391, 123221

5. S.S. Panda, M.N. Aziz, J. Stawinski, A.S. Girgis

Azomethine Ylides-Versatile Synthons for Pyrrolidinyl-Heterocyclic Compounds
MOLECULES 2023, 28, 668

6. M. Materna, J. Stawinski, M. Sobkowski

A new approach to phosphorylation of nucleosides using oxyonium phosphobetaines as intermediates
BIOTECHNOLOGIA 2023, 104, 93–99

Prace przyjęte do druku

E. Tyton, N. Lisiak, A. Romaniuk-Drapala, G. Framski, E. Wyszko, T. Ostrowski

Cytotoxic effects of kinetin riboside and its selected analogues on cancer cell lines
BIOORGANIC & MEDICINAL CHEMISTRY LETTERS, DOI: 10.1016/j.bmcl.2024.129628

Projekty realizowane w Zakładzie w 2023 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, prof. ICHB PAN

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, prof. ICHB PAN

Zakład Fizjologii Molekularnej Roślin

Kierownik Zakładu: prof. dr hab. Michał Jasiński (0,75 STATUT/0,25 GRANTY)¹⁰

Skład osobowy¹¹

Pracownicy naukowcy:

dr Praveen Awasthi (1 GRANTY)

dr Joanna Banasiak (1 GRANTY)

dr Wanda Biała-Leonhard (1 STATUT)

Pracownicy techniczni:

mgr Aleksandra Pawela (0,6 STATUT/0,4 GRANTY)

Doktoranci:

mgr Krishnapriya Anirudhan (stypendium NCN)

mgr Maciej Nowak (stypendium NCN)

Temat statutowy Zakładu

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

Opis prowadzonej działalności naukowej finansowanej z subwencji i projektów

Cel badań

Poznanie roli dystrybucji cytokinin w kontroli powstawania korzeni bocznych i brodawek korzeniowych u *Medicago*. Zbadanie zależności pomiędzy indukcją aktywności ATPazowej białek ABC, a translokacją molekuł poprzez błony biologiczne.

Opis zrealizowanych prac

Zidentyfikowano i scharakteryzowano znajdujący się w błonie komórkowej komórki mięksiszu drzewnego importer cytokinin hamujący powstawanie takich organów jak korzenie boczne czy brodawki. Uzyskane wyniki stanowią ważny wkład w zrozumienie mechanizmów translokacji cytokinin lub/i modyfikacji kaskady sygnałowej tego hormonu u bobowatych w morfogenezie korzenia, w zależności od dostępności azotu w glebie. Umożliwiają one rozwój nowych kierunków badawczych, ze szczególnym uwzględnieniem gospodarki azotowej bobowatych i mogą być istotne dla współczesnej definicji zrównoważonego rolnictwa. Opracowano testy aktywności ATPazowej jako metody przesiewowej w poszukiwaniach molekuł transportowanych przez białka ABC.

¹⁰ W nawiasach podano źródło finansowania pracowników.

¹¹ Stan na 31.12.2023 r.

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

The research goals

Understanding the role of cytokinin distribution in the control of the formation of lateral roots and root nodules in *Medicago*. Analysis of relationship between the induction of the ATPase activity of ABC proteins and the translocation of molecules across biological membranes.

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

The cytokinin importer located in the cell membrane of xylem parenchyma cells, which inhibits the formation of organs such as lateral roots and nodules, was identified and characterized. The obtained results constitute an important contribution to understanding the mechanisms of cytokinin translocation and/or modification of the signalling cascade of this hormone in legumes root morphogenesis depending on the availability of nitrogen in the soil. They allow the development of new research areas, with particular emphasis on the nitrogen nutrition of legumes, and are important for the modern definition of sustainable agriculture. ATPase activity tests have been developed as a screening method for molecules transported by ABC proteins.

Publikacje

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
CELLULAR AND MOLECULAR LIFE SCIENCES 2023, 80,105
2. B. Aryal, J. Xia, Z. Hu, M. Stumpe, T. Tsering, J. Liu, J. Huynh, Y. Fukao, N. Glockner, H-Y. Huang, G. Sancho-Andres, **K. Pakula**, J. Ziegler, K. Gorzolka, M. Zwiewka, T. Nodzynski, K. Harter, C. Sanchez-Rodriguez, **M. Jasinski**, S. Rosahl, M.M. Geisler
An LRR receptor kinase controls ABC transporter substrate preferences during plant growth-defense decisions
CURRENT BIOLOGY 2023, 33, 2008–2023
3. **P. Awasthi**, A.K. Mishra, T. Kocabek, V.S. Nath, S. Mishra, K.M. Hazzouri, N. Sudalaimuthasari, N. Stajner, J. Jekse, K. Krofta, T. Hajek, K.M.A. Amiri
CRISPR/Cas9-mediated mutagenesis of the mediator complex subunits MED5a and MED5b genes impaired secondary metabolite accumulation in hop (*Humulus lupulus*)
PLANT PHYSIOLOGY AND BIOCHEMISTRY 2023, 201, 107851

Projekty realizowane w Zakładzie w 2023 r.

1. Transportery ABCG w dystrybucji fenylopropanoidów u *Medicago truncatula* uniwersalność vs. specjalizacja; (OPUS)
Kierownik projektu: prof. dr hab. Michał Jasiński
2. Nowe mechanizmy działania białka MFT, warunkujące wrażliwość nasion *Medicago truncatula* na kwas abscysynowy podczas kiełkowania; (OPUS)
Kierownik projektu: dr Joanna Banasiak
3. Związek pomiędzy stymulacją aktywności ATPazowej a transportem na przykładzie selektywnego transportera ABCG z *Medicago truncatula*; (PRELUDIUM)
Kierownik projektu: dr Konrad Pakuła
4. Produkcja białka MtABCG46 w systemie heterologicznym – przygotowanie do analizy strukturalnej; (MINIATURA)
Kierownik projektu: dr inż. Wanda Biała-Leonhard
5. Charakterystyka funkcjonalna transporterów ABCG obecnych w nasionach *Medicago truncatula*; (OPUS)
Kierownik projektu: prof. dr hab. Michał Jasiński

Zakład Genetyki Molekularnej

Kierownik Zakładu: prof. dr hab. Piotr Kozłowski (0,1 STATUT/0,9 GRANTY)¹²

Skład osobowy¹³

Pracownicy naukowcy:

- dr hab. Anna Jasińska
- dr Eliza Fraszczyk (1 GRANTY)
- dr Paulina Gałka-Marciniak (1 GRANTY)
- dr Katarzyna Klonowska (1 STATUT)
- dr Magdalena Machowska (1 GRANTY)
- dr Malwina Suszyńska (1 STATUT)
- dr Martyna Urbanek-Trzeciak (0,5 STATUT)

Doktoranci:

- mgr inż. Adrian Tiré (stypendium NCN)
- mgr Władysław Węgorek (stypendium NCN)

Pracownia Bioinformatyki

Kierownik: dr hab. Anna Philips, prof. ICHB PAN (1 GRANTY)

Pracownicy naukowcy:

- dr Arkadiusz Kajdasz (1 STATUT)
- dr Natalia Szóstak (1 STATUT)

Pracownicy techniczni:

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

Doktoranci:

- mgr Maciej Michalczyk (stypendium NCN)

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

Opracowanie ultraczułego testu do analizy metylacji w promotorach genów związanych z predyspozycją genetyczną do raka jajnika.

Opis zrealizowanych prac

W celu opracowania testu wybrano 9 genów (*BRCA1*, *BRCA2*, *BRIP1*, *RAD51C*, *RAD51D*, *ATM*, *NBN*, *CHEK2*, *HOXA11*) związanych z predyspozycją do raka jajnika, w tym geny, których silny związek z ryzykiem raka jajnika wykazano niedawno w zakładzie w wielkoskalowych analizach epidemiologicznych. Hypometylowane obszary promotorowe zidentyfikowano na podstawie analizy całogenomowych danych metylacji setek próbek z różnych (zdrowych i nowotworowych) tkanek, w szczególności jajnika i krwi. Dla wybranych fragmentów promotorowych opracowano test polegający na ultraczułym sekwencjonowaniu DNA uprzednio poddanego konwersji pod wpływem wodorosiarczynu sodu. Zoptymalizowany test wykorzystuje sekwencjonowanie drugiej generacji (w standardzie Illumina) amplikonów z bardzo dużym pokryciem sięgającym nawet 10000x, pozwala wykrywać metylację z czułością ~0.2% oraz umożliwia multipleksową analizę do ~100 próbek. Przeprowadzono wstępne analizy próbek krwi od kobiet z rakiem jajnika i kobiet zdrowych oraz próbek tkanki raka jajnika, które potwierdziły skuteczność testu. Pozwoliły

¹² W nawiasach podano źródło finansowania pracowników.

¹³ Stan na 31.12.2023 r.

również na wykrycie pierwszych epimutacji oraz identyfikację genów o podwyższonym poziomie metylacji w krwi i tkankach od kobiet z rakiem jajnika. Projekt jest realizowany we współpracy z prof. A. Mostowską i prof. P.P. Jagodzińskim z Uniwersytetu Medycznego im. Karola Marcinkowskiego w Poznaniu.

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

The research goals

Development of an ultrasensitive test for the analysis of methylation in the promoters of genes associated with a genetic predisposition to ovarian cancer.

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

To develop the test, 9 genes were selected (*BRCA1, BRCA2, BRIP1, RAD51C, RAD51D, ATM, NBN, CHEK2, HOXA11*), associated with the predisposition to ovarian cancer, including genes which strong association with the risk of ovarian cancer has recently been demonstrated at the department in large-scale epidemiological analyses. The hypomethylated promoter regions were identified, based on the analysis of genome-wide methylation data of hundreds of samples from various (healthy and cancer) tissues, particularly ovary and blood. For selected promoter fragments, a test was developed – involving ultrasensitive sequencing of DNA converted with sodium bisulfite, using second-generation sequencing (in the Illumina standard) of amplicons with very high coverage. The optimized test detects methylation with a sensitivity of ~0.2% and individual amplicon coverage of up to 10,000x, and enables multiplex analysis of up to ~100 samples. Preliminary analyses of blood samples from women with ovarian cancer and healthy women, as well as ovarian cancer samples, confirmed the effectiveness of the test, allowed for the detection of the first epimutations and the identification of genes with increased methylation levels in blood samples from women with cancer and ovarian cancer samples. The project is carried out in cooperation with prof. A. Mostowska and prof. P.P. Jagodzinski from the Poznan University of Medical Sciences.

Publikacje

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. Stoklosa
HRAS mutation positive multiple myeloma in the type 2 CALR mutation positive essential thrombocythemia: a case report
JOURNAL OF CELLULAR AND MOLECULAR MEDICINE 2023, 27, 299–303
2. **N. Szostak, L. Handschuh, A. Samelak-Czajka, K. Tomela, M. Schmidt**, L. Pruss, K. Milanowska-Zabel, **P. Kozłowski, A. Philips**
Host Factors Associated with Gut Mycobiome Structure
MSYSTEMS 2023, 8, e00986-22
3. A. Haghani, Z.L. Cesar, ... **A.J. Jasinska**, ..., S. Horvath
DNA methylation networks underlying mammalian traits
SCIENCE 2023, 381, eabq5693
4. **M. Suszynska**, 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* 2023, 2567, 363–280
5. **N. Szostak, M. Figlerowicz, A. Philips**
The emerging role of the gut mycobiome in liver diseases
GUT MICROBES 2023, 15, 2211922

6. K. Taylor, A. Piasecka, **A. Kajdasz**, A. Brzek, M.P. Espinoza, C.F. Bourgeois, A. Jankowski, M. Borowiak, K.D. Raczynska, L.J. Sznajder, K. Sobczak
Modulatory role of RNA helicases in MBNL-dependent alternative splicing regulation
CELLULAR AND MOLECULAR LIFE SCIENCES 2023, 80, 335

Projekty realizowane w Zakładzie i Pracowni w 2023 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, prof. ICHB PAN

Zakład Genomiki Strukturalnej RNA

Kierownik Zakładu: prof. dr hab. Elżbieta Kierzek (0,45 STATUT/0,55 GRANTY)¹⁴

Skład osobowy¹⁵

Pracownicy naukowcy:

- dr Marta Soszyńska-Józwiak (1 GRANTY)
- dr Marta Szabat (0,8 STATUT/0,2 GRANTY)

Doktoranci:

- mgr Agnieszka Baliga-Gil (stypendium NCN)
- mgr inż. Kinga Maziec (stypendium NCN)
- mgr Maria Nalewaj (stypendium ICHB)
- mgr Izabela Szcześniak (stypendium NCN)
- mgr inż. Klaudia Wieczorek

Temat statutowy Zakładu

Uniwersalne elementy strukturalne RNA wirusów (M) (prof. dr hab. Elżbieta Kierzek)

Opis prowadzonej działalności naukowej finansowanej z subwencji i projektów

Cel badań

1. Poszukiwanie motywów uniwersalnych i funkcjonalnych w strukturze drugorzędowej RNA wirusa grypy typu A (IAV) i SARS-CoV-2 mogących być celem w inhibicji namnażania tych wirusów;

¹⁴ W nawiasach podano źródło finansowania pracowników.

¹⁵ Stan na 31.12.2023 r.

2. Określenie udziału struktury RNA wirusa grypy typu A w regulacji jego replikacji;
3. Badania nowych antywirusowych strategii inhibitorowych skierowanych na RNA wirusa grypy typu A oraz SARS-CoV-2;
4. Zastosowanie wysokoprzepustowych badań przesiewowych ligandów niskocząsteczkowych do opracowania nowych metod inhibicji namnażania IAV i SARS-CoV-2;
5. Badania długich niekodujących RNA, jako obiektów terapii antygrypowej;
6. Badania potencjalnych kwadrupleksów, jako struktur o znaczeniu funkcjonalnym w genomie wirusa grypy typu A.

Opis zrealizowanych prac

Określono struktury drugorzędowe wszystkich ośmiu segmentów vRNA szczepu grypy A/California/04/2009 (H1N1) w wirionie. Po raz pierwszy określono drugorzędową strukturę vRNA wirusa grypy w żywych komórkach; były to segmenty vRNA5, 7 i 8. Zastosowano połączenie metod SHAPE-MaP i DMS-MaPseq oraz wielopoziomową analizę bioinformatyczną sekwencyjno-strukturalną. Znaleziono motywy strukturalne vRNA wspólne i również charakterystyczne dla wirionu i komórki. Jednocześnie poznano motywy strukturalne vRNA uniwersalne dla wirusów grypy typu A *in virio* i *in cellulo* (publikacja #2).

Opracowano warunki mapowania chemicznego lncRNA-PAAN i określono wstępną strukturę drugorzędową tego RNA. Stworzono modele plazmidowo-komórkowe do badań kwadrupleksów RNA w genomie wirusa grypy typu A i przeprowadzono wstępne badania komórkowe na tych systemach oraz na natywnym szczepie IAV w celu potwierdzenia możliwości istnienia funkcjonalnych kwadrupleksów w cyklu wirusa grypy.

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

The research goals

1. Search for universal and functional motifs in the secondary structure of RNA of IAV and SARS-CoV-2 that could be a target for inhibition of proliferation of these viruses;
2. Determination of the role of the RNA structure of the influenza A virus in the regulation of its replication;
3. Studies of new antiviral strategies targeting the RNA of the influenza A virus and SARS-CoV-2;
4. Use of high-throughput screening of small molecules for new methods of inhibiting the replication of IAV and SARS-CoV-2;
5. Research on long non-coding RNAs as objects of anti-influenza therapy;
6. Research on potential quadruplexes as structures of functional importance in the genome of influenza A virus.

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

The secondary structures of all eight vRNA segments of influenza strain A/California/04/2009 (H1N1) in the virion were determined. For the first time, the secondary structure of influenza virus vRNA in living cells was shown; these were segments vRNA5, 7 and 8. A combination of SHAPE-MaP and DMS-MaPseq methods and multi-level bioinformatic sequence-structural analysis was used. Structural motifs of vRNA were found that were common and also characteristic of the vRNA in virion and in cell. At the same time, vRNA structural motifs universal for type A *in virio* and *in cellulo* were discovered (publication #2).

Chemical mapping conditions for lncRNA-PAAN were developed, and the preliminary secondary structure of this RNA was determined. Plasmid/cell systems were created to study RNA quadruplexes in the influenza A virus genome, and preliminary cellular studies were performed on these systems, and on the native IAV strain, to confirm the possibility of the existence of functional quadruplexes in the influenza virus cycle.

Publikacje

1. **I. Szczesniak, A. Baliga-Gil, A. Jarmolowicz, M. Soszynska-Jozwiak, E. Kierzek**
Structural and Functional RNA Motifs of SARS-CoV-2 and Influenza A Virus as a Target of Viral Inhibitors
INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES 2023, 24, 1232
2. **B. Mirska, T. Wozniak, D. Lorent, A. Ruszkowska, J.M. Peterson, W.N. Moss, D.H. Mathews, R. Kierzek, E. Kierzek**
In vivo secondary structural analysis of Influenza A virus genomic RNA
CELLULAR AND MOLECULAR LIFE SCIENCES 2023, 80, 136

Projekty realizowane w Zakładzie w 2023 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. Sekwencje bogate w reszty G w genomie wirusa grypy typu A – cechy strukturalne i potencjalna funkcja biologiczna w cyklu replikacyjnym wirusa; (SONATA)
Kierownik projektu: dr Marta Szabat
4. Długie niekodujące RNA – nowy cel terapii antygrypowej; (SONATA)
Kierownik projektu: dr Marta Soszyńska-Józwiak

Zakład Metabolomiki Funkcjonalnej Roślin

Kierownik Zakładu: prof. dr hab. Paweł Bednarek (0,75 STATUT/0,25 GRANTY)¹⁷

Skład osobowy¹⁸

Pracownicy naukowci:

- dr Himani Agrawal (0,75 STATUT/0,25 GRANTY)
- dr Justyna Lalak-Kańczugowska (1 GRANTY)
- dr Anna Piasecka (1 GRANTY)
- dr Gopal Singh (1 GRANTY)

Pracownicy techniczni:

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

Doktoranci:

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

Temat statutowy Zakładu

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

¹⁷ W nawiasach podano źródło finansowania pracowników.

¹⁸ Stan na 31.12.2023 r.

Opis prowadzonej działalności naukowej finansowanej z subwencji i projektów

Cel badań

Celem badań było poznanie szlaków biosyntezy i immunologicznej roli roślinnych metabolitów wtórnych, których prekursorem jest tryptofan (Trp) oraz charakterystyka wybranych enzymów biorących udział w ich biosyntezie.

Opis zrealizowanych prac

Prowadzono charakterystykę uzyskanych wcześniej linii transgenicznych ekspresujących pod natywnymi promotorami geny kodujące enzymy ze szlaków biosyntezy serotoniny z *Brachypodium distachyon* w mutancie *cyp79b2 cyp79b3* Arabidopsis, który nie produkuje natywnych metabolitów wtórnych pochodzących od Trp. Wykonano analizy metabolomiczne, które pozwoliły na identyfikację nowych pochodnych serotoniny, w tym hydroksyserotoniny i glikozydu serotoniny. Przeprowadzono wstępne analizy podatności linii produkujących serotoninę na patogen grzybowy *Plectosphaerella cucumerina*. Wygenerowano linie transgeniczne ekspresujące geny kodujące wybrane izoformy lub ortologi enzymów związanych z metabolizmem glukozynolanów indolowych (BGLU26/PEN2, CYP81F2, PCS1), w odpowiednich mutantach pozbawionych tych enzymów. Analizy metabolomiczne uzyskanych linii pozwoliły na wstępną selekcję funkcjonalnych izoform i ortologów. To z kolei pozwoli na identyfikację aminokwasów istotnych dla funkcji badanych enzymów.

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 tryptophan (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

Generated earlier transgenic lines expressing *Brachypodium distachyon* genes encoding enzymes involved in serotonin biosynthesis under native promoters in Arabidopsis *cyp79b2 cyp79b3* mutant, that its deficient in native Trp-derived secondary metabolites, have further been characterized. The metabolomic analysis performed, allowed to identify new serotonin derivatives, including hydroxyserotonin and serotonin glycoside. Susceptibility of these transgenic lines towards necrotrophic fungal pathogen *Plectosphaerella cucumerina* has preliminary been tested. Transgenic lines expressing genes encoding selected isoforms and orthologs of enzymes (BGLU26/PEN2, GSTU13, CYP81F2, PCS1) involved in indole glucosinolate metabolism in corresponding mutants, deficient in respective enzymes, have been generated. Metabolic analyses of the lines obtained enabled preliminary selection of functional isoforms and orthologs. This in turn may enable identification of amino acid residues, critical for the function of investigated enzymes.

Publikacje

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 2023, 64, 80–93
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 2023, 108, 154520

3. **G. Singh, H. Agrawal, P. Bednarek**

Specialized metabolites as versatile tools in shaping plant-microbe associations

MOLECULAR PLANT 2023, 16, 122–144

4. S. Bishnoi, S. Sharma, **H. Agrawal**

Exploration of the Potential Application of Banana Peel for Its Effective Valorization: A Review

INDIAN JOURNAL OF MICROBIOLOGY 2023, 63, 398–409

5. **J. Lalak-Kanczugowska**, N. Witaszak, A. Waskiewicz, J. Bocianowski, L. Stepień

Plant Metabolites Affect *Fusarium proliferatum* Metabolism and In Vitro Fumonisin Biosynthesis

INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES 2023, 24, 3002

Prace przyjęte do druku

1. A.K. Basak, **A. Piasecka**, J. Hucklenbroich, G.M. Turksoy, R. Guan, P. Zhang, F. Getzke,

R. Garrido-Oter, S. Hacquard, K. Strzalka, **P. Bednarek**, K. Yamada, R.T. Nakano

ER body-resident myrosinases and tryptophan specialized metabolism modulate root microbiota assembly

NEW PHYTOLOGIST, DOI: 10.1111/nph.19289

2. T.J. Ashaolu, M. Zarei, **H. Agrawal**, M.S. Kharazmi, S.M. Jafari

A critical review on immunomodulatory peptides from plant sources; action mechanisms and recent advances

CRITICAL REVIEWS IN FOOD SCIENCE AND NUTRITION, DOI:

10.1080/10408398.2023.2183380

Projekty realizowane w Zakładzie w 2023 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 glukozyolanów w odporności roślin Brassicaceae na inhibicję replikacji wirusa grypy; (OPUS)

Kierownik projektu: prof. dr hab. Paweł Bednarek

4. Opis kluczowych mechanizmów koordynacji i priorytyzacji odpowiedzi jęczmienia na jednoczesne stresy biotyczne i abiotyczne – podejście multiomiczne; (OPUS)

Kierownik projektu: dr Anna Piasecka

Zakład Struktury i Funkcji Biomolekuł

Zakład rozwiązany z dniem 31.12.2023 r.

Kierownik Zakładu: prof. dr hab. Wojciech Rypniewski (0,6 STATUT/0,4 GRANTY)¹⁹

Skład osobowy²⁰

Pracownicy naukowci:

dr hab. Agnieszka Kiliszek, prof. ICHB PAN (0,55 STATUT/0,45 GRANTY)

dr Magdalena Bejger (0,4 STATUT/0,6 GRANTY)

¹⁹ W nawiasach podano źródło finansowania pracowników.

²⁰ Stan na 31.12.2023 r.

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

dr Leszek Błaszczak (0,5 STATUT/0,5 GRANTY)

Doktoranci:

mgr Martyna Mateja-Pluta (1 STATUT)

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

Charakterystyka strukturalna i funkcjonalna cząsteczek biologicznych, takich jak białka i oligomery RNA o znaczeniu w procesach fizjologicznych i patogenezie. Biologiczne makrocząsteczki mają tę cechę, że zrozumienie ich funkcji i właściwości możliwe jest dopiero, gdy poznamy ich strukturę.

Opis zrealizowanych prac

Określono strukturę i termodynamikę motywu strukturalnego, jaki tworzą sekwencje UGG z kationami Ba^{2+} i innymi kationami metali. Określono determinanty strukturalne i rolę nukleoliny w tworzeniu interakcji dalekiego zasięgu między nieulegającymi translacji regionami mRNA białka p53. Wyniki badań opublikowano w postaci dwóch artykułów w czasopiśmie *RNA*.

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

The research goals

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 and thermodynamics have been determined of the UGG motif in its interactions with Ba^{2+} ions and other metal cations. Structural determinants and the role of nucleolin in formation of the long-range interaction between untranslated regions of p53 mRNA have been explored. Results published as 2 articles in *RNA* journal.

Publikacje

1. A. Kiliszek, M. Pluta, M. Bejger, W. Rypniewski

Structure and thermodynamics of a UGG motif interacting with Ba^{2+} and other metal ions: accommodating changes in the RNA structure and the presence of a G(syn)-G(syn) pair
RNA 2023, 29, 44-54

2. S. Rykowski, D. Gurda-Wozna, A. Fedoruk-Wyszomirska, M. Orlicka-Plocka, A. Kowalczyk, P. Staczek, M. Denel-Bobrowska, K. Biniak-Antosiak, W. Rypniewski, E. Wyszko, A.B. Olejniczak

Carboranyl-1,8-naphthalimide intercalators induce lysosomal membrane permeabilization and ferroptosis in cancer cell lines
JOURNAL OF ENZYME INHIBITION AND MEDICINAL CHEMISTRY 2023, 38, 2171028

3. A. Kiliszek, W. Rypniewski, L. Błaszczak

Exploring structural determinants and the role of nucleolin in formation of the long-range interactions between untranslated regions of p53 mRNA
RNA 2023, 29, 630-643

4. A. Kiliszek, W. Rypniewski

The emergence of biological homochirality

ACTA BIOCHIMICA POLONICA 2023, 70, 481–485

Projekty realizowane w Zakładzie w 2023 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, prof. ICHB PAN

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

Kierownik projektu: dr Leszek Błaszczak

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

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

6. Analiza krystalograficzna kompleksów RNA-ligand. W kierunku racjonalnego projektowania cząsteczek wiodących w rozwoju terapii chorób neurodegeneracyjnych; (OPUS)

Kierownik projektu: dr hab. Agnieszka Kiliszek, prof. ICHB PAN

Zakład Biochemii Rybonukleoprotein

Kierownik Zakładu: dr hab. Anna Kurzyńska-Kokorniak, prof. ICHB PAN (0,9 STATUT/0,1 GRANTY)²¹

Skład osobowy²²

Pracownicy naukowcy:

dr Kinga Ciechanowska (0,9 STATUT/0,1 GRANTY)

dr Kamil Szpotkowski (1 STATUT)

dr Paulina Krzemińska (1 GRANTY)

Pracownicy techniczni:

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

mgr inż. Martyna Kabacińska (1 STATUT)

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

Doktoranci:

mgr Klaudia Wójcik (stypendium NCN)

mgr Marek Kazimierczyk (stypendium ICHB)

²¹ W nawiasach podano źródło finansowania pracowników.

²² Stan na 31.12.2023 r.

Profesorowie afiliowani:

dr hab. Jan Wrzesiński, prof. ICHB PAN (1 STATUT)

prof. dr hab. Jerzy Ciesiołka

Temat statutowy Zakładu

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

Opis prowadzonej działalności naukowej finansowanej z subwencji i projektów

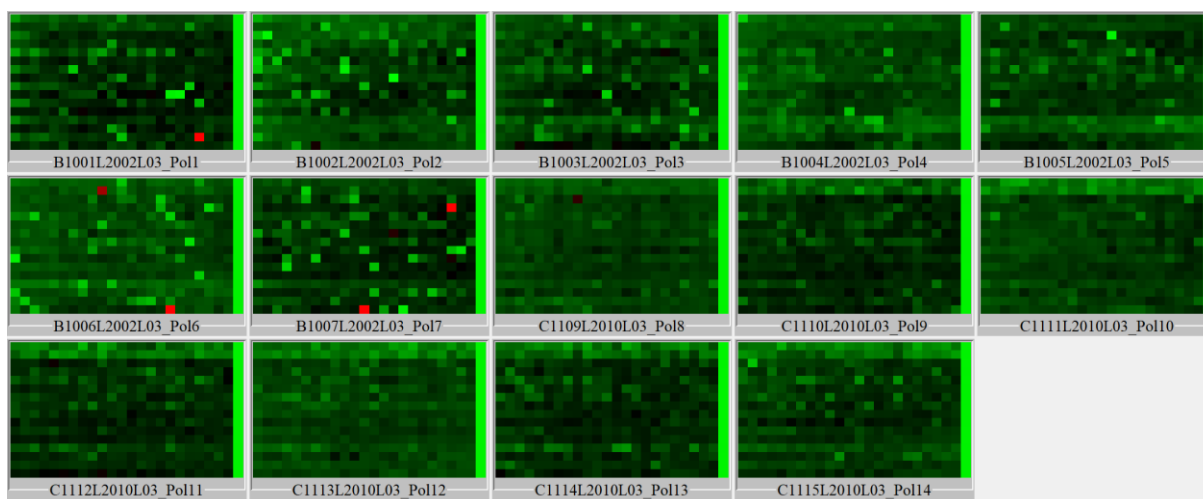
Cel badań

Charakterystyka i próba zdefiniowania funkcji biologicznych wybranych skróconych wariantów ludzkiej rybonukleazy Dicer oraz opracowanie kompleksowych rozwiązań umożliwiających szybką ocenę aktywności biologicznej związków oraz ich mieszanin w kontekście inhibicji kompleksu replikazowego SARS-CoV-2.

Opis zrealizowanych prac

W wyniku przeprowadzonych analiz transkryptomicznych zidentyfikowano szereg skróconych wariantów transkrypcyjnych genu *DICER1*, w tym wariant opisany w literaturze jako Dicer1e. Otrzymano preparat białkowy wariantu Dicer1e, a następnie wykazano, że Dicer1e nie generuje miRNA, lecz może on hydrolizować krótkie RNA. Dicer1e wykazywał także aktywność DNazową. Analizy danych NGS wykazały, że Dicer1e przypuszczalnie jest zaangażowany w metabolizm komórkowych RNA oraz organizację struktury chromatyny.

Z wykorzystaniem technik wysokoprzepustowych przeprowadzono testy przesiewowe ok. 5 tysięcy związków dostępnych w ramach bazy EU-OPENSREEN pod kątem wyselekcjonowania związków mających zdolność do hamowania replikacji SARS-CoV-2 (Ryc. 2). Wytypowano 11 związków wykazujących największy potencjał inhibitorowy w kontekście hamowania powielania SARS-CoV-2.



Ryc. 2. Graficzne przedstawienie wyników wysokoprzepustowych badań przesiewowych mających na celu wyselekcjonowanie związków najwydajniej hamujących proces replikacji SARS-CoV-2. Reakcje polimeryzacji z wykorzystaniem kompleksu polimerazowego SARS-CoV-2 (NSP7/NSP8/NSP12) prowadzone były na płytkach 384-dołkowych, każda z mieszanin reakcyjnych zawierała jeden z 5 000 związków wchodzących w skład bibliotek EU-OPENSREEN. Pomiar fluorescencji, przedstawione w postaci map ciepła, zostały wykonane dzięki wykorzystaniu ekspertyzy oraz infrastruktury Centrum Biologii Chemicznej ICHB PAN na czytniku płytek CLARIOstar Plus (infrastruktura zakupiona z funduszy Ministerstwa Edukacji i Nauki (decyzja DIR/WK/2018/06) przyznanych w ramach projektu POL-OPENSREEN Polska Platforma Skriningowa dla Chemii Biologicznej).

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

The research goals

Characterization and an attempt to define the biological functions of the selected truncated variants of human ribonuclease Dicer and ii) the development of comprehensive solutions, enabling rapid assessment of the biological activity of compounds and their mixtures in the context of inhibition of the SARS-CoV-2 replicase complex.

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

As a result of the transcriptome analyses, a number of truncated transcription variants of the *DICER1* gene were identified, including a variant described in literature as Dicer1e. A protein preparation of the Dicer1e variant was obtained, next it was shown that Dicer1e does not generate miRNAs, but can hydrolyze short RNAs. Dicer1e also displayed DNase activity. Analyses of the NGS data revealed that Dicer1e is likely involved in the metabolism of cellular RNAs, and organization of the chromatin structure. Using high-throughput techniques, screenings were carried out with c.a. 5,000 compounds from the EU-OPENSREEN library, in order to select compounds enabling inhibition of SARS-CoV-2 replication (Fig. 2). 11 compounds, which demonstrated the greatest potential to inhibit the replication of SARS-CoV-2, were selected.

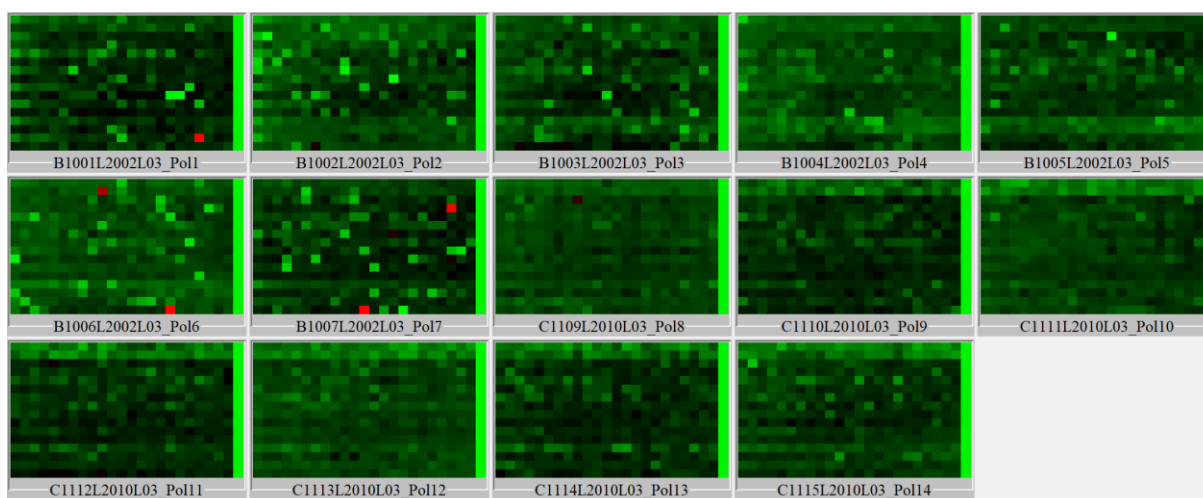


Fig. 2. Graphical presentation of the results of high-throughput screening assays, aimed at selecting compounds that most effectively inhibit the SARS-CoV-2 replication process. The polymerization reactions using the SARS-CoV-2 polymerase complex (NSP7/NSP8/NSP12) were carried out on 384-well plates, each reaction contained one of the 5,000 compounds of the EU-OPENSREEN library. Fluorescence measurements, presented in the form of heat maps, were carried out using the expertise and infrastructure of the Chemical Biology Center of the IBCH PAS, on the CLARIOstar Plus plate reader (infrastructure funded by the Ministry of Science and Higher Education, decision DIR/WK/2018/06, via the project entitled „POL-OPENSREEN – Polish Platform of Screening Infrastructure for Biological Chemistry”).

Publikacje

K. Szpotkowski, K. Wojcik, A. Kurzynska-Kokorniak

Structural studies of protein–nucleic acid complexes: A brief overview of the selected techniques
COMPUTATIONAL AND STRUCTURAL BIOTECHNOLOGY JOURNAL 2023, 21, 2858–2872

Prace przyjęte do druku

J. Czubinski, M. Kubickova, **K. Szpotkowski**, J. Komarek

pH-Dependent oligomerisation of γ -conglutin: A key element to understand its molecular mechanism of action

FOOD HYDROCOLLOIDS, DOI: 10.1016/j.foodhyd.2023.109386

Projekty realizowane w Zakładzie w 2023 r.

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

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

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, prof. ICHB PAN

3. Komórkowa sieć oddziaływań pomiędzy RNA i domeną helikazową rybonukleazy Dicer człowieka; (PRELUDIUM)

Kierownik projektu: dr Kinga Ciechanowska

4. 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

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

Zakład Bioinżynierii Kwasów Nukleinowych

Kierownik Zakładu: prof. dr hab. Anna Pasternak (0,85 STATUT/0,15 GRANTY)²³

Skład osobowy²⁴

Pracownicy naukowcy:

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

dr Weronika Kotkowiak (1 GRANTY)

dr inż. Jolanta Lisowiec-Wąchnicka (1 STATUT)

Pracownicy techniczni:

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

dr Carolina Sofia Pereira Roxo (1 STATUT)

Temat statutowy Zakładu

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

Opis prowadzonej działalności naukowej finansowanej z subwencji i projektów

Cel badań

Projektowanie oraz charakterystyka termodynamiczna narzędzi oligonukleotydowych do rozplatania struktury G-kwadrupleksów

Opis zrealizowanych prac

Zaprojektowane oligonukleotydy (FTFO) zawierały trzy domeny: domenę Watsona-Cricka, pętlę i domenę Hoogsteena. Taka architektura miała na celu zapewnienie wydajnego rozplatania G-kwadrupleksu, jednocześnie tworząc z nim stabilną strukturę trypleksu. Zsyntetyzowano różne długości wszystkich trzech domen. Optymalizacji dokonano względem 27nt fragmentu onkogenu c-Myc (Pu27), który również został zsyntetyzowany w naszym zakładzie. W dalszym etapie w wybranych pozycjach domen wprowadzono różnie zmodyfikowane nukleozydy. Wszystkie zsyntetyzowane oligonukleotydy posłużyły do systematycznej analizy wpływu sekwencji i długości poszczególnych fragmentów FTFO na stabilność termodynamiczną fragmentów dwu-

²³ W nawiasach podano źródło finansowania pracowników.

²⁴ Stan na 31.12.2023 r.

i trójniciowych. Pozwoliło to na opracowanie i optymalizację nowych narzędzi oligonukleotydowych do przesuwania równowagi w kierunku struktury trypleksu. Zdefiniowano również najbardziej optymalny fragment onkogenu dla oddziaływań domeny Watsona-Cricka z Pu27. Następnie zbadano wpływ szeregu różnych modyfikacji na stabilność oddziaływań FTFO-Pu27, w zależności od pojedynczych i wielokrotnych podstawień oraz ich położenia w domenach Watsona-Cricka, Hoogsteena oraz w pętli.

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

The research goals

Designing and thermodynamic characterization of oligonucleotide tools for G-quadruplex structure unfolding

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

The designed oligonucleotides (FTFOs) contained three domains: the Watson-Crick domain, the loop, and the Hoogsteen domain. Such architecture aimed to provide efficient unfolding of the G-quadruplex, simultaneously forming a stable triplex structure with the target. Different lengths of all three domains were synthesized. The optimization was made against the 27nt fragment of the *c-Myc* oncogene (Pu27), which was also synthesized in our department. At the next stage, variously modified nucleosides were introduced in selected positions of the domains. All synthesized oligonucleotides were used to systematically analyse the influence of the sequence and the length of particular fragments of FTFOs on the thermodynamic stability of the duplex and triplex units. This allowed to develop and optimize novel oligonucleotide tools for shifting the equilibrium towards triplex structure. The most optimal *c-Myc* fragment for interactions of Watson-Crick domain with Pu27 was also defined. Afterwards, the influence of the number of various modifications on the stability of FTFO-Pu27 interactions was studied, depending on single and multiple substitutions, and their positioning within the Watson-Crick and the Hoogsteen domains, as well as in the loop.

Publikacje

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

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

ACS MEDICINAL CHEMISTRY LETTERS 2023, 14, 35–40

2. C. Roxo, K. Zielinska, A. Pasternak

Bispecific G-quadruplexes as inhibitors of cancer cells growth

BIOCHIMIE 2023, 214, 91–100

Projekty realizowane w Zakładzie w 2023 r.

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

Kierownik projektu: prof. dr hab. Anna Pasternak

2. Aptamer wiążący trombinę o zwiększonej różnorodności chemicznej jako potencjalny lek przeciwzakrzepowy i chemioterapeutyk; (OPUS)

Kierownik projektu: dr Weronika Kotkowiak

3. Nowe bispecyficzne koniugaty G-kwadrupeksów jako potencjalne leki przeciwnowotworowe; (PRELUDIUM)

Kierownik projektu: dr Carolina Pereira Roxo

Zakład Biologii Komórek Nerwowych

(Zakład powołano 01.08.2023 r.)

Kierownik Zakładu: dr Paweł Świtoński (1 GRANTY)²⁵

Skład osobowy²⁶

Doktoranci:

mgr Grażyna Adamek (stypendium NCN)

Temat statutowy Zakładu

Biologia RNA związanych z chorobami neurodegeneracyjnymi wywołwanymi ekspansją ciągów powtórzeń (K) (temat współrealizowany z Zakładem Biotechnologii Medycznej)

Opis prowadzonej działalności naukowej finansowanej z subwencji i projektów

Cel badań

Poznanie transkryptomicznych i epigenetycznych procesów odpowiadających za selektywną wrażliwość komórek Purkiniego (PC) w przebiegu ataksji rdzeniowo-mózdkowej typu 7 (SCA7).

Opis zrealizowanych prac

Badania nad degeneracją komórek PC w chorobach neurodegeneracyjnych, takich jak ataksja rdzeniowo-mózdkowa typu 7 (SCA7), rozpoczęto stworzeniem protokołu izolacji jąder komórkowych PC. Zastosowanie myszy SUN1-GFP lub przeciwciała przeciwko białku RanBP2 w połączeniu z cytometrią przepływową umożliwiło identyfikację i separację jąder komórkowych PC na podstawie sygnału fluoroscencyjnego i rozpraszania bocznego. Potwierdzono tożsamość komórek PC poprzez ekspresję genów markerowych, zwiększony rozmiar jądra i niską liczbę jąder. Zastosowanie metody do izolacji jąder PC u myszy SCA7 ujawniło zmiany transkrypcyjne w szlaku sygnalizacji nukleotydów cyklicznych.

Następnie wykorzystano wyizolowane komórki PC SCA7 do analizy modyfikacji H3K9ac będącej markerem euchromatyny. Wykorzystując metodę Cut&Tag, sporządzono i zsekwencjonowano biblioteki pozyskane z komórek PC myszy dzikich (WT) oraz SCA7 i przeprowadzono analizę bioinformatyczną, która wskazała kandydatów genów o zmienionej regulacji w SCA7. Równocześnie przeprowadzona została analiza danych z sekwencjonowania pojedynczej komórki przeprowadzonego z użyciem myszy SCA7 i WT. Wyniki dostarczyły informacji uzupełniających dane epigenetyczne, a zastosowanie podejścia weighted correlation network analysis (WGCNA) skutkowało poznaniem wzorów korelacji ekspresji genów i wytypowaniem modułów wraz z genami węzłowymi pełniącymi potencjalnie kluczową rolę w patologii komórek PC w SCA7

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

The research goals

Understanding the transcriptomic and epigenetic processes responsible for the selective sensitivity of Purkinje cells (PCs) in the course of spinocerebellar ataxia type 7 (SCA7).

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

Research on the degeneration PCs in neurodegenerative diseases, such as spinocerebellar ataxia type 7 (SCA7), began with the development of a protocol for isolating PC nuclear fractions. The use of SUN1-GFP mice or antibodies against the RanBP2 protein, combined with flow cytometry, enabled the identification and separation of PC nuclear fractions based on fluorescent signal and side scatter. The identity of PC cells was confirmed through the expression of marker genes,

²⁵ W nawiasach podano źródło finansowania pracowników.

²⁶ Stan na 31.12.2023 r.

increased nuclear size, and a low number of nucleoli. Applying the method to isolate PC nuclei in SCA7 mice revealed transcriptional changes in the cyclic nucleotide signalling pathway. Subsequently, isolated SCA7 PC cells were used to analyze the H3K9ac modification, a marker of euchromatin. Using the Cut&Tag method, libraries obtained from SCA7 and wild-type (WT), mouse PC cells were prepared, sequenced, and subjected to bioinformatics analysis, identifying candidate genes with altered regulation in SCA7. Simultaneously, single-cell sequencing data from SCA7 and WT mice were analyzed. The analysis provided complementary information to epigenetic data, and the application of an approach called weighted correlation network analysis (WGCNA) revealed expression gene correlation patterns, and identified modules with hub genes, potentially playing a key role in the pathology of PC cells in SCA7.

Publikacje

1. **P. Joachimiak, A. Ciesiolka, E. Kozłowska, P.M. Switonski, G. Figura, A. Ciolak, G. Adamek, M. Surdyka, Z. Kalinowska-Poska, M. Figiel, N.S. Caron, M.R. Hayden, A. Fiszer**
Allele-specific quantitation of ATXN3 and HTT transcripts in polyQ disease models
BMC BIOLOGY 2023, 21, 17
2. **P. Switonski, A.R. La Spada**
Spinocerebellar Ataxia Type 7: From Mechanistic Pathways to Therapeutic Opportunities
[w:] TRIALS FOR CELEBELLAR ATAXIAS, Contemporary Clinical Neuroscience (red. B. Soong, M. Manto, A. Brice, S.M. Pulst)
SPRINGER NATURE 2023, F6, 433–467I

Projekty realizowane w Zakładzie w 2023 r.

1. Zgłębienie procesów neurodegeneracyjnych z wykorzystaniem bezpośredniego profilowania selektywnie wrażliwych neuronów; (SONATA)
Kierownik projektu: dr Paweł Świtoński

Zakład Biologii Obliczeniowej Niekodującego RNA

Kierownik Zakładu: dr hab. Barbara Uszczyńska-Ratajczak, prof. ICHB PAN (1 GRANTY)²⁷

Skład osobowy²⁸

Pracownicy naukowcy:

dr Sasti Das (1 GRANTY)

dr Tomasz Mądry (1 GRANTY)

Pracownicy techniczni:

inż. Marta Blangiewicz (0,5 STATUT)

inż. Anna Korach (0,5 STATUT)

Doktoranci:

mgr inż. Monika Kwiatkowska (1 GRANTY)

Temat statutowy Zakładu

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

²⁷ W nawiasach podano źródło finansowania pracowników.

²⁸ Stan na 31.12.2023 r.

Opis prowadzonej działalności naukowej finansowanej z subwencji i projektów

Cel badań

Celem badań jest identyfikacja pozycyjnie zachowanych długich niekodujących RNA (*lncRNA*, ang. *long noncoding RNA*) pomiędzy genomami człowieka, myszy, danio pręgowanego oraz ustalenie ich lokalizacji wraz z charakterystyką genetyczną.

Opis zrealizowanych prac

We współpracy z grupą badawczą profesora Rory'ego Johnsona opracowano narzędzie bioinformatyczne o nazwie ConnectOR (ang. *Connecting RNA Orthologues*), które pozwala na wykrywanie ewolucyjnie wspólnych lncRNA poprzez analizę ich pozycji w wybranych genomach. Przeprowadzono porównania parami genomów człowieka, myszy i danio pręgowanego, stosując pięć różnych katalogów lncRNA oraz uwzględniając eksony i obszary między nimi. Baza gigaLNC powstała poprzez połączenie transkryptów ze wszystkich dostępnych katalogów ludzkich lncRNA. Nakładające się transkrypty połączono (445 296) i pogrupowano w zbiór unikatowych obszarów (124 164). Wyniki wskazują, że zdecydowana większość genów kodujących białka (75–98%) ma co najmniej jeden ortolog w każdym gatunku. Dodatkowo wiele genów lncRNA może być współdzielonych między genomami człowieka, myszy i danio pręgowanego, choć liczba ta maleje w przypadku danio pręgowanego. ConnectOR zidentyfikował ponad 3000 ortologów lncRNA między genomami człowieka/myszy, a danio pręgowanego, a także szacuje istnienie około 1000 dodatkowych ortologów, które nie zostały jeszcze opisane. Wyniki opisanych wyżej badań wskazują na istnienie wielu nowych, nieopisanych jeszcze ortologów lncRNA, co podkreśla potrzebę ulepszenia adnotacji tych sekwencji genetycznych.

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

The research goals

The aim of the research is to identify positionally conserved long noncoding RNAs (lncRNA) among the human, mouse, and zebrafish genomes, alongside determining their genomic locations and characteristics.

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

In collaboration with Professor Rory Johnson's research group, a bioinformatics tool named ConnectOR (Connecting RNA Orthologues) was developed, enabling the detection of evolutionarily shared lncRNAs, by analyzing their positions across selected genomes. Pairwise comparisons for human, mouse and zebrafish genomes were performed, using five different lncRNA catalogs and exon-span mode. The gigaLNC was created by merging together transcripts from all available human lncRNA catalogs. The overlapping transcripts were merged (445,296) and grouped into a set of non-redundant gene loci boundaries (124,164). Results indicate the vast majority of protein coding genes (75–98%) which have at least one orthologue in each species. Moreover, a high proportion of lncRNA genes can be lifted over to human and mouse genomes and vice versa. Although this number substantially drops for zebrafish, ConnectOR reported more than 3,000 of annotated and ~1000 of human/mouse-zebrafish lncRNA orthologues, respectively. The aforementioned research results indicate the existence of many new, as yet undescribed lncRNA orthologs, underscoring the need for improving annotations.

Publikacje

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 2023, 51, D942-D949

Projekty realizowane w Zakładzie w 2023 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, prof. ICHB PAN

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, prof. ICHB PAN

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

Kierownik projektu: dr hab. Barbara Uszczyńska-Ratajczak, prof. ICHB PAN

4. Gra w ogony: Zrozumienie roli przetwarzania 3'-końca długich niekodujących RNA podczas rozwoju danio pręgowanego; (PRELUDIUM)

Kierownik projektu: mgr inż. Monika Kwiatkowska

Zakład Biologii Strukturalnej Eukariontów

Kierownik Zakładu: dr hab. Miłosz Ruszkowski (0,8 STATUT/0,2 GRANTY)²⁹

Skład osobowy³⁰

Pracownicy naukowci:

dr Dominika Czerwonka (1 GRANTY)

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

dr Maria Rutkiewicz (1 GRANTY)

dr Paulina Worsztynowicz (1 GRANTY)

Pracownicy techniczni:

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

Doktoranci:

mgr Ha Linh Tran (stypendium ICHB)

mgr Kinga Pokrywka (stypendium NCN)

mgr Wiktoria Ragin (stypendium NCN)

mgr Wojciech Witek (stypendium ICHB)

Afiliowani profesorowie:

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

Pracownia Inżynierii Białek

Kierownik: dr hab. Anna Urbanowicz, prof. ICHB PAN (1 STATUT)

Pracownicy naukowci:

dr hab. Agata Świątkowska (1 GRANTY)

dr Joanna Śliwiak (0,4 STATUT/0,6 GRANTY)

Pracownicy techniczni:

dr Jakub Barciszewski (1 STATUT)

mgr Alina Kasperska (0,8 STATUT/0,2 GRANTY)

mgr Martyna Kordyś (1 GRANTY)

²⁹ W nawiasach podano źródło finansowania pracowników.

³⁰ Stan na 31.12.2023 r.

Temat statutowy Zakładu

Badania strukturalne białek i kwasów nukleinowych (K) (dr. hab. Miłosz Ruszkowski, prof. ICHB PAN)

Opis prowadzonej działalności naukowej finansowanej z subwencji i projektów

Cel badań

Poznanie struktur, wyjaśnienie mechanizmów molekularnych i zbadanie aktywności: aminotransferazy fosforanu histydynolu (HISN6), dehydrogenazy glutaminianowej (izoformy 2, GDH2); L-asparaginaz Klasy 3; kompleksu białka ARR1 z białkiem AHP1, a także wyselekcjonowanie inhibitorów ludzkiej reduktazy δ 1-pyrrolino-5-karboksylanu (PYCR1).

Opis zrealizowanych prac

Zbadano enzym HISN6, biorący udział w biosyntezie histydyny, ujawniając jego wysokie powinowactwo do fosforanu histydynolu (HOLP) i unikalne cechy strukturalne. Odkrycie to może mieć potencjalne zastosowanie w projektowaniu herbicydów. Z kolei dla GDH2, enzymu kluczowego dla metabolizmu azotu i węgla u roślin, odkryto, że wapń wiąże się w inny sposób niż sądzono i że nie ma to znaczącego wpływu na aktywność enzymu.

W wyniku wysokoprzepustowych badań przesiewowych przebadano w sumie ponad 102 000 związków chemicznych sprawdzając ich zdolność do inhibicji PYCR1. Wyselekcjonowano i potwierdzono ponad 100 związków o wyższej efektywności niż najsilniejszy dotąd znany inhibitor PYCR1.

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

The research goals

Investigating the structures, explaining the molecular mechanisms and examining the activities of: histidinol phosphate aminotransferase (HISN6), glutamate dehydrogenase (isoform 2, GDH2); Class III L-asparaginases, the complex between ARR1 and AHP1 proteins, as well as the selection of inhibitors of human δ 1-pyrroline-5-carboxylate reductase (PYCR1).

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

The HISN6 enzyme, involved in histidine biosynthesis, was examined, revealing its high affinity for histidinol phosphate (HOLP) and unique structural features. Discovery has the potential application in the design of herbicides. In turn, for GDH2, an enzyme in plants nitrogen and carbon metabolism, it was discovered that calcium binds contained differently than previously thought and that it has no effect on the activity of the enzyme.

As a result of high-throughput screening, a total of over 102,000 compounds were tested for their PYCR1 inhibitory activity. Over 100 compounds were selected and confirmed to be more effective than any other known PYCR1 inhibitor.

Publikacje

1. P. Piasecki, K. Wiatr, M. Ruszkowski, L. Marczak, Y. Trottier, M. Figiel

Impaired interactions of ataxin-3 with protein complexes reveals their specific structure and functions in SCA3 Ki150 model

FRONTIERS IN MOLECULAR NEUROSCIENCE 2023, 16, 1122308

2. M. Janicki, A. Sciuk, A. Zielinski, M. Ruszkowski, A. Ludwikow, W.M. Karlowski, M. Jaskolski, J.I. Loch

The effects of nature-inspired amino acid substitutions on structural and biochemical properties of the E. coli L-asparaginase EcAIII

PROTEIN SCIENCE 2023, 32, e4647

3. 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 2023, 1274, 134441
4. **M. Rutkiewicz**, I. Nogues, **W. Witek**, S. Angelaccio, R. Contestabile, **M. Ruszkowski**
Insights into the substrate specificity, structure, and dynamics of plant histidinol-phosphate aminotransferase (HISN6)
PLANT PHYSIOLOGY AND BIOCHEMISTRY 2023, 196, 759–773
5. **M. Grzechowiak**, **J. Sliwiak**, **M. Jaskolski**, **M. Ruszkowski**
Structural and functional studies of Arabidopsis thaliana glutamate dehydrogenase isoform 2 demonstrate enzyme dynamics and identify its calcium binding site
PLANT PHYSIOLOGY AND BIOCHEMISTRY 2023, 201, 107895
6. M. Ignasiak-Kciuk, K. Nowicka-Bauer, **M. Grzechowiak**, T. Ravensborg, K. Frackowiak, O.N. Jensen, **M. Jaskolski**, B. Marciniak
Does the presence of ground state complex between a PR-10 protein and a sensitizer affect the mechanism of sensitized photo-oxidation?
FREE RADICAL BIOLOGY AND MEDICINE 2023, 198, 27–43
7. J.I. Loch, **P. Worsztynowicz**, **J. Sliwiak**, **M. Grzechowiak**, **B. Imiolczyk**, **K. Pokrywka**, M. Chwastyk, **M. Gilski**, **M. Jaskolski**
Rhizobium etli has two L-asparaginases with low sequence identity but similar structure and catalytic center
ACTA CRYSTALLOGRAPHICA SECTION D-STRUCTURAL BIOLOGY 2023, 79, 775–791
8. S. Proft, J. Leiz, U. Heinemann, D. Seelow, K.M. Schmidt-Ott, **M. Rutkiewicz**
Discovery of a non-canonical GRHL1 binding site using deep convolutional and recurrent neural networks
BMC GENOMICS 2023, 24, 736
9. **P. Drozdal**, **T. Manszewski**, **M. Gilski**, **K. Brzezinski**, **M. Jaskolski**
Right-handed Z-DNA at ultrahigh resolution: a tale of two hands and the power of the crystallographic method
ACTA CRYSTALLOGRAPHICA SECTION D-STRUCTURAL BIOLOGY 2023, 79, 133–139
10. A. Pyrih, A. Lapinski, S. Zieba, A. Mizera, R. Lesyk, **M. Jaskolski**, A.K. Gzella
Proton tautomerism in 5-dimethylaminomethylidene-4-(o-,m-,p-hydroxyphenyl)-amino-1,3-thiazol-2(5H)-ones: synthesis, crystal structure and spectroscopic studies
ACTA CRYSTALLOGRAPHICA SECTION B-STRUCTURAL SCIENCE CRYSTAL ENGINEERING AND MATERIALS 2023, 79, 220–232
11. A. Pyrih, A. Lapinski, S. Zieba, A. Mizera, R. Lesyk, A.K. Gzella, **M. Jaskolski**
Proton tautomerism and stereoisomerism in 5-[(dimethylamino)methylidene]-4-[3/4-(trifluoromethylphenyl)amino]-1,3-thiazol-2(5H)-ones: synthesis, crystal structure and spectroscopic studies
ACTA CRYSTALLOGRAPHICA SECTION C-STRUCTURAL CHEMISTRY 2023, 79, 480–490
12. L. Dabos, **J.E. Raczynska**, P. Bogaerts, A. Zavala, D. Girlich, R.A. Bonnin, L. Dortet, A. Perat, P. Ratailleau, B.I. Iorga, **M. Jakolski**, Y. Glupczynski, T. Naas
Structural and Biochemical Features of OXA-517: a Carbapenem and Expanded-Spectrum Cephalosporin Hydrolyzing OXA-48 Variant
ANTIMICROBIAL AGENTS AND CHEMOTHERAPY 2023, 67, e0109522
13. K.F. Dziubek, **M. Jaskolski**, A.B. Wieckowski
O mitach w nauce na kanwie „oryginalnej aparatury Lauego”
NAUKA 2023, 1, 107–121

14. M. Jaskolski

Biologia strukturalna: historia, terażniejszość, perspektywy
NAUKA 2023, 4, 17–36

Prace przyjęte do druku

A. Pyrih, A. Lapinski, S. Zieba, A. Mizera, R. Lesyk, A.K. Gzela, **M. Jaskolski**
Proton tautomerism and stereoisomerism in isomeric 4-(metoxyphenyl)amino-1,3-thiazol-2(5H)-one derivatives: Synthesis, crystal structure and spectroscopic studies
JOURNAL OF MOLECULAR STRUCTURE, DOI: 10.1016/j.molstruc.2023.136748

Projekty realizowane w Zakładzie i Pracowni w 2023 r.

1. 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

2. Poszukiwanie inhibitorów ludzkiej reduktazy δ 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, prof. ICHB PAN

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

Kierownik projektu: dr hab. Miłosz Ruszkowski, prof. ICHB PAN

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

Kierownik projektu: dr Maria Rutkiewicz

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

Kierownik projektu: dr Marta Grzechowiak

Zakład Biologii Strukturalnej Organizmów Prokariotycznych

Kierownik Zakładu: dr hab. Krzysztof Brzeziński, prof. ICHB PAN (1 GRANTY)³¹

Skład osobowy³²

Pracownicy naukowci:

dr hab. Adam Jarmuła (1 STATUT)

dr Piotr Małecki (1 GRANTY)

Pracownicy techniczni:

mgr Marlena Stępniewska (1 GRANTY)

Doktoranci:

mgr Katarzyna Woźniak (stypendium NCN)

mgr Paulina Borysiuk (stypendium NCN)

Temat statutowy Zakładu

Badania strukturalne makromolekuł oraz małowcząsteczkowych związków bioaktywnych (K)
(dr hab. Krzysztof Brzeziński, prof. ICHB PAN)

³¹ W nawiasach podano źródło finansowania pracowników.

³² Stan na 31.12.2023 r.

Opis prowadzonej działalności naukowej finansowanej z subwencji i projektów

Cel badań

Celem zadania było usystematyzowanie i podsumowanie zagadnień dotyczących roli *N*-glikozydowych pochodnych β -D-rybozy w układach biologicznych.

Opis zrealizowanych prac

Analizowano udział *N*-glikozydowych pochodnych β -D-rybozy w biologicznych procesach katalitycznych i przechowywaniu informacji genetycznej, szczególnie w kontekście powstania życia i jego dalszej ewolucji, poprzez świat(y) oparte na RNA, w kierunku podstaw molekularnych życia, które można zaobserwować dzisiaj. Przeanalizowano również możliwe przyczyny, dla których życie wyewoluowało z pochodnych β -D-rybofuranozy, a nie związków opartych na innych resztach cukrowych. Wyniki opublikowano w *Biomolecules*.

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

The research goals

The aim of the research was to systematize and summarize major issues related to the role of *N*-glycosyl derivatives of β -D-ribose in biological systems.

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

The contribution of *N*-glycosyl derivatives of β -D-ribose in biological catalysis and genetic information storage was analyzed, especially in the context of the origin of life and its further evolution, through the RNA-based world(s), toward the molecular basis of life, which can be observed today. Possible reasons why life has arisen from derivatives of β -D-ribofuranose, instead of compounds based on other sugar moieties, were also analyzed. Results presented in *Biomolecules*.

Publikacje

1. **M. Marszałek-Zenczak, A. Satyr, P. Wojciechowski, M. Zenczak, P. Sobieszczanska, K. Brzezinski, T. Ifimenko, M. Figlerowicz, A. Zmienko**
Analysis of Arabidopsis non-reference accessions reveals high diversity of metabolic gene clusters and discovers new candidate cluster members
FRONTIERS IN PLANT SCIENCE 2023, 14, 1104303
2. **P. Drozdal, T. Manszewski, M. Gilski, K. Brzezinski, M. Jaskolski**
Right-handed Z-DNA at ultrahigh resolution: a tale of two hands and the power of the crystallographic method
ACTA CRYSTALLOGRAPHICA SECTION D-STRUCTURAL BIOLOGY 2023, 79, 133–139
3. **K. Wozniak, K. Brzezinski**
Biological Catalysis and Information Storage Have Relied on *N*-Glycosyl Derivatives of beta-D-Ribofuranose since the Origins of Life
BIOMOLECULES 2023, 13, 782
4. A. Hryniewiecka, J. Brezcko, G. Siemaszko, A.N. Papatthanassiou, K. Gora-Marek, K.A. Tarach, **K. Brzezinski**, A. Ilnicka, A.P. Terzyk, K.H. Markiewicz, L. Echegoyen, E. Plonska-Brzezinska
Three-dimensional organization of pyrrolo[3,2-*b*]pyrrole-based triazine framework using nanostructural spherical carbon: enhancing electrochemical performance of materials for supercapacitors
SCIENTIFIC REPORTS 2023, 13, 10737

Prace przyjęte do druku

A. Hryniewiecka, J. Brezcko, G. Siemaszko, **K. Brzezinski**, A. Ilnicka, A. Terzyk, M.E. Plonska-Brzezinska

Rational design of carbon nanocomposites with hierarchical porosity: a strategy to improve capacitive energy storage performance
MATERIALS ADVANCES, DOI: 10.1039/d3ma01003a

Projekty realizowane w Zakładzie w 2023 r.

1. Hamowanie aktywności hydrolazy *S*-adenozyl-*L*-homocysteiny z *Pseudomonas aeruginosa* poprzez wpływ na dynamikę enzymu; (SONATA BIS)³³
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 (0,9 STATUT/0,1 GRANTY)³⁴

Skład osobowy³⁵

Pracownicy naukowci:

- dr hab. Edyta Kościańska (1 STATUT)
- dr Magdalena Jazurek-Ciesiołka (1 GRANTY)
- dr Emilia Kozłowska (1 GRANTY)
- dr Magdalena Woźna-Wysocka (1 GRANTY)

Pracownicy techniczni:

- dr Paweł Joachimiak (0,1 STATUT/0,9 GRANTY)

Doktoranci:

- mgr Weronika Pawlik (stypendium NCN)
- mgr Agata Ciołek (1 STATUT)

Pracownia Modelowych Organizmów Bezkęgowych

(Zmiana nazwy od 1.09.2023 r. – poprzednia nazwa: Pracownia Modelowych Organizmów Zwierzęcych)

Kierownik: dr hab. Agata Tyczewska, prof. ICHB PAN (0,9 STATUT/0,1 GRANTY)³⁶

Pracownicy naukowci:

- dr Daria Sobańska (1 STATUT)

Pracownicy techniczni:

- mgr inż. Kamila Pepłowska (1 STATUT)

Doktoranci:

- mgr Alicja Rzepczak (stypendium NCN)
- mgr Kinga Plawgo (stypendium NCN)
- mgr Ilkin Aygun-Soyalp (stypendium ICHB)

³³ Projekt realizowany w ICHB od 1.10.2020 r.

³⁴ W nawiasach podano źródło finansowania pracowników.

³⁵ Stan na 31.12.2023 r.

³⁶ W nawiasach podano źródło finansowania pracowników.

Temat statutowy Zakładu

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

Zadanie statutowe Pracowni

Zadanie 1: Regulacja posttranskrypcyjna w procesach rozwojowych modelowych organizmów zwierzęcych (K); Pracownia Modelowych Organizmów Bezkręgowych (dr hab. Agata Tyczevska, prof. ICHB PAN), realizowane w ramach Tematu: Charakterystyka mechanizmów molekularnych regulacji ekspresji genów w stanach fizjologicznych i patologicznych w organizmach modelowych (M) (dr hab. Kamilla Grzywacz, prof. ICHB PAN)

Opis prowadzonej działalności naukowej finansowanej z subwencji i projektów

Cel badań

Poznanie mechanizmów molekularnych dotyczących obecności ciągów powtórzeń CAG w określonych transkryptach, ze szczególnym uwzględnieniem zaburzonych mechanizmów w chorobach takich jak choroba Huntingtona (HD), ataksja-rdzeniowo-mózdkowa typu 3 (SCA3) i zanik jądra zębatego, jądra czerwienno i jądra niskowzgórzowego (DRPLA).

Opis zrealizowanych prac

Kontynuowano realizację projektu OPUS, w ramach którego m.in. generowano linie komórkowe ze zróżnicowaną długością ciągów CAG w genie *ATN1*, związanym z chorobą DRPLA. Sfinalizowano publikacją allelo-specyficzne analizy transkryptów związanych z HD i SCA3. W ramach projektu SONATA dokonano identyfikacji białek i RNA mogących brać udział w RAN translacji w SCA3. Z kolei w zakończonym w 2023 roku Diamentowym Grantie, w badaniach prowadzonych w kontekście DRPLA, wykazano zmiany w poziomie ekspresji wybranych genów w zestawie otrzymanych linii ludzkich prekursorów neuronalnych. Opublikowano pracę przeglądową dotyczącą funkcji i dysfunkcji atrofiny-1, kodowanej przez gen ulegający mutacji w DRPLA. Ponadto zakończono analizy: (i) wyników charakterystyki molekularnej i behawioralnej nowych modeli mysich HD oraz (ii) wyników RNA-Seq zestawu izogenicznych linii komórkowych z różnymi wariantami genów odpowiedzialnych za HD i SCA3. Manuskrypty są w opracowywaniu.

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

The research goals

Understanding the molecular mechanisms related to the presence of repeat sequences in specific transcripts, with particular emphasis on impaired mechanisms in diseases such as Huntington's disease (HD), spinocerebellar ataxia type 3 (SCA3) and dentatorubral-pallidoluysian atrophy (DRPLA).

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

The OPUS project was continued, and, i.a., cell lines were generated with different lengths of CAG tracts in the *ATN1* gene, associated with DRPLA disease. Allele-specific analyzes of transcripts associated with HD and SCA3 have been finalized. In the SONATA project the identification of proteins and RNAs that may be involved in RAN translation in SCA3, was performed. In the completed in 2023 Diamond Grant in research conducted in the context of DRPLA, changes in the expression level of selected genes in the set of human neural precursor lines was demonstrated. A review has been published on the function and dysfunction of atrophin-1, encoded by the gene mutated in DRPLA. In addition, the analyzes were completed for: (i) the results of the molecular and behavioral characterization of new HD mouse models and (ii) the RNA-Seq results of a set of isogenic cell lines with different variants of the genes responsible for HD and SCA3. Manuscripts are in preparation.

Publikacje

1. **P. Joachimiak, A. Ciesiolka, E. Kozłowska, P.M. Switoncki, G. Figura, A. Ciolak, G. Adamek, M. Surdyka, Z. Kalinowska-Poska, M. Figiel, N.S. Caron, M.R. Hayden, A. Fiszer**
Allele-specific quantitation of ATXN3 and HTT transcripts in polyQ disease models
BMC BIOLOGY 2023, 21, 17
2. **M. Piwecka, A. Fiszer, K. Rolle, M. Olejniczak**
RNA regulation in brain function and disease 2022 (NeuroRNA): A conference report
FRONTIERS IN MOLECULAR NEUROSCIENCE 2023, 16, 1133209
3. **B. Nowak, E. Kozłowska, W. Pawlik, A. Fiszer**
Atrophia-1 Function and Dysfunction in Dentatorubral-Pallidoluysonian Atrophy
MOVEMENT DISORDERS 2023, 38, 526–536
4. **A. Fiszer**
All roads lead to cure: Diversity of oligonucleotides in DM1 therapy
MOLECULAR THERAPY – NUCLEIC ACIDS 2023, 32, 898–899
5. **A. Tyczewska, T. Twardowski, E. Wozniak-Gientka**
Agricultural biotechnology for sustainable food security
TRENDS IN BIOTECHNOLOGY 2023, 41, 331–341
6. **A. Tyczewska, A. Rzepczak, D. Sobanska, K. Grzywacz**
The emerging roles of tRNAs and tRNA-derived fragments during aging: Lessons from studies on model organisms
AGEING RESEARCH REVIEWS 2023, 85, 101863
7. **A. Tomkowiak, R. Bobrowska, M. Kwiatek, J. Spychala, J. Kuczynski, A. Tyczewska, P.L. Kowalczewski, D. Wieg, T. Kosiada**
Analysis of miRNA expression associated with gene Lr34 responsible for resistance mechanisms to wheat leaf rust
PAKISTAN JOURNAL OF BOTANY 2023, 55, 379–385
8. **E. Wozniak-Gientka, A. Tyczewska**
Genome editing in plants as a key technology in sustainable bioeconomy
EFB BIOECONOMY JOURNAL 2023, 3, 100057
9. **A. Tyczewska, K. Grzywacz**
tRNA-derived fragments as new players in regulatory processes in yeast
YEAST 2023, 40, 283–289
10. **I. Aygun, A. Rzepczak, T.S. Miki**
A germline-targeted genetic screen for xrn-2 suppressors identifies a novel gene C34C12.2 in *Caenorhabditis elegans*
GENETICS AND MOLECULAR BIOLOGY 2023, 46, e20220328

Prace przyjęte do druku

1. **I. Aygun, J. Barciszewski**
The forerunners and successful partnerships behind the BioNTech mRNA vaccine
JOURNAL OF APPLIED GENETICS, DOI: 10.1007/s13353-023-00793-5
2. **M. Pawlak, J. Walecka, A. Tyczewska, K. Grzywacz**
Biologiczne wspomaganie leczenia ortopedycznego
POSTĘPY BIOCHEMII, DOI: 10.18388/pb.2021_505

Projekty realizowane w Zakładzie i Pracowni w 2023 r.

1. Funkcja i dysfunkcja ciągów powtórzeń w transkryptach niekodujących i kodujących białka; (OPUS)
Kierownik projektu: dr hab. Agnieszka Fiszer, prof. ICHB PAN
2. Translacja inicjowana na powtórzonych sekwencjach CAG w ataksji rdzeniowo-mózdkowej typu 3; (SONATA)

Kierownik projektu: dr Magdalena Jazurek-Ciesiołka

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

Kierownik projektu: inż. Bartosz Nowak

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

Kierownik projektu: dr hab. Agnieszka Fiszer, prof. ICHB PAN, dr Monika Piwecka, dr hab. Marta Olejniczak, prof. ICHB PAN, dr hab. Katarzyna Rolle, prof. ICHB PAN

6. Krótkie RNA pochodzące z tRNA (tRF) jako reagujące na stres cząsteczki regulatorowe u soi; (OPUS)

Kierownik projektu: dr hab. Agata Tyczewska, prof. ICHB PAN

Zakład Chemii Biopolimerów

Kierownik Zakładu: dr hab. Marcin K. Chmielewski, prof. ICHB PAN (1 STATUT) ³⁷

Skład osobowy³⁸

Pracownicy naukowcy:

dr Stanisław Trzeciński (0,6 STATUT/0,4 GRANTY)

mgr Joanna Strzelec (1 GRANTY)

Pracownicy techniczni:

dr Jolanta Brzezińska (1 GRANTY)

dr Magdalena Paluch (1 GRANTY)

mgr inż. Dominika Krygier (0,6 STATUT/0,4 GRANTY)

mgr Natalia Stępczyńska (1 GRANTY)

Temat statutowy Zakładu

Synteza i analityka modyfikowanych biopolimerów (K) (dr hab. Marcin K. Chmielewski, prof. ICHB PAN)

Opis prowadzonej działalności naukowej finansowanej z subwencji i projektów

Cel badań

Celem prowadzonych badań była chemiczna synteza oraz charakterystyka modyfikowanych biopolimerów, takich jak kwasy nukleinowe, peptydy czy policukry oraz znalezienie struktur o potencjalnie nowych zastosowaniach w chemicznej syntezie lub o nowych właściwościach przydatnych w aplikacjach biologicznych. Badania obejmowały: (i) nowe termowrażliwe polimery i wykorzystanie policukrów (np. chityny) oraz ich chemiczne modyfikacje do celów przemysłowych; (ii) przygotowywanie terapeutycznych oligonukleotydów opartych o nowe połączenia fosforanowe oraz trójfosforanowe (5'-fosforylacja i 5' tiofosforylacja) kwasów nukleinowych; (iii) projektowanie syntezy chemicznych łączników nadających nowe cechy kwasom nukleinowym (tworzenie struktur DNA Origami) oraz uniwersalnych łączników do chemicznej syntezy kwasów nukleinowych.

Opis zrealizowanych prac

1. Przeprowadzono analizę widm FT-IR, UV-vis i ¹H NMR izokonazolu i bifonazolu i porównano z obliczeniami teorii funkcjonału gęstości (DFT). Wyniki porównano z wcześniejszymi danymi dotyczącymi ich analogu, posakonazolu. Analiza obliczonych widm IR z wykorzystaniem

³⁷ W nawiasach podano źródło finansowania pracowników.

³⁸ Stan na 31.12.2023 r.

funkcjonałów CAM-B3LYP (izokonazol) lub B3LYP (bifonazol) wykazywała dobrą zgodność z eksperymentalnym widmem IR. Najlepszą zgodność między eksperymentalnymi i teoretycznymi widmami UV zaobserwowano przy użyciu funkcyjonałów B3LYP lub wB97XD. Wyniki opublikowano w *International Journal of Molecular Sciences*.

2. Opracowano koncepcję oraz przeprowadzono syntezę nowych polimerów reagujących na temperaturę i pH, których konstrukcja jest oparta na monomerach pirydino-2-ylowych. Syntezę przeprowadzono metodą polimeryzacji rodnikowej kontrolowanej odwracalnym przenoszeniem łańcucha przez addycyjną fragmentację (RAFT). Wyniki opublikowano w *European Polymer Journal*.
3. Opracowano koncepcję nowych podłoży hybrydowych do syntezy kwasów nukleinowych. Ich konstrukcja opiera się na wykorzystaniu szkła o kontrolowanych porach, w których osadzono poliaminowe polimery kowalencyjnie związane z podłożem szklanym. Przygotowano także aktualny przegląd literaturowy dotyczący najnowszych koncepcji oraz publikacji w syntezie kwasów nukleinowych na fazie stałej, ciekłej i hybrydowej. Wyniki opublikowano w *Bio-organic Chemistry*.
4. Opracowano metodę fosforylacji oligonukleotydów przy użyciu termoczułego „wyzwalacza”. Odzyskiwanie fosforanu zachodziło wyłącznie w warunkach neutralnych po wystawieniu na działanie podwyższonej temperatury. Dwie identyczne termolabilne grupy ochronne były usuwane w różny sposób, przy czym pierwsza była uwalniana szybko, a druga wolniej. Wolniejsza deprotekcja drugiej grupy umożliwiła opracowanie metody oczyszczania 5'-fosforylowanych oligonukleotydów, zwaną metodą TPG-on. Całkowitą deprotekcję można szybko osiągnąć za pomocą mikrofal, w przeciwieństwie do konwencjonalnego ogrzewania. Wyniki zaprezentowano w manuskrypcie przygotowanym do publikacji.

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

The research goals

The goal of the research was the chemical synthesis and characterization of modified biopolymers such as nucleic acids, peptides and polysaccharides, to find structures with potentially new applications in chemical synthesis or with new properties useful for biological applications. Among other, research encompassed: (i) new thermosensitive polymers and the use of polysaccharides, such as chitins, and their chemical modifications for commercial purposes; (ii) preparing the therapeutic oligonucleotides based on new phosphate and triphosphate linkages (5'-phosphorylation and 5' thiophosphorylation) of nucleic acids; (iii) designing the synthesis of chemical linkers, giving new features to nucleic acids (formation of DNA Origami structures), and universal linkers for the chemical synthesis of nucleic acids.

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

1. FT-IR, UV-vis and ¹H NMR spectra of isoconazole and bifonazole were analyzed and compared with density functional theory (DFT) calculations. The results were compared with previous data for their analog, posaconazole. Analysis of calculated IR spectra using CAM-B3LYP (isoconazole) or B3LYP (bifonazole) functionalities shows good compliance with experimental IR spectra. The best compliance between experimental and theoretical UV spectra was observed using B3LYP or wB97XD functionalities. Results presented in: *International Journal of Molecular Sciences*.
2. The concept and synthesis of new temperature- and pH-responsive polymers, which structure is based on pyridin-2-yl monomers was developed. The synthesis of these materials was performed using radical polymerization, controlled by reversible chain transfer by addition fragmentation (RAFT). Results presented in: *European Polymer Journal*.
3. The concept of new hybrid substrates for the synthesis of nucleic acids has been developed. Their design is based on the use of glass with controlled pores, in which polyamine polyamines

covalently bonded to the glass substrate are deposited. An overview of the current literature review of the most recent concepts and publications in the synthesis of nucleic acids on solid, liquid and hybrid phases was also prepared. Results presented in: *Bioorganic Chemistry*.

4. A method for phosphorylation of oligonucleotides using a thermosensitive "trigger" has been developed. Phosphate recovery occurred only under neutral conditions after exposure to elevated temperatures. Two identical thermolabile protecting groups were removed differently, with the first being released rapidly and the second more slowly. This slower deprotection of the second group led to the development of a method for purifying 5'-phosphorylated oligonucleotides by the TPG-on method. Complete deprotection can be achieved quickly using microwaves, as opposed to conventional heating. Results presented in a manuscript prepared for publication.

Publikacje

1. 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 2023, 24, 520
2. **M. Paluch**, D.R. Wang, M.R. Buchmeiser, **M.K. Chmielewski**
Pyridin-2-yl-substituted smart polymers sensitive to thermally triggered side group cyclization
EUROPEAN POLYMER JOURNAL 2023, 186, 111865
3. **J. Brzezinska**, **S. Trzcinski**, **J. Strzelec**, **M.K. Chmielewski**
From CPG to hybrid support: Review on the approaches in nucleic acids synthesis in various media
BIOORGANIC CHEMISTRY 2023, 140, 106806

Projekty realizowane w Zakładzie w 2023 r.

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

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

Zakład Chorób Rzadkich

Kierownik Zakładu: dr hab. Marzena Wojciechowska, prof. ICHB PAN (0,8 STATUT/0,2 GRANTY)³⁹

Skład osobowy⁴⁰

Doktoranci:

mgr Arvind Srinivasan (stypendium NCN)

Temat statutowy Zakładu

Poszukiwanie nowych biomarkerów i podejść terapeutycznych w chorobach rzadkich człowieka (M) (dr hab. Marzena Wojciechowska, prof. ICHB PAN)

³⁹ W nawiasach podano źródło finansowania pracowników.

⁴⁰ Stan na 31.12.2023 r.

Opis prowadzonej działalności naukowej finansowanej z subwencji i projektów

Cel badań

Badania patomechanizmu 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 2023 objęła realizację trzech grantów NCN: (i) „Wyjaśnienie molekularnych przyczyn i skutków podwyższonego poziomu ekspresji kolistych RNA w dystrofii mięśniowej typu pierwszego (DM1)”; (ii) „Wysokoprzepustowe testy przesiewowe w celu wyselekcjonowania niskocząsteczkowych związków chemicznych osłabiających patogenezę dystrofii miotonicznej typu drugiego (DM2)”; oraz (iii) „Niekanoniczny splicing pre-mRNA jest zaangażowany w edytowanie zmutowanego allelu CNBP w dystrofii mięśniowej typu drugiego (DM2)”. W ramach pierwszego grantu przygotowywano manuskrypty publikacji opisujące koliste RNA w tkankach pacjentów DM1 oraz w mysim modelu tej choroby. W ramach drugiego projektu przeprowadzono wysokoprzepustowe testy przesiewowe bibliotek niskocząsteczkowych związków chemicznych w ludzkich fibroblastach DM2 oraz wyselekcjonowano związki o największym potencjale terapeutycznym. Ponadto w ramach współpracy z brytyjskim partnerem powstał manuskrypt zatytułowany „Regulation of Toxic RNA Foci and Mutant DMPK Transcripts: Role of MBNL Proteins and RNA Decay Pathways”, który zostanie wysłany do recenzji w Human Molecular Genetics. W ramach trzeciego grantu przeprowadzono analizy bioinformatyczne wyników sekwencjonowania RNA-seq z mięśni szkieletowych, mózgu oraz krwi od pacjentów DM2 w celu analiz retencji intronów.

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 2023 involved implementation of three NCN grants: (i) “Deciphering the molecular causes and consequences of circular RNAs elevated expression levels in myotonic dystrophy type 1 (DM1)”; (ii) “Cell-based high-throughput screening for small-molecule compounds diminishing molecular markers of pathogenesis in myotonic dystrophy type 2 (DM2)”; and (iii) Non-canonical pre-mRNA splicing participates in the editing of CNBP mutant allele in myotonic dystrophy type 2 (DM2). Under the first grant, work aimed at finalizing the manuscripts describing circular RNAs in tissues from DM1 patients and mouse model of the disease. In the second grant, high throughput screening of small-molecule compounds was performed in human DM2 fibroblasts, as well as selection of compounds with the highest therapeutic potential. Also, in collaboration with a British partner we prepared a manuscript entitled „Regulation of Toxic RNA Foci and Mutant DMPK Transcripts: Role of MBNL Proteins and RNA Decay Pathways” which will be submitted to the Human Molecular Genetics. Under the third grant, the RNA-seq data from skeletal muscles, brain and blood from DM2 patients were analysed for the introns retention study.

Projekty realizowane w Zakładzie w 2023 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, prof. ICHB PAN
2. Wysokoprzepustowe testy przesiewowe w celu wyselekcjonowania niskocząsteczkowych związków chemicznych osłabiających patogenezę dystrofii miotonicznej typu drugiego (DM2); (OPUS)
Kierownik projektu: dr hab. Marzena Wojciechowska, prof. ICHB PAN
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, prof. ICHB PAN

Zakład Genomiki Roślin

Kierownik Zakładu: dr hab. Agnieszka Żmieńko, prof. ICHB PAN (0,9 STATUT/0,1 GRANTY)⁴¹

Skład osobowy⁴²

Pracownicy techniczni:

dr hab. Aleksandra Świercz (0,5 STATUT)

Doktoranci:

mgr inż. Anastasiia Satyr (stypendium ICHB)

mgr Paulina Poniatowska (stypendium NCN)

Temat statutowy Zakładu

Identyfikacja i badanie roli wariantów strukturalnych w modelowych genomach roślinnych (K)
(dr hab. Agnieszka Żmieńko, prof. ICHB PAN)

Opis prowadzonej działalności naukowej finansowanej z subwencji i projektów

Cel badań

Identyfikacja złożonych wariantów strukturalnych w modelowych organizmach roślinnych.

Opis zrealizowanych prac

Kontynuując badania z zastosowaniem krótkich odczytów dla populacji z projektu 1001 Genomów *Arabidopsis thaliana* wykonano kompleksową analizę zmian strukturalnych w obrębie tzw. metabolicznych klastrów genów oraz genów mikroRNA, skupiając się w szczególności na wariantach liczby kopii. Wyniki tych badań opublikowano w recenzowanych czasopismach w postaci dwóch artykułów. Równolegle rozwijano nowe podejście, polegające na analizie zmian strukturalnych w oparciu o składanie *de novo* długich odczytów. Zapoczątkowano również analizy polimorfizmu genetycznego innej rośliny modelowej *Medicago truncatula*. W 2023 r. objęły one bioinformatyczną identyfikację duplikacji i delecji w >150 ekotypach w oparciu o analizy krótkich odczytów oraz przetestowanie algorytmów do identyfikacji miejsc insercji transpozonów w oparciu o te odczyty. Uzyskane wyniki przyczyniają się do lepszego poznania zależności między strukturą, a funkcją genomu.

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

The research goals

Identification of complex structural variants in model plant organisms.

⁴¹ W nawiasach podano źródło finansowania pracowników.

⁴⁰ Stan na 31.12.2023 r.

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

Continuing the research based on short read analysis for the 1001 *Arabidopsis thaliana* accessions a comprehensive structural variation analysis within the so-called metabolic gene clusters and microRNA genes was performed, with the special focus on copy number variants. The results of this research were published in two papers in peer-reviewed journals. In parallel, a new approach based on structural variant identification, using *de novo* assemblies generated from long reads, has been developed. The analyses of the genetic polymorphism in another model plant, *Medicago truncatula*, have been also initiated. In 2023, these analyses included bioinformatic identification of duplications and deletions in >150 ecotypes, based on short reads and testing algorithms for identifying transposable element insertions in these data. The results contribute to a better understanding of the relationship between the structure and function of the genome.

Publikacje

1. **M. Marszałek-Zenczak, A. Satyr, P. Wojciechowski, M. Zenczak, P. Sobieszczanska, K. Brzezinski, T. Ifimenko, M. Figlerowicz, A. Zmienko**
Analysis of Arabidopsis non-reference accessions reveals high diversity of metabolic gene clusters and discovers new candidate cluster members
FRONTIERS IN PLANT SCIENCE 2023, 14, 1104303
2. **A. Samelak-Czajka, P. Wojciechowski, M. Marszałek-Zenczak, M. Figlerowicz, A. Zmienko**
Differences in the intraspecies copy number variation of Arabidopsis thaliana conserved and nonconserved miRNA genes
FUNCTIONAL & INTEGRATIVE GENOMICS 2023, 23, 120
3. **A. Zmienko, P. Wojciechowski, M. Figlerowicz**
Editorial: Resolving the complexity of plant genomes and transcriptomes with long reads, volume II
FRONTIERS IN PLANT SCIENCE 2023, 14, 1326500
4. A. Marchwicka, K. Nowak, **A. Satyr**, D. Wolowiec, E. Marcinkowska
Immuno-Stimulating Activity of 1,25-Dihydroxyvitamin D in Blood Cells from Five Healthy People and in Blasts from Five Patients with Leukemias and Pre-Leukemic States
INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES 2023, 24, 6504

Projekty realizowane w Zakładzie w 2023 r.

Rola transpozonów i epigenetycznej regulacji ekspresji genów w procesie wykształcania brodawek korzeniowych u *Medicago truncatula*; (PRELUDIUM BIS)
Kierownik projektu: dr hab. Agnieszka Żmieńko, prof. ICHB PAN

Zakład Inżynierii Genomowej

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

Skład osobowy⁴⁴

Pracownicy naukowci:

dr Magdalena Dąbrowska (0,8 STATUT/0,2 GRANTY)

dr Marta Kazimierska (1 GRANTY)

dr Anna Kotowska-Zimmer (0,65 STATUT/0,35 GRANTY)

⁴³ W nawiasach podano źródło finansowania pracowników.

⁴⁴ Stan na 31.12.2023 r.

Pracownicy techniczni:

mgr Anna Misiukiewicz (1 GRANTY)

Doktoranci:

mgr inż. Mateusz Nowaczyk (STATUT/0,35 GRANTY)

mgr Marianna Pewińska (stypendium NCN)

mgr Marianna Śmiełowska (stypendium NCN)

Magistranci:

Julia Skoracka (stypendium NCN)

Pracownia Analiz Struktur Subkomórkowych

Kierownik: prof. dr hab. Eliza Wyszko (1 STATUT)⁴⁵

Pracownicy naukowci:

dr hab. Małgorzata Giel-Pietraszuk, prof. ICHB PAN (1 STATUT)

Pracownicy techniczni:

dr Agnieszka Fedoruk-Wyszomirska (1 STATUT)

dr Dorota Gurda-Woźna (1 STATUT)

Doktoranci:

mgr Paweł Pawelczak (stypendium ICHB)

Temat statutowy Zakładu

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

Zadanie statutowe Pracowni

Zadanie 2: *Przeciwwzapalny efekt związków małowcząsteczkowych w organizmach modelowych i liniach komórkowych (N)*; Pracownia Analiz Struktur Subkomórkowych (prof. dr hab. Eliza Wyszko), w ramach Tematu: Charakterystyka mechanizmów molekularnych regulacji ekspresji genów w stanach fizjologicznych i patologicznych w organizmach modelowych (M) (dr hab. Kamilla Grzywacz, prof. ICHB PAN)

Opis prowadzonej działalności naukowej finansowanej z subwencji i projektów

Cel badań

1. Zbadanie efektywności oraz bezpieczeństwa cząsteczki terapeutycznej amiR-136-12A, celującej w powtórzenia CAG w genie *HTT*.
2. Analiza mechanizmów odpowiedzialnych za naprawę dwuniciowych pęknięć DNA w genie *HTT*.

Opis zrealizowanych prac

1. Zakończono testowanie cząsteczki terapeutycznej amiR-136-12A w mysim modelu choroby Huntingtona (HD). Określono dystrybucję wirusa w mózgu poprzez sprawdzenie liczby kopii genomu wirusowego. Potwierdzono allelo-selektywność amiR-136-12A oraz jej efektywność w wyciszaniu huntingtyny w mózgu. Nie zaobserwowano toksyczności reagentu przez 30 tygodni po iniekcji oraz istotnych zmian w poziomie ekspresji genów, będących potencjalnymi miejscami niespecyficznego wiązania cząsteczki (off-target). Odnotowano także spadek poziomu białka NFL w serum 30 tygodni po iniekcji, co potwierdziło bezpieczeństwo cząsteczki terapeutycznej.
2. Wykazano, że lokalizacja miejsca pęknięcia DNA i sekwencja otaczająca wpływają na wynik naprawy DNA. Pęknięcia w obrębie zmutowanej sekwencji CAG powodują skrócenie ciągu w ramce w ~90% produktów, w wyniku mechanizmu obejmującego aktywność MRE11-CTIP i RAD51 oraz rozległą resekcję końców DNA sięgającą ~5000 pz. Pęknięcia DNA zlokalizowane

⁴⁵ Stan na 31.12.2023 r.

powyżej powtórzeń CAG indukuje łączenie końców za pośrednictwem polimerazy theta, co skutkuje usunięciem całego ciągu CAG. W wyniku analiz proteomicznych zidentyfikowano nowe czynniki, które mogą brać udział w naprawie sekwencji CAG.

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

The research goals

1. Testing the effectiveness and safety of the therapeutic molecule amiR-136-12A, targeting CAG repeats in the *HTT* gene.
2. Analysis of the mechanisms responsible for the repair of double-stranded DNA breaks in the *HTT* gene.

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

1. Testing of the amiR-136-12A therapeutic molecule in a mouse model of Huntington's disease (HD) has been completed. The distribution of the virus in the brain was determined by checking the viral genome copy number. The allelo-selectivity of amiR-136-12A and its effectiveness in silencing huntingtin in the brain were confirmed. No toxicity of the reagent was observed for 30 weeks after injection and no significant changes in the level of gene expression, which are potential sites of non-specific binding of the molecule (off-target). There was also a decrease in serum NFL protein levels 30 weeks after injection, confirming the safety of the therapeutic molecule.
2. The location of the DNA break site and the surrounding sequence have been shown to influence the outcome of DNA repair. DNA breaks within the CAG sequence cause in-frame CAG shortening in ~90% of products, by a mechanism involving MRE11-CTIP and RAD51 activity and extensive resection of DNA ends reaching ~5000 bp. A DNA break located upstream of the CAG repeats induces polymerase theta -mediated end joining, resulting in the removal of the entire CAG sequence. As a result of proteomic analyses, new factors were identified that may be involved in the repair of CAG sequences.

Publikacje

1. **M. Piwecka, A. Fiszer, K. Rolle, M. Olejniczak**
RNA regulation in brain function and disease 2022 (NeuroRNA): A conference report
FRONTIERS IN MOLECULAR NEUROSCIENCE 2023, 16, 1133209
2. **M. Kazimierska**, M. Podralska, M. Zurawek, T. Wozniak, M.E. Kasprzyk, W. Sura, W. Losiewski, I. Ziolkowska-Suchanek, J. Kluiver, A. van der Berg, N. Rozwadowska, A. Dzikiewicz-Krawczyk
CRISPR/Cas9 screen for genome-wide interrogation of essential MYC-bound E-boxes in cancer cells
MOLECULAR ONCOLOGY 2023, 17, 2295–2313
3. S. Rykowski, **D. Gurda-Wozna, A. Fedoruk-Wyszomirska, M. Orlicka-Plocka, A. Kowalczyk, P. Staczek, M. Denel-Bobrowska, K. Biniek-Antosiak, W. Rypniewski, E. Wyszko**, A.B. Olejniczak
Carboranyl-1,8-naphthalimide intercalators induce lysosomal membrane permeabilization and ferroptosis in cancer cell lines
JOURNAL OF ENZYME INHIBITION AND MEDICINAL CHEMISTRY 2023, 38, 2171028
4. A.M. Barciszewska, **A. Belter, I. Gawronska, M. Giel-Pietraszuk, M.Z. Naskret-Barciszewska**
Juglone in Combination with Temozolomide Shows a Promising Epigenetic Therapeutic Effect on the Glioblastoma Cell Line
INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES 2023, 24, 6998

Prace przyjęte do druku

M. Kazimierska, A. Lesniewska, A. Bakker, A. Diepstra, M.E. Kasprzyk, M. Podralska K. Rassek, J. Klulver, A. van der Berg, N. Rozwadowska, A. Dzikiewicz-Krawczyk
Inhibition of the glutamate-cysteine ligase catalytic subunit with buthionine sulfoximine enhances the cytotoxic effect of doxorubicin and cyclophosphamide in Burkitt lymphoma cells
JOURNAL OF APPLIED GENETICS, DOI: 10.1007/s13353-023-00797-1

Projekty realizowane w Zakładzie i Pracowni w 2023 r.

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

Kierownik projektu: dr hab. Marta Olejniczak, prof. ICHB PAN

2. Poszukiwanie nowych celów terapeutycznych w chorobach poliglutaminowych; (OPUS)

Kierownik projektu: dr hab. Marta Olejniczak, prof. ICHB PAN

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

Kierownik projektu: dr hab. Marta Olejniczak, prof. ICHB PAN

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

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

Kierownik projektu: dr hab. Agnieszka Fiszer, prof. ICHB PAN, dr Monika Piwecka, dr hab. Marta Olejniczak, prof. ICHB PAN, dr hab. Katarzyna Rolle, prof. ICHB PAN

8. Mikroskopowa identyfikacja białek zaangażowanych w naprawę DNA w regionach powtórzeń CAG; (PRELUDIUM)

Kierownik projektu: mgr Mateusz Nowaczyk

9. Znaczenie polimorfizmu długości ciągów CAG w patogenezie chorób nowotworowych; (PERŁY NAUKI)

Kierownik projektu: mgr Marianna Śmiełowska

10. Właściwości przeciwstarzeniowe 4-N-furfurylocytozyny w zróżnicowanych wiekowo komórkach eukariotycznych, drożdżach oraz mysim modelu starzenia; (OPUS)

Kierownik projektu: prof. dr hab. Eliza Wyszko

Zakład Neurobiologii Molekularnej

Kierownik Zakładu: dr hab. Maciej Figiel, prof. ICHB PAN (0,7 STATUT/0,3 GRANTY)⁴⁶

Skład osobowy⁴⁷

Pracownicy naukowci:

dr inż. Magdalena Surdyka (0,1 STATUT/0,9 GRANTY)

Pracownicy techniczni:

mgr inż. Karolina Świtońska-Kurkowska (1 GRANTY)

⁴⁶ W nawiasach podano źródło finansowania pracowników.

⁴⁷ Stan na 31.12.2023 r.

Doktoranci:

mgr inż. Żaneta Kalinowska-Pośka (stypendium ICHB)

mgr inż. Jakub Kubiś (stypendium ICHB)

mgr Łukasz Skibiński (stypendium NCN)

Temat statutowy Zakładu

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

Opis prowadzonej działalności naukowej finansowanej z subwencji i projektów

Cel badań

1. Definiowanie nowych mechanizmów neurodegeneracji na różnych etapach choroby, objawiających się zmianami w rozwoju, fizjologii i starzeniu mózgu obciążonego chorobą Huntingtona (HD) lub ataksją rdzeniowo-mózdkową typu 3 (SCA3).
2. Testowanie strategii terapeutycznej celującej w wydłużone ciągi CAG w mysich modelach chorób poliQ.
3. Badanie wyciszania genu CYP46A1 w SCA3.
4. Przygotowanie bazy danych i oprogramowania do projektowania terapii genetycznych opartych o wektory wirusowe oraz do projektowania szczepionek mRNA.
5. Przygotowanie danych z wykorzystaniem opracowanego w Zakładzie oprogramowania oraz wykonanie wstępnej analizy z wykorzystaniem algorytmów sztucznej inteligencji w celu wykrycia wczesnych zmian fenotypowych w rozdzielczości subkomórkowej w mózdku myszy chorych na SCA3.

Opis zrealizowanych prac

1. Zidentyfikowano zmiany w populacjach komórek uczestniczących w rozwoju mózgu HD, zarówno w ludzkich organoidach mózgowych, jak i w mózгах embrionalnych mysiego modelu HD. Zidentyfikowano subpopulację komórek kory nowej – będącą populacją komórek splotu naczyniówkowego, jako ściśle związaną z młodzieńczą formą HD.
2. Zidentyfikowano dwa reagenty shRNA dostarczane drogą iniekcji systemowych w wektorze wirusowym AAV-PHP.eB, wykazujące terapeutyczne oddziaływanie w mysim modelu HD i SCA3.
3. Wykazano związek wyciszania genu CYP46A z polepszeniem zmian fenotypowych SCA3 w modelu Ki150, wskazujący na potencjalnie terapeutyczne znaczenie celowania w gen CYP46A1 w tej chorobie.
4. Stworzono oprogramowanie i bazy danych umożliwiające łatwe projektowanie terapii genetycznych i szczepionek mRNA w celu szybkiej odpowiedzi na potencjalne choroby epidemiologiczne i cywilizacyjne.
5. Opracowano nowe oprogramowanie i wykorzystano je do wstępnej analizy około 100 000 zdjęć mikroskopowych, które przekazano do dalszej analizy przez algorytmy uczenia maszynowego (AI).

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

The research goals

1. 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).
2. Testing a therapeutic strategy targeting expanded CAG repeats in mouse models of polyQ disease.
3. Investigation of the CYP46A1 gene silencing in spinocerebellar ataxia type 3.
4. Preparation of a database and software for designing genetic therapies based on viral vectors and designing mRNA vaccines.

5. Development of new software for analysis of microscopic images of mouse cerebellum and performing a preliminary analysis of these images to enable their further analysis by artificial intelligence algorithms, and detecting early phenotypic changes at subcellular resolution in the cerebellum of mice suffering from SCA3.

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

1. Changes in cell populations have been identified in human cerebral organoids as models of developing HD brains and in the embryonic brains of mouse models of HD. A subpopulation of the neocortical cells has been identified and attributed as the choroid plexus cell population, closely related to the juvenile form of HD.
2. Two shRNA reagents were identified that demonstrated therapeutic mutant HTT silencing in mouse Huntington's disease model brain. The reagents were delivered over the blood-brain barrier into the brain by systemic injection in the AAV-PHP.eB viral vector.
3. CYP46A gene silencing was demonstrated to ameliorate SCA3 phenotypic changes in the Ki150 model, indicating the potentially therapeutic potential of the CYP46A1 gene targeting in this disease.
4. Software and databases were created to enable an easy design of genetic therapies and mRNA vaccines to respond quickly to potential epidemiological threats and civilization diseases.
5. New software was developed and used for the initial analysis of approximately 100 000 microscopic images, which were then submitted for further analysis by machine learning algorithms (AI).

Publikacje

1. **P. Joachimiak, A. Ciesiolka, E. Kozłowska, P.M. Switonski, G. Figura, A. Ciolak, G. Adamek, M. Surdyka, Z. Kalinowska-Poska, M. Figiel, N.S. Caron, M.R. Hayden, A. Fiszer**
Allele-specific quantitation of ATXN3 and HTT transcripts in polyQ disease models
BMC BIOLOGY 2023, 21, 17
2. **P. Piasecki, K. Wiatr, M. Ruszkowski, L. Marczak, Y. Trottier, M. Figiel**
Impaired interactions of ataxin-3 with protein complexes reveals their specific structure and functions in SCA3 Ki150 model
FRONTIERS IN MOLECULAR NEUROSCIENCE 2023, 16, 1122308

Projekty realizowane w Zakładzie w 2023 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, prof. ICHB PAN
2. Badanie nowej strategii terapeutycznej zmierzającej do obniżenia zmutowanego białka w SCA3/MJD; (OPUS)
Kierownik projektu: dr hab. Maciej Figiel, prof. ICHB PAN
3. Adaptacyjne wielopoziomowe inteligentne zarządzanie danymi dla systemów eksaskalowych; (EuroHPC Joint Undertaking) – 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, prof. ICHB PAN
4. Mechanizmy molekularne terapeutycznych podejść żywieniowych w neurodegeneracji; (JPND Call 2022)
Kierownik projektu: dr hab. Maciej Figiel, prof. ICHB PAN

Zakład Neuroonkologii Molekularnej

Kierownik Zakładu: dr hab. Katarzyna Rolle, prof. ICHB PAN (1 STATUT)⁴⁸

Skład osobowy⁴⁹

Pracownicy naukowi:

dr Julia Misiorek (0,5 STATUT/0,5 GRANTY)

dr Dariusz Wawrzyniak (0,5 STATUT/0,5 GRANTY)

Pracownicy techniczni:

dr inż. Paweł Głodowicz (1 GRANTY)

Doktoranci:

mgr inż. Julia Latowska-Łysiak (1 GRANTY)

mgr Adriana Grabowska (stypendium NCN)

mgr Żaneta Zarębska

Profesorowie afiliowani:

prof. dr hab. Jan Barciszewski

Pracownia Modelowych Organizmów Ssaczych

Kierownik: dr Łukasz Przybył (0,625 STATUT/0,375 GRANTY)⁵⁰

Pracownicy techniczni:

mgr inż. Dorota Wronka (0,55 STATUT/0,45 GRANTY)

mgr Anna Karlik (1 GRANTY)

Temat statutowy Zakładu

Rola RNA w mechanizmach inwazji komórek nowotworowych guzów mózgu (N);

(dr hab. Katarzyna Rolle, prof. ICHB PAN)

Zadanie: Immunologia w badaniach przedklinicznych (N); *Pracownia Modelowych Organizmów Ssaczych (dr Łukasz Przybył)*

Opis prowadzonej działalności naukowej finansowanej z subwencji i projektów

Cel badań

Określenie udziału różnych klas niekodujących RNA w rozwoju i progresji guzów mózgu, ze szczególnym uwzględnieniem procesów inwazji komórek nowotworowych oraz przebudowy macierzy zewnątrzkomórkowej (ECM). Prowadzone są także badania mające na celu opracowanie i wykorzystanie innowacyjnych strategii dostarczania potencjalnych cząsteczek terapeutycznych.

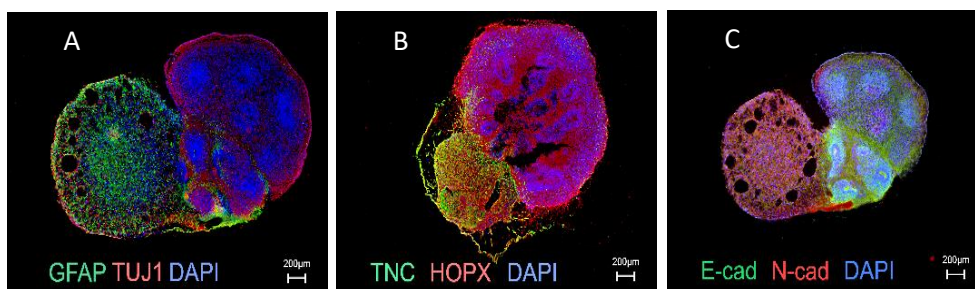
Opis zrealizowanych prac

Opracowano nowy hybrydowy model do badania procesów inwazji glejaka (GBM) oparty o zaawansowane hodowle trójwymiarowe, takie jak organoid odzwierciedlający swoją budową prymitywny, zdrowy „minimózg” oraz organoid wywodzący się z tkanki od pacjentów cierpiących na glejaka. Model ten umożliwia badanie wczesnych etapów inwazji komórek GBM do otaczającego środowiska mózgu. Badanie takie było dotychczas niemożliwe do przeprowadzenia ani w modelu komórkowym, ani w modelu zwierzęcym.

⁴⁸ W nawiasach podano źródło finansowania pracowników.

⁴⁹ Stan na 31.12.2023 r.

⁵⁰ W nawiasach podano źródło finansowania pracowników.



Ryc. 3. Charakterystyka strukturalna modelu hybrydowego „minimózg”-GBM za pomocą barwienia immunofluorescencyjnego

Wstępne badania z wykorzystaniem wielkoskalowego sekwencjonowania RNA, spektrometrii mas oraz transkryptomiki przestrzennej pozwoliły na zidentyfikowanie kolistych RNA (circRNA) oraz białek biorących specyficzny udział w tworzeniu frontu inwazji komórek nowotworowych, przebudowie ECM oraz rearanżacji cytoszkieletu komórkowego. Dodatkowo opracowano specyficzny i efektywny system transportu katalitycznych RNA do wnętrza mitochondriów, który może znaleźć zastosowanie w terapii chorób mitochondrialnych. Wyniki zaprezentowano w pracy przyjętej do druku w *Journal of Molecular Cell Biology*.

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

The research goals

The aim of the research conducted as part of the statutory activity is to determine the contribution of various classes of non-coding RNAs to the development and progression of brain tumours, with particular emphasis on the cancer cell invasion and remodelling of the extracellular matrix (ECM). Studies aimed at also development for further use the potential innovative strategies to develop potential therapeutic molecules have also been conducted.

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

To study the invasion processes of glioma (GBM) a new hybrid model has been developed. It is based on advanced, three-dimensional cultures, such as the organoid, which reflects the structure of a primitive, healthy “minibrain”, and the organoid derived from GBM-patient tissue. This model enables the study of the early stages of GBM cell invasion into the surrounding brain environment. Such a study has been so far impossible to perform neither in a cellular nor animal model.

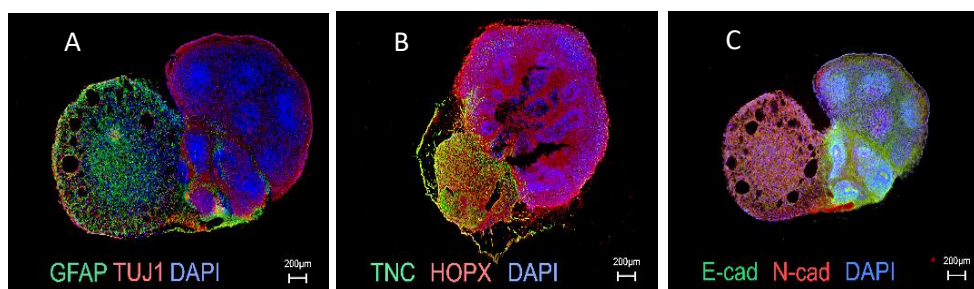


Fig. 3. Structural characteristics of the hybrid „minibrain”-GBM model with the immunofluorescent staining

The preliminary studies using large-scale RNA sequencing, mass spectrometry and spatial transcriptomics allowed us to identify the circular RNAs (circRNAs) and proteins specifically

involved in the formation of the invasion front of cancer cells, ECM remodelling and cell cytoskeleton rearrangements.

Additionally, a specific and effective system for delivering the catalytic RNAs into the mitochondria has been developed, which may be used in the treatment of mitochondrial diseases. Results presented in a paper accepted for publication in *Journal of Molecular Cell Biology*.

Publikacje

1. **M. Piwecka, A. Fiszer, K. Rolle, M. Olejniczak**
RNA regulation in brain function and disease 2022 (NeuroRNA): A conference report
FRONTIERS IN MOLECULAR NEUROSCIENCE 2023, 16, 1133209
2. **D. Wronka, A. Karlik, J.O. Misiorek, L. Przybyl**
What the Gut Tells the Brain-Is There a Link between Microbiota and Huntington's Disease?
INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES 2023, 24, 4477
3. **D. Wawrzyniak, K. Rolle, J. Barciszewski**
Likopen – wpływ suplementacji na proces starzenia się skóry / Lycopene – the impact of supplementation on the skin aging process
POSTĘPY BIOCHEMII 2023, 69, 47–53
4. **J.O. Misiorek**
Poszukiwanie niekanonicznych funkcji syntetaz aminoacylo-tRNA w oparciu o mutacje obecne u pacjentów z chorobą Charcot-Marie-Tooth / Searching for non-canonical functions of aminoacyl-tRNA synthetases based on mutations carried by Charcot-Marie-Tooth patients
POSTĘPY BIOCHEMII 2023, 69, 42–46
5. M. Michalak, B.P. Plitta-Michalak, J. Suszka, **M.Z. Naskret-Barciszewska**, S. Kotlarski, **J. Barciszewski**, P. Chmielarz
Identification of DNA Methylation Changes in European Beech Seeds during Desiccation and Storage
INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES 2023, 24, 3557

Prace przyjęte do druku

1. **P. Glodowicz, K. Kuczynski**, R. Val, A. Dietrich, **K. Rolle**
Mitochondrial transport of catalytic RNAs and targeting of the organellar transcriptome in human cells
JOURNAL OF MOLECULAR CELL BIOLOGY, DOI: 10.1093/jmcb/mjad051
2. D. Dorna, **A. Grabowska**, J. Paluszczak
Natural products modulating epigenetic mechanisms by affecting histone methylation/demethylation: Targeting cancer cells
BRITISH JOURNAL OF PHARMACOLOGY, DOI: 10.1111/bph.16237
3. **I. Aygun, J. Barciszewski**
The forerunners and successful partnerships behind the BioNTech mRNA vaccine
JOURNAL OF APPLIED GENETICS, DOI: 10.1007/s13353-023-00793-5

Projekty realizowane w Zakładzie w 2023 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, prof. ICHB PAN
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, prof. ICHB PAN

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, prof. ICHB PAN, dr Monika Piwecka, dr hab. Marta Olejniczak, prof. ICHB PAN, dr hab. Katarzyna Rolle, prof. ICHB PAN

Zakład Niekodujących RNA

Kierownik Zakładu: dr Monika Piwecka (0,9 STATUT/0,1 GRANTY)⁵¹

Skład osobowy⁵²

Pracownicy naukowci:

dr Ewelina Kałużna (1 GRANTY)

dr Weronika Wendlandt-Stanek (1 STATUT)

Pracownicy techniczni:

mgr Zeinab Altoufaily (1 STATUT)

mgr Michał Smuszkiewicz (1 GRANTY)

Doktoranci:

mgr Ayca Olcay (stypendium ICHB)

mgr inż. Marta Sztachera (stypendium ICHB)

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

Charakterystyka niekodujących RNA (ncRNA) oraz oddziaływań RNA-białko, w szczególności określenie ich roli w funkcjonowaniu komórek układu nerwowego oraz przysadki mózgowej.

Opis zrealizowanych prac

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. Wykorzystano metodę XRNAX (ang. protein-crosslinked RNA extraction) do badań oddziaływań białek wiążących RNA z cząsteczkami RNA w tkankach mózgu myszy pozbawionej osłonek mielinowych (szczep *Mbp^{-/-}*) i porównano profil interaktomu RNA-białko w mózgu *Mbp^{-/-}* do interaktomu w mózgu szczepu dzikiego; analizowano wpływ utraty funkcji circRNA wzbogaconego w synapsach na poziom markerów związanych z przekaźnictwem synaptycznym i plastycznością synaptyczną w neuronach pierwotnych; wykonano pomiary ekspresji miRNA w przysadce mózgowej myszy w różnych stadiach rozwoju postnatalnego oraz w guzach (gruczolakach) przysadki mózgowej u człowieka; wykonano przestrzenne pomiary transkrypcyjne w przysadce mózgowej myszy.

⁵¹ W nawiasach podano źródło finansowania pracowników.

⁵² Stan na 31.12.2023 r.

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

The research goals

Characterization of non-coding RNAs (ncRNAs) and RNA-protein interactions, in particular, determination of their role in the functioning of cells from the nervous system and pituitary gland.

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

The objects of the research were primary cells isolated from the mouse nervous system (neurons and astrocytes), tissues obtained from mice and human clinical material obtained on the basis of scientific cooperation. XRNAX method (protein-crosslinked RNA extraction) was used to study the interactions of RNA-binding proteins with RNA molecules in brain tissues of mice deprived of myelin sheaths (*Mbp*^{-/-} strain), and the profile of RNA-protein interactome in the *Mbp*^{-/-} brain was compared to the interactome in the brain of the wild-type strain; the impact of the loss-of-function of circRNA enriched in synapses on the level of markers related to synaptic transmission and synaptic plasticity in primary neurons was analyzed; miRNA expression measurements were performed in the pituitary gland of mice at various stages of postnatal development and pituitary tumors (adenomas) from human subjects; spatial transcriptomic measurements were performed in the mouse pituitary gland.

Publikacje

1. **M. Piwecka, A. Fiszer, K. Rolle, M. Olejniczak**
RNA regulation in brain function and disease 2022 (NeuroRNA): A conference report
FRONTIERS IN MOLECULAR NEUROSCIENCE 2023, 16, 1133209
2. **M. Piwecka**, N. Rajewsky, A. Rybak-Wolf
Single-cell and spatial transcriptomics: deciphering brain complexity in health and disease
NATURE REVIEWS NEUROLOGY 2023, 19, 346–362
3. **M. Piwecka**, P. Luisier, C. Andreassi
Editorial: RNA at a breaking point? Cytoplasmic cleavage and other post-transcriptional RNA processing in neurodevelopment and disease
FRONTIERS IN MOLECULAR NEUROSCIENCE 2023, 16, 1214853

Projekty realizowane w Zakładzie w 2023 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. Badanie nowych funkcji niekonwencjonalnej miozyny działającej w mózgu ssaków; (MINIATURA 7)
Kierownik projektu: dr Weronika Wendlandt-Stanek
4. Deciphering networks of regulatory RNAs in the central nervous system; (POLSKIE POWROTY)
Kierownik projektu: dr Monika Piwecka
5. Międzynarodowa konferencja „RNA regulation in brain function and disease”; (DOSKONAŁA NAUKA)
Kierownik projektu: dr hab. Agnieszka Fiszer, prof. ICHB PAN, dr Monika Piwecka, dr hab. Marta Olejniczak, prof. ICHB PAN, dr hab. Katarzyna Rolle, prof. ICHB PAN

Zakład Proteomiki Biomedycznej

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

Skład osobowy⁵⁴

Pracownicy techniczni:

dr Marta Nolka-Szaszner (1 STATUT)

dr Aleksander Strugała (0,5 STATUT)

Doktoranci:

mgr Raneet Sen (stypendium NCN)

Profesorowie afiliowani:

prof. dr hab. Maciej Stobiecki

Pracownia Spektrometrii Mas

Kierownik: dr Łukasz Marczak (1 STATUT)

Pracownicy naukowci:

dr hab. inż. Anna Wojakowska (0,9 STATUT/0,1 GRANTY)

Pracownicy techniczni:

dr Aleksander Strugała (0,5 STATUT)

mgr Dmytro Pandakov (1 STATUT)

Doktoranci:

mgr inż. Daniel Fochtman (stypendium NCN)

Temat statutowy Zakładu

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

Opis prowadzonej działalności naukowej finansowanej z subwencji i projektów

Cel badań

1. Zbadanie roli środowiska mocznicowego w postępie miażdżycy związanej z przewlekłą chorobą nerek (CKD) i jego wpływu na komórki śródbłonna i układu krążenia, w tym wpływu toksyn mocznicowych na profil fosforylacji białek i sygnalizację regulującą zdolności adhezyjne i migracyjne komórek zapalnych.
2. Identyfikacja białek oraz szlaków sygnałowych zaangażowanych w nabytą oporność na inhibitory proteasomów.
3. Analiza długotrwałego wpływu nitrofuranu na bakterie wyizolowane ze ścieków.

Opis zrealizowanych prac

1. Opracowano i zoptymalizowano warunki hodowli pierwotnych komórek śródbłonna HAEC oraz HUVEC w obecności surowicy pobranej od pacjentów z CKD lub chorobą sercowo-naczyniową (CVD). Przeprowadzono wstępną ekspozycję komórek HUVEC na różne stężenia toksyn mocznicowych obecnych w surowicy i zbadano poziom odpowiedzi apoptotycznej komórek.
2. Wykonano analizy proteomiczne dwóch linii komórkowych szpiczaka wrażliwych/opornych na inhibitory proteasomu i zidentyfikowano ścieżki sygnałowe kluczowe dla rozwoju oporności na leki.
3. Opublikowano wyniki badań uzyskane w poprzednich latach w ramach współpracy z Instytutem Technologii Chemicznej Politechniki Poznańskiej.

⁵³ W nawiasach podano źródło finansowania pracowników.

⁵⁴ Stan na 31.12.2023 r.

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

The research goals

1. Investigation of the role of the uremic environment in the progression of atherosclerosis related to chronic kidney disease (CKD) and its impact on endothelial and circulatory cells, including the influence of uremic toxins on the protein phosphorylation profile and signalling regulating the adhesion and migration abilities of inflammatory cells.
2. Identification of proteins and signalling pathways involved in acquired resistance to proteasome inhibitors.
3. Investigating the effect of nitrofurantoin on bacteria isolated from sewage.

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

1. Culture conditions for primary endothelial cells in the presence of serum collected from CKD or cardiovascular disease (CVD) patients were developed and optimized. HAEC and HUVEC cells were initially exposed to various concentrations of serum uremic toxins and the level of the apoptotic response was examined.
2. Proteomic analyses of two myeloma cell lines sensitive/resistant to proteasome inhibitors were performed and signalling pathways crucial for the development of drug resistance were identified.
3. Results obtained in previous years, in collaboration with the Institute of Chemical Technology of the Poznań University of Technology, have been published.

Publikacje

1. A. Pacholak, J. Zur-Pinska, A. Pinski, Q.A. Nguyen, M. Ligaj, **M. Luczak**, L.D. Nghiem, E. Kaczorek
Potential negative effect of long-term exposure to nitrofurans on bacteria isolated from wastewater
SCIENCE OF THE TOTAL ENVIRONMENT 2023, 872, 162199
2. P. Chakrabarty, **R. Sen**, S. Sengupta
From parasites to partners: exploring the intricacies of host-transposon dynamics and coevolution
FUNCTIONAL & INTEGRATIVE GENOMICS 2023, 23, 278
3. D. Perlikowski, A. Skircz, **L. Marczak**, K. Lechowicz, A. Augustyniak, A. Michaelis, A. Kosmala
Metabolism of crown tissue is crucial for drought tolerance and recovery after stress cessation in *Lolium/Festuca* forage grasses
JOURNAL OF EXPERIMENTAL BOTANY 2023, 74, 396–414
4. **P. Piasecki**, **K. Wiatr**, **M. Ruszkowski**, **L. Marczak**, Y. Trottier, **M. Figiel**
Impaired interactions of ataxin-3 with protein complexes reveals their specific structure and functions in SCA3 Ki150 model
FRONTIERS IN MOLECULAR NEUROSCIENCE 2023, 16, 1122308
5. M. Grajzer, B. Wiatrak, P. Jawien, **L. Marczak**, **A. Wojakowska**, R. Wiejak, E. Roj, W. Grzebieluch, A. Prescha
Evaluation of Recovery Methods for *Fragaria vesca* L. Oil: Characteristics, Stability and Bioactive Potential
FOODS 2023, 12, 1852
6. J. Litowczenko, J.K. Wychowaniec, K. Zaleski, **L. Marczak**, C.J.C. Edwards-Gayle, K. Tadyszak, B.M. Maciejewska
Micro/nano-patterns for enhancing differentiation of human neural stem cells and fabrication of nerve conduits via soft lithography and 3D printing
BIOMATERIALS ADVANCES 2023, 154, 213653

Projekty realizowane w Zakładzie w 2023 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, prof. ICHB PAN

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 biocząsteczek 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 hab. Jacek Ł. Kolanowski (0,25 STATUT/0,75 GRANTY)⁵⁵

Skład osobowy⁵⁶

Pracownicy naukowi:

dr Mariia Dekaliuk (1 GRANTY)

dr Magdalena Derbis (1 GRANTY)

dr inż. Michał Jakubczyk (1 STATUT)

Pracownicy techniczni:

dr Michał Gładysz (0,5 STATUT/0,5 GRANTY)

mgr Adrian Rüfli (0,75 GRANTY)

Doktoranci:

mgr Francesca Canyelles I Font (0,75 GRANTY)

mgr Masroor Khan (stypendium ICHB)

mgr Anna Wychowaniec (stypendium ICHB)

Pracownia Testów i Obrazowania Molekularnego

Kierownik: dr Dorota Kwiatek (0,75 STATUT/0,25 GRANTY)

Pracownicy techniczni:

dr Volodymyr Cherkas (0,2 STATUT/0,8 GRANTY)

dr Joanna Kosman (0,5 STATUT)

dr Yevhenii Sheremet (1 GRANTY)

mgr Mykyta Bobylyov (1 GRANTY)

mgr Natalia Karczewska (1 STATUT)

mgr Borys Olifirov (1 GRANTY)

mgr Monika Pyc (1 STATUT)

mgr Krzysztof Żukowski (0,5 STATUT/0,5 GRANTY)

lic. Ihor Panas (1 GRANTY)

⁵⁵ W nawiasach podano źródło finansowania pracowników.

⁵⁶ Stan na 31.12.2023 r.

Pracownia Chemii Medycznej

Kierownik: dr Dorota Jakubczyk (1 STATUT)

Temat statutowy Zakładu

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

Opis prowadzonej działalności naukowej finansowanej z subwencji i projektów

Cele badań

Opracowanie i wykorzystanie wiarygodnych narzędzi i testów do detekcji bioanalitów oraz nowych strategii tworzenia związków biologicznie czynnych do zastosowania w różnych kontekstach biologicznych i środowiskowych.

Opis zrealizowanych prac

Prace obejmowały projektowanie i syntezę sond i związków biologicznie czynnych (fluoroforów, substratów bioluminescencyjnych, inhibitorów, linkerów itp.), ich dokładną charakteryzację biochemiczną i komórkową w celu zapewnienia wiarygodności badań oraz rozwój nowych metod (bio)syntetycznych (m.in. we współpracy z Matej Bel University, Słowacja, Asian J. Org. Chem). Wykorzystując te i inne narzędzia molekularne opracowano także niezawodne testy molekularne do detekcji bioanalitów za pomocą fluorescencji, bioluminescencji i obrazowania. Badania te doprowadziły m.in. do opracowania metody oceny efektów komórkowych związków fluorescencyjnych i redoks-aktywnych (współpraca z UAM w Poznaniu, dwie wspólne publikacje), panelu sond pH do bezśladowego znakowania białek, dwuanalitowej sondy i testu HTS do detekcji aktywności ludzkich proteaz zaangażowanych w infekcję retrowirusową, oraz testów i metod analizy danych obrazowych, z wykorzystaniem uczenia maszynowego.

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

The research goals

Development and use of reliable tools and tests for detecting bioanalytes and new strategies for creating biologically active compounds in various biological and environmental contexts.

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

The works involved designing and synthesising various biologically active substances (such as fluorophores, bioluminescent substrates, inhibitors, linkers, etc.), their precise biochemical and cellular characterisation to ensure research reliability and development of new (bio)synthetic methods (e.g. in cooperation with Matej Bel University, Slovakia, Asian J. Org. Chem). Based on these and other tools, reliable molecular tests were also developed for detecting bioanalytes using fluorescence, bioluminescence, and imaging. These studies led, inter alia, to the development of a method for assessing the cellular effects of fluorescent and redox-active compounds (cooperation with UAM in Poznań, two joint publications) a panel of pH probes for traceless labelling of proteins, a dual-analyte probe and an HTS assay for detecting the activity of human proteases involved in retroviral infection, as well as tests and methods for analysing the imaging data, using machine learning.

Publikacje

1. M. Insinska-Rak, A. Golczak, M. Gierszewski, Z. Anwar, **V. Cherkas, D. Kwiatek**, E. Sikorska, I. Khmelinskii, G. Burdzinski, R. Cibulka, L. Mrowczynska, **J.L. Kolanowski**, M. Sikorski
5-Deazaalloxazine as photosensitizer of singlet oxygen and potential redox-sensitive agent
PHOTOCHEMICAL & PHOTOBIOLOGICAL SCIENCES 2023, 22, 1655–1671

2. A. Golczak, D. Prukala, E. Sikorska, M. Gierszewski, **V. Cherkas**, **D. Kwiatek**, A. Kubiak, N. Varma, T. Pedzinski, S. Murphree, R. Cibulka, L. Mrowczynska, **J.L. Kolanowski**, M. Sikorski
Tetramethylalloxazines as efficient singlet oxygen photosensitizers and potential redox-sensitive agents
SCIENTIFIC REPORTS 2023, 13, 13426
3. **M. Dekaliuk**, N. Hildebrandt
Lanthanide-FRET Molecular Beacons for microRNA Biosensing, Logic Operations, and Physical Unclonable Functions
EUROPEAN JOURNAL OF INORGANIC CHEMISTRY 2023, 2023, 26, e202300288
4. S. Mkrtchyan, **M. Jakubczyk**, S. Budzak, B. Benicka, V.O. Iaroshenko
Introducing Trifluoromethoxyarenes as Halide Surrogates in Mechanochemical Realizations of Ni-catalyzed Cross-coupling Reactions
ASIAN JOURNAL OF ORGANIC CHEMISTRY 2023, 12, e202300094
5. M. Gmurek, A. Klos, **J.L. Kolanowski**
Inicjatywa „Doskonałość naukowa nie ma płci” – od świadomości do transformacji
NAUKA 2023, 2, 11–18

Projekty realizowane w Zakładzie w 2023 r.

1. Niskocząsteczkowe narzędzia do badania lokalnego mikrośrodowiska białek; (OPUS)
Kierownik projektu: dr hab. Jacek Ł. Kolanowski
2. Maskowane substraty bioluminogenne do selektywnego obrazowania parametrów biochemicznych raka; (SONATA) – projekt realizowany w konsorcjum; lider projektu: ICHB PAN
Kierownik projektu: dr hab. Jacek Ł. Kolanowski
3. Agregaty toksycznego białka poliglicynowego: w centrum zainteresowania. Zrozumienie procesów formowania i degradacji; (SONATINA)
Kierownik projektu: dr Magdalena Derbis
4. 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 hab. Jacek Ł. Kolanowski
5. 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 hab. Jacek Ł. Kolanowski
6. 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 hab. Jacek Ł. Kolanowski
7. 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 hab. Jacek Ł. Kolanowski

8. Integrated assessment and Advanced Characterisation of Neuro-Nanotoxicity – iCARE; (HORIZON EUROPE)– projekt realizowany w konsorcjum międzynarodowym; lider projektu: Laboratorio Iberico Internacional de Nanotecnologia LIN, Portugalia (kierownik projektu: dr. Ernesto Alfaro)

Kierownik zadań z ramienia ICHB PAN: dr hab. Jacek Ł. Kolanowski

9. 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 hab. Jacek Ł. Kolanowski

10. Ultra-czuły skrining wieloparametryczny w poszukiwaniu biomarkerów nowotworowych: połączenie wykładniczej amplifikacji sygnału z rezonansowym transferem energii Förstera; (PASIFIC)

Kierownik projektu: dr Mariia Dekaliuk

11. Nanoscale Hippocampal Signaling in Long-Term Depression in Norm and Primary Dystonia; *Kierownik projektu: dr Volodymyr Cherkas*

12. Wizualizacja w nanoskali interakcji kompleksu adaptera AP2 z Hippocampal podczas LTD-indukowanej endocytozy receptora AMPA za pośrednictwem Clatrin przy użyciu mikroskopii superrozdzielczej MINIFLUX; (MINIATURA 7)

Kierownik projektu: dr Volodymyr Cherkas

Zakład Struktury i Funkcji RNA

(Zmiana nazwy Zakładu Struktury i Funkcji Retrotranspozonów od 1 sierpnia 2023 r.)

Kierownik Zakładu: dr hab. Katarzyna Pachulska-Wieczorek, prof. ICHB PAN
(0,4 STATUT/0,6 GRANTY)⁵⁷

Skład osobowy⁵⁸

Pracownicy naukowcy:

dr Julita Gumna (0,55 STATUT/0,45 GRANTY)
dr Paweł Śledziński (1 GRANTY)

Doktoranci:

mgr inż. Angelika Andrzejewska-Romanowska (0,4 STATUT/0,6 GRANTY)
mgr Ewa Tykwińska (stypendium NCN)

Profesorowie afiliowani:

dr hab. Mariola Dutkiewicz, prof. ICHB PAN (1 STATUT)

Temat statutowy Zakładu

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

Opis prowadzonej działalności naukowej finansowanej z subwencji i projektów

Cel badań

Ustalenie zależności pomiędzy strukturą cząsteczek RNA, a ich właściwościami i pełnioną funkcją. Rozwój metod bioprodukcji mRNA dla celów terapeutycznych.

⁵⁷ W nawiasach podano źródło finansowania pracowników.

⁵⁸ Stan na 31.12.2023 r.

Opis zrealizowanych prac

Strategia SHAPE-MaP została zastosowana do zbadania drugorzędowej struktury gRNA retrotranspozonu Ty3 (5,2 kb) w żywych komórkach (Andrzejewska-Romanowska i in., w przygotowaniu). Ponadto, aby określić wpływ środowiska komórkowego na zwijanie gRNA Ty3, przeprowadzone zostały eksperymenty SHAPE w warunkach *ex vivo*. Odkryto, że struktura gRNA retrotranspozonu jest bardziej rozluźniona i dynamiczna *in vivo* niż *ex vivo*. Niemniej jednak zidentyfikowano stabilny i dobrze zdefiniowany rdzeń strukturalny zachowany pomiędzy obydwoma stanami RNA, który może być istotny funkcjonalnie. Prowadzono także badania nad określeniem struktury mRNA w *S. cerevisiae* na poziomie całego transkryptomu. Aby osiągnąć ten cel, pomyślnie zoptymalizowano strategię SHAPE-MaP i uzyskano wysokiej jakości dane dla setek transkryptów drożdży w stanach *in vivo* i *ex vivo*.

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

The research goals

Determining the relationship between the structure of RNA molecules and their properties and functions.

Development of mRNA bioproduction methods for therapeutic purposes.

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

The SHAPE-MaP strategy was applied to explore the Ty3 retrotransposon gRNA (5.2 kb) secondary structure in living cells (Andrzejewska-Romanowska et al., in preparation). Moreover, to determine the impact of the cell environment on Ty3 gRNA folding, SHAPE experiments were performed under *ex vivo* conditions. It has been found that the retrotransposon gRNA structure is more relaxed and dynamic *in vivo* than *ex vivo*. Nevertheless, a stable and well-defined structural core was identified, that is preserved between both RNA states, and it may be functionally relevant.

Studies were also conducted to determine the mRNA structure in *S. cerevisiae* on a transcriptome-wide level. To achieve this goal, the SHAPE-MaP strategy was successfully optimized, and high-quality data for hundreds of yeast transcripts in the *in vivo* and *ex vivo* states were obtained.

Publikacje

1. C. Pichon, F. Daboussi, M. Freire, U. Cernigoj, F. Sousa, T. Beißert, **K. Pachulska-Wieczorek**, M. Scheid
Yeast Cell Factory for mRNA Bioproduction (YSCRIPT)
IMMUNOWATCH 2023, 7, 14–20
2. A. Nowak-Terpilowska, J. Zeyland, M. Hryhorowicz, **P. Sledzinski**, M. Wyganowska
Influence of Three Laser Wavelengths with Different Power Densities on the Mitochondrial Activity of Human Gingival Fibroblasts in Cell Culture
LIFE-BASEL 2023, 13, 1136
3. **P. Sledzinski**, A. Nowak-Terpilowska, P. Rzymiski, R. Slomski, J. Zeyland
In Vitro Evidence of Selective Pro-Apoptotic Action of the Pure Cannabidiol and Cannabidiol-Rich Extract
MOLECULES 2023, 28, 7887

Projekty realizowane w Zakładzie w 2023 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, prof. ICHB PAN

2. Yeast cell factory for mRNA bioproduction – YSCRIPT; (HORIZON EUROPE)– project 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, prof. ICHB PAN

3. Arc jako neuronalny Gag. Badanie wirusowych właściwości i funkcji głównego regulatora plastyczności synaptycznej; (PRELUDIUM)

Kierownik projektu: dr Julita Gumna

4. Badanie struktury genomowego RNA Ty3 podczas retrotranspozycji w drożdżach; (PRELUDIUM)

Kierownik projektu: mgr inż. Angelika Andrzejewska-Romanowska

Zakład Transkryptomiki Funkcjonalnej

(Zakład rozwiązany z dniem 31.12.2023 r.)

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

Skład osobowy⁶⁰

Doktoranci:

mgr Piotr Pietras

mgr Anna Wasilewska-Burczyk (stypendium ICHB)

Temat statutowy Zakładu

Charakterystyka mechanizmów molekularnych regulacji ekspresji genów w stanach fizjologicznych i patologicznych w organizmach modelowych (M) (dr hab. Kamilla Grzywacz, prof. ICHB PAN)

Zadanie 1: *Regulacja posttranskrypcyjna w procesach rozwojowych modelowych organizmów zwierzęcych (K); Pracownia Modelowych Organizmów Bezkręgowych (dr hab. Agata Tyczewska, prof. ICHB PAN) – zadanie opisane na str. 86.*

Zadanie 2: *Przeciwwapalny efekt związków małowcząsteczkowych w organizmach modelowych i liniach komórkowych (N); Pracownia Analiz Struktur Subkomórkowych (prof. dr hab. Eliza Wyszko) – zadanie opisane na str. 94.*

Opis prowadzonej działalności naukowej finansowanej z subwencji i projektów

Cel badań

Identyfikacja i charakterystyka mechanizmów molekularnych regulacji ekspresji genów zależnej od 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, 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. Zidentyfikowano cztery ryboprzełączniki związane z antybiotykoopornością chorobotwórczej bakterii *Staphylococcus aureus* MRSA (współpraca z UAM, manuskrypt w przygotowaniu).

⁵⁹ W nawiasach podano źródło finansowania pracowników.

⁶⁰ Stan na 31.12.2023 r.

4. Zanalizowano biologiczne role tRNA i krótkich RNA pochodzących z tRNA w starzeniu i długowieczności modelowych organizmów (współpraca z Pracownią Modelowych Organizmów Bezkręgowych, manuskrypty opublikowano).
5. Opracowano protokół wysokoprzepustowego próbkowania struktury RNA SHAPE-MaP-seq (współpraca z UAM, manuskrypt opublikowany).
6. Określono efektywność leczenia choroby zwyrodnieniowej stawu kolanowego po autologicznym wstrzyknięciu tkanki tłuszczowej (współpraca z Rehasport Clinic, manuskrypt 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, manuscript in preparation).
2. Small noncoding RNAs (rancRNAs) have been identified in yeast exposed to adverse environmental conditions. A relationship has been demonstrated between rancRNA accumulation and ribosome heterogeneity (manuscript in preparation).
3. Four riboswitches associated with antibiotic resistance of the pathogenic bacterium *Staphylococcus aureus* MRSA were identified (cooperation with AMU, manuscript in preparation).
4. The biological roles of tRNAs and short RNAs derived from tRNAs in the aging and longevity of model organisms were analysed (collaboration with the Laboratory of Model Spinal Organisms, manuscripts published).
5. A high-throughput SHAPE-MaP-seq RNA structure sampling protocol was developed (collaboration with AMU, manuscript published).
6. The effectiveness of treatment of knee osteoarthritis with autologous adipocyte tissue injection was determined (cooperation with Rehasport Clinic, manuscript published).

Publikacje

1. **A. Tyczewska, K. Grzywacz**
tRNA-derived fragments as new players in regulatory processes in yeast
YEAST 2023, 40, 283–289
2. **A. Tyczewska, A. Rzepczak, D. Sobanska, K. Grzywacz**
The emerging roles of tRNAs and tRNA-derived fragments during aging: Lessons from studies on model organisms
AGEING RESEARCH REVIEWS 2023, 85, 101863
3. **K. Grzywacz, A. Chełkowska-Pauszek, M. Plucinska-Jankowska, M. Zywicki**
The Evaluation of SHAPE-MaP RNA Structure Probing Protocols Reveals a Novel Role of Mn²⁺ in the Detection of 2'-OH Adducts
INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES 2023, 24, 7890
4. P. Bakowski, J. Kaszynski, C. Baka, T. Kaczmarek, K. Ciemniowska-Gorzela, **K. Bakowska-Zywicka, T. Piontek**
Patients with stage II of the knee osteoarthritis most likely benefit from the intra-articular injections of autologous adipose tissue—from 2 years of follow-up studies
ARCHIVES OF ORTHOPAEDIC AND TRAUMA SURGERY 2023, 143, 55–62

Prace przyjęte do druku

M. Pawlak, J. Walecka, **A. Tyczewska, K. Grzywacz**
Biologiczne wspomaganie leczenia ortopedycznego
POSTĘPY BIOCHEMII, DOI: 10.18388/pb.2021_505

Zakład Wirusologii Molekularnej

Kierownik Zakładu: dr Paweł Zmora (1 STATUT)⁶¹

Skład osobowy⁶²

Pracownicy techniczni:

dr Joanna Sztuba-Solińska (0,2 STATUT)

mgr Dagny Lorent (1 GRANTY)

Doktoranci:

mgr inż. Rafał Nowak (STATUT/0,25 GRANTY)

Pracownia Diagnostyki Molekularnej WGW ICHB PAN

Kierownik: dr Elżbieta Lenartowicz Onykaa (1 STATUT)

Pracownicy techniczni:

mgr Monika Gazecka (1 GRANTY)

Temat statutowy Zakładu

Oddziaływania pomiędzy patogenem a komórką gospodarza (K) (dr Paweł Zmora)

Opis prowadzonej działalności naukowej finansowanej z subwencji i projektów

Cel badań

Opracowanie nowych strategii przeciwwirusowych opartych o znajomość oddziaływań pomiędzy wirusem a komórką gospodarza.

Opis zrealizowanych prac

Badania skupiały się głównie na analizie oddziaływań pomiędzy wirusem a komórką gospodarza, a w szczególności oddziaływań pomiędzy wirusowymi białkami fuzyjnymi, takimi jak hemaglutynina wirusa grypy oraz białko kolca pandemicznych koronawirusów, a receptorem komórkowym. Otrzymane wyniki badań pozwoliły na:

1. Identyfikację nowego typu inhibitorów wnikania koronawirusów, tj. molekularnych kon-sorcjów kannabidiolu z niesterydowymi lekami przeciwzapalnymi. Wyniki opublikowano w *Pathogens*;
2. Opracowanie nowych związków przeciwwirusowych, opartych o antysensowne oligonukleotydy, hamujących ekspresję białek komórek gospodarza wykorzystywanych przez wirusy do procesu wnikania, tj. TMPRSS2. Wyniki zaprezentowano w manuskrypcie znajdującym się w recenzji;
3. Oszacowanie skuteczności działania przeciwciał przeciwko białku kolca SARS-CoV-2 po za-szczepieniu szczepionkami wektorowymi oraz mRNA. Wyniki opublikowano w *Vaccines*;
4. Opis przebiegu epidemii mpox w Poznaniu przy użyciu tzw. epidemiologii opartej o ścieki. Wyniki opublikowano w *International Journal of Infectious Diseases*;
5. Identyfikację czynników ryzyka zarażenia pasożytem *Echinococcus multilocularis*. Wyniki opublikowano w *Pathogens*.

⁶¹ W nawiasach podano źródło finansowania pracowników.

⁶² Stan na 31.12.2023 r.

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

The research goals

Development of novel antiviral strategies, based on the knowledge of the virus-host cell interactions.

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

Research focused mainly on the analysis of the virus – host cell interactions, in particular interactions between viral fusion proteins, such as influenza A virus hemagglutinin and the pandemic coronaviruses spike proteins, and the cellular receptor. The obtained research results allowed for the:

1. Identification of a new type of coronavirus entry inhibitors, i.e., molecular consortiums of cannabidiol with non-steroidal anti-inflammatory drugs. Results were presented in *Pathogens*;
2. Development of novel antiviral compounds based on the antisense oligonucleotides inhibiting expression of cellular proteins essential for the virus entry, i.e., TMPRSS2. Results were presented in a manuscript under review;
3. Estimation of the anti-COVID-19 efficiency of anti-SARS-CoV-2 S protein antibodies after vaccination with vector and mRNA vaccines. Results were presented in *Vaccines*;
4. Description of the course of mpox epidemic in Poznań using the so-called wastewater-based epidemiology. Results were presented in *International Journal of Infectious Diseases*;
5. Identification of the infection risk factors for the *Echinococcus multilocularis* infection. Results were presented in *Pathogens*.

Publikacje

1. **D. Lorent, R. Nowak, M. Jankowska, L. Kuszal, P. Zmora**
Differences in BNT126b2 and ChAdOx1 Homologous Vaccination Antibody Response among Teachers in Poznan, Poland
VACCINES 2023, 11, 118
2. M. Stefaniak, M. Derda, **P. Zmora**, S.P. Nowak
Risk Factors and the Character of Clinical Course of the *Echinococcus multilocularis* Infection in Patients in Poland
PATHOGENS 2023, 12, 199
3. **M. Gazecka**, J. Sniezek, K. Maciolek, A. Kowala-Piaskowska, **P. Zmora**
Mpox virus detection in the wastewater and the number of hospitalized patients in the Poznan metropolitan area, Poland
INTERNATIONAL JOURNAL OF INFECTIOUS DISEASES 2023, 133, 75–77
4. A. Pawelczyk, **R. Nowak, M. Gazecka**, A. Jedlinska, L. Zaprutko, **P. Zmora**
Novel Molecular Consortia of Cannabidiol with Nonsteroidal Anti-Inflammatory Drugs Inhibit Emerging Coronaviruses' Entry
PATHOGENS 2023, 12, 951
5. A. Naves, I. Cuesta, E. Hjerde, T. Klemetsen, D. Salgado, J. van Helden, N. Rahman, N. Fatima, N. Karathanasis, **P. Zmora**, W.N. Akerstrom, S.N. Grellscheid, Z. Waheed, N. Blomberg
FAIR+E pathogen data for surveillance and research: lessons from COVID-19
FRONTIERS IN PUBLIC HEALTH 2023, 11, 1289945
6. S. Panni, A. Corbelli, **J. Sztuba-Solinska**
Regulation of non-coding RNAs
[w:] NAVIGATING NON-CODING RNA. From Biogenesis to Therapeutic Application
(red. J. Sztuba-Solinska)
ACADEMIC PRESS 2023, 209–271

7. **J. Sztuba-Solinska** (red.)
Navigating Non-Coding RNA. From Biogenesis to Therapeutic Application
ELSEVIER, 2023
8. **B. Mirska**, T. Wozniak, **D. Lorent**, **A. Ruszkowska**, J.M. Peterson, W.N. Moss, D.H. Mathews,
R. Kierzek, **E. Kierzek**
In vivo secondary structural analysis of Influenza A virus genomic RNA
CELLULAR AND MOLECULAR LIFE SCIENCES 2023, 80, 136
9. J. Dłuzewska, W. Dziegielewski, M. Szymanska-Lejman, **M. Gazecka**, I.R. Henderson,
J.D. Higgins, P.A. Ziolkowski
MSH2 stimulates interfering and inhibits non-interfering crossovers in response to genetic
polymorphism
NATURE COMMUNICATIONS 2023, 14, 6716

Projekty realizowane w Zakładzie w 2023 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)⁶³

Skład osobowy⁶⁴

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

1. Nukleozydy w testowaniu terapeutyków przeciwwirusowych.
2. Wykorzystanie juglonu w terapii guzów mózgu.
3. Właściwości G-kwadruksów miRNA.

Opis zrealizowanych prac

1. Inozyna bierze udział w biosyntezie puryn, potranskrypcyjnych modyfikacjach RNA i translacji. Wykazuje działanie przeciwwirusowe poprzez modulowanie odpowiedzi immunologicznej podczas infekcji wirusowej i nie jest toksyczna dla komórek. Aby określić wpływ

⁶³ W nawiasach podano źródło finansowania pracowników.

⁶⁴ Stan na 31.12.2023 r.

inozyny na ekspresję genów, analizowano zawartość m⁵C w DNA komórek A549 po 24 i 48 godzinach po traktowaniu inozyną w stężeniu 100–800 µg/ml. Zaobserwowano wzrost poziomu m⁵C po 24 godzinach, oraz spadek po 48. Dla najwyższego stężenia inozyny demetylacja była zauważalna już po 24 godzinach.

2. Przy pomocy markerów: epigenetycznego (m⁵C) oraz stresu oksydacyjnego (8-oxo-dG) analizowano wpływ juglonu oraz juglonu w skojarzeniu z temozolomidem, na komórki glejaka. Juglon indukował wzrost 8-oxo-dG oraz obniżenie m⁵C w komórkach glejowych, a z TMZ obniżał poziom 8-oxo-dG, co sugeruje, że juglon wraz z TMZ mogą mieć potencjalne zastosowanie w terapii guzów mózgu. Uzyskane dane zostały opublikowane.
3. Otrzymano linie komórkowe zawierające G-kwadrupleksy (Gq-RNA). Modele komórkowe mają dużą wartość badawczą i posłużą do identyfikacji czynników odpowiedzialnych za rozwijanie Gq-RNA w komórkach oraz lepszego zrozumienia mechanizmów odpowiedzialnych za regulację struktury Gq-RNA. Publikacja w przygotowaniu.

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

The research goals

1. Nucleosides in testing antiviral therapeutics.
2. The use of juglone in the treatment of brain tumors.
3. Properties of miRNA G-quadruplexes.

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

1. Inosine is involved in purine biosynthesis, post-transcriptional RNA modifications and translation. It has antiviral effects by modulating the immune response during viral infection. It is not toxic to cells. To determine the effect of inosine on gene expression, the content of 5-methylcytosine in the DNA of A549 cells was analysed 24 and 48 h after treatment with inosine at a concentration of 100-800 µg/ml. An increase in m⁵C levels was observed after 24 hours and a decrease after 48 hours. For the highest inosine concentration, demethylation was noticeable after 24 hours. Inosine causes hypermethylation after 24 hours and a more pronounced decrease after 48 hours.
2. Using the following markers: epigenetic marker (m⁵C) and oxidative stress (8-oxo-dG), the influence of juglone as well as juglone in combination with temozolomide, on glioma cells, was analyzed. Juglone induces an increase in 8-oxo-dG and a decrease in m⁵C in glial cells, and with TMZ it reduces the level of 8-oxo-dG, which suggests that juglone together with TMZ may be used in the therapy of brain tumors (publication).
3. Cell lines containing confirmed G-quadruplexes (Gq-RNA). Cellular models are of great research value and will be used to identify the factors responsible for the unfolding of Gq-RNA in cells and to better understand the mechanisms responsible for regulating the structure of Gq-RNA. Publication in preparation.

Publikacje

1. M. Michalak, B.P. Plitta-Michalak, J. Suszka, **M.Z. Naskret-Barciszewska**, S. Kotlarski, **J. Barciszewski**, P. Chmielarz
Identification of DNA Methylation Changes in European Beech Seeds during Desiccation and Storage
INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES 2023, 24, 3557
2. A.M. Barciszewska, **A. Belter**, **I. Gawronska**, **M. Giel-Pietraszuk**, **M.Z. Naskret-Barciszewska**
Juglone in Combination with Temozolomide Shows a Promising Epigenetic Therapeutic

Effect on the Glioblastoma Cell Line

INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES 2023, 24, 6998

3. E. Ewert, I. Pospieszna-Markiewicz, M. Szymanska, A. Kurkiewicz, **A. Belter**, M. Kubicki, V. Patroniak, M.A. Fik-Jaskolka, G.N. Roviello
New N4-Donor Ligands as Supramolecular Guests for DNA and RNA: Synthesis, Structural Characterization, In Silico, Spectrophotometric and Antimicrobial Studies
MOLECULES 2023, 28, 400

Projekty realizowane w Zakładzie w 2023 r.

1. Wykorzystanie związków małowcząsteczkowych w epigenetycznej terapii złośliwych glejaków mózgu; (OPUS)

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

2. Pionierskie badania struktury i funkcji G-kwadrupeksów miRNA; (SONATINA)

Kierownik projektu: dr Agnieszka Belter

Zakład Chemii i Biologii Strukturalnej Kwasów Nukleinowych

Kierownik Zakładu: prof. dr hab. Ryszard Kierzek (0,05 STATUT/0,45 GRANTY)⁶⁵

Skład osobowy⁶⁶

Pracownicy naukowcy:

dr Agnieszka Ruszkowska (0,7 STATUT/0,3 GRANTY)

dr Marta Rachwałak (1 GRANTY)

Doktoranci:

mgr Nivedita Dutta (stypendium NCN)

Magistranci:

Maria Ciechanowska (stypendium NCN)

Temat statutowy Zakładu

Termodynamika modyfikowanych kwasów nukleinowych (K) (prof. dr hab. Ryszard Kierzek)

Opis prowadzonej działalności naukowej finansowanej z subwencji i projektów

Cel badań

Badania struktury RNA, które obejmują badania termodynamiczne i strukturalne wykorzystujące metody NMR i krystalograficzne oraz mapowania chemicznego. W celu uzyskania interesujących wyników badań wykorzystywane są naturalnie występujące modyfikacje RNA, ale także projektowane są modyfikacje niewystępujące naturalnie w RNA, które powodują modulacje ich właściwości biologicznych i funkcjonalnych. Wyniki prowadzonych badań strukturalnych służą, między innymi, zaprojektowaniu i otrzymaniu bardziej wydajnych inhibitorów oligonukleotydowych nakierowanych na inhibicję namnażania się wirusów grypy oraz SARS-CoV-2.

Opis zrealizowanych prac

Badania skupiły się głównie na dwóch modyfikowanych resztach nukleotydowych, a mianowicie pseudourydynie (PSU) oraz N1-metylopseudourydynie (MePSU). Łącznie zsyntetyzowano chemicznie około 500 oligonukleotydów zawierających oba wymienione modyfikowane nukleotydy, które tworzą modelowe duplekty oraz wszystkie niehelikalne motywy strukturalne RNA. Dla oligonukleotydów zawierających PSU określono ich trwałości termodynamiczne, które posłużyły

⁶⁵ W nawiasach podano źródło finansowania pracowników.

⁶⁶ Stan na 31.12.2023 r.

do obliczenia parametrów najbliższego sąsiedztwa dla RNA zawierających PSU. Podobne badania dotyczące trwałości termodynamicznej dla RNA zawierających MePSU są już na ukończeniu. Ponadto w roku 2023 ukończono i uzupełniono badania mające na celu określenie wpływu regioizomerów N7-guanozyny, N7-adenozyny oraz LNA-N7-adenozyny na trwałość termodynamiczną oraz oddziaływania dupleksów RNA.

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

The research goals

Research on the structure of RNA, which includes thermodynamic and structural studies using NMR and crystallography as well as chemical mapping methods. To obtain interesting research results, naturally occurring RNA modifications are often used, but modifications that do not occur naturally in RNA are also designed, which due to their changes modulate their biological and functional properties. The results of the performed structural research are aimed to design and obtain more efficient oligonucleotide proliferation inhibitors for influenza and SARS-CoV-2 viruses.

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

In 2023, research was mainly focused on two modified nucleotide residues i.e. pseudouridine (PSU) and N1-methylpseudouridine (MePSU). In total, about 500 oligonucleotides carrying the aforementioned oligonucleotides were chemically synthesized, which form model duplexes and remaining non-helical RNA structural motifs. For oligonucleotides containing PSU, their thermodynamic stabilities were determined, which then were used to calculate the nearest neighbour parameters for RNAs containing PSU. Similar thermodynamic stability studies for MePSU-containing RNAs are about to be accomplished. Moreover, in 2023, research aimed to determine the impact of N7-guanosine, N7-adenosine and LNA-N7-adenosine regioisomers on the thermodynamic stability and interactions of RNA duplexes was completed.

Publikacje

B. Mirska, T. Wozniak, D. Lorent, A. Ruszkowska, J.M. Peterson, W.N. Moss, D.H. Mathews, R. Kierzek, E. Kierzek

In vivo secondary structural analysis of Influenza A virus genomic RNA
CELLULAR AND MOLECULAR LIFE SCIENCES 2023, 80, 136

Projekty realizowane w Zakładzie w 2023 r.

1. Parametry termodynamiczne i reguły fałdowania się RNA w warunkach komórkowych (*in vivo – like*). Przewidywania fałdowania się RNA dla lepszego poznania ich struktury i funkcji w komórkach ssaczy; (OPUS)

Kierownik projektu: prof. dr hab. Ryszard Kierzek

2. Wpływ niskocząsteczkowych ligandów, specyficznie oddziałujących z potrójną helisą RNA MALAT1, na tworzenie kompleksu MALAT1/METTL16 (MINIATURA)

Kierownik projektu: dr Agnieszka Ruszkowska

3. Termodynamika modyfikowanych RNA. Wpływ modyfikacji RNA na strukturę i funkcje naturalnych RNA oraz transkrybowanych *in vitro* szczepionkowych mRNA (IVT mRNA); (OPUS)

Kierownik projektu: prof. dr hab. Ryszard Kierzek

4. Azydofosforany jako chemiczny marker w biokoniugacji kwasów nukleinowych; (MINIATURA 7)

Kierownik projektu: dr Marta Rachwałak

Zespół Biogospodarki i Zrównoważonego Rozwoju

Kierownik Zespołu: dr Ewa Woźniak-Gientka (1 STATUT)⁶⁷

Skład osobowy⁶⁸

Profesorowie afiliowani:

prof. dr hab. Tomasz Twardowski

Temat statutowy Zespołu

Biogospodarka i biotechnologia – aspekty ekonomiczne, społeczne i prawne (K) (dr Ewa Woźniak-Gientka)

Opis prowadzonej działalności naukowej finansowanej z subwencji i projektów

Cel badań

1. Analiza celów Zrównoważonego Rozwoju i Europejskiego Zielonego Ładu w kontekście osiągnięcia bezpieczeństwa żywnościowego i zrównoważonego rozwoju w rolnictwie Unii Europejskiej (UE), z uwzględnieniem zagrożeń takich jak pandemia COVID-19 i konflikt zbrojny w Europie Wschodniej.
2. Dyskusja na temat tego, jak nowe techniki hodowli roślin mogą wspierać biogospodarkę.

Opis zrealizowanych prac

1. Stwierdzono, że pandemia COVID-19 i geopolityczna niestabilność w Europie mogą wywołać zmianę w obszarze biotechnologii rolniczej, podkreślając potrzebę transformacji systemów żywnościowych na całym świecie. Wyniki opublikowano w *Trends in Biotechnology*. Wskazano, że narzędzia do edycji genomu mogą pomóc w realizacji celów zrównoważonego rozwoju, a tym samym wpłynąć na rozwój biogospodarki. Wydaje się, że cele „Zielonego Ładu UE” nie zostaną osiągnięte, jeśli niepewność co do statusu regulacyjnego organizmów genetycznie modyfikowanych będzie się utrzymywać. Wyniki opublikowano w *EFB Bioeconomy Journal*.
2. Przeprowadzono wywiady z przedstawicielami Departamentów Urzędu Marszałkowskiego Województwa Wielkopolskiego w celu uzyskania informacji o wsparciu rozwoju biogospodarki w regionie. Wyniki, które uzyskano w ramach realizacji projektu MINIATURA nie zostały jeszcze opublikowane.

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

The research goals

1. Analysis of the objectives of the Sustainable Development Goals (SDGs), and the European Green Deal in the context of achieving food security and bioeconomy development in the European Union (EU) agriculture, taking into account the threats such as COVID-19 pandemic and the military conflict in Eastern Europe.
2. Discussion on how new plant breeding techniques can support the bioeconomy.

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

1. It was found that the COVID-19 pandemic and the geopolitical instability in Europe can trigger a change in the field of agricultural biotechnology, highlighting the need for transformation of food systems worldwide. Results presented in *Trends in Biotechnology*.

⁶⁷ W nawiasach podano źródło finansowania pracowników.

⁶⁸ Stan na 14.11.2023 r.

It was indicated how genome editing tools can help in the implementation of SDGs, and thus influencing development of bioeconomy. The goals of the 'EU Green Deal' shall fail, if the uncertainty regarding the regulatory status of GE organisms will be continued. Results presented in *EFB Bioeconomy Journal*.

2. Interviews were conducted with representatives of Departments of the Marshal's Office of the Wielkopolska Voivodeship to obtain information on support for the development of the bioeconomy in the region. Results, which were obtained under the MINIATURA project, have not yet been published.

Publikacje

1. **A. Tyczewska, T. Twardowski, E. Wozniak-Gientka**
Agricultural biotechnology for sustainable food security
TRENDS IN BIOTECHNOLOGY 2023, 41, 331–341
2. **E. Wozniak-Gientka, A. Tyczewska**
Genome editing in plants as a key technology in sustainable bioeconomy
EFB BIOECONOMY JOURNAL 2023, 3, 100057
3. **T. Twardowski, A. Aguilar**
Czy biotechnologia zmierza do biogospodarki cyrkularnej?
NAUKA 2023, 1, 123–132

Projekty realizowane w Zespole w 2023 r.

Uwarunkowania rozwoju biogospodarki z perspektywy regionalnej; (MINIATURA 7)
Kierownik projektu: dr Ewa Woźniak-Gientka

Zespół Automatyki i Robotyki Laboratoryjnej

Kierownik Zespołu: dr Radosław Pilarski (1 STATUT)⁶⁹

Temat statutowy Zespołu

Kombinatoryczne badania przesiewowe i optymalizacja bioprocessów z wykorzystaniem systemu AGAMEDE (N) (dr Radosław Pilarski)

⁶⁹ W nawiasach podano źródło finansowania pracowników.

Projekty realizowane w Instytucie w 2023 roku

Lp.	Tytuł projektu, nr umowy	Kierownik projektu	Okres realizacji (rok) od-do	Przyznane środki
PROJEKTY NARODOWEGO CENTRUM NAUKI				
Projekty MAESTRO				
1.	Analiza somatycznych mutacji w genach miRNA i w genach biogenezy miRNA w celu identyfikacji nowych celów terapii i biomarkerów chorób nowotworowych; 2016/22/A/NZ2/00184	prof. dr hab. P. Kozłowski	2017-2024	3 419 300
OPUS				
2.	Funkcjonalna interakcja pomiędzy kolistymi RNA (circRNA) a macierzą zewnątrzkomórkową (ECM) – znaczenie dla komórek macierzystych nowotworu (GSC) oraz przejścia nabłonkowo-mezenchymalnego (EMT) w guzach mózgu; 2017/25/B/NZ3/02173	dr hab. K. Rolle	2018-2023	1 204 800
3.	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	2018-2023	1 748 148
4.	Badanie enzymów chitynolitycznych zmierzające do skonstruowania sztucznego chitynosomu; 2017/27/B/NZ1/02201	prof. dr hab. W. Rypniewski	2018-2024	1 513 600
5.	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
6.	Niskocząsteczkowe narzędzia do badania lokalnego mikrośrodowiska białek; 2018/29/B/ST4/01498	dr hab. J.Ł. Kolanowski	2019-2024	1 396 100
7.	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	2019-2024	926 100

8.	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
9.	Mechanizmy i role rozwojowe terminacji transkrypcji; 2018/31/B/NZ1/03580	dr hab. T. Miki	2019–2023	1 723 960
10.	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	2020–2025	1 812 200
11.	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	2020–2024	1 089 500
12.	Określenie roli końców 5' i 3' mRNA LINE-1 w biologii tego retrotranspozonu; 2019/33/B/NZ1/02260	dr hab. Z. Warkocki	2020–2025	2 036 480
13.	Kompleksowa analiza transkryptomu Schmidtea mediterranea – identyfikacja niekodujących RNA zaangażowanych w rozwój linii komórkowych podczas regeneracji; 2019/35/B/NZ2/02658	dr hab. P. Jackowiak	2020–2025	2 071 200
14.	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
15.	Badanie zależności pomiędzy sekwencją DNA a strukturą jako punkt wyjścia do projektowania G-kwadrupeksów o określonej topologii – zintegrowane podejście łączące symulacje molekularne i metody eksperymentalne; 2019/35/B/ST4/03559 Zadania ICHB PAN: 1. Walidacja przewidzianych numerycznie stabilności dwutetradowych struktur typu G4 przy pomocy szeregu technik doświadczalnych; 2. Walidacja wartości predykcyjnej modelu poprzez zaprojektowanie trójtetradowych G-kwadrupeksów o wymaganych właściwościach strukturalnych. – projekt realizowany w konsorcjum (lider – Politechnika Gdańska)	prof. dr hab. Z. Gdaniec (kierownik zadań z ramienia ICHB PAN) dr hab. inż. J. Czub (kierownik projektu, Politechnika Gdańska)	2020–2025	1 788 600 1 246 200 ⁷⁰

⁷⁰ Wartość realizowanych zadań przez ICHB PAN.

16.	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 ⁷¹	1 896 000
17.	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
18.	Wykorzystanie związków małocząsteczkowych w epigenetycznej terapii złośliwych glejaków mózgu; 2020/37/B/NZ5/03249	prof. dr hab. M. Naskręt- -Barciszewska	2021–2024	973 200
19.	Oligonukleotydy tworzące trypleksy jako nowe narzędzia do rozplatania struktury G-kwadrupleksu oraz selektywnej inhibicji transkrypcji onkogenu c-Myc; 2020/37/B/NZ7/02008	prof. dr hab. A. Pasternak	2021–2025	1 843 200
20.	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	2021–2026	2 347 200
21.	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
22.	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
23.	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
24.	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
25.	Analiza struktury RNA w komórce i jej kompartmentach w skali transkryptomowej oraz identyfikacja wpływu czynników komórkowych na strukturę RNA w <i>S. cerevisiae</i> ; 2020/39/B/NZ3/03020	dr hab. K. Pachulska- -Wieczorek	2021–2025	1 945 290

⁷¹ Realizacja w ICHB PAN od 1.10.2020 r.

26.	Identyfikacja mutacji aktywujących raka w niekodujących częściach genów kodujących białka i w genach długich niekodujących RNA; 2020/39/B/NZ5/01970	prof. dr hab. P. Kozłowski	2021-2025	2 755 600
27.	Wysokoprzepustowe testy przesiewowe w celu wyselekcjonowania niskocząsteczkowych związków chemicznych osłabiających patogenezę dystrofii miotonicznej typu drugiego (DM2); 2020/39/B/NZ3/01811	dr hab. M. Wojciechowska	2021-2025	1 905 400
28.	Enzymy szlaku biosyntezy L-metioniny jako nowe cele molekularne dla chemoterapii przeciwrzybowej; 2020/39/B/NZ7/01519 Zadania ICHB PAN: 1. Analiza strukturalna oczyszczonych białek; 2. Modelowanie molekularne i badania strukturalne oddziaływań białek z ligandami. ⁷² – projekt realizowany w konsorcjum (lider – Politechnika Gdańska)	prof. dr hab. W. Rypniewski (kierownik zadań z ramienia ICHB PAN) dr hab. I. Gabriel (kierownik projektu – Politechnika Gdańska)	2021-2025	1 677 700 133 200 ⁷³
29.	Dlaczego komórki stają się mniejsze, aby przeżyć? Analiza komórek tytoniu BY2 zaadaptowanych do warunków stresu osmotycznego i solnego w poszukiwaniu kluczowych czynników regulujących gospodarkę energią, molekularną homeostazę i wielkość komórek; 2020/39/B/NZ9/03336 Zadania ICHB PAN: 1. Analiza transkryptomu komórek BY2; 2. Otrzymanie i analiza widm masowych MS/MS; 3. Analizy statystyczne i bioinformatyczne, integracja danych. ⁷⁴ – projekt realizowany w konsorcjum (lider – Instytut Dendrologii PAN w Kórniku)	dr Ł. Marczak (kierownik zadań z ramienia ICHB PAN) dr A. Szuba (kierownik projektu – ID PAN)	2021-2026	2 620 051 345 797 ⁷⁵
30.	Mikrobiom powietrza – charakterystyka mikroorganizmów bytujących w pyłku zawieszonym w powietrzu obszaru miejskiego i ich wpływ na zdrowie człowieka; 2021/41/B/NZ9/03765	dr hab. A. Philips	2021-2025	3 048 170

⁷² Zadanie 1 i 2 realizowane wspólnie z Politechniką Gdańską.

⁷³ Wartość realizowanych zadań przez ICHB PAN.

⁷⁴ Zadanie 1 i 3 realizowane wspólnie z Instytutem Dendrologii PAN w Kórniku.

⁷⁵ Wartość realizowanych zadań przez ICHB PAN.

	Zadania ICHB PAN: 1. Izolacja DNA z filtrów powietrza, przygotowanie bibliotek i sekwencjonowanie WGS; 2. Analiza składu populacji bakteryjnej w metagenomie PM1 i PM2.5 (dane z sekwencjonowania WGS, analiza metagenomiczna); 3. Identyfikacja i analiza bakterii patogennych, czynników wirulencji i czynników związanych z antybiotykoopornością bakterii; 4. Analiza korelacji składu mikrobiomu powietrza z parametrami fizyko-chemicznymi PM1 i PM2.5; 5. Podsumowanie i interpretacja wyników badań. ⁷⁶ – projekt realizowany w konsorcjum (lider – ICHB PAN)			1 873 310 ⁷⁷
31.	Antywirusowe strategie nakierowane na RNA: Peptydowe kwasy nukleinowe (PNA) tworzące trypleksy oraz ich koniugaty z niskcząsteczkowymi ligandami specyficzne do konserwatywnych motywów strukturalnych RNA wirusa grypy typu A oraz SARS-CoV-2; 2021/41/B/NZ1/03819	prof. dr hab. E. Kierzek	2022–2026	2 331 650
32.	Aptamer wiążący trombinę o zwiększonej różnorodności chemicznej jako potencjalny lek przeciwwzakrzepowy i chemioterapeutyk; 2021/41/B/NZ7/03910	dr W. Kotkowiak	2022–2025	1 397 500
33.	Badanie nowej strategii terapeutycznej zmierzającej do obniżenia zmutowanego białka w SCA3/MJD; 2021/41/B/NZ2/03881	dr hab. M. Figiel	2022–2026	2 424 140
34.	Bliskie spotkania trzeciego stopnia: co dzieje się kiedy rybonukleaza Dicer napotyka w komórce RNA i DNA przyjmujące struktury G-kwadrupleksów; 2021/41/B/NZ2/03781	dr hab. A. Kurzyńska- Kokorniak	2022–2026	2 158 840
35.	Egzosomy jako potencjalny biomarker dla monitorowania i prognozowania odrzucania nerki przeszczepionej; 2021/43/B/NZ7/02221 Zadania ICHB PAN: 1. Profilowanie proteomu biopsji nerki pacjentów z histopatologicznymi objawami odrzucenia oraz pacjentów bez cech odrzucenia (efekt długoterminowy)	dr hab. inż. A. Wojakowska (kierownik zadań z ramienia ICHB PAN)	2022–2026	3 826 344 760 940 ⁷⁹

⁷⁶ Zadanie 4 i 5 realizowane wspólnie z Instytutem Podstaw Inżynierii Środowiska PAN.

⁷⁷ Wartość realizowanych zadań przez ICHB PAN.

⁷⁹ Wartość realizowanych zadań przez ICHB PAN.

	<p>– 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)⁷⁸</p> <p>– projekt realizowany w konsorcjum (lider – Gdański Uniwersytet Medyczny)</p>	dr hab. J. Gołębowska (kierownik projektu – Gdański Uniwersytet Medyczny)		
36.	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
37.	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
38.	Nowe mechanizmy działania białka MFT, warunkujące wrażliwość nasion <i>Medicago truncatula</i> na kwas abscysynowy podczas kiełkowania; 2021/43/B/NZ3/00672	dr J. Banasiak	2022–2025	1 390 600
39.	Poszukiwanie inhibitorów ludzkiej reduktazy δ 1-pyrrolino-5-karboksylanu (PYCR1) jako cząsteczek wiodących w rozwoju nowych leków antynowotworowych; 2021/43/B/NZ7/01611 Zadania ICHB PAN: 1. Wysokoprzepustowy skrining enzymatyczny; 2. Skrining wirtualny; 3. Krystalograficzny skrining fragmentów; 4. Potwierdzenie hitów, wyznaczenie IC50; 5. Analiza strukturalna kompleksów PYCR1 z hitami;	dr hab. M. Ruszkowski	2022–2026	2 340 692 2 052 772 ⁸⁰

⁷⁸ Zadanie 3 i 4 realizowane wspólnie z Gdańskim Uniwersytetem Medycznym oraz Narodowym Instytutem Onkologii im. Marii Skłodowskiej-Curie.

⁸⁰ Wartość realizowanych zadań przez ICHB PAN.

	6. Projektowanie nowych związków; 7. Badania inhibicji <i>in vitro</i> ; 8. Eksperymenty <i>in cellulo</i> – projekt realizowany w konsorcjum (lider – ICHB PAN)			
40.	Poszukiwanie nowych celów terapeutycznych w chorobach poliglutaminowych; 2021/43/B/NZ2/01615	dr hab. M. Olejniczak	2022–2026	2 375 000
41.	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 Zadania realizowane przez ICHB PAN: 1. Analiza NMR wyselekcjonowanych dupleksów RNA; 2. Pomiar i analiza widm RNA dla pętli antykodonowych hmt-tRNAMet zawierających f5C34 i G37/m1G37; 3. Wyznaczenie i udokładnienie struktury trójwymiarowej dla pętli antykodonowych hmt-tRNAMet zawierających f5C34 i G37/m1G37 – projekt realizowany w konsorcjum (lider – Politechnika Łódźka)	dr W. Andrałojć (kierownik zadań z ramienia ICHB PAN) dr hab. inż. G. Leszczyńska (kierownik projektu – Politechnika Łódźka)	2022–2026	1 783 934 520 400 ⁸¹
42.	Analiza krystalograficzna kompleksów RNA-ligand. W kierunku racjonalnego projektowania cząsteczek wiodących w rozwoju terapii chorób neurodegeneracyjnych; 2022/45/B/NZ7/03543	dr hab. A. Kiliszek	2023–2027	2 045 208
43.	Termodynamika modyfikowanych RNA. Wpływ modyfikacji RNA na strukturę i funkcje naturalnych RNA oraz transkrybowanych <i>in vitro</i> szczepionkowych mRNA (IVT mRNA); 2022/45/B/ST4/03586	prof. dr hab. R. Kierzek	2023–2027	2 685 220
44.	Opis kluczowych mechanizmów koordynacji i priorytyzacji odpowiedzi jęczmienia na jednoczesne stesy biotyczne i abiotyczne – podejście multiomiczne; 2022/45/B/NZ9/03572	dr A. Piasecka	2023–2027	1 854 644
45.	Charakterystyka funkcjonalna transporterów ABCG obecnych w nasionach <i>Medicago truncatula</i> ; 2022/47/B/NZ9/00443	prof. dr hab. M. Jasiński	2023–2027	1 795 800

⁸¹ Wartość realizowanych zadań przez ICHB PAN.

46.	Krótkie RNA pochodzące z tRNA (tRF) jako reagujące na stres cząsteczki regulatorowe u soi; 2022/47/B/NZ9/01440	dr hab. A. Tyczewska	2023–2027	2 496 730
Projekty SONATA				
47.	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
48.	W jaki sposób struktura RNA kieruje funkcją matrycowego RNA? Aspekty strukturalne i funkcjonalne kluczowe dla syntezy białka p53 – głównego regulatora podstawowych procesów w komórce; 2016/23/D/NZ1/02565	dr L. Błaszczyk	2017–2023	533 280
49.	Badanie urydylacji RNA jako mechanizmu regulacji ekspresji genów u człowieka; 2017/26/D/NZ1/00887	dr hab. Z. Warkocki	2018–2023	1 150 000
50.	Maskowane substraty bioluminogenne do selektywnego obrazowania parametrów biochemicznych raka; 2017/26/D/NZ1/01234 Zadania ICHB PAN: 1. Zaprojektowanie i synteza zestawu sond bioluminescencyjnych; 2. Scharakteryzowanie działania sond <i>in vitro</i> ; 3. Walidacja sond w modelach komórkowych; 4. Profilowanie modelowych linii raka płuc pod względem ich parametrów biochemicznych. – projekt realizowany w konsorcjum (lider – ICHB PAN)	dr hab. J.Ł. Kolanowski	2018–2023	1 067 100 658 000 ⁸²
51.	Identyfikacja biocząsteczek uwalnianych przez komórki raka jelita grubego i wykrywanych w surowicy krwi lub/i egzozomach; 2017/26/D/NZ2/00964	dr hab. inż. A. Wojakowska	2018–2023	1 546 211
52.	Badania strukturalne DNAzymów 8-17 i I-R2 metodami NMR; 2018/31/D/ST4/01467	dr W. Andrałojć	2019–2024	744 000
53.	Roślinny szlak biosyntezy histydyny: badania strukturalne i funkcjonalne jako wstęp do projektowania inhibitorów i aktywatorów; 2018/31/D/NZ1/03630	dr hab. M. Ruszkowski	2019–2023	1 442 800
54.	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	2020–2024	1 486 800

⁸² Wartość realizowanych zadań przez ICHB PAN.

55.	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	2020–2024	1 086 720
56.	Strategia przeciwnowotworowa bazująca na indukowaniu kwadrupleksów. Właściwości strukturalne i biologiczne kompleksów ligand-RNA/mRNA; 2020/39/D/ST4/03177	dr D. Gudanis-Sobocińska	2021–2024	1 174 250
57.	Długie niekodujące RNA – nowy cel terapii antygrypowej; 2020/39/D/NZ6/03267	dr M. Soszyńska-Józwiak	2021–2024	1 535 980
58.	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
59.	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
60.	Zgłębienie procesów neurodegeneracyjnych z wykorzystaniem bezpośredniego profilowania selektywnie wrażliwych neuronów; 2021/43/D/NZ3/03006	dr P. Świtoński	2022–2025	1 470 600
Projekty SONATA BIS				
61.	Niepoznane obszary aktywności ludzkiej rybonukleazy Dicer; 2016/22/E/NZ1/00422	dr hab. A. Kurzyńska-Kokorniak	2017–2023	1 959 600
62.	Opracowanie metodologii umożliwiającej stabilizację RNA w formie spinki do badań krystalograficznych; 2017/26/E/NZ1/00950	dr hab. A. Kiliszek	2018–2024	2 250 340
63.	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	2018–2024	2 318 900
64.	Implikacje funkcjonalne cyrkularnych (kolistych) RNA w neuronach i mózgu; 2018/30/E/NZ3/00624	dr M. Piwecka	2019–2024	3 257 380

65.	Hamowanie aktywności hydrolazy S-adenozylu-L-homocysteiny z <i>Pseudomonas aeruginosa</i> poprzez wpływ na dynamikę enzymu; 2018/30/E/NZ1/00729	dr hab. K. Brzeziński	2019–2024 ⁸³	3 181 200
66.	Funkcjonalne czy niefunkcjonalne? 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
Projekty SONATINA				
67.	Pionierskie badania struktury i funkcji G-kwadrupleksów miRNA; 2018/28/C/NZ1/00497	dr A. Belter	2018–2023	937 273
68.	Geny oporności na antybiotyki i integrony jako wskaźniki zanieczyszczenia biotycznego i obciążenia opornością ekosystemów Arktyki; 2020/36/C/NZ9/00221	dr N. Makowska- -Zawierucha	2020–2023	737 707
69.	Psychodeliki jako potencjalne terapeutyki w chorobach neurodegeneracyjnych – badanie w modelu mysim ataksji mózdkowo-rdzeniowej typu 3; 2021/40/C/NZ4/00326 Zadania ICHB PAN: 1. Różnicowanie <i>in vitro</i> mysich płodowych nerwowych komórek progenitorowych z LSD, DMT i psylocyną – charakterystyka fenotypowa; 2. Charakterystyka fenotypowa <i>in vitro</i> mikrogleju po stymulacji z LSD, DMT i psylocyną; 3. Badanie <i>in vitro</i> fagocytozy mikrogleju po stymulacji z LSD, DMT i psylocyną; 4. Badanie <i>in vivo</i> nad terapeutycznymi właściwościami psylocybiny w mysim modelu Ki150 – MRI i testy behawioralne; ⁸⁴ 5. Badanie <i>in vivo</i> nad terapeutycznymi właściwościami psylocybiny w mysim modelu Ki150 – badanie tkanek post mortem. – projekt realizowany w konsorcjum (lider – ICHB PAN)	dr U. Kozłowska	2021–2024	967 586 845 586 ⁸⁵

⁸³ Realizacja w ICHB PAN od 1.10.2020 r.

⁸⁴ Zadanie realizowane wspólnie z Uniwersytetem im. Adama Mickiewicza w Poznaniu.

⁸⁵ Wartość realizowanych zadań przez ICHB PAN.

70.	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
71.	Zagadkowa struktura ludzkich czynników transkrypcyjnych GRHL regulujących procesy nowotworzenia; 2022/44/C/NZ1/00085	dr M. Rutkiewicz	2022-2025	988 878
Projekty BEETHOVEN LIFE				
72.	Molekularne podstawy aktywacji wirusów grypy przez transbłonowe proteazy serynowe typu II; 2018/31/F/NZ1/03891	dr P. Zmora	2020-2024	1 506 900
Projekty PRELUDIUM				
73.	Nowe bispecyficzne koniugaty G-kwadrupeksów jako potencjalne leki przeciwnowotworowe; 2019/35/N/NZ7/02777	dr C. Roxo	2020-2024	210 000
74.	Arc jako neuronalny Gag. Badanie wirusowych właściwości i funkcji głównego regulatora plastyczności synaptycznej; 2019/35/N/NZ1/01954	dr J. Gumna	2020-2024	139 920
75.	Badanie mechanizmów naprawy DNA w modelu DRPLA z wykorzystaniem systemu CRISPR-Cas; 2021/41/N/NZ2/03047	dr M. Dąbrowska	2022-2024	69 928
76.	Badanie struktury genomowego RNA Ty3 podczas retrotranspozycji w drożdżach; 2021/41/N/NZ3/04060	mgr inż. A. Andrzejewska- -Romanowska	2022-2025	209 657
77.	Komórkowa sieć oddziaływań pomiędzy RNA i domeną helikazową rybonukleazy Dicer człowieka; 2021/41/N/NZ2/03849	dr K. Ciechanowska	2022-2024	139 690
78.	Wykorzystanie sztucznych miRNA w terapii choroby Huntingtona; 2021/41/N/NZ1/03860	dr inż. A. Kotowska- -Zimmer	2022-2025	69 964
79.	Związek pomiędzy stymulacją aktywności ATPazowej a transportem na przykładzie selektywnego transportera ABCG z <i>Medicago truncatula</i> ; 2021/41/N/NZ1/04030	dr K. Pakuła	2022-2023	67 830
80.	Mikroskopowa identyfikacja białek zaangażowanych w naprawę DNA w regionach powtórzeń CAG; 2022/45/N/NZ3/01283	mgr inż. M. Nowaczyk	2023-2024	69 998
81.	Gra w ogony: Zrozumienie roli przetwarzania 3'-końca długich niekodujących RNA podczas rozwoju danio przegowanego; 2022/45/N/NZ2/03622	mgr inż. M. Kwiatkowska	2023-2025	139 930

PRELUDIUM BIS				
82.	Allelo-selektywna terapia dla chorób poliglutaminowych z wykorzystaniem technologii interferencji RNA; 2019/35/O/NZ1/03535	dr hab. M. Olejniczak	2020–2024	532 800
83.	Niekanoniczny splicing pre-mRNA jest zaangażowany w edytowanie zmutowanego allelu CNBP w dystrofii mięśniowej typu drugiego (DM2); 2021/43/O/NZ1/01590	dr hab. M. Wojciechowska	2022–2026	687 900
84.	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
Projekty MINIATURA				
85.	Produkcja białka MtABCG46 w systemie heterologicznym – przygotowanie do analizy strukturalnej; 2021/05/X/NZ1/00255	dr inż. W. Biała- -Leonhard	2021–2023	44 330
86.	Identyfikacja białek znoszących oddziaływanie białka PABPC1 z ogonem poli(A) mRNA we wczesnej apoptozie; 2021/05/X/NZ3/00684	dr D. Janecki	2021–2023	49 999
87.	Wpływ niskocząsteczkowych ligandów, specyficznie oddziałujących z potrójną helisą RNA MALAT1, na tworzenie kompleksu MALAT1/ METTL16; 2021/05/X/NZ1/00948	dr A. Ruszkowska	2021–2023	49 940
88.	Biodrukowane organoidy nowotworowe utworzone z komórek pacjenta do predykcyjnych badań toksykologicznych i opracowywania nowych leków; 2022/06/X/NZ7/01747	dr D. Wawrzyniak	2022–2024	47 149
89.	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	2022–2024	49 885
90.	Uwarunkowania rozwoju biogospodarki z perspektywy regionalnej; 2023/07/X/HS4/00406	dr E. Woźniak- -Gientka	2023–2024	9 900
91.	Badanie nowych funkcji niekonwencjonalnej miozyny działającej w mózgu ssaków; 2023/07/X/NZ2/01222	dr W. Wendlandt- -Stanek	2023–2024	49 984
92.	Wizualizacja w nanoskali interakcji kompleksu adaptera AP2 z Hippocalcin podczas LTD-indukowanej endocytozy receptora AMPA za pośrednictwem Clatrin przy użyciu mikroskopii superrozdzielczej MINFLUX; 2023/07/X/NZ1/01669	dr V. Cherkas	2023–2024	49 995

93.	Azydofosforany jako chemiczny marker w biokoniugacji kwasów nukleinowych; 2023/07/X/ST5/01635	dr M. Rachwałak	2023–2024	49 500
PROJEKTY PAN				
94.	Ultra-czuły skrining wieloparametryczny w poszukiwaniu biomarkerów nowotworowych: połączenie wykładniczej amplifikacji sygnału z rezonansowym transferem energii Förstera; PAN.BFB.S.BDN.636.022.2021	dr M. Dekaliuk	2022–2024	855 876,81
95.	Nanoscale Hippocampal Signaling in Long-Term Depression in Norm and Primary Dystonia; PAN.BFB.S.BWZ.405.022.2023	dr V. Cherkas	2023–2026	1 810 920
NORWESKI MECHANIZM FINANSOWY NA LATA 2014–2021				
Projekty GRIEG				
96.	Granice życia: różnorodność, strategie adaptacyjne oraz potencjał biotechnologiczny drobnoustrojów żyjących w głębinach morskich Arktyki; 2019/34/H/NZ2/00584. Zadania ICHB PAN ⁸⁶ : 1. Klonowanie genów i nadprodukcja białek; 2. Charakterystyka enzymatyczna białek; 3. Analiza strukturalna białek; – projekt realizowany w konsorcjum (lider – Uniwersytet Gdański)	prof. dr hab. W. Rypniewski (kierownik zadań z ramienia ICHB PAN); prof. dr hab. T. Kaczorowski (kierownik projektu, Uniwersytet Gdański)	2021–2024	6 389 850 850 500 ⁸⁷
JPND Call 2022 (EU Joint Programme – Neurodegenerative Disease Research)				
97.	Mechanizmy molekularne terapeutycznych podejść żywieniowych w neurodegeneracji; 2022/04/Y/NZ2/00119	dr hab. M. Figiel	2023–2026	1 147 408,00

⁸⁶ Zadania realizowane wspólnie z Uniwersytetem Gdańskim.

⁸⁷ Wartość zadań realizowanych przez ICHB PAN.

PROGRAMY MINISTRA NAUKI I SZKOLNICTWA WYŻSZEGO				
98.	<p>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)</p> <p>Zadania ICHB PAN:</p> <p>1. Zakup Czytnika Płytek, Systemu HCA, Systemu dozującego minimalne ilości płynów, elementów usprawniających automatyzację procesów, systemu usprawnienia hodowli komórkowej i akcesoriów wspomagających;</p> <p>2. Zakup aparatury i zapewnienie sterylności systemu;</p> <p>3. Zakup aparatury i stworzenie systemu inteligentnego magazynowania i zarządzania próbkami;</p> <p>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.</p> <p>– projekt realizowany w konsorcjum POL-OPENSREEN (lider – Instytut Biologii Medycznej PAN)</p>	<p>prof. dr hab. M. Figlerowicz (kierownik zadań z ramienia ICHB PAN);</p> <p>prof. dr hab. Z. Leśnikowski (kierownik projektu, IBM PAN)</p>	2018–2023	<p>39 273 625</p> <p>12 760 000⁸⁸</p>
Program Diamentowy Grant				
99.	<p>Badanie początkowych ścieżek patogenezy DRPLA w modelu ludzkich prekursorów neuronalnych;</p> <p>0043/DIA/2020/49</p>	inż. B. Nowak	2020–2023	166 100
Program Perły Nauki				
100.	<p>Znaczenie polimorfizmu długości ciągów CAG w patogenezie chorób nowotworowych; PN/01/0083/2022</p>	mgr M. Śmiełowska	2023–2025	239 965
Program Doskonała Nauka				
101.	<p>Międzynarodowa konferencja “RNA regulation in brain function and disease”;</p> <p>DNK/SP/514092/2021</p>	<p>dr hab. A. Fiszer</p> <p>dr hab. M. Olejniczak</p>	2022–2023	169 600

⁸⁸ Wartość zadań realizowanych przez ICHB PAN.

		dr M. Piwecka dr hab. K. Rolle		
102.	Międzynarodowa konferencja "Understand and describe life" – 35-lecie istnienia Instytutu Chemii Bioorganicznej PAN	prof. dr hab. M. Figlerowicz	2023-2024	260 700
PROGRAMY NARODOWEJ AGENCJI WYMIANY AKADEMICKIEJ				
Program POLSKIE POWROTY				
103.	Deciphering networks of regulatory RNAs in the central nervous system; PPN/PPO/2019/1/00035/U/1	dr M. Piwecka	2019-2023	1 583 750
PROJEKTY NARODOWEGO CENTRUM BADAŃ I ROZWOJU				
Program LIDER				
104.	Platforma obliczeniowa do optymalizacji ścieżek rozwojowych komórek w celu uzyskania populacji jednorodnych: LIDER13/0221/2022	dr I. Stolarek	2023-2026	1 500 000
EuroHPC Joint Undertaking				
105.	Adaptacyjne wielopoziomowe inteligentne zarządzanie danymi dla systemów eksaskalowych – ADMIRE; EuroHPCU/ADMIRE/03/2021 Zadania ICHB PAN: WP 6 – Intelligent controller; WP 7 – Application co-design – projekt realizowany w konsorcjum międzynarodowym (lider – Universidad Carlos III De Madrid, Hiszpania)	dr hab. M. Figiel (kierownika zadań z ramienia ICHB PAN); dr hab. inż. A. Oleksiak (kierownik zadań z ramienia PCSS); prof. Jesus Carretero (kierownik projektu, UC3M)	2021-2024	7 968 786,25 EUR 275 250 EUR ⁸⁹ 1 169 041,80 ⁹⁰

⁸⁹ Wartość zadań realizowanych przez Instytut i PCSS dofinansowanych z Komisji Europejskiej.

⁹⁰ Wartość zadań realizowanych przez Instytut i PCSS dofinansowanych z NCBR.

PROJEKTY ZAGRANICZNE				
106.	Ensuring long-term sustainability of excellence in chemical biology within Europe and beyond – EU-OPENSREEN-DRIVE; GA No 823893 – projekt realizowany w konsorcjum międzynarodowym: lider – European Infrastructure of Open Screening Platforms for Chemical Biology European Research Infrastructure Consortium (EU-OPENSREEN ERIC, EU-OS), Niemcy	dr hab. J.Ł. Kolanowski (kierownika zadań z ramienia ICHB PAN); dr. Philip Gribbon (kierownik projektu, ERIC)	2019–2023	4 999 563,50 EUR 141 862,50 EUR ⁹⁸
107.	Connect and align ELIXIR Nodes to deliver sustainable FAIR life-science data management services – ELIXIR – CONVERGE; 871075 Zadania ICHB PAN: Zadanie 9. Coordinate nascent and established national data hubs focusing on brokering services to mobilise data and define and foster common best practices w ramach pakietu W9 Mobilisation of SARS-CoV-2 variant surveillance data tracking services and tools ⁹¹ – projekt realizowany w konsorcjum (lider – European Molecular Biology Laboratory)	dr P. Zmora (kierownika zadań z ramienia ICHB PAN); dr. Niklas Bloomberg (kierownik projektu, EMBL)	2021–2023	45 164 111,74 135 751,01 ⁹²
108.	Yeast cell factory for mRNA bioproduction – YSCRIPT; 964976 Zadania ICHB PAN: W1 – Generation of yeast cell factories for efficient mRNA bioproduction W 4– Quality control and biological validation of bio-produced mRNA; W 6 – Communication, Dissemination and Exploitation – projekt realizowany w konsorcjum (lider – Centre National de la Recherche Scientifique)	dr hab. K. Pachulska- -Wieczorek (kierownik zadań ramienia ICHB PAN); prof. Chantel Pichon (kierownik projektu, CNRS)	2022–2025	3 073 138,75 EUR 273 310 EUR ⁹³
109.	Integrated Services for Infectious Disease Outbreak Research – ISIDORE; 101046133	dr hab. J.Ł. Kolanowski	2022–2025	20 998 624 EUR

⁹¹ Zadanie realizowane wspólnie przez Instytut i PCSS.

⁹² Wartość zadań realizowanych przez Instytut i PCSS.

⁹³ Wartość zadań realizowanych przez ICHB PAN.

	Zadania ICHB PAN: WP 10 – Provision of services for diagnostic & therapeutic development – projekt realizowany w konsorcjum (lider – European Research Infrastructure on Highly Pathogenic Agents)			8 740 EUR ⁹⁴
110.	Integrated SERVICES supporting a sustainable AGROecological transition – AgroServ; 101058020 Zadania ICHB PAN: WP 17-EU-OPENSREEN – projekt realizowany w konsorcjum (lider – Centre National de la Recherche Scientifique CNRS)	dr hab. J.Ł. Kolanowski	2022–2027	14 252 873,35 EUR 72 626 EUR ⁹⁵
111.	Alternative gene ends: the crosstalk of RNA cleavage and transcription termination – AlternativeEnds; 101042642 Zadania ICHB PAN: AIM 3 – Unbiased investigation of factors and pathways regulating alternative termination – projekt realizowany w konsorcjum (lider – Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu)	dr hab. J.Ł. Kolanowski	2022–2027	1 493 850 EUR 49 250 EUR ⁹⁶
112.	Integrated assessment and Advanced Characterisation of Neuro-Nanotoxicity – iCARE; 10109271 Zadania ICHB PAN: WP 1 – Development of assays for imaging and characterisation of transformations of nanomaterials in complex matrices and their impact on <i>in vitro</i> models – projekt realizowany w konsorcjum (lider – Laboratorio Iberico Internacional de Nanotecnologia LIN)	dr hab. J.Ł. Kolanowski	2023–2026	2 744 654,75 EUR 655 625 EUR ⁹⁷
113.	Międzynarodowa konferencja „Non-coding RNA medicine”; EMBO Workshop	dr hab. Barbara Uszczyńska- -Ratajczak	2022–2023	102 860 EUR

⁹⁴ Wartość zadań realizowanych przez ICHB PAN.

⁹⁵ Wartość zadań realizowanych przez ICHB PAN.

⁹⁶ Wartość zadań realizowanych przez ICHB PAN.

⁹⁷ Wartość zadań realizowanych przez ICHB PAN.

PROGRAM OPERACYJNY INTELIGENTNY ROZWÓJ 2014–2020				
Oś priorytetowa I. Wsparcie prowadzenia prac B+R przez przedsiębiorstwa				
Działanie 1.1. Projekty B+R przedsiębiorstw				
114.	Opracowanie wielkoskalowej syntezy kwasów nukleinowych z wykorzystaniem podłoży hybrydowych; POIR.01.01.01-00-1877/20 Zadania ICHB PAN: Badania przemysłowe: etap 1; etap 3; – projekt realizowany w konsorcjum (lider – FutureSynthesis Sp. z o. o.)	dr hab. M. Chmielewski (kierownik zadań z ramienia ICHB PAN); mgr Joanna Chmielewska (zarządzanie projektem, FutureSynthesis)	2021–2023	4 490 006,26 2 097 712,90 ⁹⁸
115.	Opracowanie wysokoprzepustowego systemu umożliwiającego szybką ocenę aktywności biologicznych związków nakierowanych na kompleks replikacyjny SARS-CoV-2, wytypowanie związków o najwyższym potencjale terapeutycznym i ocena ich cytotoksyczności wobec komórek ludzkich; POIR.01.01.01-00-2450/20 Zadania ICHB PAN: 1. Badania przemysłowe: etap 1, etap 2, etap 5; 2. Eksperymentalne prace rozwojowe: etap 6; – projekt realizowany w konsorcjum (lider – ideas4biology Sp. z o. o.)	dr hab. A. Kurzyńska-Kokorniak (kierownik zadań z ramienia ICHB PAN); dr Maciej Kokorniak (zarządzanie projektem, I4B)	2021–2023	3 817 093,75 1 783 906,25 ⁹⁹
Oś priorytetowa IV. Zwiększenie potencjału naukowo-badawczego				
Działanie 4.2. Rozwój nowoczesnej infrastruktury badawczej sektora nauki				
116.	ECBiG – Europejskie Centrum Bioinformatyki i Genomiki; POIR.04.01.02-30-A004/16-00 Zadania ICHB PAN:	prof. dr hab. M. Figlerowicz	2016–2023	68 000 000

⁹⁸ Wartość zadań realizowanych przez ICHB PAN.

⁹⁹ Wartość zadań realizowanych przez ICHB PAN.

	1. Stworzenie bazy danych genomicznych; 2. Narzędzia bioinformatyczne. – projekt realizowany w konsorcjum (lider – ICHB PAN)			27 134 114 ¹⁰⁰
117.	NEBI – Krajowy Ośrodek Badań Obrazowych w Naukach Biologicznych i Biomedycznych; POIR.04.02.00-00-C004/19-00 – projekt realizowany w konsorcjum (lider konsorcjum: Instytut Biologii Doświadczalnej im. M. Nenckiego PAN, Warszawa)	prof. dr hab. M. Figlerowicz (kierownik z ramienia ICHB PAN); prof. dr hab. A. Dobrzyń (kierownik projektu, IBD PAN)	2019–2023	172 035 386,31 84 490 129,65 ¹⁰¹
118.	ECBiG – Europejskie Centrum Bioinformatyki i Genomiki – MOSAIC; POIR.04.02.00-00-D017/20 Zadania ICHB PAN: 1. Wytworzenie infrastruktury do pozyskiwania biomedycznych danych uczących; 2. Wytworzenie infrastruktury do integracji i analizy danych z wykorzystaniem AI oraz do udostępniania zasobów i usług; – projekt realizowany w konsorcjum (lider – ICHB PAN)	prof. dr hab. M. Figlerowicz	2021–2023	186 830 423 129 167 853,77 ¹⁰²

PROGRAM OPERACYJNY WIEDZA EDUKACJA ROZWÓJ 2014–2020

Oś priorytetowa III. Szkolnictwo wyższe dla gospodarki i rozwoju				
Działanie 3.2. Studia doktoranckie				
119.	Środowiskowe interdyscyplinarne studia doktoranckie w zakresie nanotechnologii; POWR.03.02.00-00-I032/16 Zadania ICHB PAN:	dr hab. M. Sobkowski (kierownik zadań)	2018–2023	2 475 777,50 469 556,50 ¹⁰³

¹⁰⁰ Wartość dofinansowania zadań realizowanych przez Instytut i PCSS.

¹⁰¹ Wartość dofinansowania zadań realizowanych przez Instytut i PCSS.

¹⁰² Wartość dofinansowania zadań realizowanych przez Instytut i PCSS.

¹⁰³ Wartość zadań realizowanych przez ICHB PAN.

	1. Przygotowanie, otwarcie i realizacja nowego programu studiów doktoranckich z nanotechnologii; 2. Organizacja staży i wyjazdów konferencyjnych. – projekt realizowany w konsorcjum (lider – Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu)	z ramienia ICHB PAN); prof. dr hab. B. Mróz (kierownik projektu – UAM)		
120.	Interdyscyplinarne studia doktoranckie NanoBioTech; POWR.03.02.00-00-I0011/16 – projekt realizowany w konsorcjum (lider – Politechnika Poznańska)	dr hab. M. Sobkowski (kierownik zadania z ramienia ICHB PAN); prof. dr hab. inż. T. Jesionowski (kierownik projektu – PP)	2018–2023	2 549 895 752 272,50 ¹⁰⁴

AGENCJA BADAŃ MEDYCZNYCH

Komercyjne badania kliniczne				
121.	Opracowanie uniwersalnej platformy szybkiego reagowania, opartej na technologii RNA, zapewniającej krajowe bezpieczeństwo lekowe i epidemiologiczne; 2021/ABM/05/00004 Zadania ICHB PAN: 1. Design of therapeutic RNAs and creation of bioinformatic tools and databases; 2. Platform for chemical and biotechnological synthesis of short and long RNAs; 3. Design and testing of delivery strategies for short and long RNAs; 4. Assessment of therapeutic RNAs biological activity <i>in vitro</i> ; 5. Pre-clinical evaluation of the therapeutic RNA in animal models. – projekt realizowany w ramach umowy konsorcjum (lider – Warszawskie Zakłady Farmaceutyczne POLFA S. A.)	prof. M. Figlerowicz (kierownik B+R); mgr Katarzyna Rusin (zarządzanie projektem, POLFA S.A.)	2021–2027	93 852 588,56 35 207 716,16 ¹⁰⁴

¹⁰⁴ Wartość dofinansowania zadań realizowanych przez Instytut i PCSS.

Projekty realizowane w PCSS w 2023 roku

Lp.	Tytuł projektu, nr umowy	Kierownik projektu	Okres realizacji (rok) od-do	Przyznane środki
PROJEKTY NARODOWEGO CENTRUM BADAŃ I ROZWOJU				
1.	Adaptacyjne wielopoziomowe inteligentne zarządzanie danymi dla systemów eksaskalowych – ADMIRE; EuroHPCU/ADMIRE/03/2021	dr hab. inż. A. Oleksiak (kierownik projektu z ramienia PCSS) dr hab. M. Figiel (kierownika zadań z ramienia ICHB PAN)	2021–2024	1 169 041,80 ¹⁰⁵
2.	AssSyst – Budowa platformy do prowadzenia testów, eksperymentów procesowych oraz neutralizacji materiałów i urządzeń wybuchowych	mgr inż. Tomasz Piontek	2019–2023	2 430 000,00 zł
3.	Safe-Home – Safe-Home – Inteligentny monitoring bezpieczeństwa i stanu zdrowia osób starszych w środowisku domowym	mgr inż. Michał Kosiedowski	2021–2024	498 286,77 zł
4.	SYGPAST – Skonstruowanie wielofunkcyjnej hybrydowej drukarki 3D z systemem kontroli jakości w czasie rzeczywistym	mgr inż. Maciej Głowiak	2020–2023	2 781 562,50 zł
5.	QATM – Zastosowania technologii kwantowych w zarządzaniu ruchem lotniczym SZ RP	dr hab. inż. Krzysztof Kurowski	2021–2024	4 078 750,00 zł
6.	MEDICS – System Zarządzania Informacją Medyczną oraz Wspomagania Procesu Ewakuacji Medycznej Na Polu Walki	mgr inż. Gerard Frankowski	2021–2024	4 898 875,00 zł
7.	PosEmo – PosEmo – Narzędzie do automatycznego określania zaangażowania i pobudzenia emocjonalnego osób w obrazie z kamery	mgr inż. Juliusz Pukacki	2022–2023	247 500,00 zł

¹⁰⁵ Wartość realizowanych zadań przez Instytut i PCSS dofinansowanych z NCBR.

8.	AI-NET-PROTECT – Providing Resilient & Secure Networks [Operating on Trusted Equipment] to Critical Infrastructures	mgr inż. Bartosz Belter	2022–2024	350 625,00 zł
9.	EMMA44 – Pozyskanie informacji z mediów elektronicznych z wykorzystaniem metod sztucznej inteligencji i uczenia maszynowego	dr inż. Ewa Kuśmierk	2022–2025	6 304 375,00 zł
10.	Współfinansowanie krajowe projektu eFlows4Hpc – Enabling Dynamic and Intelligent Workflows in the Future EuroHPC Ecosystem	dr inż. Norbert Meyer	2021–2024	235 719,60 zł
11.	Współfinansowanie krajowe projektu TEXTAROSSA – Towards Extreme Scale Technologies and Accelerators for Eurohpc hw/Sw Supercomputing Applications for Exascale	dr hab. inż. Ariel Oleksiak	2021–2024	1 514 763,88 zł
12.	SusPot – Transparency and Sustainability in the Potato Processing Chain from F2F through Innovative Data Sharing	dr Raul Palma de Leon	2023–2026	200 000,00 €
13.	SD-APQ – Opracowanie, implementacja i ocena bezpieczeństwa algorytmów postkwantowych pk. APQ	mgr inż. Piotr Rydlichowski	2022–2024	472 500,00 zł
14.	Współfinansowanie krajowe do projektu HIDALGO2 – HPC and Big Data Technologies for Global Challenges	dr inż. Norbert Meyer	2023–2026	2 361 503,03 zł
PROGRAMY MINISTRA EDUKACJI I NAUKI				
15.	Współfinansowanie krajowe do projektu PIONIER-Q – PIONIER-Q Polish Quantum Communication Infrastructure	mgr inż. Artur Binczewski	2022–2024	1 323 268,00 €
16.	Współfinansowanie krajowe do projektu GN5-1	mgr inż. Artur Binczewski	2023–2024	2 971 005 zł
17.	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 zł
18.	Współfinansowanie krajowe do projektu EUROfusion 2023 – 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. Norbert Meyer	2023	1 378 904,00 zł

CENTRUM PROJEKTÓW POLSKA CYFROWA				
19.	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
FUNDACJA ROZWOJU SYSTEMU EDUKACJI				
20.	SUCCESS – Supporting Success for all – Universal Design Principles in Digital Learning for Students with Disabilities	mgr inż. Tomasz Piontek	2021–2023	61 995,00 €
21.	Up2DigiSchool – Up2DigiSchool – A Viable Pedagogical Approach for Digital School Education based on the Experience of Up2U	mgr inż. Tomasz Piontek	2022–2025	71 050,00 €
22.	AI-ENTR4YOUTH – Blending AI and Entrepreneurship Education for Youth	mgr inż. Tomasz Piontek	2023–2025	73 130,00 €
23.	SOULSS – Scaffolding Online University Learning: Support Systems	mgr inż. Tomasz Piontek	2022–2025	80 000,00 €
MINISTERSTWO CYFRYZACJI				
24.	Współfinansowanie krajowe do projektu PIONIER-Q – PIONIER-Q Polish Quantum Communication Infrastructure	mgr inż. Artur Binczewski	2023–2025	6 194 007,59 zł
AGENCJA BADAŃ MEDYCZNYCH				
25.	RCMC – Uniwersyteckie Centrum Medycyny Cyfrowej i Medycyny Precyzyjnej o specjalizacji w Kompleksowym Fenotypowaniu Chorób Cywilizacyjnych	mgr inż. Juliusz Puckacki	2023–2027	4 725 000,00 €
PROJEKTY ZAGRANICZNE				
26.	ELIXIR-CONVERGE – Connect and Align ELIXIR Nodes to Deliver Sustainable FAIR life-Science Data Management Services	dr hab. inż. Krzysztof Kurowski	2021–2023	29 522,00 €
27.	STARGATE – Resilient Farming by Adaptive Microclimate Management	dr Raul Palma de Leon	2019–2024	180 500,00 €
28.	OPENQKD – Open European Quantum Key Distribution Testbed	mgr inż. Piotr Rydlichowski	2019–2023	363 375,00 €

29.	DEMETER – Building an Interoperable, Data-Driven, Innovative and Sustainable European Agri-Food Sector	dr Raul Palma de Leon	2019–2023	333 500,00 €
30.	Open IACS – Open LOD Platform based on HPC Capabilities for Integrated Administration of Common Agriculture Policy	dr Raul Palma de Leon	2019–2023	405 263,00 €
31.	CS3MESH4EOSC – Interactive and Agile/Responsive Sharing Mesh of Storage, Data and Applications for EOSC	dr inż. Norbert Meyer	2020–2023	757 000,00 €
32.	SHOP4CF – Smart Human Oriented Platform for Connected Factories	dr Adam Olszewski	2020–2023	529 500,00 €
33.	PJ13 – W2 ERICA – Enable RPAS Insertion in Controlled Airspace	mgr inż. Tomasz Piontek	2019–2023	126 237,04 €
34.	EUHubs4Data – European Federation of Data Driven Innovation Hubs	dr inż. Norbert Meyer	2020–2024	200 500,00 €
35.	CLONETS-DS – Clock Network Services – Design Study	mgr inż. Wojbor Bogacki	2020–2023	312 751,25 €
36.	Change2Twin – Create and Harvest Offerings to Support Manufacturing SMEs to become Digital Twin Champions	dr inż. Cezary Mazurek	2020–2024	388 100,00 €
37.	illuMINEation – Bright concepts for a Safe and Sustainable Digital Mining Future	dr inż. Norbert Meyer	2020–2024	321 500,00 €
38.	REnergetic – Community-empowered Sustainable Multi-Vector Energy Islands	dr hab. inż. Ariel Oleksiak	2020–2024	751 500,00 €
39.	MARVEL – Multimodal Extreme Scale Data Analytics for Smart Cities Environments	dr inż. Norbert Meyer	2021–2023	224 000,00 €
40.	eFlows4Hpc – Enabling Dynamic and Intelligent Workflows in the Future EuroHPCecosystem	dr inż. Norbert Meyer	2021–2024	55 500,00 €
41.	ADMIRE – Adaptive Multi-tier Intelligent Data Manager for Exascale	dr hab. inż. A. Oleksiak	2021–2024	7 968 786,25 EUR 275 250 EUR ¹⁰⁶

¹⁰⁶ Wartość realizowanych zadań przez Instytut i PCSS dofinansowanych z Komisji Europejskiej.

		(kierownik projektu z ramienia PCSS) dr hab. M. Figiel (kierownik zadań z ramienia ICHB)		
42.	EOSC FUTURE – EOSC FUTURE	mgr inż. Raimundas Tuminauskas	2021–2024	968 312,50 €
43.	RELIANCE – Research Lifecycle Management for Earth Science Communities and Copernicus Users in EOSC	dr Raul Palma de Leon	2020–2023	314 250,00 €
44.	SLICES-SC – Scientific Large-Scale Infrastructure for Computing/Communication Experimental Studies – Starting Community	mgr inż. Bartosz Belter	2021–2024	303 750,00 €
45.	TEXTAROSSA – Towards Extreme Scale Technologies and Accelerators for Eurohpc hw/Sw Supercomputing Applications for Exascale	dr hab. inż. Ariel Oleksiak	2021–2024	152 850,00 €
46.	ILIAD – Integrated Digital Framework for Comprehensive Maritime Data and Information Services	dr Raul Palma de Leon	2022–2025	329 000,00 €
47.	AI4EOSC – Artificial Intelligence for the European Open Science Cloud	dr inż. Norbert Meyer	2022–2025	366 500,00 €
48.	Skills4EOSC – Skills for the European Open Science Commons: Creating a Training Ecosystem for Open and FAIR Science	mgr inż. Raimundas Tuminauskas	2022–2025	206 000,00 €
49.	interTwin – An interdisciplinary Digital Twin Engine for Science	dr inż. Norbert Meyer	2022–2025	88 375,00 €
50.	AD4GD – All Data 4 Green Deal – An Integrated, FAIR Approach for the Common European Data Space	dr Raul Palma de Leon	2022–2025	438 500,00 €
51.	NIGHT4FUTURE – The Future of Earth is Possible Through Collaboration between Scientists from Different Fields	mgr inż. Damian Niemir	2022–2024	29 500,00 €
52.	SLICES-PP – Scientific Large-scale Infrastructure for Computing/Communication Experimental Studies – Preparatory Phase	mgr inż. Bartosz Belter	2022–2025	295 000,00 €

53.	SoBigData RI PPP – Sobigdata RI Preparatory Phase Project	mgr inż. Bartosz Belter	2022–2025	25 000,00 €
54.	ICOS – Towards a Functional Continuum Operating System	dr inż. Norbert Meyer	2022–2025	396 000,00 €
55.	AgriDataSpace – Building a European Framework for the Secure and Trusted Data Space for Agriculture	dr Raul Palma de Leon	2022–2024	90 684,64 €
56.	ENRICHEuropeana+ – Enriching Europeana through Citizen Science and Artificial Intelligence – Unlocking the 19th Century	mgr inż. Tomasz Parkoła	2021–2023	142 524,00 €
57.	CyberSec – National Center for Secure Digital Transformation	dr inż. Norbert Meyer	2023–2026	524 993,73 €
58.	HPC4Poland EDIH – HPC4Poland European Digital Innovation Hub	dr inż. Cezary Mazurek	2023–2026	362 939,19 €
59.	ScaleAgData	dr inż. Norbert Meyer	2023–2026	150 750,00 €
60.	PIONIER-Q – PIONIER-Q Polish Quantum Communication Infrastructure	mgr inż. Artur Binczewski	2023–2025	2 646 534,25 €
61.	SECRET – Secure and Industrialized Quantum Key Distribution for European Telecom Networks	mgr inż. Piotr Rydlichowski	2023–2025	124 922,50 €
62.	DATAMITE – DATA Monetization, Interoperability, Trading & Exchange	dr inż. Norbert Meyer	2023–2025	532 750,00 €
63.	GN5-1	mgr inż. Artur Binczewski	2023–2024	2 951 880,00 €
64.	HIDALGO2 – HPC and Big Data Technologies for Global Challenges	dr inż. Norbert Meyer	2023–2026	517 125,00 €
65.	agrifoodTEF – Test and Experiment Facilities for the Agri-Food Domain	dr inż. Norbert Meyer	2023–2027	1 122 430,00 €

66.	EuroCC 2 – National Competence Centres in the Framework of EuroHPC Phase 2	mgr inż. Tomasz Piontek	2023–2025	153 074,20 €
67.	SUBMERSE – Submarine Cables for Research and Exploration	mgr inż. Artur Binczewski	2023–2026	441 000,00 €
68.	5G-TACTIC – 5G Trusted and Secure Network Services	mgr inż. Bartosz Belter	2023–2026	119 412,00 €
69.	AIM2ASSIST – AI Manufacturing Technologist Assistant for Highly Variable lot-size-one Production	dr Adam Olszewski	2023–2023	20 134,00 €
70.	EUROfusion 2023 – 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. Norbert Meyer	2023	314 303,00 €
71.	Superheroes4Science II – Superheroes4Science II	mgr inż. Damian Niemir	2023–2025	11 552,94 €

PROGRAM OPERACYJNY INTELIGENTNY ROZWÓJ 2014–2020

Oś priorytetowa IV Zwiększenie potencjału naukowo-badawczego				
Działanie 4.2. Rozwój nowoczesnej infrastruktury badawczej sektora nauki POIR				
72.	DARIAH-PL – Cyfrowa infrastruktura badawcza dla humanistyki i nauk o sztuce DARIAH-PL	mgr inż. T. Parkoła	2021–2023	99 800 000 54 420 635,68 ¹⁰⁷
73.	KMD – Krajowy Magazyn Danych. Uniwersalna infrastruktura dla składowania i udostępniania danych oraz efektywnego przetwarzania dużych wolumenów danych w modelach HPC, BigData i sztucznej inteligencji	dr inż. N. Meyer	2021–2023	153 540 119,74 50 572 430,93 ¹⁰⁸
74.	PIONIER-LAB – Krajowa Platforma Integracji Infrastruktury Badawczej z Ekosystemami Innowacji	mgr inż. A. Binczewski	2018–2023	305 541 574 171 994 552,63 ¹⁰⁹
75.	PRACE LAB – Współpraca w zakresie zaawansowanych obliczeń w Europie	dr inż. N. Meyer	2019–2023	168 639 915,50

¹⁰⁷ Wartość dofinansowania zadań realizowanych przez PCSS.

¹⁰⁸ Wartość dofinansowania zadań realizowanych przez PCSS.

¹⁰⁹ Wartość dofinansowania zadań realizowanych przez PCSS.

				60 372 651,42 ¹¹⁰
76.	PRACE-LAB2 – Współpraca w zakresie zaawansowanych obliczeń w Europie	dr inż. N. Meyer	2020–2023	168 957 280 96 372 800,00 ¹¹¹
77.	EuroHPC PL – Narodowa Infrastruktura Superkomputerowa dla EuroHPC – EuroHPC PL	dr hab. inż. K. Kurowski	2021–2023	160 102 219,69 11 379 326,96 ¹¹²
78.	5G-PL – Krajowe laboratorium sieci i usług 5G wraz z otoczeniem	mgr inż. B. Belter	2021–2023	166 599 999,79 38 740 326,67 ¹¹³
79.	NLPQT – Narodowe Laboratorium Fotoniki i Technologii Kwantowych	mgr inż. A. Binczewski	2018–2023	145 161 566,30 49 234 000 ¹¹⁴
80.	NEBI – NEBI – Krajowy Ośrodek Badań Obrazowych w Naukach Biologicznych i Biomedycznych	mgr inż. R. Pękal	2020–2023	60 351 69,69
81.	ECBiG – Europejskie Centrum Bioinformatyki i Genomiki – MOSAIC	mgr inż. R. Pękal	2021–2023	49 156 605,04

WIELKOPOLSKI REGIONALNY PROGRAM OPERACYJNY NA LATA 2014–2020

82.	AEROSFERA	mgr inż. M. Czynnek	2019–2022	4 831 440
-----	-----------	------------------------	-----------	-----------

¹¹⁰ Wartość dofinansowania zadań realizowanych przez PCSS.

¹¹¹ Wartość dofinansowania zadań realizowanych przez PCSS.

¹¹² Wartość dofinansowania zadań realizowanych przez PCSS.

¹¹³ Wartość dofinansowania zadań realizowanych przez PCSS.

¹¹⁴ Wartość dofinansowania zadań realizowanych przez PCSS.

Współpraca naukowa z partnerami krajowymi

- Opracowywanie algorytmów analizy danych wysokoprzepustowych**
Dr Krzysztof Żukowski, dr Joanna Kosman, mgr Monika Pyc, dr Dorota Kwiatek; Pracownia Testów i Obrazowania Molekularnego
Dr hab. Jacek Ł. Kolanowski; Zakład Sond Molekularnych i Proleków
Dr hab. inż. Dariusz Brzeziński; Politechnika Poznańska
- Analizy behawioralne mysiego modelu choroby Huntingtona po zastosowaniu cząsteczki terapeutycznej amiRNA**
Dr hab. Marta Olejniczak; Zakład Inżynierii Genomowej
Dr inż. Joanna Suszyńska-Zajczyk; Zakład Biochemii i Biotechnologii, Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu
- Związki małowcząsteczkowe zawierające klastry boru**
Dr Katarzyna Biniek-Antosiak, prof. dr hab. Wojciech Rypniewski; Zakład Struktury i Funkcji Biomolekuł
Dr hab. Agnieszka Olejniczak; Instytut Biologii Medycznej PAN, Łódź
- Badania strukturalne białek ekstremofilnych**
Prof. dr hab. Wojciech Rypniewski, dr Magdalena Bejger, dr Katarzyna Biniek-Antosiak; Zakład Struktury i Funkcji Biomolekuł
Prof. dr hab. Tadeusz Kaczorowski; Katedra Mikrobiologii, Wydział Biologii, Uniwersytet Gdański
Prof. dr hab. Łukasz Dziewit; Zakład Mikrobiologii i Biotechnologii Środowiskowej, Uniwersytet Warszawski
- Badania strukturalne peptydowych folderów**
Dr Magdalena Bejger, prof. dr hab. Wojciech Rypniewski; Zakład Struktury i Funkcji Biomolekuł
Dr hab. Łukasz Berlicki; Katedra Chemii Bioorganicznej, Politechnika Wrocławska
- Wpływ czwartorzędowych kationów amoniowych herbicydowych cieczy jonowych na sorpcję, mobilność i toksyczność glifosatu w środowisku glebowym**
Dr Daniel Baranowski; Zakład Biomolekularnego NMR
Dr inż. Marta Woźniak-Karczewska, dr inż. Anna Parus, prof. dr hab. inż. Łukasz Chrzanowski; Wydział Technologii Chemicznej, Politechnika Poznańska
- Wpływ hydrofobowości kationów amoniowych herbicydowych cieczy jonowych na akumulację i biodostępność kwasu 2,4-dichlorofenoksyoctowego w glebie rolniczej w połączeniu z bioróżnorodnością bakterii**
Dr Daniel Baranowski; Zakład Biomolekularnego NMR
Dr inż. Anna Parus, prof. dr hab. inż. Łukasz Chrzanowski; Wydział Technologii Chemicznej, Politechnika Poznańska
- Analiza wpływu długości pętli zbudowanych z reszt tymidyny na strukturę dwupłaszczyznowych G-kwadrupleksów w obecności kationów K⁺**
Mgr Amadeusz Woś, dr Witold Andrajojc, dr Dorota Gudanis-Sobocińska, dr Karol Pasternak, prof. dr hab. Zofia Gdaniec; Zakład Biomolekularnego NMR
Dr hab. Inż. Jacek Czub, Wydział Chemiczny, Politechnika Gdańska
- Badania nad oddziaływaniem proleków antywirusowych ze sztucznymi warstwami lipidowymi**
Prof. dr hab. Adam Kraszewski, prof. dr hab. Jacek Stawiński, dr hab. Michał Sobkowski, dr Joanna Romanowska; Zakład Chemii Komponentów Kwasów Nukleinowych

- Prof. dr hab. inż. Krystyna Prochaska, dr inż. Monika Rojewska; Instytut Technologii i Inżynierii Chemicznej, Politechnika Poznańska, Poznań
10. **Badanie aktywności rybonukleazy Dicer w kontekście infekcji herpeswirusowej**
Dr hab. Anna Kurzyńska-Kokorniak; Zakład Biochemii Rybonukleoprotein
Mgr Weronika Hoffmann, dr Andrea Lipińska, prof. dr hab. Krystyna Bieńkowska-Szewczyk; Międzyuczelniany Wydział Biotechnologii Uniwersytetu Gdańskiego i Gdańskiego Uniwersytetu Medycznego, Gdańsk
 11. **Badania strukturalne γ -konglutyny z łubinu żółtego**
Dr Kamil Szpotkowski; Zakład Biochemii Rybonukleoprotein
Dr Jarosław Czubiński; Katedra Biochemii i Analizy żywności, Wydział Nauk o żywności i żywieniu, Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu
 12. **Epidemiologia oraz identyfikacja czynników ryzyka zarażenia *Echinococcus multilocularis***
Dr Paweł Zmora; Zakład Wirusologii Molekularnej
Lek. Magdalena Stefaniak, Zakład Biologii i Parazytologii Lekarskiej, Uniwersytet Medyczny im. K. Marcinkowskiego, Poznań
Dr hab. Monika Derda, Zakład Biologii i Parazytologii Lekarskiej, Uniwersytet Medyczny im. K. Marcinkowskiego, Poznań
Dr Szymon Nowak, Katedra i Klinika Chorób Tropikalnych i Pasożytniczych, Uniwersytet Medyczny im. K. Marcinkowskiego, Poznań
 13. **Epidemiologia mpox oparta o analizę ścieków**
Mgr Monika Gazecka, dr Paweł Zmora; Zakład Wirusologii Molekularnej
Mgr Jakub Śnieżek, mgr Krzysztof Maciołek; Aquanet Laboratorium, Poznań
Prof. dr hab. Arleta Kowala-Piaskowska; Katedra i Klinika Chorób Zakaźnych, Hepatologii i Nabytych Niedoborów Odporności, Uniwersytet Medyczny im. K. Marcinkowskiego, Poznań
 14. **Analiza poziomu przeciwciał przeciwko SARS-CoV-2 u osób zaszczepionych szczepionkami BNT126b2 i ChAdOx1**
Mgr Dagny Lorent, mgr inż. Rafał Nowak, dr Paweł Zmora; Zakład Wirusologii Molekularnej
Dr Łukasz Kuszel, Katedra i Zakład Genetyki Medycznej, Uniwersytet Medyczny im. K. Marcinkowskiego, Poznań
 15. **Nowe inhibitory wnikania nowo pojawiających się wirusów**
Mgr inż. Rafał Nowak, mgr Monika Gazecka, dr Paweł Zmora; Zakład Wirusologii Molekularnej
Dr inż. Anna Pawełczyk, prof. dr hab. Lucjusz Zaprutko; Zakład Chemii Organicznej, Uniwersytet Medyczny im. K. Marcinkowskiego, Poznań
Prof. dr hab. Anna Jelińska; Zakład Chemii Farmaceutycznej, Uniwersytet Medyczny im. K. Marcinkowskiego, Poznań
 16. **Regulacja systemu naprawy podwójnych pęknięć DNA**
Mgr Monika Gazecka; Zakład Wirusologii Molekularnej
Dr Julia Dłużewska, mgr Wojciech Dziegielewski, dr Maja Szymańska-Lejman, prof. dr hab. Piotr Ziółkowski Pracownia Biologii Genomu, Instytut Biologii Molekularnej i Biotechnologii, Uniwersytet im. Adama Mickiewicza, Poznań
 17. **Analiza struktury RNA w komórce i jej kompartmentach w skali transkryptomowej w *S. cerevisiae***
Dr hab. Katarzyna Pachulska-Wieczorek, mgr inż. Angelika Andrzejewska-Romanowska, dr Julita Gumna, Dr Paweł Śledziński, mgr Ewa Tykwińska; Zakład Struktury i Funkcji RNA
Dr hab. Tomasz Żok; Politechnika Poznańska, Wydział Informatyki
 18. **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
Warszawskie Zakłady Farmaceutyczne POLFA S. A., Warszawa
19. **Realizacja zadania w ramach projektu: „Funkcja i dysfunkcja ciągów powtórzeń w transkryptach niekodujących i kodujących białka”**
Dr Magdalena Woźna-Wysocka, dr hab. Agnieszka Fiszer; Zakład Biotechnologii Medycznej
Dr Magdalena Niemira, mgr Anna Zeller; Laboratorium Genomiki i Analiz Epigenetycznych, Centrum Badań Klinicznych, Uniwersytet Medyczny w Białymstoku
20. **Rola niekodujących RNA w rozwoju patogenezy SCA3**
Dr Magdalena Jazurek-Ciesiołka, dr hab. Agnieszka Fiszer; Zakład Biotechnologii Medycznej
Dr hab. Michał Szcześniak, prof. dr hab. Izabela Makałowska; Wydział Biologii, Uniwersytet Adama Mickiewicza w Poznaniu
21. **Zastosowanie sztucznej inteligencji do poszukiwania fenotypów jądrowych w SCA7**
Dr Paweł M. Świtoński, Grażyna Adamek; Zakład Biologii Komórek Nerwowych
Mgr Grzegorz Bartyzel; Akademia Górniczo-Hutnicza im. Stanisława Staszica w Krakowie
22. **Opracowanie testu opartego na głębokim sekwencjonowaniu amplikonów do precyzyjnej analizy poziomu metylacji w promotorach genów związanych z predyspozycją do raka jajnika**
Dr Malwina Suszyńska, prof. dr hab. Piotr Kozłowski; Zakład Genetyki Molekularnej
Prof. Adrianna Mostowska, prof. Paweł P. Jagodziński; Katedra i Zakład Biochemii i Biologii Molekularnej, Uniwersytet Medyczny im. Karola Marcinkowskiego w Poznaniu
23. **Analiza WES poszerzona o regiony 5' i 3' UTR w próbkach jasnokomórkowego raka nerki (ccRCC)**
Prof. dr hab. Piotr Kozłowski, dr Katarzyna Klonowska, mgr Władysław Węgorek; Zakład Genetyki Molekularnej
Dr n. med. Konstantin Maksin; Centrum Medyczne HCP w Poznaniu
24. **Identyfikacja mRNA wiązanych przez helikazę DDX5**
Dr Arkadiusz Kajdasz; Pracownia Bioinformatyki
Prof. dr hab. Krzysztof Sobczak; Zakład Ekspresji Genów, Wydział Biologii, Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu
25. **Identyfikacja i analiza ekspresji różnicowej miRNA w modelach z niedoborem MBNL**
Dr Arkadiusz Kajdasz; Pracownia Bioinformatyki
Prof. dr hab. Krzysztof Sobczak; Zakład Ekspresji Genów, Wydział Biologii, Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu
26. **Identyfikacja i analiza porównawcza mikrobiomu dróg rodnych suk**
Dr Arkadiusz Kajdasz; Pracownia Bioinformatyki
Dr hab. inż. Piotr Pawlak; Katedra Genetyki i Podstaw Hodowli Zwierząt, Wydział Medycyny Weterynaryjnej i Nauk o Zwierzętach, Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu
27. **Analiza transkryptomu podczas dojrzewania in vitro oocytów bydłych**
Dr Arkadiusz Kajdasz; Pracownia Bioinformatyki
Dr hab. inż. Piotr Pawlak; Katedra Genetyki i Podstaw Hodowli Zwierząt, Wydział Medycyny Weterynaryjnej i Nauk o Zwierzętach, Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu
28. **Analiza różnicowa ekspresji genów w komórkach somatycznych mleka kłaczy pod wpływem zmiennej diety**
Dr Arkadiusz Kajdasz; Pracownia Bioinformatyki

- Dr hab. inż. Piotr Pawlak; Katedra Genetyki i Podstaw Hodowli Zwierząt, Wydział Medycyny Weterynaryjnej i Nauk o Zwierzętach, Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu
29. **Identyfikacja markerów genetycznych i epigenetycznych związanych z wnętrstwem psów**
Dr Arkadiusz Kajdasz; Pracownia Bioinformatyki
Prof. dr hab. inż. Adam Cieślak; Katedra Żywienia Zwierząt, Wydział Medycyny Weterynaryjnej i Nauk o Zwierzętach, Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu
30. **Analiza mikrobiomów u pacjentów onkologicznych**
Dr hab. Anna Philips, dr Natalia Szóstak; Pracownia Bioinformatyki
Prof. dr hab. Jacek Mackiewicz, lek. Łukasz Galus; Klinika Onkologii Klinicznej i Doświadczalnej, Instytut Onkologii w Poznaniu
Dr hab. Marcin Schmidt; Katedra Biotechnologii i Mikrobiologii Żywności, Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu
31. **Konstrukcja sieci korelacyjnych dla danych metabolomicznych pochodzących z żyta (*Secale cereale L.*) infekowanego rdzą (*Puccinia recondita f. sp. secalis*)**
Dr hab. Aneta Sawikowska; Pracownia Bioinformatyki
Prof. dr hab. Monika Rakoczy-Trojanowska; Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego
32. **Analiza statystyczna 8 odmian grochu porażonych grzybem *Peyronellaea pinodes***
Dr hab. Aneta Sawikowska; Pracownia Bioinformatyki
Dr Magdalena Gawłowska; Instytut Genetyki Roślin PAN
33. **Badania strukturalne materiałów niekrystalicznych**
Dr hab. Krzysztof Brzeziński; Zakład Biologii Strukturalnej Organizmów Prokariotycznych
Prof. dr hab. Marta Płońska-Brzezińska; Uniwersytet Medyczny w Białymstoku
34. **Realizacja projektu NCN – SONATA BIS 11 pt.: „Rola rodziny proteaz DPPIV w wyciszaniu transpozonów i zachowaniu integralności genomu”**
Dr Agata Tyczewska, dr Daria Sobańska, mgr Alicja Rzepczak; Pracownia Modelowych Organizmów Bezkęgowych
Dr Rajani Gudipatti; Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu, Poznań
35. **Wpływ nanocząsteczek na jakość i długość życia nicieni**
Dr Agata Tyczewska, mgr Alicja Rzepczak, mgr Kamila Peplowska; Pracownia Modelowych Organizmów Bezkęgowych
Dr Patrick Perriguet; Centrum Nanobiomedyczne, Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu
36. **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
37. **Analizy multiomiczne nowotworów krwi**
Prof. dr hab. Marek Figlerowicz, dr Lucyna Budźko, dr Ireneusz Stolarek; Zakład Biologii Molekularnej i Systemowej
Dr hab. Luiza Handschuh; Pracownia Genomiki
Dr hab. Magdalena Łuczak; Zakład Proteomiki Biomedycznej
Dr Natalia Koralewska; Pracownia Hodowli Komórkowych i Tkankowych

- Dr hab. Daniel Gackowski; Uniwersytet im. Mikołaja Kopernika w Toruniu, Toruń; Collegium Medicum im. Ludwika Rydygiera w Bydgoszczy
38. **Analizy multiomiczne raka jajnika**
Prof. dr hab. Marek Figlerowicz, dr Lucyna Budźko, 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 Natalia Koralewska, dr Jarosław Lewandowski; Pracownia Hodowli Komórkowych i Tkanekowych
Dr n. med. Mikołaj Zaborowski; Uniwersytet Medyczny im. Karola Marcinkowskiego w Poznaniu, Poznań
39. **Identyfikacja komórek nowotworowych w płynie otrzewnowym chorych na raka jajnika**
Prof. dr hab. Marek Figlerowicz, dr inż. Marcin Jukiewicz, mgr inż. Łukasz Ciecierski, Zakład Biologii Molekularnej i Systemowej
Dr hab. Paulina Jackowiak, dr Anna Samelak-Czajka, Pracownia Analiz Pojedynczych Komórek
Dr Mikołaj Zaborowski, Uniwersytet Medyczny im. Karola Marcinkowskiego w Poznaniu
40. **Sekwencjonowanie pojedynczych komórek frakcji jednojądrzastych komórek krwi obwodowej chorych na raka jajnika**
Dr hab. Paulina Jackowiak, dr Anna Samelak-Czajka; Pracownia Analiz Pojedynczych Komórek
Dr Anna Supernat; Międzyuczelniany Wydział Biotechnologii Uniwersytetu Gdańskiego i Gdańskiego Uniwersytetu Medycznego
41. **Analizy multiomiczne różnych typów białaczek**
Prof. dr hab. Marek Figlerowicz, dr Lucyna Budźko, dr Ireneusz Stolarek; Zakład Biologii Molekularnej i Systemowej
Dr hab. Luiza Handschuh, dr Małgorzata Marcinkowska-Swojak, Pracownia Genomiki
Dr hab. Paulina Jackowiak, dr Anna Samelak-Czajka; Pracownia Analiz Pojedynczych Komórek
Dr Natalia Koralewska, dr Jarosław Lewandowski; Pracownia Hodowli Komórkowych i Tkanekowych
Prof. Krzysztof Lewandowski; Uniwersytet Medyczny im. Karola Marcinkowskiego w Poznaniu
Dr Marzena Wojtaszewska; Kliniczny Szpital Wojewódzki nr 1 w Rzeszowie
42. **Analizy transkryptomyczne i jakościowe końców 3' wybranych RNA pozyskanych z próbek nowotworowych i kontrolnych pobranych operacyjnie**
Dr hab. Zbigniew Warkocki; Zakład Biologii Molekularnej i Systemowej
Prof. dr hab. Dawid Murawa Uniwersytet Medyczny w Zielonej Górze
43. **Realizacja projektu ECBiG – Genomiczna Mapa Polski**
Prof. dr hab. Marek Figlerowicz, dr Natalia Koralewska, dr Lucyna Budźko, dr Ireneusz Stolarek; Zakład Biologii Molekularnej i Systemowej
Dr hab. Luiza Handschuh, dr inż. Małgorzata Marcinkowska-Swojak, mgr Magdalena Rakoczy; Pracownia Genomiki
Prof. dr hab. inż. Jacek Błażewicz, dr hab. inż. Piotr Łukasiak, dr inż. Paweł Wojciechowski, dr hab. inż. Aleksandra Świercz, dr inż. Wojciech Frohmberg; Politechnika Poznańska, Poznań
44. **Charakterystyka aktywności mutantów białka APOBEC3A wobec niekanonicznych 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

45. **Charakterystyka aktywności białek SNAD**
 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
46. **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; Pracownia Sekwencjonowania, Instytut Biologii Doświadczalnej im. M. Nenckiego PAN, Warszawa
47. **Mechanizmy i czynniki leżące u podstaw arytmogenicznej kardiomiopatii prawej komory serca**
 Prof. dr hab. Marek Figlerowicz; Zakład Biologii Molekularnej i Systemowej
 Dr Jarosław Lewandowski; Pracownia Hodowli Komórkowych i Tkankowych
 Prof. dr hab. Elżbieta K. Biernacka; Narodowy Instytut Kardiologii Stefana kardynała Wyszyńskiego – Państwowy Instytut Badawczy w Warszawie
48. **Identyfikacja 5-hydroksymetylouracylu za pomocą cytometrii przepływowej**
 Dr hab. Paulina Jackowiak, dr Anna Samelak-Czajka; Pracownia Analiz Pojedynczych Komórek
 Dr hab. Lidia Gackowska; Uniwersytet im. Mikołaja Kopernika w Toruniu, Toruń; Collegium Medicum im. Ludwika Rydygiera w Bydgoszczy
49. **Identyfikacja czynników molekularnych związanych z różnicowaniem komórek przewodzących floemu *Populus trichocarpa***
 Dr hab. Paulina Jackowiak, dr Anna Samelak-Czajka, dr inż. Małgorzata Marszałek-Zeńczak, mgr Magdalena Trybus; Pracownia Analiz Pojedynczych Komórek
 Dr hab. Agnieszka Bagniewska-Zadworna, prof. UAM, Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu
50. **Badania strukturalne z wykorzystaniem mikroskopii krioelektronowej**
 Dr hab. Miłosz Ruszkowski; Zakład Biologii Strukturalnej Eukariontów
 Dr Michał Rawski, mgr Grzegorz Ważny; Uniwersytet Jagielloński, Kraków
51. **Badania strukturalne białka MtN13 w kompleksie z 3-karboksybenzofenonem**
 Dr inż. Marta Grzechowiak, prof. dr hab. Mariusz Jaskólski; Zakład Biologii Strukturalnej Eukariontów
 Prof. dr hab. Bronisław Marciniak; Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu
52. **Tautomeria pochodnych 4-amino-1,3-tiazolonu jako potencjalnych leków**
 Prof. dr hab. Mariusz Jaskólski; Zakład Biologii Strukturalnej Eukariontów
 Prof. Dr hab. Andrzej Gzella; Uniwersytet Medyczny im. Karola Marcinkowskiego w Poznaniu
53. **Identyfikacja RNA oddziałujących z rybonukleazą Dicer w ludzkich komórkach HEK293T i liniach pochodnych z wykorzystaniem techniki *irCLIP***
 Dr inż. Agnieszka Szczepańska, dr Kinga Ciechanowska, dr hab. Anna Kurzyńska-Kokorniak; Zakład Biochemii Rybonukleoprotein
 Dr Paweł Wołkow, dr Justyna Totoń-Żurańska; Ośrodek Genomiki Medycznej OMICRON, Collegium Medicum, Uniwersytet Jagielloński, Kraków
 Dr Michał Seweryn; Pracownia Biobank, Wydział Biologii i Ochrony Środowiska, Uniwersytet Łódzki
54. **Identyfikacja kolistych RNA (*circRNA*) i ich związek z komórkami macierzystymi nowotworu**
 Dr hab. Katarzyna Rolle, dr Dariusz Wawrzyniak, mgr Żaneta Zarębska, dr 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

55. **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; Katedra Okulistyki i Klinika Okulistyczna, Uniwersytet Medyczny im. Karola Marcinkowskiego w Poznaniu
56. **Wykorzystanie nanocząstek magnetycznych jako nowych nośników w terapii przeciwnowotworowej**
Dr hab. Katarzyna Rolle, dr Konrad Kuczyński, prof. dr hab. Jan Barciszewski; Zakład Neuroonkologii Molekularnej
Dr hab. Radosław Mrówczyński, dr Bartosz Grześkowiak; Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu, Poznań
57. **Wykorzystanie nanocząstek lipidowych jako nośników dla terapeutycznych kwasów nukleinowych**
Dr hab. Katarzyna Rolle, dr Dariusz Wawrzyniak; Zakład Neuroonkologii Molekularnej
Dr Paulina Skupin-Mrugalska; Katedra i Zakład Chemii Nieorganicznej i Analitycznej, Uniwersytet Medyczny im. Karola Marcinkowskiego w Poznaniu
58. **Badania aktywności biologicznej nowych fluorowanych α -aminofosfonianów**
Dr hab. Katarzyna Rolle, dr Dariusz Wawrzyniak; Zakład Neuroonkologii Molekularnej
Dr hab. Donata Pluskota-Karwatka, mgr Karolina Ciesielska; Wydział Chemii Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu
59. **Ciałka retikulum endoplazmatycznego i metabolizm glukozyolanów w *Arabidopsis thaliana***
Prof. dr hab. Paweł Bednarek, dr Anna Piasecka; Zakład Metabolomiki Funkcjonalnej Roślin
Dr Kenji Yamada; Uniwersytet Jagielloński, Kraków
60. **Rola metabolitów wtórnych w oddziaływaniach *A. thaliana* z mikroorganizmami endofitycznymi**
Prof. Paweł Bednarek, Zakład Metabolomiki Funkcjonalnej Roślin
Dr Mariola Piślewska-Bednarek; Pracownia Hodowli Komórkowych i Tkankowych
Dr Kenji Yamada, dr Piotr Rozpądek; Małopolskie Centrum Biotechnologii, Uniwersytet Jagielloński, Kraków
61. **Ewaluacja jakości przewidywania zgłoszeń w konkursie CASP-RNA (CASP15) w zakresie występowania w nich węzłów oraz splątania elementów strukturalnych**
Dr hab. inż. Maciej Antczak, prof. dr hab. inż. Marta Szachniuk; Zakład Bioinformatyki Strukturalnej
Mgr inż. Bartosz Greń, prof. dr hab. Joanna Sułkowska, Uniwersytet Warszawski
62. **Modelowanie i analiza metabolizmu glukozy w procesie rozwoju cukrzycy i miażdżycy**
Dr hab. inż. Agnieszka Rybarczyk; Zakład Bioinformatyki Strukturalnej
Prof. dr hab. n. med. Dorota Formanowicz; Wydział Medyczny, Uniwersytet Medyczny im. Karola Marcinkowskiego w Poznaniu,
Prof. dr hab. inż. Piotr Formanowicz, Instytut Informatyki, Politechnika Poznańska
63. **Modelowanie roli monocytów i makrofagów w procesie rozwoju miażdżycy**
Dr hab. inż. Agnieszka Rybarczyk; Zakład Bioinformatyki Strukturalnej
Prof. hab. n. med. Dorota Formanowicz; Wydział Medyczny, Uniwersytet Medyczny im. Karola Marcinkowskiego w Poznaniu,
Prof. dr hab. inż. Piotr Formanowicz; Instytut Informatyki, Politechnika Poznańska
64. **Opracowanie ustandaryzowanych zbiorów danych testowych dla problemu projektowania RNA**
Dr hab. inż. Agnieszka Rybarczyk; Zakład Bioinformatyki Strukturalnej
Mgr inż. Jan Badura, dr hab. inż. Tomasz Żok; Instytut Informatyki, Politechnika Poznańska

65. **Analiza właściwości fizycznych kolagenu przy użyciu mikroskopu sił atomowych**
Dr inż. Marcin Radom; Zakład Bioinformatyki Strukturalnej
Prof. dr hab. n. med. Dorota Formanowicz, mgr Łukasz Gutowski; Wydział Medyczny, Uniwersytet Medyczny im Karola Marcinkowskiego w Poznaniu
66. **Optymalizacja procedury inokulacji *Lotus japonicus* grzybami mikoryzowymi**
Dr Joanna Banasiak; Zakład Fizjologii Molekularnej Roślin
Dr Karolina Jarzyniak; Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu
67. **Przygotowanie materiału do analiz transkryptomicznych w nasionach *Medicago truncatula***
Dr Joanna Banasiak; Zakład Fizjologii Molekularnej Roślin
Dr hab. Szymon Świeżewski; Instytut Biochemii i Biofizyki PAN, Warszawa
68. **Modelowanie oddziaływań białko ligand oraz dynamiki rearanżacji alfa helis pod wpływem hydrolizy ATP**
Prof. dr hab. Michał Jasiński, dr inż. Wanda Biała-Leonhard, dr Konrad Pakuła; Zakład Fizjologii Molekularnej Roślin
Dr hab. Jan Brezovsky; Laboratorium Biomolekularnych Interakcji i Transportu, Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu
69. **Synteza, identyfikacja oraz określenie skuteczności herbicydowych cieczy jonowych na bazie dikamby i MCPA oraz na bazie anionu glifosatu i kationów będących pochodnymi N-alkilowanej etyloaminy**
Dr Grzegorz Framski; Zakład Chemii Komponentów Kwasów Nukleinowych
Prof. dr hab. inż. Łukasz Chrzanowski; Instytut Technologii i Inżynierii Chemicznej, Politechnika Poznańska
70. **Synteza i identyfikacja żywic fenolowych (część syntetyczna zadania)**
Dr Grzegorz Framski; Zakład Chemii Komponentów Kwasów Nukleinowych
Dr Daniel Baranowski; Zakład Biomolekularnego NMR
Dr hab. inż. Beata Strzemiecka; Instytut Technologii i Inżynierii Chemicznej, Politechnika Poznańska
71. **Synteza rybozydu kinetyny i jego analogów oraz badania ich cytotoksyczności wobec komórek nowotworowych (część syntetyczna zadania)**
Dr hab. Tomasz Ostrowski; Zakład Chemii Komponentów Kwasów Nukleinowych
Prof. dr hab. Eliza Wyszko, Pracownia Analiz Struktur Subkomórkowych
Dr hab. Ewa Totoń; Katedra i Zakład Chemii Klinicznej i Diagnostyki Molekularnej, Uniwersytet Medyczny im. Karola Marcinkowskiego w Poznaniu
72. **Badania kluczowych mechanizmów nabytej oporności na inhibitory proteasomów w szpiczaku plazmocytowym**
Dr hab. Magdalena Łuczak, dr inż. Joanna Watral; Zakład Proteomiki Biomedycznej
Dr hab. n. med. Dominik Dytfeld; UM im. Karola Marcinkowskiego w Poznaniu, Poznań
73. **Analiza proteomiczna subpopulacji komórek CD56⁺ w miażdżycy związanej i niezwiązanej z przewlekłą chorobą nerek**
Dr hab. Magdalena Łuczak, dr inż. Joanna Watral; Zakład Proteomiki Biomedycznej
Prof. dr hab. Dorota Formanowicz; Katedra i Zakład Chemii Medycznej i Medycyny Laboratoryjnej Uniwersytetu Medycznego w Poznaniu
Prof. dr hab. Bartłomiej Perek; Klinika Kardiochirurgii Uniwersytetu Medycznego w Poznaniu
74. **Rola środowiska mocznicowego w postępie miażdżycy związanej i niezwiązanej z przewlekłą chorobą nerek**
Dr hab. Magdalena Łuczak, mgr Raneet Sen; Zakład Proteomiki Biomedycznej
Prof. dr hab. Dorota Formanowicz, Katedra i Zakład Chemii Medycznej i Medycyny Laboratoryjnej Uniwersytetu Medycznego w Poznaniu
Prof. dr hab. Bartłomiej Perek; Klinika Kardiochirurgii Uniwersytetu Medycznego w Poznaniu

75. **Związki pomiędzy stężeniem obecnej w DNA 5-metylodeoksyurydyny, a rozwojem przewlekłej białaczki limfoblastycznej**
Dr hab. Magdalena Łuczak, mgr Raneet Sen; Zakład Proteomiki Biomedycznej
Dr hab. prof. UMK Daniel Gackowski, Katedra Biochemii Klinicznej, Uniwersytet Mikołaja Kopernika w Toruniu
76. **Proteomiczne i metabolomiczne sygnatury raka jelita grubego**
Dr hab. Anna Wojakowska, dr Łukasz Marczak; Pracownia Spektrometrii Mas
Dr hab. Monika Pietrowska, dr hab. Marcin Zeman, Mykola Chekan, dr Ewa Zembala-Nożyńska; Narodowy Instytut Onkologii im. Marii Skłodowskiej-Curie, Państwowy Instytut Badawczy, Oddział w Gliwicach
Prof. dr hab. Piotr Widłak; Gdański Uniwersytet Medyczny, Centrum Wsparcia Badań Klinicznych
77. **Identyfikacja związków fenolowych w olejach tłoczonych na zimno**
Dr hab. Anna Wojakowska, dr Łukasz Marczak; Pracownia Spektrometrii Mas
dr Magdalena Grajzer; Katedra i Zakład Dietetyki i Bromatologii, Uniwersytet Medyczny we Wrocławiu
78. **Różnicowanie ludzkich macierzystych komórek nerwowych i wytwarzanie przewodów nerwowych za pomocą miękkiej litografii i druku 3D**
Dr Łukasz Marczak; Pracownia Spektrometrii Mas
Dr Jagoda Litowczenko; Centrum Nanobiomedyczne UAM w Poznaniu
79. **Badanie tolerancji na suszę i procesu regeneracji po ustaniu warunków stresowych u traw pastewnych *Lolium/Festuca***
Dr Łukasz Marczak; Pracownia Spektrometrii Mas
Prof. dr hab. Arkadiusz Kosmala; Instytut Genetyki Roślin PAN w Poznaniu
80. **Egzosomy jako potencjalne biomarkery dla monitorowania i prognozowania odrzucania nerki przeszczepionej**
Dr hab. Anna Wojakowska, dr Łukasz Marczak; Pracownia Spektrometrii Mas
Dr hab. Justyna Gołębowska; Gdański Uniwersytet Medyczny, Gdańsk
Dr hab. Monika Pietrowska; Narodowy Instytut Onkologii im. Marii Skłodowskiej-Curie – Państwowy Instytut Badawczy, Oddział w Gliwicach, Gliwice
81. **Sieci regulatorowe RNA jako nowe cele terapeutyczne w bakteriach lekoopornych**
Dr hab. Kamilla Grzywacz; Zakład Transkryptomiki Funkcjonalnej
Dr hab. Marek Żywicki; Wydział Biologii, Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu
82. **Mechanizmy molekularne choroby zwyrodnieniowej kolana**
Mgr inż. Kamila Pełowska, mgr Anna Wasilewska-Burczyk, dr hab. Kamilla Grzywacz; Zakład Transkryptomiki Funkcjonalnej
Dr hab. Tomasz Piontek; Centrum Rehasport – Klinika Medycyny Ruchu, Poznań
83. **Analiza niekodujących RNA w gruczolakach 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
84. **Zastosowanie metody XRNAX do identyfikacji interaktomu RNA w mózgu białko w mózgu myszy pozbawionej osłonek mielinowych**
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
85. **Współpraca realizowana w ramach grantu leśnego (Dyrekcja Generalna Lasów Państwowych) dotyczy długoterminowego przechowywania nasion**
Prof. dr hab. Mirosława Z. Naskręt-Barciszewska; Zakład Biologii Medycznej
Prof. dr hab. Paweł Chmielarz; Instytut Dendrologii PAN w Kórniku

86. **Badanie powierzchni podłoży hybrydowych po syntezy kwasów nukleinowych**
Dr Jolanta Brzezińska, dr Stanisław Trzeciński, dr hab. Marcin Chmielewski; Zakład Chemii Biopolimerów
Mgr inż. Szymon Murawka, dr hab. Mikołaj Lewandowski; Centrum NanoBioMedyczne Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu
87. **Badania strukturalne dla magnololu i honokiolu (izomery) oraz isavuconazolu i ravuconazolu (izomery)**
Dr hab. Marcin Chmielewski; Zakład Chemii Biopolimerów
Dr hab. Jacek Kujawski; Uniwersytet Medyczny im. Karola Marcinkowskiego w Poznaniu
88. **Współpraca w ramach projektu badawczego dot. wykorzystania mieszanin głęboko eutektycznych w izolacji kolagenu**
Dr Agnieszka Belter; Zakład Biologii Medycznej
Dr Marcin Wysokowski; Instytut Technologii i Inżynierii Chemicznej, Zakład Technologii Chemicznej, Politechnika Poznańska
89. **Analiza właściwości biologicznych pochodnych 1,8-naftalimidów w komórkach nowotworowych 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 w Łodzi
90. **Analiza przenikalności przez błony komórkowe wybranych G-kwadrupleksowych nanoklasterów srebra**
Dr Agnieszka Fedoruk-Wyszomirska, dr hab. Małgorzata Giel-Pietraszuk, prof. dr hab. Eliza Wyszko; Pracownia Analiz Struktur Subkomórkowych
Dr hab. Anna Dembska; Zakład Chemii Bioanalitycznej, Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu
91. **Walidacja *in cellulo* maskowanych substratów bioluminogennych dla lucyferaz**
Mgr Masroor Khan, dr hab. Jacek Ł. Kolanowski; Zakład Sond Molekularnych i Proleków
Dr Dorota Jakubczyk; Pracownia Chemii Medycznej
Dr hab. Natalia Rozwadowska; Instytut Genetyki Człowieka PAN w Poznaniu
92. **Badanie pochodnych flawin jako sond i związków biologicznie czynnych**
Dr Dorota Kwiatek, dr Volodymyr Cherkas; Pracownia Testów i Obrazowania Molekularnego
Dr hab. Jacek Ł. Kolanowski; Zakład Sond Molekularnych i Proleków
Prof. dr hab. Marek Sikorski; Wydział Chemii Uniwersytetu im. Adama Mickiewicza w Poznaniu
Dr hab. Lucyna Mrówczyńska; Wydział Biologii Chemii Uniwersytetu im. Adama Mickiewicza w Poznaniu
93. **Danio pręgowany – hodowla ryb**
Mgr Monika Kwiatkowska; Zakład Biologii Obliczeniowej Niekodującego RNA
Dr Joanna Dodzian; Międzynarodowy Instytut Biologii Molekularnej i Komórkowej w Warszawie
94. **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

- 1. 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
- 2. 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
- 3. Analiza CNV genu MIR142 u pacjentów z DLBCL**
Mgr Władysław Węgorek, 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
- 4. Współpraca w ramach realizacji projektów badawczych, obejmująca analizę bioinformatyczną danych po sekwencjonowaniu NGS**
Dr Katarzyna Klonowska; Zakład Genetyki Molekularnej
Dr. David J. Kwiatkowski; Brigham and Women's Hospital and Harvard Medical School, Boston, Stany Zjednoczone
- 5. Współpraca w celu realizacji projektu OPUS25 pt. „Ultraczułe profilowanie mutacji napędzających nowotworzenie w dziedzicznych zespołach związanych z inaktywacją genów supresorowych”**
Dr Katarzyna Klonowska, prof. dr hab. Piotr Kozłowski; Zakład Genetyki Molekularnej
Dr. David J. Kwiatkowski; Brigham and Women's Hospital and Harvard Medical School, Boston, Stany Zjednoczone
Prof. Neil Rajan; Newcastle University, Newcastle upon Tyne, Wielka Brytania
Prof. Kuniaki Seyama; Juntendo University, Tokio, Japonia
- 6. Zastosowanie sieci różnicowej opartej na modelu graficznym Gaussa (GGM) dla zbioru danych metabolomicznych z wieloczynnikowego eksperymentu na 5 gatunkach zbóż infekowanych grzybem**
Dr hab. Aneta Sawikowska; Pracownia Bioinformatyki
Prof. Carel Peeters, Dr. Jasper Engel; Wageningen University & Research Center, Wageningen, Holandia
- 7. Nowe podejście terapeutyczne w walce z rakiem – selektywne wyciszenie G-kwadrupleksów DNA odpowiedzialnych za regulację ekspresji onkogenów**
Dr Jolanta Brzezińska, dr Justyna Gołębiwska, dr hab. Marcin K. Chmielewski; Zakład Chemii Biopolimerów
Prof. Erik Chorell; Umeå University, Umeå, Szwecja
- 8. Identyfikacja i adnotacja elementów mobilnych w asemblacjach *de novo* genomu *Arabidopsis***
Dr hab. Agnieszka Żmieńko, mgr Anastasiia Satyr; Zakład Genomiki Roślin
Prof. Wojciech Makałowski, Matías Rodríguez MSc; University of Muenster, Münster, Niemcy
- 9. Badania strukturalne kompleksów RNA z syntetycznymi ligandami**
Dr hab. Agnieszka Kiliszek, dr Leszek Błaszczyk; Zakład Struktury i Funkcji Biomolekuł
Prof. Kazuhiko Nakatani; Osaka University, Osaka, Japonia
- 10. 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

11. **Analiza krystalograficzna kompleksów RNA-PNA**
Dr hab. Agnieszka Kiliszek, dr Leszek Błaszczuk; Zakład Struktury i Funkcji Biomolekuł
Firma OliPass; Giheung Yongin, Gyeonggi, Korea Południowa
12. **Badania enzymów biosyntetyzujących histydynę u roślin**
Dr hab. Miłosz Ruszkowski; Zakład Biologii Strukturalnej Eukariontów
Dr. Roberto Contestabile, Dr. Isabel Nogues; Sapienza University of Rome, Rzym, Włochy
13. **Wysokoprzepustowe metody krystalograficzne i obliczeniowe w projektowaniu potencjalnych związków przeciwbakteryjnych**
Dr hab. Krzysztof Brzeziński; Zakład Biologii Strukturalnej Organizmów Prokariotycznych
Dr. Manfred Weiss; Helmholtz Zentrum, Berlin, Niemcy
14. **Aspekty topologiczne krystalografii**
Prof. dr hab. Mariusz Jaskólski; Zakład Biologii Strukturalnej Eukariontów
Dr hab. inż. Zbigniew Dauter; National Cancer Institute, Lemont, Stany Zjednoczone
15. **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
16. **Przygotowanie ankiety dot. postrzegania technologii edycji genomu roślin**
Dr Ewa Woźniak-Gientka, prof. dr hab. Tomasz Twardowski; Zespół Biogospodarki
Dr Goetz Hensel; Heinrich Heine University, Düsseldorf, Niemcy
Dr. Tobias Brugmann; Thünen Institute of Forest Genetics, Grosshansdorf, Niemcy
17. **Publikacja na temat kierunków rozwoju biogospodarki**
Prof. dr hab. Tomasz Twardowski; Zespół Biogospodarki i Zrównoważonego Rozwoju
Prof. Alfredo Aguilar; European Federation of Biotechnology, Barcelona, Hiszpania
18. **Badania termodynamiczne i strukturalne modyfikowanych RNA oraz badania wirusa grypy**
Prof. dr hab. Ryszard Kierzek; Zakład Chemii i Biologii Strukturalnej Kwasów Nukleinowych
Prof. dr hab. Elżbieta Kierzek; Zakład Genomiki Strukturalnej RNA
Prof. David H. Mathews; University of Rochester, Rochester, Stany Zjednoczone
19. **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
20. **Realizacja projektu ISIDORE w ramach EU Openscreen**
Prof. dr hab. Elżbieta Kierzek, dr Aleksandra Jarmołowicz, mgr Agnieszka Baliga-Gil; Zakład Genomiki Strukturalnej RNA
Prof. dr hab. Ryszard Kierzek; Zakład Chemii i Biologii Strukturalnej Kwasów Nukleinowych
Prof. Ursula Bilitewski; Helmholtz Centre for Infection Research, Brunshwik, Niemcy
21. **Badania strukturalne dupleksów RNA zawierających N7-adenozynę oraz LNA N7-Adenozynę**
Prof. dr hab. Ryszard Kierzek; Zakład Chemii i Biologii Strukturalnej Kwasów Nukleinowych
Prof. dr hab. Elżbieta Kierzek; Zakład Genomiki Strukturalnej RNA
Prof. dr hab. Zofia Gdaniec, dr Witold Andrałojć; Zakład Biomolekularnego NMR
Prof. Ilyas Yildirim; Florida Atlantic University, Boca Raton, Stany Zjednoczone
22. **Badania strukturalne dupleksów RNA zawierających N7-Guanozynę**
Prof. dr hab. Ryszard Kierzek; Zakład Chemii i Biologii Strukturalnej Kwasów Nukleinowych
Prof. dr hab. Elżbieta Kierzek; Zakład Genomiki Strukturalnej RNA
Prof. dr hab. Zofia Gdaniec, dr Witold Andrałojć; Zakład Biomolekularnego NMR
Prof. Ansuman Lahiri; University of Calcutta, Kolkata, Indie

23. **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
24. **Zarządzanie danymi biomedycznymi zgodnie z zasadami FAIR**
 Dr Paweł Zmora; Zakład Wirusologii Molekularnej
 Dr. Aitana Neves; SIB Swiss Institute of Bioinformatics, Genewa, Szwajcaria
 Dr. Isabel Cuesta; Institute of Health, Madryt, Hiszpania
 Dr Erik Hjerde; The Arctic University of Norway, Tromso, Norwegia
25. **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, dr Paweł Śledziński, mgr Ewa Tykwińska; Zakład Struktury i Funkcji Retrotranspozonów
 Prof. David J. Garfinkel; University of Georgia, Athens, Stany Zjednoczone
26. **Współpraca przy realizacji projektu pt. „Yeast cell factory for mRNA Bioproduction” (Yscript)**
 Dr hab. Katarzyna Pachulska-Wieczorek, dr Julita Gumna, dr Małgorzata Zawadzka, mgr inż. Angelika Andrzejewska-Romanowska; Zakład Struktury i Funkcji Retrotranspozonów
 Dr Leszek Błaszczyk; Zakład Struktury i Funkcji Biomolekuł
 Prof. Chantal Pichon, French National Centre for Scientific Research, Orlean, Francja
27. **Rozwój testów i metod bioanalitycznych do oceny bezpieczeństwa nanomateriałów**
 Dr Krzysztof Żukowski, dr Joanna Kosman, mgr Monika Pyc, mgr Natalia Karczewska, dr Dorota Kwiatek; Pracownia Testów i Obrazowania Molekularnego
 Mgr Adrian Rufli, dr hab. Jacek Ł. Kolanowski; Zakład Sond Molekularnych i Proleków
 Prof. Ernesto Alfaro; International Iberian Nanotechnology Laboratory, Braga, Portugalia
 Dr Sean Kelly; Nanotechnology Industries Association, Bruksela Belgia
 Prof. Gianni Ciofani; Italian Institute of Technology, Genua, Włochy
 Dr Alberto Katsumiti; GAIKER Technology Center, Zamudio, Hiszpania
 Prof. Wojciech Chrzanowski; University of Sydney, Sydney, Australia
 Dr. James Baker; TEMAS Solutions GMBH, Szwajcaria
 Dr. Kevin Bielawski; Optics11 BV, Amsterdam, Holandia
 Dr. Julio Gomez; AVANZARE. Navarrete, Hiszpa
 Dr. Stephen Hodges; VERSARIEN, Gloucestershire, Wielka Brytania
 Dr. James Johnstone; Advanced Material Development, Guildford, Wielka Brytania
28. **Identyfikacja celu biologicznego pochodnej gryseofulwiny**
 Dr inż. Michał Jakubczyk; Pracownia Testów i Obrazowania Molekularnego
 Dr hab. Jacek Ł. Kolanowski; Zakład Sond Molekularnych i Proleków
 Prof. Alvin Kraemer; German Cancer Research Center, Heidelberg, Niemcy
 Prof. Mads Clausen; Technical University of Denmark, Kongens Lyngby, Dania
 Dr. Eduardo Domínguez Medina; University of Santiago de Compostela, Santiago de Compostela, Hiszpania
29. **Walidacja i wykorzystanie nowego barwnika w testach fenotypowych do wykrywania nowych mechanizmów programowanej śmierci komórki**
 Mgr Natalia Karczewska, mgr Monika Pyc, dr Joanna Kosman, dr Dorota Kwiatek; Pracownia Testów i Obrazowania Molekularnego
 Dr hab. Jacek Ł. Kolanowski; Zakład Sond Molekularnych i Proleków
 Dr. Felix Lavoie-Perusse, Dr. Martin Cottet; SaguarBio, Québec, Kanada

30. **Walidacja i adaptacja nowego zestawu barwników do testu fenotypowego typu „cell painting”**
 Mgr Natalia Karczewska, mgr Monika Pyc, dr Joanna Kosman, dr Dorota Kwiatek; Pracownia Testów i Obrazowania Molekularnego
 Dr hab. Jacek Ł. Kolanowski; Zakład Sond Molekularnych i Proleków
 Dr. Thomas Roux, Dr. Barbara Sonnenberg; Revvity, Waltham, Stany Zjednoczone
31. **Badanie mechanizmu sygnałowego białka *Hippocalcin* w depresji wywołanej dystonią**
 Dr Volodymyr Cherkas; Pracownia Testów i Obrazowania Molekularnego
 Prof. Pavel Belan; Bogomoletz Institute of Physiology, Kijów, Ukraina
32. **Badanie wpływu terminalnych spinek na efektywność gapmerów w inhibicji ekspresji genów**
 Prof. dr hab. Anna Pasternak, dr Natalia Bartyś; Zakład Bioinżynierii Kwasów Nukleinowych
 Prof. Jesper Wengel; University of Southern Denmark, Odense, Dania
33. **Projektowanie i charakterystyka aktywności inhibitorów RNA, specyficznych wobec wybranych pre-miRNA w układach modelowych *Xenopus laevis* i komórkach człowieka HEK293**
 Dr inż. Agnieszka Szczepańska, dr hab. Anna Kurzyńska-Kokorniak; Zakład Biochemii Rybonukleoprotein
 Dr Natalia Koralewska, prof. dr hab. Marek Figlerowicz; Zakład Biologii Molekularnej i Systemowej
 Prof. dr hab. Ryszard Kierzek; Zakład Chemii i Biologii Strukturalnej Kwasów Nukleinowych
 Prof. Marie-Laure Baudet, Dr. Eloina Corradi, Linda Masante, MSc; University of Trento, Trento, Włochy
34. **Badania strukturalne bisiora z racicznicy zmiennej *D. polymorpha***
 Dr Kamil Szpotkowski; Zakład Biochemii Rybonukleoprotein
 Dr Sylvio Haas; Deutsches Elektronen Synchrotron, Hamburg, Niemcy
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. **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
38. **Rola kumaryn w oddziaływaniach z endofitycznymi bakteriami i tolerancji na niedobór jonów żelaza w *Arabidopsis thaliana***
 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
39. **Udział pochodnych tryptofanu w indukowanej wzorcami molekularnymi odporności na nekrotroficznego grzyba *Botrytis cinerea***
 Prof. dr hab. Paweł Bednarek, dr Anna Piasecka; Zakład Metabolomiki Funkcjonalnej Roślin
 Dr. Simone Ferrari, Dr. Alessandra Diomaiuti; Sapienza University of Rome, Rzym, Włochy

40. **Modelowanie i ewaluacja struktur 3D RNA w V rundzie konkursu RNA-Puzzles**
 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. **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
43. **Identyfikacja oraz selektywne usuwanie splątań w strukturach 3D RNA**
 Dr Joanna Sarzyńska, dr hab. inż. Maciej Antczak, prof. dr hab. inż. Marta Szachniuk; Zakład Bioinformatyki Strukturalnej
 Dr. Simón Poblete; Universidad Austral de Chile, Valdivia, Chile
44. **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
45. **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
46. **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
47. **Analiza funkcjonalna transportera transportera 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
48. **Analiza funkcjonalna transportera cytokinin MtABCG40**
 Prof. dr hab. Michał Jasiński, mgr inż. Tomasz Jamruszka, dr Joanna Banasiak; Zakład Fizjologii Molekularnej Roślin
 Prof. Markus Geisler; University of Fribourg, Fryburg, Szwajcaria
49. **Selektywność substratowa białka AtABCG36**
 Prof. dr hab. Michał Jasiński, mgr inż. Konrad Pakuła; Zakład Fizjologii Molekularnej Roślin
 Prof. Markus Geisler; University of Fribourg, Fryburg, Szwajcaria
50. **Przygotowanie międzynarodowego wniosku w programie Interreg Central Europe**
 Prof. dr hab. Michał Jasiński, mgr inż. Konrad Pakuła; Zakład Fizjologii Molekularnej Roślin
 Prof. Jozef Šamaj; Palacky University Olomouc, Ołomuniec, Czechy

51. **Identyfikacja białek ABCB w algach brązowych**
Dr Joanna Banasiak, prof. dr hab. Michał Jasiński; Zakład Fizjologii Molekularnej Roślin
Prof. Markus Geisler; University of Fribourg, Fryburg, Szwajcaria
52. **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 Gołębowska; Zakład Chemii Komponentów Kwasów
Nukleinowych
Dr. Frank Sicheri, Dr. Salima Daou, Dr. Jonah Beenstock, University of Toronto, Toronto, Kanada
53. **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
54. **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
55. **Badania struktury i funkcji G-kwadrupleksów miRNA**
Dr Agnieszka Belter; Zakład Biologii Medycznej
Dr. Grzegorz Kudła; University of Edinburgh, Edynburg, Wielka Brytania
56. **Badanie komórek Purkinjego w kontekście choroby SCA7 Analiza transkryptomyczna
myszy SCA7 metodą sekwencjonowania pojedynczych komórek**
Dr Paweł Świtoński, mgr Grażyna Adamek; Zakład Biologii Komórek Nerwowych
Luke Bartelt; Duke University, Durham, Stany Zjednoczone
Dr. Albert La Spada; University of California Irvine, Irvine, Stany Zjednoczone
57. **Charakterystyka zmian komórkowych i molekularnych tworzących kaskadę
patologiczną w ataksji rdzeniowo-mózdkowej typu 7**
Dr Paweł Świtoński; Zakład Biologii Komórek Nerwowych
Dr. Albert La Spada; University of California Irvine, Irvine, Stany Zjednoczone
58. **Proteomiczne i metabolomiczne sygnatury raka jelita grubego**
Dr hab. inż. Anna Wojakowska, dr Łukasz Marczak; Pracownia Spektrometrii Mas
Dr. Krzysztof Polanski; Wellcome Trust Sanger Institute, Cambridge, Wielka Brytania
59. **Określenie wpływu circRNA *Cdr1as* na fizjologię neuronów kory mózgowej**
Dr Monika Piwecka; Zakład Niekodujących RNA
Prof. Nikolaus Rajewsky, Cledi Alicia Cerda Jara; Max Delbrück Center for Molecular Medicine
in the Helmholtz Association, Berlin, Niemcy
60. **Analiza transkryptomu w przysadce mózgowej myszy**
Dr Monika Piwecka, dr Ewelina Kałużna, mgr inż. Julian Zacharjasz; Zakład Niekodujących
RNA
Dr. Andranik Ivanov; Charité Medical University, Berlin, Niemcy
61. **Badanie circRNA *Cdr1as* w kontekście regulacji pracy mózgu i rytmu okołodobowego
w mózgu**
Dr Monika Piwecka; Zakład Niekodujących RNA
Dr. Rosa Chiara Paolicelli, Dr. Anne-Claire Compagnion; University of Lausanne, Lozanna,
Szwajcaria
62. **Badanie funkcji circRNA *Cdr1as* i mikroRNA *miR-7* w kontekście procesów zapalnych
w mózgu i udaru niedokrwienego**
Dr Monika Piwecka; Zakład Niekodujących RNA
Prof. Tarja Malm, Flavia Scoyni, MSc; University of Eastern Finland, Kuopio, Finlandia
63. **Przygotowanie manuskryptu publikacji przeglądowej pt. *Single-cell and spatial
transcriptomics: deciphering brain complexity in health and disease***
Dr Monika Piwecka; Zakład Niekodujących RNA
Dr. Agnieszka Rybak-Wolf; Berlin Institute for Medical Systems Biology, Max Delbrück Center

64. **Badania wstępne i złożenie wniosku grantowego dot. regulacji ekspresji genów przez circRNA i miRNA w komórkach występujących w osi podwzgórze-przysadka mózgowa**
Dr Monika Piwecka, mgr Julian Zacharjasz; Zakład Niekodujących RNA
Dr. Fanny Langlet; University of Lausanne, Lozanna, Szwajcaria
65. **Kontynuacja współpracy po realizacji 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
66. **Szczegółowa charakterystyka molekularna i fenotypowa w trakcie neurorozwoju mózgu mysiego modelu SCA3**
Dr hab. Maciej Figiel, dr Magdalena Surdyka, mgr Żaneta Kalinowska-Pośka; Zakład Neurobiologii Molekularnej
Prof. Sandrine Humbert; French National Institute for Health and Medical Research, Paryż, Francja
Dr. Aleaxandra Durr; Sorbonne University, Paryż, Francja
67. **Współpraca w ramach sieci: The EU Joint Programme – Neurodegenerative Disease Research (JPND), konkurs 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
68. **Pozyskiwanie materiału biologicznego pochodzącego od pacjentów z DM1 i DM2**
Dr. hab. Marzena Wojciechowska; Zakład Chorób Rzadkich
Dr. Saam Sedehizadeh; Nottingham University Hospitals NHS Trust, Nottingham, Wielka Brytania
69. **Przygotowanie manuskryptu pracy eksperymentalnej pt. *Regulation of Toxic RNA Foci and Mutant DMPK Transcripts: Role of MBNL Proteins and RNA Decay Pathways***
Dr. hab. Marzena Wojciechowska; Zakład Chorób Rzadkich
Prof. David Brook; University of Nottingham, Nottingham, Wielka Brytania
70. **Analiza zmiany długości ciągu powtórzeń CAG i poszukiwanie nowych czynników odpowiedzialnych za niestabilność sekwencji mikrosatelitarnych w chorobach człowieka**
Dr hab. Marta Olejniczak, dr Magdalena Dąbrowska, mgr Anna Misiukiewicz, dr Marta Kazimińska; Zakład Inżynierii Genomowej
Prof. Jacob Corn, Dr Matthias Muhar, Sebastian Siegner, MSc; Institute of Molecular Health Sciences, Zurych, Szwajcaria
71. **Tautomeria w pochodnych 4-amino-1,3-tiazolonu jako kandydatów na leki**
Prof. dr hab. Mariusz Jaskólski; Zakład Biologii Strukturalnej Eukariontów
Prof. Roman Lesyk; Danylo Halytsky Lviv National Medical University, Lwów, Ukraina

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 03 listopada 2023 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 MEDICINAL CHEMISTRY LETTERS	W. Kotkowiak, C. Roxo, A. Pasternak	Physicochemical and antiproliferative characteristics of RNA and DNA sequence-related G-quadruplexes, 2023, 14, 35–40	4,3	140	2
2.	ACTA BIOCHIMICA POLONICA	A. Kiliszek, W. Rypniewski	The emergence of biological homochirality, 2023, 70, 481–485	2,0	70	4
3.	ACTA CRYSTALLOGRAPHICA SECTION B-STRUCTURAL SCIENCE CRYSTAL ENGINEERING AND MATERIALS	A. Pyrih, A. Lapinski, S. Zieba, A. Mizera, R. Lesyg, M. Jaskolski , A.K. Gzella	Proton tautomerism in 5-dimethylaminomethylidene-4-(o-,m-,p-hydroxyphenyl)-amino-1,3-thiazol-2(5H)-ones: synthesis, crystal structure and spectroscopic studies, 2023, 79, 220–232	2,1	140	2
4.	ACTA CRYSTALLOGRAPHICA SECTION C-STRUCTURAL CHEMISTRY	A. Pyrih, A. Lapinski, S. Zieba, A. Mizera, R. Lesyk, A.K. Gzella, M. Jaskolski	Proton tautomerism and stereoisomerism in 5-[(dimethylamino)methylidene]-4-[3/4-(trifluoromethylphenyl)amino]-1,3-thiazol-2(5H)-ones: synthesis, crystal structure and spectroscopic studies, 2023, 79, 480–490	0,7	140	4

5.	ACTA CRYSTALLOGRAPHIC SECTION D-STRUCTURAL BIOLOGY	P. Drozdal, T. Manszewski, M. Gilski, K. Brzezinski, M. Jaskolski	Right-handed Z-DNA at ultrahigh resolution: a tale of two hands and the power of the crystallographic method, 2023, 79, 133–139	5,7	100	1
6.	ACTA CRYSTALLOGRAPHIC SECTION D-STRUCTURAL BIOLOGY	J.I. Loch, P. Worsztynowicz, J. Sliwiak, M. Grzechowiak, B. Imiolczyk, K. Pokrywka, M. Chwastyk, M. Gilski, M. Jaskolski	Rhizobium etli has two L-asparaginases with low sequence identity but similar structure and catalytic center, 2023, 79, 775–791	5,7	100	1
7.	AGEING RESEARCH REVIEWS	A. Tyczewska, A. Rzepczak, D. Sobanska, K. Grzywacz	The emerging roles of tRNAs and tRNA-derived fragments during aging: Lessons from studies on model organisms, 2023, 85, 101863	14,5	140	1
8.	AGRICULTURE (BASEL)	J.H. Czembor, E. Czembor, M. Krystek, J. Pukacki	AgroGenome: Interactive Genomic-Based Web Server Developed Based on Data Collected for Accessions Stored in Polish Genebank. 2023, 13, 193	3,6	140	1
9.	ANTIMICROBIAL AGENTS AND CHEMOTHERAPY	L. Dabos, J.E. Raczynska, P. Bogaerts, A. Zavala, D. Girlich, R.A. Bonnin, L. Dortet, A. Perat, P. Ratailleau, B.I. Iorga, M. Jakolski, Y. Glupczynski, T. Naas	Structural and Biochemical Features of OXA-517: a Carbapenem and Expanded-Spectrum Cephalosporin Hydrolyzing OXA-48 Variant, 2023, 67, e0109522	5,1	140	1
10.	APPLIED SCIENCES-BASEL	A. Rybarczyk, D. Formanowicz, M. Radom, P. Formanowicz	Cholesterol Metabolism Pathways Disturbances in Atherosclerosis-Analyses Using Stochastic Petri Net-Based Model, 2023, 13, 6149	2,9	100	2
11.	ARCHIVES OF ORTHOPAEDIC AND TRAUMA SURGERY	P. Bakowski, J. Kaszynski, C. Baka, T. Kaczmarek, K. Ciemniewska- Gorzela, K. Bakowska-Zywicka, T. Piontek	Patients with stage II of the knee osteoarthritis most likely benefit from the intra-articular injections of autologous adipose tissue-from 2 years of follow-up studies, 2023, 143, 55–62	2,5	100	2

12.	ASIAN JOURNAL OF ORGANIC CHEMISTRY	S. Mkrtychyan, M. Jakubczyk , S. Budzak, B. Benicka, V.O. Iaroshenko	Introducing Trifluoromethoxyarenes as Halide Surrogates in Mechanochemical Realizations of Ni-catalyzed Cross-coupling Reactions, 2023, 12, e202300094	2,6	70	2
13.	ASTROPHYSICAL JOURNAL	F. Carrascoza, P. Lukasiak, W. Nowak, J. Blazewicz	Ab Initio Study of Glycine Formation in the Condensed Phase: Carbon Monoxide, Formaldimine, and Water Are Enough, 2023, 956, 140	5,0	140	1
14.	BIOCHIMIE	C. Roxo, K. Zielinska, A. Pasternak	Bispecific G-quadruplexes as inhibitors of cancer cells growth, 2023, 214, 91–100	3,9	100	2
15.	BIOINFORMATICS	M. Zurkowski, M. Antczak, M. Szachniuk	High-quality, customizable heuristics for RNA 3D structure alignment, 2023, 39, btad315	8,3	200	1
16.	BIOMATERIALS ADVANCES	J. Litowczenko, J.K. Wychowaniec, K. Zaleski, L. Marczak , C.J.C. Edwards-Gayle, K. Tadyszak, B.M. Maciejewska	Micro/nano-patterns for enhancing differentiation of human neural stem cells and fabrication of nerve conduits via soft lithography and 3D printing, 2023, 154, 213653	7,9	40	1
17.	BIOMEDICAL SIGNAL PROCESSING AND CONTROL	H. Swierczynski, J. Pukacki , S. Szczesny, C. Mazurek , R. Wasilewicz	Sensor data analysis and development of machine learning models for detection of glaucoma, 2023, 105350	4,9	140	2
18.	BIOMOLECULES	K. Wozniak, K. Brzezinski	Biological Catalysis and Information Storage Have Relied on N-Glycosyl Derivatives of beta-D-Ribofuranose since the Origins of Life, 2023, 13, 782	5,8	140	1
19.	BIOORGANIC CHEMISTRY	J. Brzezinska, S. Trzcinski, J. Strzelec, M.K. Chmielewski	From CPG to hybrid support: Review on the approaches in nucleic acids synthesis in various media, 2023, 140, 106806	5,3	140	1

20.	BMC BIOLOGY	P. Joachimiak, A. Ciesiolka, E. Kozłowska, P.M. Switonski, G. Figura, A. Ciolak, G. Adamek, M. Surdyka, Z. Kalinowska-Poska, M. Figiel, N.S. Caron, M.R. Hayden, A. Fiszer	Allele-specific quantitation of ATXN3 and HTT transcripts in polyQ disease models, 2023, 21, 17	7,1	140	1
21.	BMC GENOMICS	S. Proft, J. Leiz, U. Heinemann, D. Seelow, K.M. Schmidt-Ott, M. Rutkiewicz	Discovery of a non-canonical GRHL1 binding site using deep convolutional and recurrent neural networks, 2023, 24, 736	4,7	140	1
22.	BRIEFINGS IN BIOINFORMATICS	M. Justyna, M. Antczak, M. Szachniuk	Machine learning for RNA 2D structure prediction benchmarked on experimental data, 2023, 24, bbad153	10,6	140	1
23.	CELLULAR AND MOLECULAR LIFE SCIENCES	B. Mirska, T. Wozniak, D. Lorent, A. Ruszkowska, J.M. Peterson, W.N. Moss, D.H. Mathews, R. Kierzek, E. Kierzek	In vivo secondary structural analysis of Influenza A virus genomic RNA, 2023, 80, 136	8,7	140	1
24.	CELLULAR AND MOLECULAR LIFE SCIENCES	K. Taylor, A. Piasecka, A. Kajdasz, A. Brzek, M.P. Espinoza, C.F. Bourgeois, A. Jankowski, M. Borowiak, K.D. Raczynska, L.J. Sznajder, K. Sobczak	Modulatory role of RNA helicases in MBNL-dependent alternative splicing regulation, 2023, 80, 335	8,7	140	1
25.	CELLULAR AND MOLECULAR LIFE SCIENCES	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, 2023, 80,105	8,7	140	1
26.	COMPUTATIONAL AND STRUCTURAL BIOTECHNOLOGY JOURNAL	K. Szpotkowski, K. Wojcik, A. Kurzynska-Kokorniak	Structural studies of protein–nucleic acid complexes: A brief overview of the selected techniques, 2023, 21, 2858–2872	6,3	140	1

27.	CURRENT BIOLOGY	B. Aryal, J. Xia, Z. Hu, M. Stumpe, T. Tsering, J. Liu, J. Huynh, Y. Fukao, N. Glockner, H-Y. Huang, G. Sancho-Andres, K. Pakula , J. Ziegler, K. Gorzolka, M. Zwiewka, T. Nodzynski, K. Harter, C. Sanchez-Rodriguez, M. Jasinski , S. Rosahl, M.M. Geisler	An LRR receptor kinase controls ABC transporter substrate preferences during plant growth-defense decisions, 2023, 33, 2008–2023	11,0	200	1
28.	ELECTRONICS	P. Kuwalek, W. Jesko	Speech Enhancement Based on Enhanced Empirical Wavelet Transform and Teager Energy Operator. 2023, 12, 3167	2,9	140	2
29.	ENERGIES	R. Rozycki, J. Jozefowska, K. Kurowski , T. Lemanski, T. Pecyna, M. Subocz , G. Waligora	A Quantum Approach to the Problem of Charging Electric Cars on a Motorway, 2023, 16, 442	3,3	140	3
30.	ENERGIES	R. Rozycki, J. Jozefowska, K. Kurowski , T. Lemanski, T. Pecyna, M. Subocz , G. Waligora	A Quantum Approach to the Problem of Charging Electric Cars on a Motorway. 2023, 16, 442	3,3	140	3
31.	EUROPEAN JOURNAL OF INORGANIC CHEMISTRY	M. Dekaliuk , N. Hildebrandt	Lanthanide-FRET Molecular Beacons for microRNA Biosensing, Logic Operations, and Physical Unclonable Functions, 2023, 26, e202300288	2,1	70	2
32.	EUROPEAN JOURNAL OF OPERATIONAL RESEARCH	K. Kurowski , T. Pecyna , M. Slysz , R. Rozycki, G. Waligora, J. Weglarz	Application of quantum approximate optimization algorithm to job shop scheduling problem. 2023, 310, 518–528	6,4	140	1
33.	EUROPEAN POLYMER JOURNAL	M. Paluch , D.R. Wang, M.R. Buchmeiser, M.K. Chmielewski	Pyridin-2-yl-substituted smart polymers sensitive to thermally triggered side group cyclization, 2023, 186, 111865	5,1	100	1

34.	F1000RESEARCH	A. Neves, N. P. Willassen, E. Hjerde, I. Cuesta, C. S. Martin, H. Inno, D. Pilvar, K. Ng, D. Salgado, J. van Helden, W. Gu, M. Popleteeva, J. Dopazo, T. Suri, J. Paces, C. Mazurek, K. Kurowski, N. Koralewska , G. Maier, ELIXIR CONVERGE WP9 community	A survey into the contribution of regional/national pathogen data platforms and on the resources needed to develop and maintain them, 2023, 12(ELIXIR):1590	2,548	70	1
35.	FEBS LETTERS	Z. Warkocki	An update on post-transcriptional regulation of retrotransposons, 2023, 59, 380–406	3,8	140	2
36.	FOODS	M. Grajzer, B. Wiatrak, P. Jawien, L. Marczak, A. Wojakowska , R. Wiejak, E. Roj, W. Grzebieluch, A. Prescha	Evaluation of Recovery Methods for Fragaria vesca L. Oil: Characteristics, Stability and Bioactive Potential, 2023, 12, 1852	5,5	140	1
37.	FREE RADICAL BIOLOGY AND MEDICINE	M. Ignasiak-Kciuk, K. Nowicka-Bauer, M. Grzechowiak , T. Ravnsborg, K. Frackowiak, O.N. Jensen, M. Jaskolski , B. Marciniak	Does the presence of ground state complex between a PR-10 protein and a sensitizer affect the mechanism of sensitized photo-oxidation?, 2023, 198, 27–43	7,9	200	1
38.	FRONTIERS IN MOLECULAR NEUROSCIENCE	M. Piwecka , P. Luisier, C. Andreassi	Editorial: RNA at a breaking point? Cytoplasmic cleavage and other post-transcriptional RNA processing in neurodevelopment and disease, 2023, 16, 1214853	5,5	140	2
39.	FRONTIERS IN MOLECULAR NEUROSCIENCE	P. Piasecki, K. Wiatr, M. Ruszkowski, L. Marczak , Y. Trottier, M. Figiel	Impaired interactions of ataxin-3 with protein complexes reveals their specific structure and functions in SCA3 Ki150 model, 2023, 16, 1122308	5,5	140	2
40.	FRONTIERS IN MOLECULAR NEUROSCIENCE	M. Piwecka, A. Fiszler, K. Rolle, M. Olejniczak	RNA regulation in brain function and disease 2022 (NeuroRNA): A conference report, 2023, 16, 1133209	5,5	140	2

41.	FRONTIERS IN ONCOLOGY	K. Jaz, C. Miedziarek, E. Piasek, A. Florek, E. Nowak-Markwitz, M.P. Zaborowski	Choriocarcinoma complicated with intra-abdominal and intrapleural hemorrhage in pregnancy – case report, 2023, 13, 1198553	5,2	100	2
42.	FRONTIERS IN PLANT SCIENCE	M. Marszalek-Zenczak, A. Satyr, P. Wojciechowski, M. Zenczak, P. Sobieszczanska, K. Brzezinski, T. Ifimenko, M. Figlerowicz, A. Zmienko	Analysis of Arabidopsis non-reference accessions reveals high diversity of metabolic gene clusters and discovers new candidate cluster members, 2023, 14, 1104303	6,8	140	1
43.	FRONTIERS IN PLANT SCIENCE	A. Zmienko, P. Wojciechowski, M. Figlerowicz	Editorial: Resolving the complexity of plant genomes and transcriptomes with long reads, volume II, 2023, 14, 1326500	6,8	140	1
44.	FRONTIERS IN PUBLIC HEALTH	A. Naves, I. Cuesta, E. Hjerde, T. Klemetsen, D. Salgado, J. van Helden, N. Rahman, N. Fatima, N. Karathanasis, P. Zmora, W.N. Akerstrom, S.N. Grellscheid, Z. Waheed, N. Blomberg	FAIR+E pathogen data for surveillance and research: lessons from COVID-19, 2023, 11, 1289945	5,5	100	1
45.	FUNCTIONAL & INTEGRATIVE GENOMICS	A. Samelak-Czajka, P. Wojciechowski, M. Marszalek-Zenczak, M. Figlerowicz, A. Zmienko	Differences in the intraspecies copy number variation of Arabidopsis thaliana conserved and nonconserved miRNA genes, 2023, 23, 120	3,3	100	2
46.	FUNCTIONAL & INTEGRATIVE GENOMICS	P. Chakrabarty, R. Sen, S. Sengupta	From parasites to partners: exploring the intricacies of host-transposon dynamics and coevolution, 2023, 23, 278	3,3	100	2
47.	FUTURE GENERATION COMPUTER SYSTEMS	L. Szustak, M. Lawenda, S. Arming, G. Bankhamer, C. Schweimer, R. Elsasser	Profiling and optimization of Python-based social sciences applications on HPC systems by means of task and data parallelism, 2023, 148, 623–635	7,4	140	1

48.	GENETICS AND MOLECULAR BIOLOGY	I. Aygun, A. Rzepczak, T.S. Miki	A germline-targeted genetic screen for xrn-2 suppressors identifies a novel gene C34C12.2 in <i>Caenorhabditis elegans</i> , 2023, 46, e20220328	2,2	70	3
49.	GENOME BIOLOGY	I. Stolarek, M. Zenczak, L. Handschuh , A. Juras, M. Marcinkowska-Swojak , A. Spinek, A. Debski, M. Matla, H. Kocka-Krenz, J. Piontek, Polish Archeogenomics Consortium, M. Figlerowicz	Genetic history of East-Central Europe in the first millennium CE, 2023, 24, 173	17,4	200	1
50.	GUT MICROBES	N. Szostak, M. Figlerowicz, A. Philips	The emerging role of the gut mycobiome in liver diseases, 2023, 15, 2211922	12,4	100	1
51.	INDIAN JOURNAL OF MICROBIOLOGY	S. Bishnoi, S. Sharma, H. Agrawal	Exploration of the Potential Application of Banana Peel for Its Effective Valorization: A Review, 2023, 63, 398–409	3,1	40	3
52.	INTERNATIONAL JOURNAL OF INFECTIOUS DISEASES	M. Gazecka , J. Sniezek, K. Maciolek, A. Kowala-Piaskowska, P. Zmora	Mpox virus detection in the wastewater and the number of hospitalized patients in the Poznan metropolitan area, Poland, 2023, 133, 75–77	6,7	100	1
53.	INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES	N. Izycka, M.P. Zaborowski, L. Ciecierski , K. Jaz, S. Szubert, C. Miedziarek, M. Rezler, K. Piatek-Bajan, A. Synakiewicz, A. Jankowska, M. Figlerowicz , K. Sterzynska, E. Nowak-Markwitz	Cancer Stem Cell Markers-Clinical Relevance and Prognostic Value in High-Grade Serous Ovarian Cancer (HGSOC) Based on The Cancer Genome Atlas Analysis, 2023, 24, 12746	6,2	140	1
54.	INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES	M. Michalak, B.P. Plitta-Michalak, J. Suszka, M.Z. Naskret-Barciszewska , S. Kotlarski, J. Barciszewski , P. Chmielarz	Identification of DNA Methylation Changes in European Beech Seeds during Desiccation and Storage, 2023, 24, 3557	6,2	140	1

55.	INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES	A. Marchwicka, K. Nowak, A. Satyr , D. Wolowiec, E. Marcinkowska	Immuno-Stimulating Activity of 1,25-Dihydroxyvitamin D in Blood Cells from Five Healthy People and in Blasts from Five Patients with Leukemias and Pre-Leukemic States, 2023, 24, 6504	6,2	140	1
56.	INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES	A.M. Barciszewska, A. Belter , I. Gawronska , M. Giel-Pietraszuk , M.Z. Naskret-Barciszewska	Juglone in Combination with Temozolomide Shows a Promising Epigenetic Therapeutic Effect on the Glioblastoma Cell Line, 2023, 24, 6998	6,2	140	1
57.	INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES	J. Lalak-Kanczugowska , N. Witaszak, A. Waskiewicz, J. Bocianowski, L. Stepien	Plant Metabolites Affect Fusarium proliferatum Metabolism and In Vitro Fumonisin Biosynthesis, 2023, 24, 3002	6,2	140	1
58.	INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES	D. Pietkiewicz, M.P. Zaborowski , K. Jaz, E. Matuszewska, A. Swiatly-Blaszkiewicz, T. Kluz, Z.J. Kokot, E. Nowak-Markwitz, J. Matysiak	Serum Proteomic Profiles of Patients with High and Low Risk of Endometrial Cancer Recurrence, 2023, 24, 14528	6,2	140	1
59.	INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES	I. Szczesniak , A. Baliga-Gil , A. Jarmolowicz , M. Soszynska-Jozwiak , E. Kierzek	Structural and Functional RNA Motifs of SARS-CoV-2 and Influenza A Virus as a Target of Viral Inhibitors, 2023, 24, 1232	6,2	140	1
60.	INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES	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, 2023, 24, 520	6,2	140	1
61.	INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES	K. Grzywacz, A. Chełkowska-Pauszek, M. Plucinska-Jankowska, M. Zywicki	The Evaluation of SHAPE-MaP RNA Structure Probing Protocols Reveals a Novel Role of Mn ²⁺ in the Detection of 2'-OH Adducts, 2023, 24, 7890	6,2	140	1

62.	INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES	D. Wronka, A. Karlik, J.O. Misiorek, L. Przybyl	What the Gut Tells the Brain-Is There a Link between Microbiota and Huntington's Disease?, 2023, 24, 4477	6,2	140	1
63.	JOURNAL OF APPLIED GENETICS	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, 2023, 64, 105-124	3,0	140	3
64.	JOURNAL OF BIOMOLECULAR STRUCTURE AND DYNAMICS	R. Pal, I. Deb, J. Sarzynska , A. Lahiri	LNA-induced dynamic stability in a therapeutic aptamer: insights from molecular dynamics simulations, 2023, 41, 2221-2230	3,8	70	1
65.	JOURNAL OF CELLULAR AND MOLECULAR MEDICINE	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. Kozlowski , T. Stoklosa	HRAS mutation positive multiple myeloma in the type 2 CALR mutation positive essential thrombocythemia: a case report, 2023, 27, 299-303	5,5	100	2
66.	JOURNAL OF ENVIRONMENTAL CHEMICAL ENGINEERING	N. Lisiecka, A. Parus, V. Verkhovetska, J. Zembrzuska, M. Simpson, G. Framski , M. Niemczak, D. Baranowski , T. Cajthaml, L. Chrzanowski	Effect of cation hydrophobicity in dicamba-based ionic liquids on herbicide accumulation and bioavailability in soil, 2023, 11, 111008	7,3	100	1
67.	JOURNAL OF ENZYME INHIBITION AND MEDICINAL CHEMISTRY	S. Rykowski, D. Gurda-Wozna , A. Fedoruk-Wyszomirska , M. Orlicka-Plocka , A. Kowalczyk, P. Stacek, M. Denel-Bobrowska, K. Biniek-Antosiak , W. Rypniewski , E. Wyszko , A.B. Olejniczak	Carboranyl-1,8-naphthalimide intercalators induce lysosomal membrane permeabilization and ferroptosis in cancer cell lines, 2023, 38, 2171028	5,2	140	1

68.	JOURNAL OF EXPERIMENTAL BOTANY	D. Perlikowski, A. Skircz, L. Marczak , K. Lechowicz, A. Augustyniak, A. Michaelis, A. Kosmala	Metabolism of crown tissue is crucial for drought tolerance and recovery after stress cessation in Lolium/Festuca forage grasses, 2023, 74, 396–414	8,0	140	1
69.	JOURNAL OF INTELLECTUAL & DEVELOPMENTAL DISABILITY	I. Bakaniene, M. Dominiak-Swigon , MAMD. Santos, D. Pantazatos, M. Grammatikou, M. Montanari, I. Virgili, G. Galeoto, P. Flocco, L. Bernabei, A. Prasauskiene	Challenges of online learning for children with special educational needs and disabilities during the COVID-19 pandemic: A scoping review, 2023, 48, 105–116	1,8	70	4
70.	JOURNAL OF INTELLECTUAL AND DEVELOPMENTAL DISABILITY	I. Bakaniene, M. Dominiak-Swigon , M.A. Meneses da Silva Santos, D. Pantazatos, M. Grammatikou, M. Montanari, I. Virgili, G. Galeoto, P. Flocco, L. Bernabei, A. Prasauskiene	Challenges of online learning for children with special educational needs and disabilities during the COVID-19 pandemic: A scoping review. Journal of Intellectual and Developmental Disability, 2023, 48, 105–116	1,8	70	4
71.	JOURNAL OF MOLECULAR LIQUIDS	A. Syguda, L. Lawniczak, P. Wrobel, F. Walkiewicz, G. Framski , A. Parus, M. Wozniak-Karczewska, M. Niemczak, A. Gierka, L. Chrzanowski	Biodegradable amidequats, derivatives of caprylic and pelargonic acids as cationic surfactants for agricultural applications, 2023, 391, 123221	5,6	100	1
72.	JOURNAL OF MOLECULAR LIQUIDS	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, 2023, 370, 120981	5,6	100	1
73.	JOURNAL OF MOLECULAR LIQUIDS	J. Michalski, C. Odrzygodz , P. Mester, D. Narozna, T. Clapa	Defeat undefeatable: Ionic liquids as novel antimicrobial agents, 2023, 369, 120782	5,6	100	1
74.	JOURNAL	D. Baranowski , A. Mieczkowski, D. Trzybinski, K. Wozniak,	Insights into molecular structure of adenosine-boron cluster conjugates and their phenyl isomers	3,2	70	2

	OF MOLECULAR STRUCTURE	K. Bednarska-Szczepaniak, Z. Gdaniec , Z.J. Lesnikowski	as adenosine receptor ligands: Nuclear magnetic resonance, crystallographic and computational studies, 2023, 1274, 134588			
75.	JOURNAL OF MOLECULAR STRUCTURE	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, 2023, 1274, 134441	3,2	70	2
76.	JOURNAL OF NATURAL HISTORY	M. Lawenda , J. Bloszyk, S. Konwerski	Determination of the relativistic value of museum natural collections. 2023, 57, 1671–1692	0,8	40	4
77.	JOURNAL OF SCHEDULING	J. Blazewicz , B. Moseley, E. Pesch, D. Trystram, G.C. Zhang	Mathematical challenges in scheduling theory, 2023, 26, 519–521	2,0	70	3
78.	JOURNAL OF SOFTWARE: EVOLUTION AND PROCESS	B. Walter , B. Marovic, I. Garnizov, M. Wolski , A. Todosijevic	A software process improvement framework based on best practices, 2023, 35, e2525	2,1	70	3
79.	LIFE	A. Nowak-Terpilowska, J. Zeyland, M. Hryhorowicz, P. Sledzinski , M. Wyganowska	Influence of Three Laser Wavelengths with Different Power Densities on the Mitochondrial Activity of Human Gingival Fibroblasts in Cell Culture, 2023, 13, 1136	3,2	70	2
80.	METABOLITES	A. Rybarczyk , D. Formanowicz, P. Formanowicz	Key Therapeutic Targets to Treat Hyperglycemia-Induced Atherosclerosis Analyzed Using a Petri Net-Based Model, 2023, 13, 1191	4,5	100	2
81.	MINI-REVIEWS IN MEDICINAL CHEMISTRY	T. Ostrowski	Bioactive furanyl- or thienyl-substituted nucleobases, nucleosides and their analogues, 2023, 23, 633–650	4,2	70	2

82.	MOLECULAR ONCOLOGY	M. Kazimierska , M. Podralska, M. Zurawek, T. Wozniak, M.E. Kasprzyk, W. Sura, W. Losiewski, I. Ziolkowska-Suchanek, J. Kluiwer, A. van der Berg, N. Rozwadowska, A. Dzikiewicz-Krawczyk	CRISPR/Cas9 screen for genome-wide interrogation of essential MYC-bound E-boxes in cancer cells, 2023, 17, 2295–2313	7,0	140	1
83.	MOLECULAR PLANT	G. Singh, H. Agrawal, P. Bednarek	Specialized metabolites as versatile tools in shaping plant–microbe associations, 2023, 16, 122–144	22,6	140	1
84.	MOLECULAR THERAPY – NUCLEIC ACIDS	L. Budzko, K. Hoffa-Sobiech, P. Jackowiak, M. Figlerowicz	Engineered deaminases as a key component of DNA and RNA editing tools, 2023, 34, 102062	8,4	140	1
85.	MOLECULAR THERAPY – NUCLEIC ACIDS	A. Fiszer	All roads lead to cure: Diversity of oligonucleotides in DM1 therapy, 2023, 32, 898–899	8,4	140	1
86.	MOLECULES	S.S. Panda, M.N. Aziz, J. Stawinski , A.S. Girgis	Azomethine Ylides-Versatile Synthons for Pyrrolidiny-Heterocyclic Compounds, 2023, 28, 668	4,9	140	2
87.	MOLECULES	A. Potega, D. Rafalska, D. Kazimierczyk, M. Kosno, A. Pawlowicz, W. Andralojc , E. Paluszkiwicz, T. Laskowski	In Vitro Enzyme Kinetics and NMR-Based Product Elucidation for Glutathione S-Conjugation of the Anticancer Unsymmetrical Bisacridine C-2028 in Liver Microsomes and Cytosol: Major Role of Glutathione S-Transferase M1-1 Isoenzyme, 2023, 28, 6812	4,9	140	2
88.	MOLECULES	P. Sledzinski , A. Nowak-Terpilowska, P. Rzymiski, R. Slomski, J. Zeyland	In Vitro Evidence of Selective Pro-Apoptotic Action of the Pure Cannabidiol and Cannabidiol-Rich Extract, 2023, 28, 7887	4,9	140	2
89.	MOLECULES	E. Ewert, I. Pospieszna-Markiewicz, M. Szymanska, A. Kurkiewicz,	New N4-Donor Ligands as Supramolecular Guests for DNA and RNA: Synthesis, Structural	4,9	140	2

		A. Belter , M. Kubicki, V. Patroniak, M.A. Fik-Jaskolka, G.N. Roviello	Characterization, In Silico, Spectrophotometric and Antimicrobial Studies, 2023, 28, 400			
90.	MOVEMENT DISORDERS	B. Nowak, E. Kozłowska, W. Pawlik, A. Fiszer	Atrophin-1 Function and Dysfunction in Dentatorubral–Pallidoluyasian Atrophy, 2023, 38, 526–536	9,5	140	1
91.	MSYSTEMS	N. Szostak, L. Handschuh, A. Samelak-Czajka, K. Tomela, M. Schmidt , L. Pruss, K. Milanowska-Zabel, P. Kozłowski, A. Philips	Host Factors Associated with Gut Mycobiome Structure, 2023, 8, e00986-22	7,3	140	1
92.	NATURE COMMUNICATIONS	J. Dłuzewska, W. Dziegielewski, M. Szymanska-Lejman, M. Gazecka , I.R. Henderson, J.D. Higgins, P.A. Ziolkowski	MSH2 stimulates interfering and inhibits non-interfering crossovers in response to genetic polymorphism, 2023, 14, 6716	17	200	1
93.	NATURE REVIEWS NEUROLOGY	M. Piwecka , N. Rajewsky, A. Rybak-Wolf	Single-cell and spatial transcriptomics: deciphering brain complexity in health and disease, 2023, 19, 346–362	44,3	200	1
94.	NUCLEIC ACIDS RESEARCH	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, 2023, 51, D942-D949	16,4	200	1
95.	NUCLEIC ACIDS RESEARCH	L. Ciecierski, I Stolarek, M. Figlerowicz	Human AGEs: an interactive spatio-temporal visualization and database of human archeogenomics, 2023, 51, W269-W273	16,4	200	1
96.	NUCLEIC ACIDS RESEARCH	B. Adamczyk, M. Zurkowski, M. Szachniuk , T. Zok	WebTetrado: a webserver to explore quadruplexes in nucleic acid 3D structures, 2023, 51, W607-W612	16,4	200	1

97.	NUCLEIC ACIDS RESEARCH	B. Schneider, B.A. Sweeney, A. Bateman, J. Cerny, T. Zok, M. Szachniuk	When will RNA get its AlphaFold moment? 2023, 18, 9522–9532	16,4	200	1
98.	OMEGA-INTERNATIONAL JOURNAL OF MANAGEMENT SCIENCE	Y.W. Sang, J.Q. Wang, M. Sterna, J. Blazewicz	Single machine scheduling with due date assignment to minimize the total weighted lead time penalty and late work, 2023, 121, 102923	7,8	140	1
99.	OPTICS EXPRESS	P. Krehlik, L. Sliwczynski, K. Turza , K. Salwik, L. Buczek	Controlling of the bidirectional amplifier chain for optical frequency distribution based on a two-dimensional noise detector, 2023, 31, 12083–12096	3,8	140	2
100.	PAKISTAN JOURNAL OF BOTANY	A. Tomkowiak, R. Bobrowska, M. Kwiatek, J. Spychala, J. Kuczynski , A. Tyczewska , P.L. Kowalczewski, D. Wieg, T. Kosiada	Analysis of miRNA expression associated with gene Lr34 responsible for resistance mechanisms to wheat leaf rust, 2023, 55, 379-385	1,1	40	3
101.	PATHOGENS	A. Pawelczyk, R. Nowak , M. Gazecka , A. Jedlinska, L. Zaprutko, P. Zmora	Novel Molecular Consortia of Cannabidiol with Nonsteroidal Anti-Inflammatory Drugs Inhibit Emerging Coronaviruses' Entry, 2023, 12, 951	3,7	100	2
102.	PATHOGENS	M. Stefaniak, M. Derda, P. Zmora , S.P. Nowak	Risk Factors and the Character of Clinical Course of the Echinococcus multilocularis Infection in Patients in Poland, 2023, 12, 199	3,7	100	2
103.	PHOTOCHEMICAL & PHOTOBIOLOGICAL SCIENCES	M. Insinska-Rak, A. Golczak, M. Gierszewski, Z. Anwar, V. Cherkas , D. Kwiatek , E. Sikorska, I. Khmelinskii, G. Burdzinski, R. Cibulka, L. Mrowczynska, J.Ł. Kolanowski , M. Sikorski	5-Deazaalloxazine as photosensitizer of singlet oxygen and potential redox-sensitive agent, 2023, 22, 1655–1671	3,4	100	2

104.	PHYTOMEDICINE	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, 2023, 108, 154520	6,8	140	1
105.	PLANT AND CELL PHYSIOLOGY	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, 2023, 64, 80–93	5,7	140	1
106.	PLANT METHODS	K. Kulak, N. Wojciechowska, A. Samelak-Czajka, P. Jackowiak , A. Bagniewska-Zadworna	How to explore what is hidden? A review of techniques for vascular tissue expression profile analysis, 2023, 19, 129	6,1	140	1
107.	PLANT PHYSIOLOGY AND BIOCHEMISTRY	M. Rutkiewicz , I. Nogues, W. Witek , S. Angelaccio, R. Contestabile, M. Ruszkowski	Insights into the substrate specificity, structure, and dynamics of plant histidinol-phosphate aminotransferase (HISN6), 2023, 196, 759–773	6,4	70	1
108.	PLANT PHYSIOLOGY AND BIOCHEMISTRY	P. Awasthi , A.K. Mishra, T. Kocabek, V.S. Nath, S. Mishra, K.M. Hazzouri, N. Sudalaimuthuasari, N. Stajner, J. Jekse, K. Krofta, T. Hajek, K.M.A. Amiri	CRISPR/Cas9-mediated mutagenesis of the mediator complex subunits MED5a and MED5b genes impaired secondary metabolite accumulation in hop (<i>Humulus lupulus</i>), 2023, 201, 107851	6,4	70	1
109.	PLANT PHYSIOLOGY AND BIOCHEMISTRY	M. Grzechowiak, J. Sliwiak, M. Jaskolski, M. Ruszkowski	Structural and functional studies of <i>Arabidopsis thaliana</i> glutamate dehydrogenase isoform 2 demonstrate enzyme dynamics and identify its calcium binding site, 2023, 201, 107895	6,4	70	1
110.	PROTEIN SCIENCE	M. Janicki, A. Sciuk, A. Zielinski, M. Ruszkowski , A. Ludwikow, W.M. Karlowski, M. Jaskolski , J.I. Loch	The effects of nature-inspired amino acid substitutions on structural and biochemical properties of the <i>E. coli</i> L-asparaginase EcAIII, 2023, 32, e4647	7,6	100	1

111.	PROTEINS- STRUCTURE FUNCTION AND BIOINFORMATICS	A. Kryshtafovych, M. Antczak , M. Szachniuk , T. Zok , R.C. Kretsch, R. Rangan, P. Pham, R. Das, X. Robin, G. Studer, J. Durairaj, J. Eberhardt, A. Sweeney, M. Topf, T. Schwede, K. Fidelis, J. Moult	New prediction categories in CASP15, 2023, 91, 1550–1557	2,9	100	2
112.	PROTEINS- STRUCTURE, FUNCTION AND BIOINFORMATICS	J. Sarzynska , M. Popenda , M. Antczak , M. Szachniuk	RNA tertiary structure prediction using RNAComposer in CASP15, 2023, 91, 1790–1799	2,9	100	2
113.	RNA	A. Kiliszek , W. Rypniewski , L. Blaszczyk	Exploring structural determinants and the role of nucleolin in formation of the long-range interactions between untranslated regions of p53 mRNA, 2023, 29, 630–643	4,7	140	2
114.	RNA	A. Kiliszek , M. Pluta , M. Bejger , W. Rypniewski	Structure and thermodynamics of a UGG motif interacting with Ba ²⁺ and other metal ions: accommodating changes in the RNA structure and the presence of a G(syn)–G(syn) pair, 2023, 29, 44–54	4,7	140	2
115.	SCIENCE	A. Haghani, Z.L. Cesar, ... A.J. Jasinska , ..., S. Horvath	DNA methylation networks underlying mammalian traits, 2023, 381, eabq5693	54,5	200	1
116.	SCIENCE OF THE TOTAL ENVIRONMENT	A. Pacholak, J. Zur-Pinska, A. Pinski, Q.A. Nguyen, M. Ligaj, M. Luczak , L.D. Nghiem, E. Kaczorek	Potential negative effect of long-term exposure to nitrofurans on bacteria isolated from wastewater, 2023, 872, 162199	9,6	200	1
117.	SCIENTIFIC REPORTS	K. Bartkiewicz, P. Tulewicz , J. Roik, K. Lemr	Synergic quantum generative machine learning, 2023, 13, 12893	4,9	140	1

118.	SCIENTIFIC REPORTS	A. Golczak, D. Prukala, E. Sikorska, M. Gierszewski, V. Cherkas , D. Kwiatek , A. Kubiak, N. Varma, T. Pedzinski, S. Murphree, R. Cibulka, L. Mrowczynska, J.Ł. Kolanowski , M. Sikorski	Tetramethylalloxazines as efficient singlet oxygen photosensitizers and potential redox-sensitive agents, 2023, 13, 13426	4,9	140	1
119.	SCIENTIFIC REPORTS	A. Hryniewiecka, J. Breczko, G. Siemaszko, A.N. Papanthassiou, K. Gora-Marek, K.A. Tarach, K. Brzezinski , A. Ilnicka, A.P. Terzyk, K.H. Markiewicz, L. Echevoyen, E. Plonska-Brzezinska	Three-dimensional organization of pyrrolo[3,2-b]pyrrole-based triazine framework using nanostructural spherical carbon: enhancing electrochemical performance of materials for supercapacitors, 2023, 13, 10737	4,9	140	1
120.	SCIENTIFIC REPORTS	T. Laskowski, M. Kosno, W. Andralojc , J.E. Frackowiak, J. Borzyszkowska-Bukowska, P. Szczebleski, N. Radon, M. Swierzewska, A. Wozny, E. Paluszkiewicz, Z. Mazerska	The interactions of monomeric acridines and unsymmetrical bisacridines (UAs) with DNA duplexes: an insight provided by NMR and MD studies, 2023, 13, 3431	4,9	140	1
121.	SUSTAINABLE COMPUTING: INFORMATICS AND SYSTEMS	G. Massari, M. Peta, A. Campi, F. Reghenzani, F. Terraneo, G. Agosta, W. Fornaciari, S. Ciesielski , M. Kulczewski , W. Piatek	Reliability-oriented resource management for High-Performance Computing, 2023, 39, 100873	4,6	40	1
122.	TRENDS IN BIOTECHNOLOGY	A. Tyczewska , T. Twardowski , E. Wozniak-Gientka	Agricultural biotechnology for sustainable food security, 2023, 41, 331–341	18,1	200	1
123.	VACCINES	D. Lorent , R. Nowak , M. Jankowska , L. Kuszal, P. Zmora	Differences in BNT126b2 and ChAdOx1 Homologous Vaccination Antibody Response among Teachers in Poznan, Poland, 2023, 11, 118	7,4	140	1

1.B. Recenzowane artykuły w czasopismach z listy MEiN nieindeksowane w Journal Citation Reports

Lp.	Nazwa czasopisma	Autor/Autorzy	Tytuł, rok, tom, strony / nr artykułu	Punkty MEiN*
1.	BIOTECHNOLOGIA	M. Materna, J. Stawinski, M. Sobkowski	A new approach to phosphorylation of nucleosides using oxonium phosphobetaines as intermediates, 2023, 104, 93-99	70
2.	DIGITAL HUMANITIES QUARTERLY	J.C. Edmond, A.B. Santos, M. Doran, R. Theron, M. Kozak, C. Mazurek , E. Wandl-Vogt, A.R. Sepulveda	Making the Whole Greater than the Sum of its Parts: Taxonomy Development as a Site of Negotiation and Compromise in an Interdisciplinary Software Development Project, 2023, 17(3)	70
3.	NAUKA	M. Jaskolski	Biologia strukturalna: historia, terażniejszość, perspektywy, 2023, 4, 17-36	40
4.	NAUKA	T. Twardowski , A. Aguilar	Czy biotechnologia zmierza do biogospodarki cyrkularnej?, 2023, 1, 123-132	40
5.	NAUKA	M. Gmurek, A. Klos, J.L. Kolanowski	Inicjatywa „Doskonałość naukowa nie ma płci” – od świadomości do transformacji, 2023, 2, 11-18	40
6.	NAUKA	K.F. Dziubek, M. Jaskolski , A.B. Wieckowski	O mitach w nauce na kanwie „oryginalnej aparatury Lauego”, 2023, 1, 107-121	40
7.	POSTĘPY BIOCHEMII	D. Wawrzyniak, K. Rolle , J. Barciszewski	Likopen – wpływ suplementacji na proces starzenia się skóry / Lycopene – the impact of supplementation on the skin aging proces, 2023, 69, 47-53	70
8.	POSTĘPY BIOCHEMII	J.O. Misiorek	Poszukiwanie niekanonicznych funkcji syntetaz aminoacylo-tRNA w oparciu o mutacje obecne u pacjentów z chorobą Charcot-Marie-Tooth / Searching for non-canonical functions of aminoacyl-tRNA synthases based on mutations carried by Charcot-Marie-Tooth patients, 2023, 69, 42-46	70
9.	POSTĘPY NEONATOLOGII	P. Pawalowski , D. Wojciechowska, K. Chojnacka,	Nowy System Telemedyczny do Zdalnych Konsultacji w Neonatologii – Wstępna Ocena z Wykorzystaniem Symulacji Medycznych/ A New Telemedical System for	70

		C. Mazurek , G. Greczka, T. Szczapa	Remote Consultations In Neonatology – Preliminary Assessment Using Medical Simulations, 2023, 3(29)	
10.	PRZEGLĄD ELEKTROTECHNICZNY	A. Dabrowski, A. Dabrowska, M. Dabrowski	Ocena efektywności mikro elektrowni fotowoltaicznych w Polsce na podstawie analizy monitorowanego obiektu / Evaluation of the efficiency of photovoltaic micro power plants in Poland based on the analysis of the monitored facility, 2023, 200–203	70
11.	TORUN INTERNATIONAL STUDIES	W. Kielbasinski, M. Horajski, C. Odrzygozdz , J. Szczepkowski	The impact of university cooperation with the socio-economic environment in the context of quality assurance in higher education, 2023, 1, 31–49	140

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.	ACTA BIOCHIMICA POLONICA	D. Janecki , R. Sen , N. Szostak , M. Kordys , A. Kajdasz , K. Plawgo , A. Philips , Z. Warkocki	The role of 3' end dynamics in LINE-1 retrotransposon biology, 2023, 70, S2, 0.06.2	2,0	70
2.	AMERICAN JOURNAL OF BIOLOGICAL ANTHROPOLOGY	C.M. Gagnon, H. Svardal, A.J. Jasinska , N.B. Freimer, P.J. Grobler, T.R. Turner, C.A. Schmitt	Evidence of Selection in the Fabp4 Gene Region Suggests Thermoregulatory Adaptation to Cold Temperatures in Savanna Monkeys, 2023, 180, S75, 58–58	0,4	20
3.	BRAIN PATHOLOGY	A.M. Barciszewska, A. Belter , I. Gawronska , M. Giel-Pietraszuk , M.Z. Naskret-Barciszewska	The epigenetic therapeutic effect of Juglone on glioblastoma, 2023, 33, S1, eP-NO-A93	6,5	140

4.	BRAIN PATHOLOGY	A.M. Barciszewska, A. Belter , M. Giel-Pietraszuk , I. Gawronska , M.Z. Naskret-Barciszewska	The epigenetic effect of dexamethasone on glioblastoma cell line, 2023, 33, S1, eP-NO-A90	6,5	140
5.	EUROPEAN JOURNAL OF HUMAN GENETICS	S. Proft, J. Leiz, R. Opitz, M. Jung, U. Heinemann, D. Seelow, K. Schidt-Ott, M. Rutkiewicz	Identification of a non-canonical transcription factor binding site using deep learning, 2023, 31, S1, 620–621	4,6	100
6.	FEBS OPEN BIO	J. Sliwiak , P. Worsztynowicz , K. Pokrywka , M. Grzechowiak , M. Jaskolski	Challenges of kinetic and biochemical characterization of a Class 3 L-asparaginases, 2023, 13, P-06.1-37	2,5	70
7.	FEBS OPEN BIO	M. Grzechowiak , J. Loch, P. Worsztynowicz , J. Lewandowski, J. Sliwiak , K. Pokrywka , M. Gilski , M. Jaskólski	Structural and functional studies of fungal asparaginase from <i>Colletotrichum fructicola</i> belonging to Class 3, 2023, 13, P-06.1-24	2,5	70
8.	FEBS OPEN BIO	P. Worsztynowicz , J. Loch, J. Sliwiak , M. Grzechowiak , M. Gilski , B. Imiołczyk , M. Jaskolski	Structure and kinetics of constitutive <i>Rhizobium etli</i> Class 3 L-asparaginase ReAIV, 2023, 13, P-06.1-02	2,5	70
9.	FREE RADICAL BIOLOGY AND MEDICINE	K. Nowicka-Bauer, M. Ignasiak-Kciuk, M. Grzechowiak , T. Ravensborg, K. Frackowiak, O.N. Jensen, M. Jaskolski , B. Marciniak	An interdisciplinary approach to study mechanisms of sensitized photo-oxidation of proteins, 2023, 201, 40–40, S1, PP VII_67	7,9	200

1.D. Recenzowane artykuły w innych czasopismach naukowych

Lp.	Nazwa czasopisma	Autor/Autorzy	Tytuł, rok, tom, strony / nr artykułu	Punkty MEiN*
1.	EFB BIOECONOMY JOURNAL	E. Wozniak-Gientka, A. Tyczewska	Genome editing in plants as a key technology in sustainable bioeconomy, 2023, 3, 100057	-

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	B. Walter , I. Jolevski, I. Garnizov, A. Arsovic	Supporting Product Management Lifecycle with Common Best Practices, 2023, 1891, 207-215	70
2.	INTERNATIONAL CONFERENCE ON INFORMATION SYSTEMS SECURITY AND PRIVACY. 9TH INTERNATIONAL CONFERENCE ON INFORMATION SYSTEMS SECURITY AND PRIVACY, ICISSP	F. Lauterbach, L. Michalek, P. Rydlichowski , P. Burdiak, J. Zdralek, M. Voznak	Measurements of Cross-Border Quantum Key Distribution Link, 2023, 418-423	20
3.	PROCEEDINGS OF THE 56TH ANNUAL HAWAII INTERNATIONAL CONFERENCE ON SYSTEM SCIENCES HICSS 2023	M. Krystek , M. Morzy, C. Mazurek , J. Pukacki	Introducing Data Mesh paradigm for Smart City platforms design, 2023, 6885-6892	140

2.A. Rozdziały w monografiach lub podręcznikach akademickich

Lp.	Wydawca monografii	Autor	Tytuł rozdziału, tytuł monografii	Rok, tom, strony
1.	ACADEMIC PRESS	S. Panni, A. Corbelli, J. Sztuba-Solinska	Regulation of non-coding RNAs [w:] NAVIGATING NON-CODING RNA. From Biogenesis to Therapeutic Application (red. J. Sztuba-Solinska)	2023, 209–271
2.	ACM	M. Chudy, A. Nawrocka-Wysocka, E. Lukasik, E. Kusmierk, T. Parkola	Incorporating Symbolic Representations of Traditional Music into a Digital Library. [w:] Proceedings of the 10th International Conference on Digital Libraries for Musicology	2023, 30–34
3.	ACM	J. Adamski, R. Gorzenski, T.C. Kargin, L. Malewski, A. Oleksiak, F. Sidorski	Planning data center waste heat re-use in a university campus - A case study and software tools. e-Energy 2023 Companion. [w:] Proceedings of the 14th ACM International Conference on Future Energy Systems	2023, 98-105
4.	IEEE	J. Vojtcch, L. Altmannova, V. Smotlacha, R. Velc, R. Vohnout, H. Schnatz, T.C. Liebisch, V. Capone, T. Chiotis, G. Roberts, D. Vicinanza, A. Binczewski, W. Bogacki, K. Turza, P.E. Pottie, P. Tuckey, D. Calonico, C. Clivati, V. Curri, R. Holzwarth, B. Sprenger, O. Yip, L. Pravdova, S. Eegucha, J.D. Alonso, E.R. Vidal, B. Rat, J. Kodet, U. Schreiber, J. Kusche, D. Meschede, S. Schroder, S. Stellmer, P. Nogas, R. Urbaniak, P. Krehlik,	CLONETS-DS Clock Network Services-Design Study Strategy for clock services over optical-fibre networks. [w:] Conference on Lasers and Electro-Optics	2023, JTh2A.92

		A. Gliwczeski, A. Amy-Klein, C. Chardonnet, N. Quintin, A. Seeds, B. Desruelle, J. Lautier-Gaud, V. Menoret, M. Rabault		
5.	IEEE	H. Hubel, F. Kutschera, M. Achleitner, Ch. Pacher, W. Strasser, F. Vedovato, E. Rossi, F. Picciariello, G. Vallone, P. Villorosi, L. Calderaro, V. Martin, J.P. Brito, L. Ortiz, D. Lopez, A. Pastor, M. Geitz, R-P. Braun, P. Rydlichowski	Deployed QKD Networks in Europe. [w:] 2023 Optical Fiber Communications Conference and Exhibition (OFC). San Diego, CA, USA	2023, W4K.1
6.	IEEE	J. Vojtech, V. Smotlacha, S. Naegele-Jackson, N. Quintin, N., K. Turza , W. Bogacki, G. Roberts, F. Mauchle, J. Busch	Optical Time & Frequency Activities in the GÉANT Project (Past & Future).[w:] Proceedings of the Annual Precise Time and Time Interval Systems and Applications Meeting, PTTI	2023, 236–241
7.	IEEE	P. Krehlik, L. Buczek, L. Sliwczynski, K. Turza	Polarization Control for Continuous Optical Frequency Transfer. [w:] Proceedings – 2023 Joint Conference of the European Frequency and Time Forum and IEEE International Frequency Control Symposium, EFTF/IFCS	2023
8.	IEEE	M. Wenning, S.K. Patri, J. Muller, A. Autenrieth, J-P. Elbers, P. Rydlichowski , C. Mas-Machuca	Towards Optimized Demand Routing in QKD Networks. [w:] 2023 Optical Fiber Communications Conference and Exhibition (OFC)	2023
9.	OFICYNA WYDAWNICZA POLITECHNIKI WROCŁAWSKIEJ	J. Skorupa, M. Glowiak	Projektowanie i tworzenie systemów zarządzających w niekonwencjonalnych instalacjach dźwięku przestrzennego. [w:] Postępy badań w inżynierii dźwięku i obrazu, red. K.J. Opielinski	2023, 129–146
10.	SPRINGER	M. Piernik, D. Brzezinski , P. Zawadzki	Random Similarity Forests [w:] MACHINE LEARNING AND KNOWLEDGE DISCOVERY IN DATABASES. ECML PKDD 2022. LECTURE NOTES IN COMPUTER SCIENCE	2023, 13717, 53–69

			(red. M.R. Amini, S. Canu, A. Fischer, T. Guns, P.K. Novak, G. Tsoumakas)	
11.	SPRINGER	M. Slysz, K. Kurowski, J. Weglarz	Early Experiences with a Photonic Quantum Simulator for Solving Job Shop Scheduling Problem. [w:] Lecture Notes in Computer Science (including subseries Lecture Notes in Artificial Intelligence and Lecture Notes in Bioinformatics), red. R. Wyrzykowski, J. Dongarra, E. Deelman, K. Karczewski	2023, 13827 LNCS, 177–186
12.	SPRINGER	M. Wolski, A. Klorek, C. Mazurek , A. Kobusinska	Linking Scholarly Datasets—The EOSC Perspective. [w:] Lecture Notes in Computer Science (including subseries Lecture Notes in Artificial Intelligence and Lecture Notes in Bioinformatics), red. J. Mikyska, C. de Mulatier, M. Paszynski, V. V. Krzhizhanovskaya, J. J. Dongarra, P.M.A. Sloot	2023, 14073 LNCS, 608–623
13.	SPRINGER	B. Walter , I. Jolevski, I. Garnizov, A. Arsovic	Supporting Product Management Lifecycle with Common Best Practices. [w:] Communications in Computer and Information Science, red. M. Yilmaz, P. Clarke, A. Riel, R. Messnarz	2023, 1891, 207–215
14.	SPRINGER NATURE	M. Suszynska , 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)	2023, 2567, 363–280
15.	SPRINGER NATURE	P. Switonski , A.R. La Spada	Spinocerebellar Ataxia Type 7: From Mechanistic Pathways to Therapeutic Opportunities [w:] TRIALS FOR CELEBELLAR ATAXIAS, Contemporary Clinical Neuroscience (red. B. Soong, M. Manto, A. Brice, S.M. Pulst)	2023, F6, 433–467

2.B. Redakcja monografii lub podręcznika akademickiego

Lp.	Wydawca monografii/podręcznika	Redaktorzy	Tytuł, rok, tom / strony
1.	ELSEVIER	J. Sztuba-Solinska	Navigating Non-Coding RNA. From Biogenesis to Therapeutic Application, 2023
2.	SPRINGER	F. Ortiz-Rodriguez, S. Tiwari, P.U. Usip, R. Palma	Electronic Governance with Emerging Technologies - Communications in Computer and Information Science. 2nd International Conference on Electronic Governance with Emerging Technologies, EGETC 2023, 2023, 1888, v-vi

3. Artykuły popularnonaukowe:

1. C. Pichon, F. Daboussi, M. Freire, U. Cernigoj, F. Sousa, T. Beißert, **K. Pachulska-Wieczorek**, M. Scheid
Yeast Cell Factory for mRNA Bioproduction (YSCRIPT)
IMMUNOWATCH 2023, 7, 14–20
2. **M. Marcinkowska-Swojak, I. Stolarek, M. Zenczak, L. Handschuh, M. Figlerowicz**
Historia biologiczna populacji Homo sapiens zamieszkujących centralną i wschodnią części Europy
HISTORIA SLAVORUM OCCIDENTIS 2023 1, 143–165
3. M. Schouler, R.A. Caulk, L. Meyer, T. Terraz, C. Conrads, S. Friedemann, A. Agarwal, J.M. Baldonado, **B. Pogodzinski, A. Sekula**, A. Ribes, B. Raffin
Melissa: coordinating large-scale ensemble runs for deep learning and sensitivity analyses
JOURNAL OF OPEN SOURCE SOFTWARE 2023, 8, 5291

Załącznik 1. Skład Rady Naukowej kadencji 2023–2026

Przewodniczący Rady Naukowej: prof. dr hab. Andrzej B. Legocki
Zastępcy Przewodniczącego: dr hab. Michał Sobkowski, prof. ICHB
prof. dr hab. Adam Szewczyk, Instytut Biologii
Doświadczalnej im. Marcelego Nenckiego PAN, Warszawa
Sekretarz: dr Joanna Banasiak

Członkowie z ICHB PAN

Dr Joanna Banasiak <i>przedstawiciel adiunktów</i>	Dr hab. Anna Kurzyńska-Kokorniak, prof. ICHB
Prof. dr hab. Jan Barciszewski	Dr hab. inż. Krzysztof Kurowski
Prof. dr hab. Paweł Bednarek	Prof. dr hab. Andrzej B. Legocki <i>członek rzeczywisty PAN</i>
Prof. dr hab. Jacek Błazewicz <i>członek rzeczywisty PAN</i>	Dr hab. Magdalena Łuczak, prof. ICHB
Dr hab. Mariola Dutkiewicz, prof. ICHB	Dr Julia Misiorek <i>przedstawiciel adiunktów</i>
Dr hab. Maciej Figiel, prof. ICHB	Dr hab. Marta Olejniczak, prof. ICHB
Prof. dr hab. Marek Figlerowicz <i>członek korespondent PAN</i>	Dr hab. Katarzyna Pachulska-Wieczorek, prof. ICHB
Dr hab. Agnieszka Fiszer, prof. ICHB	Prof. dr hab. Anna Pasternak
Dr hab. Kamilla Grzywacz, prof. ICHB	Dr hab. Katarzyna Rolle, prof. ICHB
Dr hab. Luiza Handschuh, prof. ICHB	Dr hab. Miłosz Ruszkowski, prof. ICHB
Dr hab. Paulina Jackowiak, prof. ICHB	Mgr Anastasiia Satyr <i>przedstawiciel doktorantów</i>
Prof. dr hab. Michał Jasiński	Dr hab. Michał Sobkowski, prof. ICHB
Prof. dr hab. Mariusz Jaskólski <i>członek rzeczywisty PAN</i>	Prof. dr hab. Marta Szachniuk
Prof. dr hab. Elżbieta Kierzek	Prof. dr hab. Jan Węglarz <i>członek rzeczywisty PAN</i>
Prof. dr hab. Ryszard Kierzek	Prof. dr hab. Eliza Wyszko, prof. ICHB
Prof. dr hab. Piotr Kozłowski	

Członkowie zewnątrzni

Prof. dr hab. Ewa Bartnik
Wydział Biologii, Uniwersytet Warszawski
Instytut Biochemii i Biofizyki PAN, Warszawa

Prof. dr hab. Agnieszka Chacińska
członek korespondent PAN
Międzynarodowy Instytut Mechanizmów
i Maszyn Molekularnych PAN, Warszawa

Prof. dr hab. Maria Anna Ciemerych-
-Litwinienko
Uniwersytet Warszawski, Wydział Biologii;
Instytut Biochemii i Biofizyki PAN, Warszawa

Prof. dr hab. Agnieszka Dobrzyń
członek korespondent PAN
Instytut Biologii Doświadczalnej
im. Marcelego Nenckiego PAN, Warszawa

Prof. dr hab. Józef Dulak
Uniwersytet Jagielloński w Krakowie,
Wydział Biochemii

Prof. dr hab. Tomasz Gośliński
Uniwersytet Medyczny w Poznaniu,
Wydział Farmaceutyczny

Prof. dr hab. Jadwiga Jaruzelska
Instytut Genetyki Człowieka PAN, Poznań

Prof. dr hab. Jacek Jemielity
Uniwersytet Warszawski,
Centrum Nowych Technologii

Prof. dr hab. Małgorzata Jędrzycka
członek korespondent PAN
Instytut Genetyki Roślin PAN, Poznań

Dr hab. Magdalena Konarska, prof. UW
członek korespondent PAN
Międzynarodowy Instytut Mechanizmów
i Maszyn Molekularnych PAN, Warszawa

Prof. dr hab. Izabela Makałowska
Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu,
Wydział Biologii

Prof. dr hab. Piotr Młynarz
Politechnika Wrocławska, Wydział Chemii

Prof. dr hab. Barbara Nawrot
Centrum Badań Molekularnych
i Makromolekularnych PAN, Łódź

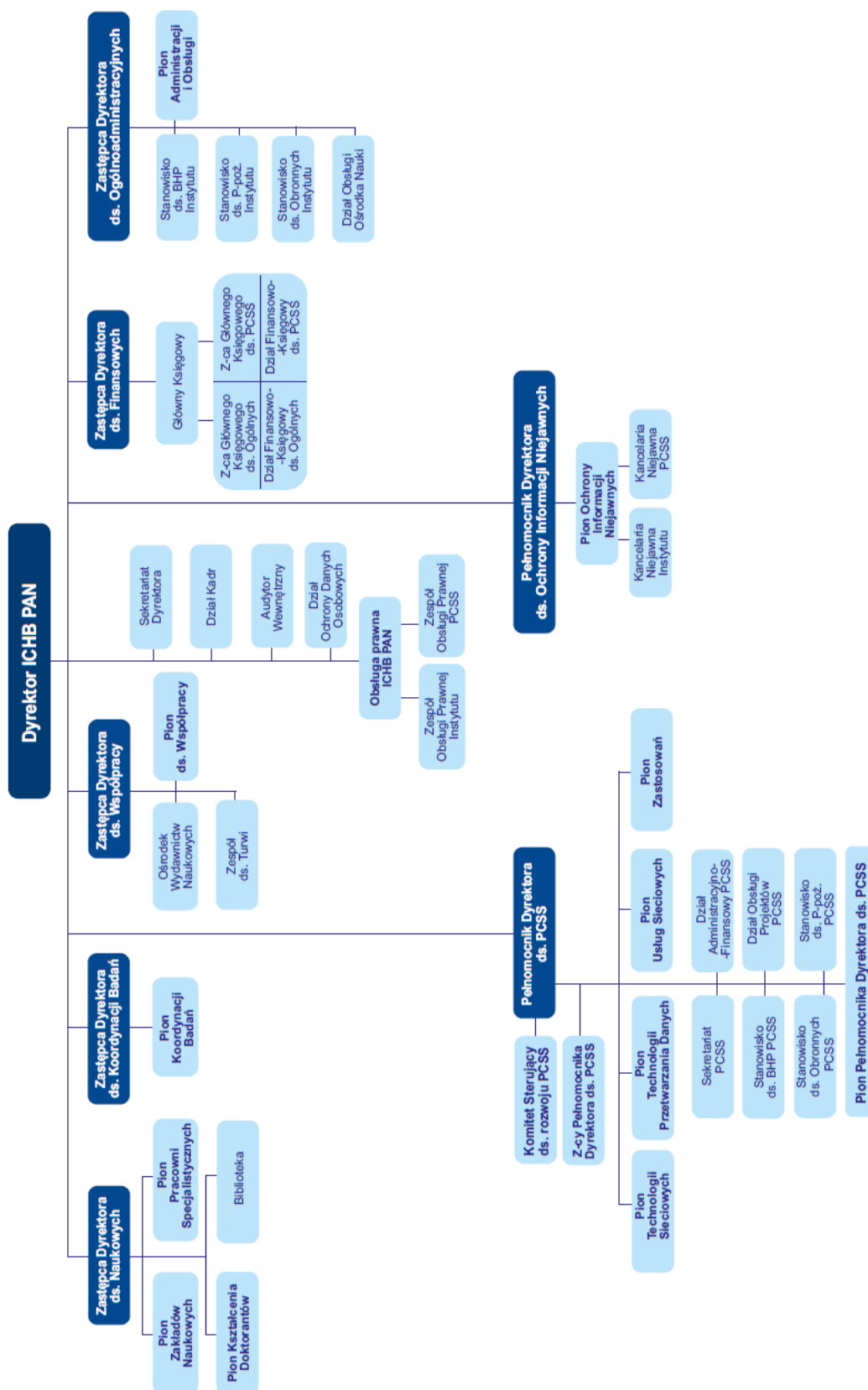
Prof. dr hab. Adam Szewczyk
Instytut Biologii Doświadczalnej
im. M. Nenckiego PAN, Warszawa

Dr hab. Szymon Świeżewski, prof. IBB PAN
Instytut Biochemii i Biofizyki PAN, Warszawa

Prof. dr hab. Joanna Wietrzyk
Instytut Immunologii i Terapii Doświadczalnej
im. Ludwika Hirszfelda PAN, Wrocław

Prof. dr hab. Piotr Zielenkiewicz
Instytut Biochemii i Biofizyki PAN, Warszawa

Załącznik 2. Schemat organizacyjny ICHB PAN (2023)



Załącznik 3. Struktura organizacyjna zakładów naukowych ICHB PAN (2023)

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 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	prof. dr hab. Anna Pasternak	ZML
Zakład Biologii Komórek Nerwowych	dr Paweł Światoński	ZML
Zakład Biologii Obliczeniowej Niekodującego RNA	dr hab. Barbara Uszczyńska-Ratajczak, 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 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 hab. Jacek Ł. Kolanowski	ZML
Zakład Struktury i Funkcji RNA	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
16.01.2023	dr hab. Krzysztof Brzeziński	Role of integrative structural biology in understanding the structure and the dynamics of S-adenosyl-L-homocysteine hydrolase
23.01.2023	dr Daniel Kuźnicki	Connecting RNA orthologues
30.01.2023	mgr Ilkin Aygun	A novel gene identified as a genetic suppressor of <i>xrn-2</i> in <i>C. elegans</i> germline
06.02.2023	dr hab. Miłosz Ruszkowski	Roślinny szlak biosyntezy histydyny: badania strukturalne i funkcjonalne jako wstęp do projektowania inhibitorów i aktywatorów
13.02.2023	mgr Carolina Roxo	Bispecific G-quadruplexes as efficient inhibitors of cancer cells growth
20.02.2023	dr Magdalena Woźna-Wysocka	Molekularna i behawioralna charakterystyka nowych modeli mysich choroby Huntingtona
27.02.2023	dr Daniel Trzeciński	Hybrid supports in large-scale solid-phase oligonucleotide synthesis
06.03.2023	mgr inż. Rafał Nowak	TMPRSS2 coding sequence secondary structure-based antisense oligonucleotides inhibit emerging viruses entry
13.03.2023	mgr Anastasiia Satyr	Exploring Arabidopsis genetic variation with long read sequencing: opportunities and challenges
20.03.2023	dr Magdalena Dąbrowska	Identification of novel genes associated with CAG repeat instability based on CRISPR-Cas9 screening
27.03.2023	dr hab. Zbigniew Warkocki	New players in an old game: an update on posttranscriptional regulation of human LINE-1 retrotransposons
03.04.2023	mgr Ewelina Jesion	Modulation of Cyp46a1 protein level in cerebellar Purkinje neurons ameliorates the SCA3 ataxic phenotype of the homozygous knock-in Ki150 model
17.04.2023	dr Dariusz Wawrzyniak	The biological activities of methylated resveratrol analogs in ovarian cancer models
24.04.2023	dr Ewelina Kałużna	Spatial transcriptomics of mouse pituitary gland
08.05.2023	dr hab. Anna Wojakowska	Role of small extracellular vesicles in colorectal cancer: focus on the response to neoadjuvant radiotherapy
15.05.2023	dr. Silvia Carbonell-Sala	Chasing the myth: elucidation of transcriptomic complexity using full-length RNA sequencing
22.05.2023	mgr inż. Angelika Andrzejewska-Romanowska	Exploring structural features of the eukaryotic transcriptome

29.05.2023	mgr inż. Piotr Pietras	Dynamic protein composition of <i>Saccharomyces cerevisiae</i> ribosomes in response to abiotic stress conditions as revealed by LC-HRMS proteomics
05.06.2023	mgr Arvind Srinivasan	Circular RNAs in different tissues from myotonic dystrophy type 1 (DM1) and type 2 (DM2) patients
12.06.2023	mgr Żaneta Zarębska	Application of glioblastoma models in functional research
19.06.2023	dr Agnieszka Belter	A step forward to understand the mechanism of RNA quadruplex structure regulation in cellular contexts
26.06.2023	dr Jacek Kolanowski	Small molecule tools, assays and technologies for reliable and deeper investigation of molecular processes in cellular models at unprecedented levels
02.10.2023	prof. dr hab. inż. Marta Szachniuk, dr hab. inż. Maciej Antczak, mgr Marek Justyna	Molecular modeling with machine learning
03.10.2023	Dr. Indrajit Deb	Integrative Approaches of Computational Drug Development: Driven by Kinetics and Thermodynamics
09.10.2023	dr Ireneusz Stolarek	Genetic history of East-Central Europe in the first millennium CE
16.10.2023	dr Witold Andrałójć	Structure and metal dependent folding of the 8-17 DNzyme investigated through NMR spectroscopy
23.10.2023	dr Tomasz Ostrowski	Modyfikowane analogi rybozydu kinetyny – synteza, badania strukturalne w roztworze i cytotoksyczność
30.10.2023	dr Joanna Banasiak	A <i>Medicago</i> homolog of MOTHER OF FT AND TFL1 acts in the regulation of seed development and germination
06.11.2023	prof. dr hab. Piotr Kozłowski	MIR142: the most frequently mutated miRNA gene in cancer
20.11.2023	dr Marta Soszyńska-Jóźwiak	Secondary structure of lncRNA-PAAN – the new aim of anti-influenza therapy
27.11.2023	Dr. Saki Ichikawa	Natural recognition motifs for the E3 ligase adapter cereblon
04.12.2023	Dr. Himani Agrawal	Insights into the Unique Molecular Attributes of the Immune Related PENETRATION2 Thioglucosidase from <i>Arabidopsis thaliana</i>
11.12.2023	dr hab. Agnieszka Kiliszek	Structural analysis of RNA containing G2C4 repeats associated with amyotrophic lateral sclerosis and frontotemporal dementia: structural polymorphism of RNA and its potential to interact with synthetic molecules
14.12.2023	Prof. Sofia Forslund	Tracing drug and diet influences from multi-omics cohort data

Załącznik 5. Program RNA Salon Poznań

Organizacja: dr hab. Zbigniew Warkocki, prof. ICHB

Data	Prezentujący	Temat
17.02.2023	Prof. Gareth Leng	Facts and Myths: travels in Neuroendocrinology
03.03.2023	Prof. Marta B. Wiśniewska	Diabetes associated gene TCF7L2 links brain energy metabolism with social deficits
24.03.2023	Prof. Matthias Hentze	Riboregulation: Biology, Mechanisms and Scope
12.05.2023	Prof. Rory Johnson	Genomics-driven development of RNA therapies in oncology
01.06.2023	Dr. Ewelina Małecka-Grajek	Choreography of RNA-protein interactions for gene regulation
26.09.2023	Prof. Bertrand Seraphin	Starting from the end: Mechanisms and regulation of mRNA decay
03.10.2023	Dr. Indrajit Deb	Integrative Approaches of Computational Drug Development: Driven by Kinetics and Thermodynamics
28.11.2023	Dr. Simon Poblete	RNA structure modeling through multiscale simulations
18.12.2023	Dr. Anna M. Kietrys	RNAs: an underdog of diagnostics and therapy

Załącznik 6. Program „Understand and Describe Life” – 35-lecie Instytutu Chemii Bioorganicznej PAN i 30-lecie Poznańskiego Centrum Superkomputerowo-Sieciowego



Konferencja naukowa „Zrozumieć i opisać życie”¹, organizowana z okazji 35-lecia Instytutu Chemii Bioorganicznej PAN w Poznaniu i 30-lecia Poznańskiego Centrum Superkomputerowo-Sieciowego odbędzie się w dniach 14-15 listopada w Poznaniu w Concordia Design ul. Zwierzyniecka 3, Poznań.

Jubileusz

11:00-14:00 13 listopad	Obchody jubileuszu 35. lecia powstania Instytutu Chemii Bioorganicznej PAN w Poznaniu oraz 30. rocznicy powstania afiliowanego przy Instytucie Poznańskiego Centrum Superkomputerowo-Sieciowego
14:00-15:00 13 listopad	Lunch
15:00-17:00 13 listopad	Prezentacja strategicznych projektów realizowanych w ICHB PAN
17:00-19:00 13 listopad	Koncert jubileuszowy
19:00 13 listopad	Kolacja

Dzień 1

09:00-11:10 14 listopad	<p>Życie na poziomie molekularnym PIERWSZA SESJA: Jacek Kolanowski (chair)</p> <p>Janas Ries - 9:00 Superresolution microscopy for structural cell biology</p> <p>Magda Konarska - 9:40 Quality control by the spliceosome and its unexpected consequences for the cell</p> <p>Sebastian Glatt - 10:05 tRNA slational control of eukaryotic gene expression</p> <p>Maksim Serdakov - 10:30 Dynamic assembly of RNA targeting complexes in bacteria</p> <p>Marta Szabat- 10:50 RNA G-quadruplexes - nanocanonical structures from the influenza A virus genome</p>
11:10-11:40 14 listopada	<p>Przerwa PRZERWA KAWOWA</p>

11:40 -13:50

14 listopada

Życie na poziomie pojedynczych komórek

DRUGA SESJA: Paulina Jackowiak (chair)

Nikolaus Rajewsky - 11:40

Single Cell Resolution Omics & Artificial Intelligence for Personalized Medicine

Bożena Kamińska-Kaczmarek - 12:20

Tumor microenvironment at single-cell resolution - unraveling transcriptional and spatial heterogeneity of immune cells

Agnieszka Chacirińska - 12:45

Protein homeostasis at the crossroads to mitochondria

Agnieszka Ciesielska - 13:10

Enter the resolution revolution with single cell spatial transcriptomics

Paweł Świtoński - 13:30

Isolating Purkinje Cell Nuclei: A Gateway to Understanding SCA7 Pathology

13:50-14:50

14 listopada

Przerwa

PRZERWA KAWOWA

14:50 -17:00

14 listopad

Życie na poziomie organizmu

TRZECIA SESJA: Michał Jasiński (chair)

François Chaumont - 14:50

Aquaporins: key ubiquitous channels for plant physiology

Ewelina Knapska - 15:30

The Central Amygdala as a Motivational Hub: Paving the Way for Personalized Therapies in Behavioral Disorders

Wojciech Pokrzywa - 15:55

Extracellular Vesicles in Reproductive Adaptation: A Tale of *C. elegans*' Response to Internal and External Stimuli

Savani Anbalagan - 16:20

A ligand-receptor interactome atlas of the zebrafish

Łukasz Przybył - 16:40

New Huntington's disease mouse models prove mutant RNA contribution to phenotype

17:30 -18:00

14 listopad

Koncert (na zaproszenie)

18:00 - 21:00

14 listopad

Kolacja (na zaproszenie)

Dzień 2

09:00-11:10

15 listopada

Życie na poziomie populacji

CZWARTA SESJA: Luiza Handschuh (chair)

Liran Shlush - 9:00

How molecular biology and evolution will shape the diagnostics of blood malignancies

	<p>Tomasz Grzybowski - 9:40 Prediction of human biogeographic ancestry within Europe</p> <p>Krzysztof Pyrc - 10:05 Advanced Models for Comprehensive Understanding of Viral Infection</p> <p>Piotr Ziolkowski - 10:30 Crossover recombination from the population perspective: interplay between meiotic recombination and polymorphism in plants</p> <p>Katarzyna Klonowska - 10:50 Hidden landscape of tumorigenesis-driving mutations in Tuberous Sclerosis Complex</p>
<p>11:10-11:40 15 listopada</p>	<p>Przerwa PRZERWA KAWOWA</p>
<p>11:40-13:50 15 listopada</p>	<p>Syntetyczne życie PIĄTA SESJA: Marta Olejniczak (chair)</p> <p>Andrzej Dziembowski - 11:40 Complex metabolic pathways of mRNA therapeutics</p> <p>Małgorzata Borowiak - 12:20 Mechanosignaling in the Differentiation and Expansion of Human Pancreatic Beta Cells</p> <p>Marcin Drąg - 12:45 In search of perfection - the phenomenon of unnatural amino acids</p> <p>Katarzyna Tutak - 13:10 RPS26 a novel RAN translation modifier of RNA harboring expanded CGG repeats in Fragile X-associated syndrome</p> <p>Emilia Iłowska - 13:30 Self-assembly peptides – new way in antimicrobial and anticancer research</p>
<p>13:50 -14:50 15 listopada</p>	<p>Przerwa PRZERWA OBIADOWA</p>
<p>13:50 -14:50 15 listopada</p>	<p>Życie cyfrowe i wirtualne SZÓSTA SESJA: Tomasz Piontek (chair)</p> <p>Rossen Apostolov – 14:50 HPC for Life Science Research: Advanced Applications for Extreme-scale Biomolecular Simulations</p> <p>Aleksandra Pękowska – 15:30 Molecular signature of primate astrocytes reveals pathways and regulatory changes contributing to brain evolution</p> <p>Cezary Kępką – 15:55</p> <p>Jacek Kwieciński – 15:55 AI support in diagnosis and treatment of complicate cardiovascular patients</p> <p>Mariusz Kruk – 15:55 Advanced post-processing of coronary computed tomography images - benefits for patients and health professionals</p> <p>Derek Groen – 16:20 Simulating conflict-driven population displacement using large-scale computing</p> <p>Alexander Zelenka Martin – 16:40 Hybrid algorithms on a photonic quantum processor</p>

13-17 marca 2023

godz. 16.30 - 18.30

WSTĘP WOLNY

Oddział PAN w Poznaniu

Sala Turkusowa

Pałac Działyńskich, Stary Rynek 78/79

14. Tydzień MÓZGU w Poznaniu



Organizatorzy:

Polska Akademia Nauk Oddział w Poznaniu
Instytut Genetyki Człowieka PAN
Instytut Chemii Bioorganicznej PAN

PROGRAM

13.03 Poniedziałek

Otwarcie i prowadzenie:

Prof. dr hab. Marek Światoński, czł. rzecz. PAN
Prezes Oddziału PAN w Poznaniu

16.30 Głodny mózg: pułapki anoreksji

Prof. dr hab. n. med. Katarzyna Kucharska
Centrum Psychosomatyki i Psychologii Zdrowia,
Uniwersytet Kardynała Stefana Wyszyńskiego
w Warszawie

17.30 Masowa komunikacja radiowa inspirowana siecią połączeń mózgowych

Dr hab. inż. Adrian Kliks, prof. PP
Politechnika Poznańska

14.03 Wtorek

Prowadzenie: Prof. dr hab. n. med. Janusz Rybakowski,
czł. koresp. PAN

16.30 Starość mózgu

Prof. dr hab. Małgorzata Kossut
Instytut Biologii Doświadczalnej im. M. Nenckiego
PAN w Warszawie

17.30 Serce nie sługa. O zależności serca i mózgu

Dr hab. n. med. Natalia Rozwadowska, prof. IGC
Instytut Genetyki Człowieka PAN w Poznaniu

15.03 Środa

Prowadzenie: Prof. dr hab. n. med. Michał Witt,
czł. koresp. PAU

16.30 Alkohol i alkoholizm: współczesne podejście

Prof. dr hab. n. med. Marcin Wojnar
Warszawski Uniwersytet Medyczny

17.30 Spotkanie z autystycznym umysłem

Maria Dąbrowska-Jędrał
Centrum Rozwoju Relacji DROGA w Warszawie

16.03 Czwartek

Prowadzenie: Prof. dr hab. Marek Figlerowicz,
czł. koresp. PAN

16.30 Mózg a zachowanie: rola plastyczności neuronalnej w naszym życiu

Dr Alicja Puścian
Instytut Biologii Doświadczalnej im. M. Nenckiego
PAN w Warszawie

17.30 Terapeutyczne działanie wysiłku fizycznego w zaburzeniach psychicznych

Prof. dr hab. n. med. Filip Rybakowski
Uniwersytet Medyczny im. K. Marcinkowskiego
w Poznaniu

17.03 Piątek

Prowadzenie: Prof. dr hab. Marek Światoński,
czł. rzecz. PAN

16.30 Patogeneza i leczenie zaburzeń snu

Prof. dr hab. n. med. i n. o zdr. Adam Wichniak
Instytut Psychiatrii i Neurologii w Warszawie

17.30 Namiętność czy popęd?

Dr Katarzyna Grunt-Mejer
Uniwersytet SWPS w Poznaniu

ODKRYWAJ Z NAMI TAJEMNICE MÓZGU!
ZAPRASZAMY!

Organizatorzy:



Patronat honorowy:

Patronat medialny:

Partnerzy:



Organiser

Barbara Uszczynska-Ratajczak
Institute of Bioorganic Chemistry Polish Academy of Sciences, PL

Co-organisers

Rory Johnson
University College Dublin, IE
Olivia M. Merkel
University of Munich, DE

Registration

Registration deadline
31 March 2023

Abstract submission deadline
26 March 2023

Student/postdocs 500 EUR
Academia..... 600 EUR
Industry..... 900 EUR

Speakers

Sarah Diermeier
University of Otago and Amaroq Therapeutics, NZ

Jorge Ferrer
Centre for Genomic Regulation, ES

Eleonora Leucci
KU Leuven, BE

Gabriella Costabile
University of Naples Federico II, IT

Rob McLeod
Flamingo Therapeutics, US

Nadya Dimitrova
Yale University, US

Jonathan Hall
ETH Zürich, CH

Camilla Foged
University of Copenhagen, DK

Eric Miska
University of Cambridge & STORM Therapeutics Ltd, GB

Jacob Corn
ETH Zürich, CH

Sabine Schneider
University of Munich, DE

Richard Gregory
Harvard Medical School & Boston Children's Hospital

Wojciech Mlynarski
Medical University of Lodz, PL

Yunching (Becky) Chen
National Tsing Hua University, TW

Wojciech Fendler
Medical University of Lodz, PL

Contact

Barbara Uszczynska-Ratajczak
barbara.uszczynska@gmail.com

Rory Johnson
rory.johnson@ucd.ie

Olivia M. Merkel
olivia.merkel@lmu.de

#EMBOnoncodingRNA

meetings.embo.org/event/23-noncoding-rna



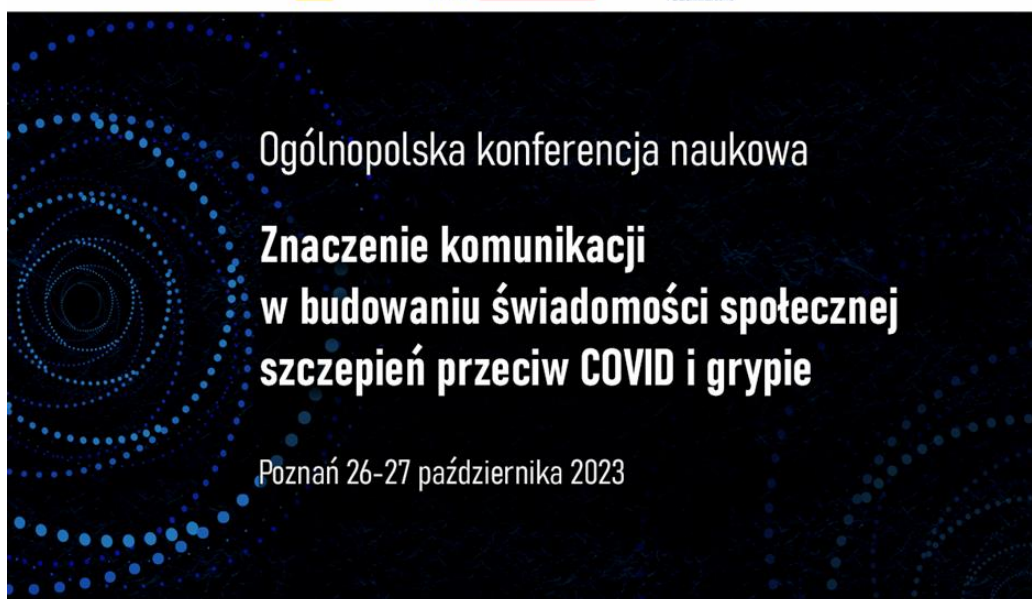
15/05/2023, Monday			
Session 1: ncRNA TARGET IDENTIFICATION			
13:15-14:00	Registration		
14:00-14:15	Welcome and introductory comments	Organisers	Barbara Uszczyńska-Ratajczak
14:15-14:45	Targeting long non-coding RNAs as new therapeutic approach in oncology	Sarah Diermeier	
14:45-15:00	The Wnt-regulated lncRNA transcriptome in colorectal cancer reveals functional and cancer-specific targets	Nicolas Léveillé	
15:00-15:15	RIP-seq reveals novel RNAs that interact with RNA polymerase in bacteria	Jarmila Hnilicova	
15:15-15:30	Exploring the non-coding hidden layer of human and mouse transcriptomes	Sílvia Carbonell-Sala	
15:30-16:00	Coffee break		
16:00-16:30	Diabetes caused by defective function of a lncRNA transcriptional stabilizer	Jorge Ferrer	Rory Johnson
16:30-16:45	RNA therapeutics in lung cancer: discovering new lncRNA targets with CRISPR screens	Michela Coan	
16:45-17:00	Modeling the nascent RNA transcriptome with chrTT-seq identifies distinctive features of long non-coding RNA chromatin (dis-) association	Evgenia Ntini	
17:00-17:15	Circular RNA dysregulation in T-ALL: the role of QKI depletion	Alessia Buratin	
17:15-17:30	Functional dissection of IGH enhancers and enhancer RNAs in B-cell lymphomas	Agnieszka Dzikiewicz-Krawczyk	
19:00-20:30	Dinner - Hotel Novotel Poznan Centrum (Paris room)		
20:30-23:00	"Application meets concept" - social activity		
16/05/2023, Tuesday			
Session 2: ncRNA DISEASE MECHANISMS: CANCER			
9:00-9:30	Regulation of ribosome heterogeneity and cancer cell immunogenicity by lncRNAs	Eleonora Leucci	Michela Coan
9:30-9:45	The regulation of the stress response by Meg3-protein interactions in nuclear speckles	Isabel Chillón	
9:45-10:00	Sponsor presentation	Eclipsebio	
10:00-10:15	Circular RNAs can regulate cancer-related protein expression through a direct interaction with mRNAs	Chiara Grelloni	
10:15-10:30	Nuclear SRP9/SRP14 heterodimer transcriptionally regulates BC200, a long non-coding RNA critical in cancer	Daniel Gussakovsky	
10:30-11:00	Coffee break		
11:00-11:30	Long noncoding RNAs at the intersection of cancer pathways.	Nadya Dimitrova	Isabel Chillón

11:30-11:45	Killing miR-softly: new clues to microRNA degradation in human cancer	Francesco Nicassio	
11:45-12:00	PARP-dependent and NAT10-independent acetylation of N4-cytidine in RNA appears in UV-damaged chromatin	Lenka Stixová	
12:00-12:15	Unravelling long noncoding RNAs functional elements implicated in cancer with high-resolution high-throughput CRISPR.	Tina Uroda	
12:15-12:30	The pancancer overexpressed and cell cycle regulated NFYC antisense 1 controls E2F/MYC proliferation programs through in cis and in trans modes of action	Cecilia Pandini	
12:30-14:00	Lunch		
Session 3: ncRNA DISEASE MECHANISMS: Other			
14:00-14:30	New Approaches for Therapeutic Pulmonary siRNA Delivery	Olivia Merkel	Olivia Merkel
14:30-14:45	FUS Alters circRNA Metabolism in Human Motor Neurons Carrying the ALS-Linked P525L Mutation	Alessio Colantoni	
14:45-15:00	Silencing of miR-200c promotes radioresistance in prostate cancer	Maureen Labbé	
15:00-15:15	Role of circular-PVT1 in ischemic heart failure	Alessia Bibi	
15:15-15:30	The Yin-Yang of retrotransposons: from junk to RNA tools for anti-aging and tissue regeneration.	Valerio Orlando	
15:30-16:00	Coffee break		
16:00-16:30	RNA-modifying enzymes and their oncogenic roles in cancer	Richard Gregory	
16:30-17:00	Targeting microRNAs to improve musculoskeletal health	Hanna Taipaleenmäki (Sirana Pharma)	Tina Uroda
17:00-17:15	Composite targeting of nuclear receptors and microRNA-21 inhibits non-alcoholic fatty liver disease progression in mice	André L. Simão	
17:15-17:45	MicroRNA targeting to treat epilepsy	David Henshall	
17:45-19:15	Poster session I (Odd number IDs)		
20:30	Dinner - Hotel Novotel Poznan Centrum (Berlin room)		

17/05/2023, Wednesday			
Session 4: RNA ENGINEERING			
9:00-9:30	Functional control through RNA structure	Sabine Schneider	Samir Ounzain
9:30-9:45	3-base long oligonucleotide fragments are potent immune modulators	Michael Gantier	
9:45-10:00	Sponsor presentation	siTOOLS	
10:00-10:15	A functional map of long non-coding RNAs involved in adaptation pathways of breast cancer cells	Bianca Giuliani	
10:15-10:30	Leveraging lncRNA Structural Dynamics for Improved Cancer Therapeutics	Uciel Chorostecki	
10:30-11:00	Coffee break		
11:00-11:30	Chemical tools to explore new RNA functions	Jonathan Hall	Gabriella Costabile
11:30-11:45	Programmable mRNA translation guided by synthetic trans-RNA	Shu-Bing Qian	
11:45-12:00	Discovery of a molecular glue to link RNAs with proteins	Katharina Höfer	
12:00-12:30	TBC	Camilla Foged	
12:30-14:00	Lunch		
Session 5: RNA DELIVERY			
14:00-15:00	KEYNOTE: New Biology and Therapeutics From RNA Structure and Modification	Eric Miska	Barbara Uszczyńska-Ratajczak
15:00-15:15	Development of a macrophage-targeted anti-miR therapeutic	rnatics	
15:15-15:30	LC3 siRNA Delivery with "Smart" Nanoparticles and Doxorubicin Dual Therapy Synergistically Inhibits Tumor Growth and Induces Autophagy-Mediated Apoptosis in Triple Negative Breast Cancer Cells	Omer Aydin	
15:30-16:00	Coffee break		
16:00-16:30	Overcoming the lung barrier with hybrid nanoparticles to exploit the potential of siRNA therapeutics	Gabriella Costabile	Hanna Taipaleenmäki
16:30-16:45	CXCR4-Targeted Nanoparticles Deliver Nitric Oxide and PD-L1 siRNA for Immunotherapy against Glioblastoma	Hsin-Tzu Hsieh	
16:45-17:00	The enrichment of miR-23b-3p, miR-126-3p and GAS5 in extracellular vesicles from breast cancer cells treated with sorafenib inhibited the tumor growth of xenografts in zebrafish model	Iulia Andreea Pelisenco	
17:00-17:30	Nucleic Acid Delivery: A Promising Strategy for Precision Cancer Immunotherapy	Yunching (Becky) Chen	
17:30-19:30	Poznan Guided Tour		
19:30-21:00	Dinner - Collegium Iuridicum Novum, Poster session II (Even number IDs)		

18/05/2023, Thursday			
Session 6: THERAPEUTIC STRATEGIES WITH RNA			
9:00-9:30	Better genome editing by listening to the cells	Jacob Corn	Sarah Diermeier
9:30-10:00	Bridging the gap from bench to bedside with microRNA biomarkers	Wojciech Fendler	
10:00-10:15	In Silico Identification of HERV-K-associated LncRNA Peptides as Novel Targets for Cancer Immunotherapy	Sumaira Malik	
10:15-10:30	LINC00324 promotes epithelial to mesenchymal transition of esophageal squamous cell carcinoma via /miR-493-5p/MAPK1 axis	Aklank Jain	
10:30-11:00	Coffee break		
11:00-11:30	TBC		Rory Johnson
11:30-12:00	'Dark Genome Inspired Transformational Therapies – RNA-Guided Therapeutics to Target Diseases Driving Cell-States	Samir Ounzain	
12:00-12:15	Closing comments and awards	Organisers	

Załącznik 9. Program Znaczenie komunikacji w budowie świadomości społecznej szczepień przeciw COVID i grypie



partnerzy:



SZPITAL
PODOLANY

POZNAŃ
metropolia

METROPOLIA POZNAŃ - WSPÓLNIE TWORZYMY ROZWIĄZANIA

PROGRAM KONFERENCJI

DZIEŃ I (26.10)

10.00 – otwarcie konferencji

10.15 – 12.15 Panel 1. NOP i skuteczność szczepień - fakty i mity.

12.30 – 14.00 Panel 2. Jak komunikować, żeby się szczepili?

15.00 – 16.30 Panel 3. Czy szczepienie może być cool? Czyli jak dotrzeć do młodych?

16.45 – 18.45 Panel 4. Szczepienia a problem dezinformacji w mediach.

DZIEŃ II (27.10)

9.00 – 10.30 Panel: Kampanie społeczne na rzecz szczepień.

11.00 – 12.30 Panel: Szczepionka ratuje czy straszy? Medialne narracje o szczepieniach.

12.30 – Zakończenie konferencji

Szczegółowy program konferencji wraz z prowadzącymi oraz prelegentami dostępny jest w zakładce dyskusja.

Projekt dofinansowany ze środków budżetu państwa, przyznanych przez Ministra Edukacji w ramach Programu „Doskonała Nauka II”.

Załącznik 10. Program HIPOTEZA GAI w kontekście lokalnych i globalnych działań na rzecz bioróżnorodności



Ogólnopolska konferencja naukowa

HIPOTEZA GAI w kontekście lokalnych i globalnych działań na rzecz bioróżnorodności



HIPOTEZA GAI

Poznań, 20–21 listopada 2023 roku

Program

20 listopada

Dzień pierwszy:

hipoteza Gai (Centrum Konferencyjne PAN, ul. Wieniawskiego 17/19)

- 8.45 – 9.45 rejestracja uczestników i uczestniczek konferencji
- 9.45 – 10.05 otwarcie konferencji

Panel pierwszy:

Gaja – między mitologią a technokulturą
(prowadzenie: Marek Kaźmierczak)

- 10.05 – 10.30 Aleksandra Arndt, *Z mitologicznych zjawisk „nie z tej ziemi”: greckie bóstwa chtoniczne*
- 10.30 – 10.55 Patrycja Rojek, *Figura mitologicznej Pandory w filmowych narracjach o katastrofie*
- 10.55 – 11.20 Grażyna Gajewska, *O sojuszach i konfliktach Matki-Ziemi w filmie „Gaia” Jaco Bouwera*
- 11.20 – 11.45 Agnieszka Jelewska i Michał Krawczak, *Jak Ziemia stała się Nuklearną Gają. Perspektywa postnuklearnych studiów medialnych*
- 11.45 – 12.15 dyskusja
- 12.15 – 13.15 przerwa lunchowa

Panel drugi:

kosmiczna Gaja, hiperobiekty i mikroorganizmy
(prowadzenie: Dariusz Gzyra)

- 13.15 – 13.40 Agnieszka Kryszczyńska, *O miejscu Ziemi w Układzie Słonecznym i Wszechświecie*
13.40 – 14.05 Luiza Handschuh, *Wpływ człowieka na różnorodność genetyczną własnego oraz innych gatunków*
14.05 – 14.30 Anna Nacher, *Projektowanie permakulturowe: przeciw ekstraktywizmowi*
14.30 – 14.55 Anna Barcz, *Hipoteza Fluwialnej Gai – ruch rzek na wybranych mapach historycznych*
14.55 – 15.20 Robert Rient, *Rzeka jako osoba*
15.20 – 15.45 dyskusja
15.45 – 16.15 przerwa kawowa
16.45 – 19.15 pokaz filmowy: *Do ostatniej kropli*, reż. Ewa Ewart, Polska 2023, i spotkanie z reżyserką filmu Ewą Ewart (Instytut Filmu, Mediów i Sztuk Audiowizualnych, ul. Fredry 10)
19.45 kolacja (hotel/restauracja Liberté, ul. Libelta 33)

21 listopada

Dzień drugi:

cień antropocenu (oddział PAN, ul. Wieniawskiego 17/19)

Panel trzeci:

ziemskie dramaty

(prowadzenie: Patrycja Rojek)


- 9.00 – 9.25 Dariusz Gzyra, *Sentiosfera Gai. Dramaty planetarnej homeostazy*
9.25 – 9.50 Marek Kaźmierczak, *Droga donikąd – Roadkill. Zwierzęta na drodze – żywe i martwe*
9.50 – 10.15 Beata Butwicka, *Wstydliva historia śmiecenia w naturze*
10.15 – 10.40 Joanna B. Bednarek, *Mitologia COVID-u, czyli sposoby opowiadania p/o epidemii (work in progres)*
10.40 – 11.05 dyskusja
11.05 – 11.30 przerwa kawowa
11.30 – 12.30 panel konwersacyjny; udział biorą:
Agata Chęcińska lub Katarzyna Kruszka-Pytlik – Wydział Gospodarki Komunalnej Urzędu Miasta Poznania
Anna Schmidt-Fiedler
Anna Krenz
Prowadzenie: Grażyna Gajewska
12.30 – 13.30 przerwa lunchowa

Panel czwarty:

ku zmianie – projekty naukowe, społeczne i praktyki lokalne

(prowadzenie: Luiza Handschuh)

- 13.30 – 13.55 Monika Świerkosz, *Ożywcze przekształcenia? Obrazy cielesno-chtonicznych hybrydyzacji w utopiach/dystopiach kobiet po końcu świata*
13.55 – 14.20 Izabela Desperak, *Gdzie są ekofeministki? Praxis i metaksa*
14.20 – 14.45 Oliwia Olesiejuk, *Antropocen jako praktyka kulturowa. Studium przypadku Anthropocene Curriculum*
14.45 – 15.10 Iwona Chmura-Rutkowska, Edyta Głowacka-Sobiech, *Hipoteza Heleny – „zielona edukacja” jest najważniejsza*
15.10 – 15.35 Katarzyna Wała, *Lokalna eko-opowieść. Dekodowanie natury w przestrzeni urbanistycznej na rzecz zmiany społecznej*
15.35 – 16.00 dyskusja
16.00 – 16.15 podsumowanie i zakończenie konferencji



Polska Akademia Nauk, Oddział w Poznaniu
Instytut Chemii Bioorganicznej PAN w Poznaniu

zapraszają na wykłady otwarte pt.

NAUKA NA WAKACJACH

w Domu Pracy Twórczej Polskiej Akademii Nauk w Juracie,
ul. Wojska Polskiego 5/7

Organizacja i prowadzenie: prof. dr hab. Jan Barciszewski (Jan.Barciszewski@ibch.poznan.pl; tel. 61 852 85 03 w. 1132)
Instytut Chemii Bioorganicznej PAN / Centrum NanoBiomedyczne UAM

6 lipca 2023, godz. 19⁰⁰ **dr inż. Cezary Mazurek**
Poznańskie Centrum Superkomputerowo-Sieciowe, Poznań
Jak powstają systemy sztucznej inteligencji dla medycyny - dlaczego dane osób zdrowych są tak samo ważne jak dane pacjenta?

13 lipca 2023, godz. 19⁰⁰ **prof. dr hab. Piotr Mucha**
Uniwersytet Gdański, Wydział Chemii, Gdańsk
Z czego zbudowany jest Wszechświat?

20 lipca 2023, godz. 19⁰⁰ **dr Paweł Zmora**
Instytut Chemii Bioorganicznej PAN, Poznań
Nowo pojawiające się wirusy - czy grozi nam kolejna pandemia?








27 lipca 2023, godz. 19⁰⁰ **dr hab. n. med. Anna Maria Barciszewska**
Katedra i Klinika Neurochirurgii i Neurotraumatologii, Uniwersytet Medyczny im. K. Marcinkowskiego; Oddział Kliniczny Neurochirurgii i Neurotraumatologii, Uniwersytecki Szpital Kliniczny, Poznań
Gdy boli kręgosłup

4 sierpnia 2023, godz. 19⁰⁰ **prof. dr hab. Alicja Węgrzyn**
Uniwersytecki Ośrodek Badań Stosowanych i Międzyobszarowych, Centrum Terapii Fagowych, Gdańsk
Czy przegramy walkę z bakteriami opornymi na antybiotyki?

10 sierpnia 2023, godz. 19⁰⁰ **prof. dr hab. Grzegorz Węgrzyn**
Katedra Biologii Molekularnej, Uniwersytet Gdański, Gdańsk
Terapia genowa: nadzieje i rozczarowania

17 sierpnia 2023, godz. 19⁰⁰ **prof. dr hab. Józef M. Fiszer**
Instytut Studiów Politycznych PAN, Warszawa
Polska między Rosją i Niemcami - dawniej i dziś. Czy realny jest V rozbiór Polski?

24 sierpnia 2023, godz. 19⁰⁰ **dr hab. Luiza Handschuh, prof. ICHB PAN**
Instytut Chemii Bioorganicznej PAN, Poznań
Jak bardzo różnimy się od siebie i naszych sąsiadów? Genetyczny obraz Polski na tle Europy i świata

Wstęp wolny!

