



# **SPRAWOZDANIE**

## **z działalności w roku 2024**

**Poznań, marzec 2025**



**INSTYTUT CHEMII BIOORGANICZNEJ**  
Polskiej Akademii Nauk

# **SPRAWOZDANIE**

## **z działalności w roku 2024**

**Instytut Chemii Bioorganicznej Polskiej Akademii Nauk**  
**Ośrodek Wydawnictw Naukowych • Poznań, marzec 2025**

**Instytut Chemii Bioorganicznej Polskiej Akademii Nauk**  
**Sprawozdanie z działalności w roku 2024**

*Przygotowanie*

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

*Okładka*

Budynek Centrum Innowacyjności i Edukacji Społecznej ICHB PAN  
**Jagoda Obiegała**  
Dział Komercjalizacji i Promocji

*Redakcja techniczna*

**Ewa Rozmiarek**

*Wydawca*

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

*Druk i oprawa*

**Moś i Łuczak, Poznań**

## SPIS TREŚCI

---

<b>WSTĘP .....</b>	<b>5</b>
<b>INFORMACJE OGÓLNE.....</b>	<b>9</b>
Dyrekcja .....	9
Uprawiane specjalności naukowe .....	9
Struktura organizacyjna .....	9
Zatrudnienie.....	12
Międzynarodowy Zespół Doradczy .....	13
Działalność publikacyjna.....	13
Działalność naukowa .....	13
Projekty strategiczne .....	14
Dotacje, finansowanie projektów badawczych, inwestycyjnych i innych.....	19
Rozwój kadry naukowej.....	20
Kształcenie doktorantów.....	23
Uczestnicy innych form kształcenia.....	23
Wynalazki.....	23
Działalność wydawnicza .....	23
Nagrody i wyróżnienia.....	24
Organizacja seminariów i konferencji naukowych.....	26
Najważniejsze osiągnięcia.....	27
Pozostałe ważne wyniki .....	33
HR Excellence in Research .....	44
<b>Działalność statutowa .....</b>	<b>45</b>
Tematy statutowe realizowane w roku 2024.....	45
Informacja o wykorzystaniu dotacji na finansowanie kosztów związanych z utrzymaniem specjalnego urządzenia badawczego (SPUB) .....	48
<b>Opis działalności naukowej.....</b>	<b>49</b>
Zakład Bioinformatyki Strukturalnej .....	49
Zakład Bioinżynierii Kwasów Nukleinowych.....	52
Zakład Biologii Molekularnej i Systemowej .....	53
Zakład Chemii Komponentów Kwasów Nukleinowych .....	58
Zakład Fizjologii Molekularnej Roślin .....	59
Zakład Genetyki Molekularnej .....	61
Zakład Genomiki Strukturalnej RNA.....	64
Zakład Inżynierii Genomowej.....	66
Zakład Metabolomiki Funkcjonalnej Roślin .....	69
Zakład Biochemii Rybonukleoprotein.....	71
Zakład Biologii Strukturalnej Eukariontów .....	73
Zakład Biotechnologii Medycznej.....	77
Zakład Chemii Biopolimerów.....	80

Zakład Neuroonkologii Molekularnej.....	82
Zakład Proteomiki Biomedycznej .....	86
Zakład Struktury i Funkcji RNA.....	89
Zakład Badań Strukturalnych RNA .....	91
Zakład Biologii Komórek Nerwowych .....	92
Zakład Biologii Obliczeniowej Niekodującego RNA.....	94
Zakład Biologii Strukturalnej Organizmów Prokariotycznych .....	96
Zakład Biomolekularnego NMR .....	97
Zakład Chorób Rzadkich .....	100
Zakład Genetyki Nowotworów .....	101
Zakład Genomiki Roślin .....	103
Zakład Niekodujących RNA.....	104
Zakład Wirusologii Molekularnej.....	106
Zakład Biologii Medycznej .....	108
Zakład Chemii i Biologii Strukturalnej Kwasów Nukleinowych.....	110
Zespół Biogospodarki i Zrównoważonego Rozwoju.....	112
Centrum Biologii Chemicznej ERIC .....	113
<b>Projekty realizowane w Instytucie w 2024 roku.....</b>	<b>117</b>
<b>Projekty realizowane w PCSS w 2024 roku.....</b>	<b>133</b>
<b>Współpraca naukowa z partnerami krajowymi.....</b>	<b>140</b>
<b>Współpraca naukowa z partnerami zagranicznymi .....</b>	<b>150</b>
<b>Spis publikacji .....</b>	<b>159</b>
<b>ZAŁĄCZNIKI.....</b>	<b>186</b>
Załącznik 1. Skład Rady Naukowej kadencji 2023–2026.....	186
Załącznik 2. Schemat organizacyjny ICHB PAN (2024).....	188
Załącznik 3. Struktura organizacyjna zakładów naukowych ICHB PAN (2024).....	189
Załącznik 4. Seminaryjne Instytutu Chemii Bioorganicznej PAN.....	190
Załącznik 5. Program RNA Salon Poznań .....	192
Załącznik 6. Program Dzień Chorób Rzadkich.....	193
Załącznik 7. Program Sekwencjonowanie NGS Trzeciej Generacji PacBio: długie odczyty – większe możliwości .....	195
Załącznik 8. Program 15. Światowy Tydzień Mózgu.....	196
Załącznik 9. Program Nauka na Wakacjach.....	197

## WSTĘP

---

Szanowni Państwo,

za nami kolejny rok, pełen wyzwań, problemów, ale i sukcesów. Jak zawsze po wytężonej pracy nadchodzi moment, kiedy trzeba powiedzieć „sprawdzam”. I choć nikt nie lubi wypełniania corocznych sprawozdań i raportów, pozwalają one ocenić jak – jako Instytut – radzimy sobie ze zmieniającą się rzeczywistością. A rzeczywistość nie zawsze jest dla nas łaskawa.

Rok 2024 upłynął pod znakiem nieustającej walki o fundusze. Po latach ciągłego niedofinansowania, instytutom PAN udało się wywalczyć nieco więcej środków, ale „to wciąż za mało” jak głoszą słowa znanej piosenki. Budżet Narodowego Centrum Nauki (NCN) wzrósł tylko nieznacznie, co nie zmniejszyło frustracji badaczy ubiegających się o granty. W tle toczyła się burzliwa dyskusja nad projektem nowej ustawy o Polskiej Akademii Nauk, a w ministerstwie po raz kolejny zmieniła się władza. I choć emocje były nieco słabsze niż za oceanem, gdzie wybierano nowego prezydenta, z pewnością i w Polsce nie można się było nudzić.

W Instytucie także sporo się działo. Nastąpiła zmiana w kierownictwie Poznańskiego Centrum Superkomputerowo-Sieciowego (PCSS), wdrożono program oszczędnościowy i podjęto liczne próby pozyskania nowych projektów, które w zdecydowanej większości zakończyły się sukcesem. Zaczęliśmy też świadczyć więcej usług badawczych dla podmiotów zewnętrznych.

Do największych z pozyskanych projektów należą:

- INTERCEPT – „Technologia ukierunkowanej analizy pojedynczych komórek na potrzeby diagnostyki nowotworów – wstęp do rozwoju komórkowej medycyny interceptywnej” – w ramach konkursu na Wirtualny Instytut Badawczy (WIB), finansowanego przez MNiSW i koordynowanego przez Sieć Badawczą Łukasiewicz – PORT we Wrocławiu;
- POL-OPENSOURCE 2.0 – „Utrzymanie, Rozwój i Udostępnianie Polskiej Platformy Infrastruktury Skrinningowej dla Chemii Biologicznej w Kontekście Uczestnictwa w Konsorcjum na Rzecz Infrastruktury Badawczej EU-OPENSOURCE ERIC” – w ramach programu MNiSW „Wsparcie udziału polskich zespołów naukowych w międzynarodowych projektach infrastruktury badawczej”;
- „Cyfrowa infrastruktura badawcza dla humanistyki i nauk o sztuce DARIAH-PL” – projekt infrastrukturalny z udziałem PCSS;
- EOSC EU Node (European Open Science Cloud – EU Node) – węzeł danych i usług, którego właścicielem jest Komisja Europejska, a głównym wykonawcą PCSS, realizowany w ramach polityki otwartej nauki;
- „PL-5G2: Krajowe laboratorium sieci i usług 5G wraz z otoczeniem” – projekt inwestycyjny z udziałem PCSS, realizowany w ramach „Inwestycji na rozbudowę potencjału badawczego krajowego planu odbudowy i zwiększania odporności”.

Wspólnie z PCSS w 2024 roku realizowaliśmy łącznie 183 projekty i opublikowaliśmy 180 prac naukowych, w tym w takich prestiżowych czasopismach jak *Nature Methods*, *Nature Communications*, *Nucleic Acid Research*, *Science Translational Medicine*, *Cancer Immunology Research*, *Journal of Extracellular Vesicles*, *Molecular Plant*, *Cell Reports* czy *Chemical Communications*.

Po kilku latach gruntownego remontu oddaliśmy do użytku willę przy ul. Wieniawskiego 21/23. Dzięki temu zyskaliśmy więcej przestrzeni i mogliśmy przenieść do budynków Instytutu ostatnie laboratoria z Centrum Zaawansowanych Technologii UAM na Morasku. W odnowionej willi swoją siedzibę znalazło również Centrum Innowacyjności i Edukacji Społecznej (CIES), którego kordynatorem został prof. Marek Figlerowicz.

Swoją działalność rozpoczęły trzy nowe zakłady, na czele których stanęli młodzi liderzy: dr Katarzyna Klonowska – specjalistka w dziedzinie genetyki chorób nowotworowych, dr hab. Agnieszka Kiliszek, prof. ICHB PAN oraz dr Witold Andrałojć – specjalizujący się w analizach strukturalnych kwasów nukleinowych. Z kolei kierownictwo nowo powołanej Pracowni Hodowli Roślin objęła dr Aleksandra Paweła.

W 2024 r. grono profesorów tytularnych naszego Instytutu poszerzyło się o dwie osoby – tytuł profesora w dziedzinie nauk ścisłych i przyrodniczych, w dyscyplinie nauk biologicznych, otrzymali prof. dr hab. Marta Olejniczak oraz prof. dr hab. Maciej Figiel.

Rada Naukowa ICHB PAN nadała 15 stopni doktora nauk biologicznych, w tym 4 z wyróżnieniem. Wraz z końcem roku swoją 30-letnią działalność zakończyło Środowiskowe Studium Doktorancie. W grudniu prof. Andrzej Legocki złożył rezygnację z funkcji Przewodniczącego Rady Naukowej ICHB PAN, a Jego obowiązki przejął prof. Marek Figlerowicz. Rada Naukowa powołała nowy Międzynarodowy Zespół Doradczy, w skład którego weszli znakomici badacze z Niemiec, Belgii, Francji i Słowenii.

Zmiany nastąpiły także w redakcji BioTechnologii – nowym redaktorem naczelnym została dr hab. Edyta Kościańska, a funkcję zastępcy objęła dr hab. Agata Świątkowska.

Jak co roku pracownicy Instytutu i PCSS brali aktywny udział w wydarzeniach upowszechniających wiedzę, organizowali seminaria, wykłady na zaproszenie, konferencje i mini-sympozja, byli opiekunami stażystów i studentów. Za nami również pierwsze drzwi otwarte w ICHB PAN, na które przybyli licealiści i studenci, którzy być może zasilą naszą kadrę naukową w przyszłości.

Pracownicy Instytutu zdobyli wiele nagród i wyróżnień, w tym m.in.:

- odznaczenia państwowe – Krzyż Oficerski Orderu Odrodzenia Polski za wybitne zasługi dla rozwoju nauk chemicznych, za osiągnięcia w pracy naukowo-badawczej oraz popularyzowanie polskiej myśli naukowej na świecie (prof. Zofia Gdaniec) i Brązowy Krzyż zasługi za działalność na rzecz rozwoju nauki (prof. Marta Szachniuk);
- Nagroda Max Perutz Prize 2024 – przyznana przez Europejskie Towarzystwo Krystalograficzne prof. Mariuszowi Jaskólskiemu;
- nominacje do bazy AcademiaNet dla prof. Anny Pasternak i prof. Marty Olejniczak;
- stypendium habilitacyjne w ramach 24. edycji programu L'ORÉAL-UNESCO „Dla Kobiet i Nauki” dla dr Katarzyny Klonowskiej;
- wybór dr Katarzyny Klonowskiej na członka Akademii Młodych Uczonych PAN;
- nagroda finałowa 24. Edycji Nagród Naukowych POLITYKI dla dr. Ireneusza Stolarka;
- Nagroda Miasta Poznania za najlepszą pracę doktorską dla dr Anny Kotowskiej-Zimmer;
- Nagroda XII edycji Konkursu Oddziału Polskiej Akademii Nauk w Poznaniu na najlepszą publikację badawczą, której wiodącym autorem był doktorant, dla dr. Konrada Pakuły;
- wyróżnienie Wydziału II PAN za „Badania historii genetycznej społeczeństwa państwa Piastów” dla zespołu pod kierunkiem prof. Marka Figlerowicza.

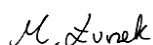
Czworo naszych profesorów: prof. Paweł Bednarek, prof. Maciej Stobiecki, prof. Mariusz Jaskólski i prof. Jacek Błazewicz znalazło się na prestiżowej liście World's Top 2% Scientists.

Podsumowując kwestie finansowe, rok 2024, w porównaniu do poprzedzających go lat tłustych, możemy raczej zaliczyć do chudych. Pomimo tego nasz całkowity budżet wyniósł 203 mln zł,

głównie dzięki projektom. Środki pozyskane z subwencji i dotacji rządowych stanowiły niespełna 41 mln zł. Główny składnik tej kwoty to subwencja na utrzymanie potencjału badawczego w wysokości 37,5 mln zł (wzrost o 10,68 mln zł w stosunku do 2023 r.). Uzyskaliśmy także dotację na utrzymanie specjalnego urzędnika badawczego (SPUB) w wysokości 3,2 mln zł. Kwota pozyskana z grantów NCN wyniosła 20,12 mln zł, a łączne finansowanie ze wszystkich projektów Instytutu wynosiło 37,1 mln zł. PCSS pozyskało na swoją działalność z różnego typu grantów ponad 125 mln zł.

Czy następny rok, który ledwo się zaczął, a już nieubłaganie gna naprzód, będzie lepszy? Mamy taką nadzieję. Biorąc pod uwagę zdobyte w ostatnim czasie projekty, liczymy, że będzie bardziej komfortowy pod względem finansowym. Nie ma jednak nadziei na to, że będzie mniej pracy – wręcz przeciwnie, bo już wkrótce czeka nas kolejna ewaluacja. Zbierzmy więc siły i publikujmy, nie ma ani chwili do stracenia!

Zastępca Dyrektora  
ICHB PAN  
ds. Naukowych



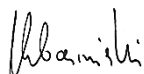
dr hab. Magdalena Łuczak, prof. ICHB PAN

Zastępca Dyrektora  
ICHB PAN  
ds. Koordynacji Badań



Julia Brzoska-Karwat

Zastępca Dyrektora  
ICHB PAN  
ds. Finansowych



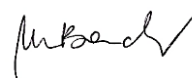
Adam Kubasiński

Zastępca Dyrektora  
ICHB PAN  
Ds. Współpracy



Agnieszka Konrad

Zastępca Dyrektora  
ICHB PAN  
ds. Ogólnoadministracyjnych



Małgorzata Radwańska-Borucka

Dyrektor ICHB PAN



dr hab. Luiza Handschuh, prof. ICHB PAN





# INFORMACJE OGÓLNE

---

## Dyrekcja

---

Dyrektor: DR HAB. LUIZA HANDSCHUH, PROF. ICHB PAN

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. Istnieją cztery typy zakładów:

- **Zakłady Wiodące (ZW)** – stanowiące trzon badawczy Instytutu, kierowane przez doświadczonych profesorów, dla których ICHB PAN jest pierwszym miejscem zatrudnienia. Maksymalna liczba etatów opłacanych ze środków statutowych w ZW wynosi 4.
- **Zakłady Zaawansowane (ZZ)** – zakłady kierowane przez pracowników naukowych, którzy zdobyli już doświadczenie w kierowaniu własnym zakładem i uzyskali wysoką ocenę ekspertów w trakcie przeglądu działalności zakładów młodych liderów. Maksymalna liczba etatów opłacanych ze środków statutowych w ZZ wynosi 4.
- **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, Zaawansowany lub rozwiązane. Maksymalna liczba etatów opłacanych ze środków statutowych w ZML wynosi 2.
- **Zakłady Senioralne (ZS)** – przeznaczone dla emerytowanych profesorów kontynuujących pracę naukową. Maksymalna liczba etatów opłacanych ze środków statutowych w ZS wynosi 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 2024 r.**

1. Wprowadzono nową kategoryzację zakładów naukowych w ICHB PAN (01.01.2024 r.).
2. Powołano Zakład Genetyki Nowotworów (*Zakład Młodego Lidera*), którego kierownikiem została dr Katarzyna Klonowska (01.01.2024 r.).
3. Powołano Zakład Badań Strukturalnych RNA (*Zakład Młodego Lidera*), którego kierownikiem została dr hab. Agnieszka Kiliszek, prof. ICHB PAN (01.01.2024 r.).
4. Powołano Zakład Biomolekularnego NMR (*Zakład Młodego Lidera*), którego kierownikiem został dr Witold Andrałojć (01.02.2024 r.).
5. Powołano Centrum Innowacyjności i Edukacji Społecznej (CIES), zlokalizowane przy ul. Henryka Wieniawskiego 21/13 w Poznaniu oraz ustanowiono prof. dr. hab. Marka Figlerowicza Koordynatorem Centrum (15.03.2024 r.).
6. Powołano Pracownię Hodowli Roślin afiliowaną przy Zakładzie Fizjologii Molekularnej Roślin, której kierownikiem została dr Aleksandra Paweła (01.06.2024 r.).
7. Powołano mgr. inż. Roberta Pękała na stanowisko Pełnomocnika Dyrektora ds. PCSS (30.12.2024 r.).
8. Zawieszono działalność Zakładu Neurobiologii Molekularnej (kierownik: prof. dr hab. Maciej Figiel, 01.08.2024).
9. Rozwiązano Zakład Biomolekularnego NMR (kierownik: prof. dr hab. Zofia Gdaniec, 31.01.2024 r.).
10. Rozwiązano Zakład Metabolizmu RNA (kierownik: dr. hab. Zbigniew Warkocki, prof. ICHB PAN, 01.08.2024 r.).
11. Rozwiązano Zespół Automatyki i Robotyki Laboratoryjnej (kierownik: dr Radosław Pilarski, 30.09.2024 r.).
12. Rozwiązano Zakład Sond Molekularnych i Proleków (kierownik: dr hab. Jacek Ł. Kolanowski, 31.12.2024 r.).
13. Powołano Grupę Interwencyjną odpowiedzialną za zapewnienie bezpieczeństwa biologicznego, chemicznego, radiologicznego i przeciwpożarowego w Instytucie. Utworzono stanowisko Koordynatora Grupy Interwencyjnej, które powierzono p. Aleksandrze Wojnowskiej-Kwicie (04.09.2024 r.).

Zgodnie ze stanem z dnia 31.12.2024 roku, w Instytucie działało 28 zakładów (9 ZW, 7 ZZ, 10 ZML i 2 ZS), 13 pracowni specjalistycznych oraz 1 zespół merytoryczny. W skład Instytutu Chemii Bioorganicznej PAN w 2024 r. wchodziły następujące jednostki organizacyjne:

## **I. Instytut**

### **1. Pion Zakładów Naukowych**

- Zakład Badań Strukturalnych RNA (ZML, dr hab. Agnieszka Kiliszek, prof. ICHB PAN),
- Zakład Biochemii Rybonukleoprotein (ZZ, dr hab. Anna Kurzyńska-Kokorniak, prof. ICHB PAN),
- Zakład Bioinformatyki Strukturalnej (ZW, prof. dr hab. Marta Szachniuk),
- Zakład Bioinżynierii Kwasów Nukleinowych (ZW, prof. dr hab. Anna Pasternak),
- Zakład Biologii Komórek Nerwowych (ZML, dr Paweł Świtoński),
- Zakład Biologii Medycznej (ZS, prof. dr hab. Mirosława Naskręt-Barciszewska),
- Zakład Biologii Molekularnej i Systemowej (ZW, prof. dr hab. Marek Figlerowicz),

- Zakład Biologii Obliczeniowej Niekodującego RNA (ZML, dr hab. Barbara Uszczyńska-Ratajczak, prof. ICHB PAN),
- Zakład Biologii Strukturalnej Eukariontów (ZZ, dr hab. Miłosz Ruszkowski, prof. ICHB PAN),
- Zakład Biologii Strukturalnej Organizmów Prokariotycznych (ZML, dr hab. Krzysztof Brzeziński, prof. ICHB PAN),
- Zakład Biotechnologii Medycznej (ZZ, dr hab. Agnieszka Fiszer, prof. ICHB PAN),
- Zakład Biomolekularnego NMR (ZML, dr Witold Andrałojć),
- Zakład Chemii Biopolimerów (ZZ, dr hab. Marcin K. Chmielewski, prof. ICHB PAN),
- Zakład Chemii i Biologii Strukturalnej Kwasów Nukleinowych (ZS, prof. dr hab. Ryszard Kierzek),
- Zakład Chemii Komponentów Kwasów Nukleinowych (ZW, dr hab. Michał Sobkowski, prof. ICHB PAN),
- Zakład Chorób Rzadkich (ZML, dr hab. Marzena Wojciechowska, prof. ICHB PAN),
- Zakład Fizjologii Molekularnej Roślin (ZW, prof. dr hab. Michał Jasiński),
- Zakład Genetyki Molekularnej (ZW, prof. dr hab. Piotr Kozłowski),
- Zakład Genetyki Nowotworów (ZML, dr Katarzyna Klonowska),
- Zakład Genomiki Roślin (ZML, dr hab. Agnieszka Żmieńko, prof. ICHB PAN),
- Zakład Genomiki Strukturalnej RNA (ZW, prof. dr hab. Elżbieta Kierzek),
- Zakład Inżynierii Genomowej (ZW, prof. dr hab. Marta Olejniczak),
- Zakład Metabolomiki Funkcjonalnej Roślin (ZW, prof. dr hab. Paweł Bednarek),
- Zakład Neuroonkologii Molekularnej (ZZ, dr hab. Katarzyna Rolle, prof. ICHB PAN),
- Zakład Niekodujących RNA (ZML, dr Monika Piwecka),
- Zakład Proteomiki Biomedycznej (ZZ, dr hab. Magdalena Łuczak, prof. ICHB PAN),
- Zakład Struktury i Funkcji RNA (ZZ, dr hab. Katarzyna Pachulska-Wieczorek, prof. ICHB PAN),
- Zakład Wirusologii Molekularnej (ZML, dr Paweł Zmora).

## 2. Zespoły

- 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 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 Hodowli Roślin (dr Aleksandra Paweła),
- Pracownia Modelowych Organizmów Ssaczych (dr Łukasz Przybył),
- Pracownia Modelowych Organizmów Bezkręgowych (dr hab. Agata Tyczevska, 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. **Pion Finansowy.**
10. **Inne jednostki organizacyjne i stanowiska.**

**II. Poznańskie Centrum Superkomputerowo-Sieciowe** (do 30.09.2024 r. – Pełnomocnik ds. PCSS: dr inż. Cezary Mazurek; od 01.10.2024–30.12.2024 r. – p.o. Pełnomocnik: mgr inż. Robert Pękal; od 30.12.2024 r. – Pełnomocnik ds. PCSS: mgr inż. Robert Pękal).

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 utrzymywanych 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**

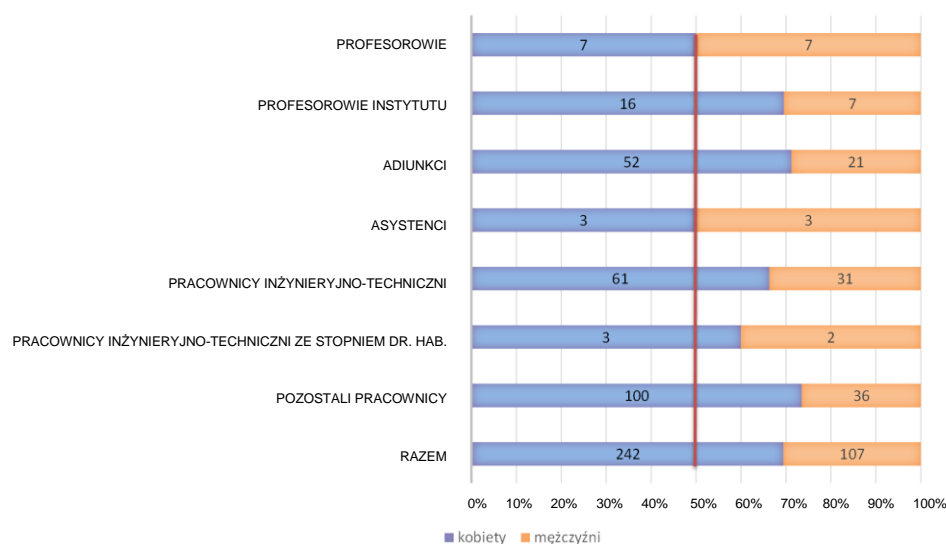
---

Zgodnie ze stanem z dnia 31.12.2024 roku, w ICHB PAN pracowało 808 osób, w tym 353 kobiety. Liczba ta obejmuje: 349 pracowników i 53 doktorantów Instytutu (w tym 12 doktorantów na etatach), w sumie 390 osób oraz 418 pracowników afiliowanego przy Instytucie Poznańskiego Centrum Superkomputerowo-Sieciowego.

Wśród zatrudnionych w Instytucie było:

- 14 profesorów,
- 23 profesorów Instytutu (w tym 1 z tytułem profesora),
- 73 adiunktów (w tym 2 ze stopniem doktora habilitowanego),
- 6 asystentów (w tym 3 ze stopniem doktora),
- 233 pozostałych (w tym 97 pracowników inżynieryjno-technicznych i technicznych w Zakładach i Pracowniach, 5 z nich ze stopniem doktora habilitowanego).

Zatrudnienie średnioroczne w 2024 r. (nieuwzględniające doktorantów studium doktoranckiego i szkoły doktorskiej): Instytut – 320,50 etatu, PCSS – 393,36 etatu.



Ryc. 1. Zatrudnienie w ICHB PAN według stanowisk i płci (stan na 31.12.2024 r.)

## Międzynarodowy Zespół Doradczy

### W 2024 r. powołano Międzynarodowy Zespół Doradczy w nowym składzie:

Paola B. Arimondo, The National Centre for Scientific Research (CNRS), Paryż, Francja

François Chaumont, Louvain Institute of Molecular Science and Technology, Université Catholique de Louvain, Belgia

Sandrine Etienne-Manneville, Institut Pasteur, Paryż, Francja

Janez Plavec, Slovenian NMR Centre, National Institute of Chemistry, Ljubljana, Słowenia

Nikolaus Rajewsky, Max Delbrück Center and the Humboldt University, Berlin, Niemcy

## Działalność publikacyjna

W 2024 r. pracownicy ICHB PAN opublikowali łącznie 180 prac. Dorobek ten obejmował:

- artykuły i rozprawy w czasopismach naukowych – 132, w tym 115 w czasopismach recenzowanych, wyróżnionych przez *Journal Citation Reports*;
- materiały z konferencji zamieszczone w wykazie czasopism – 28;
- książki i rozdziały – 12;
- redakcje monografii lub podręcznika – 2;
- artykuły popularnonaukowe – 6.

Szczegółowy wykaz publikacji znajduje się na stronie 159.

## Działalność naukowa

W roku sprawozdawczym w Instytucie realizowano:

- 34 zadania statutowe,
- 110 projektów finansowanych, w tym:
  - a) 89 z Narodowego Centrum Nauki (NCN);
  - b) 1 z Narodowego Centrum Badań i Rozwoju (NCBR) w ramach Programu Lider;
  - c) 3 z Ministerstwa Edukacji i Nauki (MEiN): POL-OPENSREEN 2.0, 1 projekt w ramach Doskonała Nauka oraz 1 w ramach Perły Nauki;

- d) 1 z Fundacji na Rzecz Nauki Polskiej, w ramach programu Fundusze Europejskie dla Nowoczesnej Gospodarki 2021–2027 (FENG);
- e) 1 z Agencji Badań Medycznych (ABM) w ramach programu Rozwój Innowacyjnych Rozwiązań Terapeutycznych z Wykorzystaniem Technologii RNA;
- f) 1 projekt w ramach Wirtualnego Instytutu Badawczego (WIB);
- g) 14 inicjatyw międzynarodowych: 8 w ramach programu Komisji Europejskiej Horyzont 2020, 2 w ramach JPND Call 2022, 1 w ramach EuroHPC Joint Undertaking, 2 za pośrednictwem Polskiej Akademii Nauk (PAN) i 1 w ramach Norweski Mechanizm Finansowy na lata 2014–2021.

Szczegółowy wykaz projektów znajduje się na stronie 117–133.

Z kolei w Poznańskim Centrum Superkomputerowo-Sieciowym realizowano 75 projektów, finansowanych w ramach:

- a) Narodowego Centrum Badań i Rozwoju (NCBR) – 11,
- b) Narodowego Centrum Nauki (NCN) – 1,
- c) Ministerstwa Edukacji i Nauki (MEiN) – 5,
- d) Centrum Projektów Polska Cyfrowa – 1,
- e) inicjatyw międzynarodowych – 43,
- f) Programu Operacyjnego: Fundusze Europejskie dla Nowoczesnej Gospodarki (FENG) – 2,
- g) Programu Polskiej Agencji Rozwoju Przedsiębiorczości – 2,
- h) Krajowego Planu Odbudowy – 2,
- i) Funduszy Europejskich dla Wielkopolski na lata 2021–2027 – 1,
- j) Fundacji Rozwoju Systemu Edukacji – 5,
- k) Ministerstwa Cyfryzacji – 1,
- l) Agencji Badań Medycznych – 1.

Szczegółowy wykaz projektów PCSS znajduje się na stronie 133–139.

Dwa projekty były realizowane wspólnie przez Instytut i PCSS.

## Projekty strategiczne

---

### **Technologia ukierunkowanej analizy pojedynczych komórek na potrzeby diagnostyki nowotworów – wstęp do rozwoju komórkowej medycyny interceptywnej (INTERCEPT)**



Pomimo znaczących postępów naukowych i technologicznych, wyjątkowa złożoność komórkowa chorób onkologicznych pozostaje jednym z najpoważniejszych wyzwań utrudniających skuteczną diagnostykę i terapię. Pojedynczy nowotwór składa się z wielu populacji komórek, charakteryzujących się odmiennymi mutacjami somatycznymi i programami transkrypcyjnymi. Ta różnorodność sprawia, że dobór precyzyjnego i skutecznego podejścia terapeutycznego staje się wyjątkowo trudny. Pełne zrozumienie złożoności nowotworów – zarówno na poziomie pojedynczych komórek, jak i indywidualnych pacjentów – stwarza zatem ogromne możliwości poprawy skuteczności terapii onkologicznych.

Obecnie stosowane standardowe techniki diagnostyczne, oparte na łącznej analizie wielu komórek oraz serii oddzielnych testów, umożliwiają uzyskanie uśrednionego obrazu molekularnego choroby. Nie oddają jej pełnej różnorodności. W efekcie może dochodzić do postawienia mniej trafnych diagnoz, wyboru nieoptymalnych terapii, wydłużenia czasu leczenia oraz wzrostu kosztów opieki zdrowotnej, co stanowi obciążenie zarówno dla pacjentów, jak i całego systemu

ochrony zdrowia. Kluczowe staje się więc opracowanie nowoczesnych, precyzyjnych technologii diagnostycznych, które umożliwią analizę nowotworów na poziomie pojedynczych komórek. Choć dostępne technologie analizy pojedynczych komórek oferują ogromny potencjał, ich zastosowanie w diagnostyce klinicznej jest ograniczone przez wysokie koszty, złożoność techniczną oraz nadmiar generowanych danych, z których tylko część jest istotna dla diagnozy i doboru terapii. Projekt INTERCEPT (UoF/02-WIB-3/2023-004) ma na celu uproszczenie i udoskonalenie metod analizy pojedynczych komórek, aby mogły one stać się standardowym narzędziem w diagnostyce klinicznej. W ramach projektu zostanie opracowana innowacyjna technologia analizy wybranych genów i transkryptów w pojedynczych komórkach, niezależna od systemów mikroprzepływowych. Będzie ona stanowić podstawę do rozwoju celowanych testów diagnostycznych. Pierwsze prototypy testów zostaną stworzone z myślą o diagnostyce ostrej białaczki szpikowej (AML) oraz przewlekłej białaczki limfocytowej (CLL).

Projekt INTERCEPT jest finansowany w ramach programu Wirtualny Instytut Badawczy ze środków Funduszu Polskiej Nauki (2024–2029). Zespół badawczy, kierowany przez prof. dr. hab. Marka Figlerowicza, tworzą biolodzy, chemicy i bioinformatycy z Instytutu Chemii Bioorganicznej Polskiej Akademii Nauk.

### **Platforma do projektowania, syntezy i testowania terapeutyków oraz szczepionek RNA**



**AGENCJA  
BADAŃ  
MEDYCZNYCH**

Instytut Chemii Bioorganicznej PAN w konsorcjum z Zakładami Farmaceutycznymi Polpharma S.A. (lider) realizuje od końca 2021 roku 6-letni projekt pt. „Stworzenie uniwersalnej platformy szybkiego reagowania, bazującej na technologii RNA, zapewniającej bezpieczeństwo lekowe i epidemiologiczne kraju” (ABM/2021/05/0004). Wykorzystywane jest w ten sposób wieloletnie doświadczenie Instytutu w bada-

niach RNA oraz możliwości produkcyjne największej w Polsce firmy farmaceutycznej. Projekt został pozyskany w ramach, ogłoszonego przez Agencję Badań Medycznych, konkursu na rozwój innowacyjnych rozwiązań terapeutycznych z wykorzystaniem technologii RNA. 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 prowadzone przez Instytut. Kierownikiem merytorycznym projektu jest prof. Marek Figlerowicz.

W ramach projektu opracowywana jest platforma umożliwiająca praktyczne wykorzystanie technologii RNA do wytwarzania terapeutyków i szczepionek RNA. Platforma składa się z czterech subplatform: bioinformatycznej, chemicznej, biotechnologicznej i technologicznej. Instytut odpowiada za elementy platformy, które służą do projektowania, syntezy i testowania (w hodowlach komórkowych oraz modelach zwierzęcych) nowatorskich terapeutyków oraz szczepionek RNA.

### **POL-OPENSSCREEN 2.0 - „Utrzymanie, Rozwój i Udostępnianie Polskiej Platformy Infrastruktury Skriningowej dla Chemii Biologicznej w Kontekście Uczestnictwa w Konsorcjum na Rzecz Infrastruktury Badawczej EU-OPENSSCREEN ERIC”**



**Ministerstwo Nauki  
i Szkolnictwa Wyższego**

W roku 2024 w ramach programu „Wsparcie udziału polskich zespołów naukowych w międzynarodowych projektach infrastruktury badawczej”, konsorcjum, w którego skład wchodzi między innymi Instytut Biologii Molekularnej PAN w Łodzi (lider) oraz

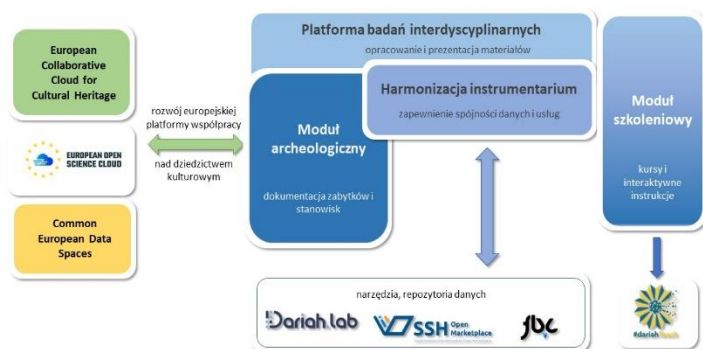
Instytut Chemii Bioorganicznej PAN w Poznaniu, uzyskało dofinansowanie ze środków Ministerstwa Nauki i Szkolnictwa Wyższego na realizację projekt pt.: POL-OPENSSCREEN 2.0 – „Utrzymanie, Rozwój i Udostępnianie Polskiej Platformy Infrastruktury Skriningowej dla Chemii



Biologicznej w Kontekście Uczestnictwa w Konsorcjum na Rzecz Infrastruktury Badawczej EU-OPENSSCREEN ERIC”.

Głównym celem projektu jest utrzymanie funkcjonalności infrastruktury badawczej wytworzonej w ramach projektu POL-OPENSSCREEN realizowanego w latach 2018–2023 poprzez zabezpieczenie sprawności zaawansowanej infrastruktury oraz utrzymanie możliwości efektywnego wykonywania wysokoprzepustowych badań przesiewowych w sposób wydajny i atrakcyjny dla użytkowników. Projekt zakłada również promocję oraz działania mające na celu poszerzenie zaplecza użytkowników infrastruktury i jej rozpoznawalności w celu utrzymania jej wysokiego wykorzystania przez środowisko naukowe w Polsce i zagranicą, a co za tym idzie podniesienie poziomu i konkurencyjności nauki w Polsce i Europie.

### „Cyfrowa infrastruktura badawcza dla humanistyki i nauk o sztuce DARIAH-PL”



„Cyfrowa infrastruktura badawcza dla humanistyki i nauk o sztuce DARIAH-PL” (DARIAH-PL) jest infrastrukturą badawczą wpisaną w 2020 roku na Polską Mapę Drogową Infrastruktury Badawczej. Stanowi ona również część DARIAH ERIC z Europejskiej Mapy Drogowej (ESFRI). W okresie od kwietnia 2024 do grudnia 2025 roku, w ramach Programu A2.4.1 „Inwestycje na rozbudowę potencjału badawczego krajowego

planu odbudowy i zwiększania odporności”, realizowany jest projekt inwestycyjny (dalej zwany DARIAH-PL KPO), dotyczący rozwoju infrastruktury DARIAH-PL. Konsorcjum projektu DARIAH-PL KPO składa się z Instytutu Podstaw Informatyki PAN (lider), Uniwersytetu Warszawskiego, Instytutu Chemii Bioorganicznej PAN – Poznańskiego Centrum Superkomputerowo-Sieciowego, Instytutu Badań Literackich PAN, Instytutu Języka Polskiego PAN, Instytutu Historii PAN, Instytutu Sławistyki PAN, Instytutu Sztuki PAN, Politechniki Poznańskiej, Politechniki Wrocławskiej, Uniwersytetu Marii Curie-Skłodowskiej, Uniwersytetu Wrocławskiego oraz Uniwersytetu im. Adama Mickiewicza.

Celem głównym i bezpośrednim projektu DARIAH-PL KPO jest rozwój infrastruktury DARIAH-PL poprzez utworzenie nowego komponentu – krajowego ekosystemu prowadzenia interdyscyplinarnych badań nad materiałami archeologicznymi i dziedzictwa kulturowego.

W ujęciu ogólnym planowana do budowy w projekcie DARIAH-PL KPO infrastruktura umożliwi realizację badań nastawionych na interdyscyplinarność i współpracę między różnymi dziedzinami cyfrowej humanistyki i nauk o sztuce, zarówno w wymiarze krajowym, jak i międzynarodowym. W uzupełnieniu do istniejącej infrastruktury DARIAH-PL, składającej się z rozproszonych laboratoriów o wspólnej nazwie Dariah.lab, projekt DARIAH-PL KPO umożliwić będzie prowadzenie badań o charakterze scentralizowanym, tj. z jednym punktem dostępu do powiązanych ze sobą zasobów i narzędzi cyfrowych. Działania w projekcie ukierunkowane są zatem na zwiększenie interoperacyjności danych oraz narzędzi cyfrowych, przygotowując równocześnie infrastrukturę DARIAH-PL do jej integracji i powiązania z europejskimi strategicznymi inicjatywami, a w szczególności z Europejską Chmurą Współpracy na rzecz Dziedzictwa Kulturowego (ang. *European Collaborative Cloud for Cultural Heritage* – ECCCH), Europejską Chmurą dla Otwartej Nauki (ang. *European Open Science Cloud*) oraz Wspólną Przestrzenią Danych Dziedzictwa Kulturowego (ang. *Common European Data Space for Cultural Heritage*). Opisane podejście pozwoli m.in. na dostęp do danych, zgodnie z zasadami FAIR, poprzez wykorzystanie ujednoczonego i semantycznego modelu danych, opartego o koncepcję Heritage Digital

Twin, która jest kluczowa w kontekście europejskiej inicjatywy ECCCH oraz nowego spojrzenia na prowadzenie interdyscyplinarnych badań naukowych.

W wymiarze gospodarczym, infrastruktura budowana w projekcie DARIAH-PL KPO wspierać będzie rozwój sektora kreatywnego, edukacji oraz zarządzania multimedialnymi zasobami cyfrowymi.

## EOSC EU Node (European Open Science Cloud – EU Node)



Polityka Komisji Europejskiej dotycząca otwartej nauki i danych EOSC realizowana jest również w krajach członkowskich UE. Zmierza ona do publicznego udostępnienia wszystkich danych naukowych dla społeczeństwa, nauki oraz gospodarki. W Polsce politykę EOSC określa Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego oraz Narodowe Centrum Nauki. Polityka otwartej nauki i danych wdrażana jest również na uczelniach i jednostkach B+R, czyli w miejscach, gdzie badania finansowane są z pieniędzy publicznych bądź funduszy unijnych.

Pierwszym praktycznym przejawem tej polityki w Europie jest EOSC EU Node (European Open Science Cloud – EU Node), węzeł danych i usług, którego właścicielem jest Komisja Europejska, a głównym wykonawcą Poznańskie Centrum Superkomputerowo-Sieciowe. EU NODE to platforma wspierająca i promująca wykorzystanie danych naukowych zgodnie z zasadami FAIR (Findable, Accessible, Interoperable, Reusable). Została ona oddana do powszechnego użytku w październiku 2024 roku i jest pierwszym europejskim węzłem Federacji EOSC – jednego z największych przedsięwzięć w zakresie działań na rzecz Otwartej Nauki na świecie, promowanym przez Komisję Europejską.

Głównym celem powołania inicjatywy EOSC oraz platformy EOSC EU Node było stworzenie wirtualnego, federacyjnego internetowego środowiska, wykraczającego poza granice i dyscypliny naukowe, służącego do przechowywania, udostępniania, przetwarzania i ponownego użycia obiektów cyfrowych wykorzystywanych w badaniach naukowych (takich jak dane z eksperymentów, symulacji, przetworzone informacje, publikacje, zbiory cyfrowe) zgodnie z głównymi zasadami FAIR, czyli zasadami współdzielenia wyników naukowych, tak aby były one „wyszukiwalne”, dostępne, wspierały otwarte standardy w zakresie interoperacyjności oraz były możliwe do ponownego użycia.



Platforma wspiera użytkowników na każdym etapie badań, promując współpracę międzynarodową i innowacyjność w społeczności naukowej Europy. Możliwe jest to dzięki zestawowi usług, który rozwiązuje najważniejsze problemy pracy badawczej, umożliwiając przy tym użytkownikom wydajną pracę w środowiskach intensywnie wykorzystujących dane naukowe. Wśród dostępnych narzędzi znajdują się m.in.

- Masowy transfer danych: bezproblemowe przeniesienie danych do środowisk wykonawczych intensywnie wykorzystujących dane.
- Transfer dużych plików: usprawnienie przesyłania dużych plików online z dodatkowym bezpieczeństwem i integralnością.
- Maszyny wirtualne: elastyczne projektowanie i przeprowadzanie eksperymentów, przy jednoczesnym zapewnieniu powtarzalności.

- Platforma kontenerów w chmurze: wdrażanie skalowalnych, natywnych dla chmury aplikacji kontenerowych.
- Interaktywne notatniki: tworzenie i udostępnianie dokumentów z wykonywaniem kodu w czasie rzeczywistym.
- Synchronizacja i udostępnianie plików: włączanie automatycznej synchronizacji plików i bezpiecznego udostępniania między lokalizacjami i zespołami.

Dzięki uruchomieniu tych usług współtwórcy mogą od teraz uzyskać dostęp do najważniejszych funkcjonalności „as a Service” i wykorzystać nowoczesną infrastrukturę EOSC do własnych projektów. Za implementację oraz utrzymanie dostępnych na platformie EOSC EU Node zaawansowanych usług odpowiedzialny jest główny wykonawca – Poznańskie Centrum Superkomputerowo-Sieciowe. Z pomocą podwykonawców: Safespring, Owncloud, Nordunet, Cesnet i EGI, PCSS będzie dalej rozwijał platformę o nowe funkcjonalności, które wspierać będą zespoły badawcze z całej Europy w ich pracy naukowej.

### **PL-5G2: Krajowe laboratorium sieci i usług 5G wraz z otoczeniem**



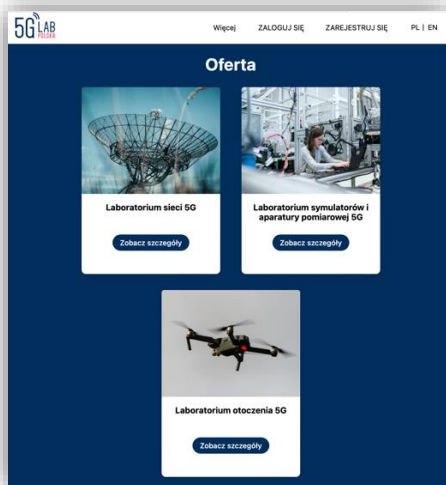
PL-5G2 jest projektem inwestycyjnym, w którym kontynuowane są prace związane z budową krajowego laboratorium sieci i usług 5G z Polskiej Mapy Infrastruktur Badawczych w ramach Programu A2.4.1 „Inwestycje na rozbudowę potencjału badawczego krajowego planu odbudowy i zwiększania odporności”. Projekt jest realizowany jest od lutego 2024 r. do grudnia

2025 r. Konsorcjum Projektu tworzą Politechnika Warszawska (lider), Akademia Górniczo-Hutnicza im. Stanisława Staszica w Krakowie oraz Instytut Chemii Bioorganicznej PAN – Poznańskie Centrum Superkomputerowo-Sieciowe.

Celem bezpośrednim Projektu jest budowa infrastruktury badawczej dla praktycznych badań nad sieciami i usługami 5G+ oraz 6G, a także zapewnieniem bezpieczeństwa w tych sieciach. Technologia 6G reprezentuje następną generację sieci komunikacyjnych, które mają przynieść znaczne postępy w szybkości przekazu danych doświadczanej przez użytkowników, oferowanej przepustowości systemu, małym opóźnieniu przekazu i innych aspektach. Planuje się, że 6G umożliwi transfer danych z szybkością terabitów na sekundę, co jest kilka rzędów razy szybsze niż transfer oferowany przez obecne sieci 5G. Będzie to możliwe dzięki wykorzystaniu technologii takich jak fale milimetrowe, szerokopasmowe łącza satelitarne, sztuczna inteligencja (AI) i zaawansowane systemy antenowe.

Wykorzystanie nowych technologii, w tym przypadku 5G+/6G, niesie ze sobą szereg zagrożeń związanych z bezpieczeństwem. Ogólne pojęcie bezpieczeństwa w kontekście 6G obejmuje zapewnienie ochrony danych, prywatności użytkowników, zabezpieczeń sieci przed atakami cybernetycznymi oraz zagwarantowanie, że rozwój technologii nie będzie prowadził do naruszenia prywatności i niebezpieczeństw dla społeczeństwa. W 6G szczególna uwaga jest poświęcona kwestiom związanym z bezpieczeństwem, ze względu na większą szybkość i pojemność sieci, które mogą zwiększyć ryzyko ataków oraz potencjalną skalę szkód w przypadku incydentów związanych z cyberbezpieczeństwem. Dlatego też istotne jest ciągłe badanie, rozwój i wdrażanie środków bezpieczeństwa w technologii 6G ze szczególnym uwzględnieniem nowo integrowanych technologii, takich jak Sztuczna Inteligencja czy Uczenie Maszynowe.

Zbudowana infrastruktura będzie służyć do testowania innowacyjnych rozwiązań 5G+/6G przez różne podmioty, w tym studentów, doktorantów, zespoły badawcze, operatorów sieci, dostawców sprzętu i oprogramowania, a także dostawców usług i aplikacji. Wyniki badań przeprowadzanych z wykorzystaniem infrastruktury badawczej będą stanowić wkład w standaryzację dla ciał



normalizacyjnych, takich jak: ITU-T, ETSI, 3GPP i URSI. Dodatkowo zakłada się połączenie krajowej infrastruktury z analogicznymi światowymi i europejskimi infrastrukturami oraz wspólne prace badawcze z innymi zespołami krajowymi i międzynarodowymi.

Aby osiągnąć pełny potencjał technologii 6G oraz innych innowacji w dziedzinie komunikacji, kluczowe będzie zapewnienie ścisłej współpracy między instytucjami B+R oraz sektorem przedsiębiorstw. Współpraca ta ma na celu nie tylko wymianę wiedzy i doświadczeń, ale także efektywne wykorzystanie zasobów i kompetencji obu sektorów.

## Dotacje, finansowanie projektów badawczych, inwestycyjnych i innych

Subwencja MEiN – utrzymanie potencjału badawczego: 37 518 870,58 zł, w tym:

Subwencja podstawowa: 37 165 800 zł

Subwencja na finansowanie Poznańskiej Szkoły Doktorskiej: 353 070,58 zł

Dotacja MEiN – specjalne urządzenie badawcze ECBiG: 3 190 644,59 zł

Stypendia MEiN dla Wybitnych Młodych Naukowców: 102 410 zł

Projekty: 37 140 436,69 zł<sup>1</sup>, w tym:

Projekty MEiN: 1 211 973,89 zł

Projekty NCN: 20 124 556,66 zł

Projekty NCBR: 642 208,47 zł

Program MEiN Premia na Horyzoncie 2: 5 663,86 zł

Program ABM: 5 200 000 zł

Program WIB: 2 361 322,60 zł

Projekty strukturalne: 4 876 500,03<sup>2</sup> zł, w tym:

– Program Operacyjny Inteligentny Rozwój (projekty badawcze): 362 844,66 zł

– Program Operacyjny Inteligentny Rozwój (projekty infrastrukturalne): 4 579 689,37 zł

Projekty Horyzont 2020: 150 537,69 zł

Projekty Horyzont Europa: 1 959 494,60 zł

Projekty zagraniczne inne: 613 228 zł

Pozostałe: 5 798,93 zł.

Wpływy z tytułu dotacji na działalność oraz finansowanie projektów badawczych i inwestycyjnych w PCSS w roku 2024 wyniosły 125 484 426,97 zł (w tym na dotacje na inwestycje i projekty inwestycyjne 19 555 254,55 zł). PCSS posiada wyodrębnione rachunki bankowe, na których księgowane są wszystkie wpływy i wydatki związane z jego działalnością.

<sup>1</sup> Wartość uwzględnia kwotę ujemną w wysokości 78 415,78 zł, wynikającą z nierozliczenia projektów.

<sup>2</sup> Wartość uwzględnia kwotę ujemną w wysokości 67 567,74 zł, wynikającą z nierozliczenia projektów.

## Rozwój kadry naukowej

---

W 2024 roku z nadania Prezydenta RP tytuł profesora w dziedzinie nauk ścisłych i przyrodniczych, w dyscyplinie nauki biologiczne, otrzymali **dr hab. Marta Olejniczak** oraz **dr hab. Maciej Figiel**.

### Stopień naukowy doktora uzyskali:

#### **Jakub Kuczyński**

Tytuł rozprawy: Identification and characterization of changes in soybean miRNA biosynthesis in response to low temperature stress

Promotor: prof. dr hab. Tomasz Twardowski

Promotor pomocniczy: dr hab. Agata Tyczewska, prof. ICHB PAN

Nadany przez: Instytut Chemii Bioorganicznej PAN

Dyscyplina: nauki biologiczne

Data obrony: 24.01.2024 r.

Data nadania: 26.01.2024 r.

#### **Marcin Ryczek**

Tytuł rozprawy: Badania strukturalne RNA o znaczeniu w patogenezie chorób neurodegeneracyjnych

Promotor: dr hab. Agnieszka Kiliszek, prof. ICHB PAN

Nadany przez: Instytut Chemii Bioorganicznej PAN

Dyscyplina: nauki biologiczne

Data obrony: 07.02.2024 r.

Data nadania: 14.02.2024 r.

#### **Ilkin Aygün-Soyalp**

Tytuł rozprawy: Mechanisms and developmental roles of XRN-2 mediated RNA regulation in *Caenorhabditis elegans*

Promotor: dr hab. Takashi Miki

Promotor pomocniczy: dr hab. Agata Tyczewska, prof. ICHB PAN

Nadany przez: Instytut Chemii Bioorganicznej PAN

Dyscyplina: nauki biologiczne

Data obrony: 28.02.2024 r.

Data nadania: 20.03.2024 r.

#### **Marek Kazimierczyk**

Tytuł rozprawy: Charakterystyka i funkcja niekodujących RNA uczestniczących w rozwoju komórek nerek oraz ich karcinogenezie

Promotor: dr hab. Jan Wrzesiński

Nadany przez: Instytut Chemii Bioorganicznej PAN

Dyscyplina: nauki biologiczne

Data obrony: 15.02.2024 r.

Data nadania: 20.03.2024 r.

#### **Karolina Świtońska-Kurkowska (z wyróżnieniem)**

Tytuł rozprawy: Identyfikacja komórkowych i molekularnych zaburzeń wczesnego rozwoju mózgu w chorobie Huntingtona

Promotor: prof. dr hab. Maciej Figiel

Nadany przez: Instytut Chemii Bioorganicznej PAN

Dyscyplina: nauki biologiczne

Data obrony: 01.03.2024 r.

Data nadania: 20.03.2024 r.

### **Żaneta Zarębska**

Tytuł rozprawy: Identification and functional characteristics of circular RNAs in glioblastoma

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

Nadany przez: Instytut Chemii Bioorganicznej PAN

Dyscyplina: nauki biologiczne

Data obrony: 16.02.2024 r.

Data nadania: 20.03.2024 r.

### **Miłosz Ciżnicki (PCSS)**

Tytuł rozprawy: Energy-aware resource management for stencil computation in High Performance Computing (Energoooszczędne zarządzanie zasobami dla obliczeń stencilowych w systemach superkomputerowych)

Promotor: prof. dr hab. inż. Jan Węglarz

Nadany przez: Rada Dyscypliny Informatyka Techniczna i Telekomunikacja Politechniki Poznańskiej

Dyscyplina: informatyka techniczna i telekomunikacja

Data obrony: 19.03.2024 r.

Data nadania: 26.03.2024 r.

### **Julia Latowska-Łysiak (z wyróżnieniem)**

Tytuł rozprawy: Charakterystyka wybranych kolistych RNA w glejaku wielopostaciowym – biogeneza kolistych RNA i ich potencjalne funkcje

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

Nadany przez: Instytut Chemii Bioorganicznej PAN

Dyscyplina: nauki biologiczne

Data obrony: 28.06.2024 r.

Data nadania: 05.09.2024 r.

### **Paweł Pawelczak (z wyróżnieniem)**

Tytuł rozprawy: Właściwości przeciwstarzeniowe 4-N-furfurylocytozyny w modelach komórkowym, drożdżowym i mysim

Promotor: prof. dr hab. Eliza Wyszko

Promotor pomocniczy: dr Agnieszka Fedoruk-Wyszomirska

Nadany przez: Instytut Chemii Bioorganicznej PAN

Dyscyplina: nauki biologiczne

Data obrony: 04.07.2024 r.

Data nadania: 05.09.2024 r.

### **Angelika Andrzejewska-Romanowska (z wyróżnieniem)**

Tytuł rozprawy: Charakterystyka dynamiki strukturalnej i funkcjonalnej genomów RNA aktywnych retrotranspozonów LTR

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

Nadany przez: Instytut Chemii Bioorganicznej PAN

Dyscyplina: nauki biologiczne

Data obrony: 05.11.2024 r.

Data nadania: 12.12.2024 r.

### **Paulina Bierwagen**

Tytuł rozprawy: Strukturalne i funkcjonalne badania białek kluczowych dla oddziaływań pomiędzy kleszczem, ssakiem i patogenem na przykładzie białka OspC z krętka Borrelia

Promotor: dr hab. Anna Urbanowicz, prof. ICHB PAN

Nadany przez: Instytut Chemii Bioorganicznej PAN

Dyscyplina: nauki biologiczne

Data obrony: 09.12.2024 r.

Data nadania: 12.12.2024 r.

### **Adriana Grabowska**

Tytuł rozprawy: Identyfikacja i charakterystyka regulatorowych RNA (sdRNA oraz snoRNA) w glejaku wielopostaciowym – ich udział w rozwoju i progresji nowotworu

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

Nadany przez: Instytut Chemii Bioorganicznej PAN

Dyscyplina: nauki biologiczne

Data obrony: 28.10.2024 r.

Data nadania: 12.12.2024 r.

### **Żaneta Kalinowska-Pośka**

Tytuł rozprawy: Opracowanie przedklinicznej strategii terapeutycznej choroby Huntingtona i ataksji rdzeniowo-mózdkowej typu 3 z wykorzystaniem wyciszających reagentów RNA celujących w powtórzenia CAG w transkryptach genów HTT i ATXN3

Promotor: prof. dr hab. Maciej Figiel

Promotor pomocniczy: dr Magdalena Surdyka

Nadany przez: Instytut Chemii Bioorganicznej PAN

Dyscyplina: nauki biologiczne

Data obrony: 05.12.2024 r.

Data nadania: 12.12.2024 r.

### **Masroor Khan**

Tytuł rozprawy: Synthesis of bioluminogenic substrates of firefly and NanoLuc® luciferases and validation of their response to analytes involved in redox homeostasis

Promotor: dr hab. Jacek Kolanowski

Promotor pomocniczy: dr Dorota Jakubczyk

Nadany przez: Instytut Chemii Bioorganicznej PAN

Dyscyplina: nauki biologiczne

Data obrony: 20.11.2024 r.

Data nadania: 12.12.2024 r.

### **Wojciech Witek (z wyróżnieniem)**

Tytuł rozprawy: Structural biology of the histidine biosynthetic pathway in plants

Promotor: dr hab. Miłosz Ruszkowski, prof. ICHB PAN

Nadany przez: Instytut Chemii Bioorganicznej PAN

Dyscyplina: nauki biologiczne

Data obrony: 03.12.2024 r.

Data nadania: 12.12.2024 r.

### **Dagny Lorent**

Tytuł rozprawy: Analiza poziomu przeciwciał po zakażeniu SARS-CoV-2 albo szczepieniu przeciwko COVID-19 w populacji wielkopolskiej w latach 2020-2022

Promotor: dr hab. Luiza Handschuh, prof. ICHB PAN

Promotor pomocniczy: dr Paweł Zmora

Nadany przez: Instytut Chemii Bioorganicznej PAN

Dyscyplina: nauki biologiczne

Data obrony: 13.12.2024 r.

Data nadania: 16.12.2024 r.

## Kształcenie doktorantów

---

Środowiskowe Studium Doktoranckie działające przy ICHB PAN w 2024 roku liczyło 5 słuchaczy. Do Poznańskiej Szkoły Doktorskiej Instytutów Polskiej Akademii Nauk (PSD IPAN<sup>3</sup>) w roku 2024 przyjęto 11 osób. Obecnie PSD IPAN liczy 90 doktorantów, przy czym zdecydowaną większość (67%) stanowią kobiety (60). Cudzoziemcy stanowią ok. 28% uczestników (25 osób) z: Albanii (1), Hiszpanii (1), Indii (10), Iranu (1), Kamerunu (1), Libanu (1), Pakistanu (3), Turcji (1), Ukrainy (4), Wielkiej Brytanii (1), Wietnamu (1). Najwięcej doktorantów kształci się w ICHB PAN – 48 osób (ok. 53% wszystkich doktorantów PSD IPAN).

## Uczestnicy innych form kształcenia

---

W 2024 roku 77 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 Jagiellońskiego w Krakowie, Uniwersytetu Medycznego w Białymstoku, Uniwersytetu w Kijowie), realizowało w laboratoriach Instytutu swoje prace magisterskie, licencjackie, odbywało praktyki, staże lub uczestniczyło w zajęciach na indywidualnym toku studiów.

## Wynalazki

---

W 2024 r. dokonano 3 zgłoszeń wynalazków: 2 krajowe i 1 międzynarodowy.

Numer zgłoszenia krajowego: P 450139

Data zgłoszenia: 25.10.2024

Tytuł: 4-N-furfurylocytozyna i kompozycja ją zawierająca do zastosowań medycznych

Numer zgłoszenia krajowego P 447752

Data zgłoszenia: 12.02.2024

Tytuł: Sposób syntezy kwasów nukleinowych oraz oligonukleotydów

Numer zgłoszenia międzynarodowego: EP23722102.3

Data zgłoszenia: 18.10.2024

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

## Działalność wydawnicza

---

Instytut Chemii Bioorganicznej PAN posiada własny Ośrodek Wydawnictw Naukowych, który w 2024 roku prowadził działalność wydawniczą, obejmującą publikację dwóch czasopism.

### Czasopisma

Kwartalnik **BioTechnologia** wydawany jest przez Instytut Chemii Bioorganicznej PAN i Komitet Biotechnologii PAN. Redaktorem naczelnym czasopisma do 30 czerwca 2024 r. był prof. dr hab. Marek Figlerowicz, a zastępcą redaktora naczelnego – dr hab. Agata Tyczewska, prof. ICHB PAN. Obecnie redaktorem naczelnym czasopisma jest dr hab. Edyta Kościańska, a zastępcą redaktora naczelnego – dr hab. Agata Świątkowska. Jak co roku wydano 4 numery, a ich łączny nakład wyniósł 600 egz. Opublikowano 28 artykułów nie tylko z zakresu biotechnologii, ale również biologii obliczeniowej i bionanotechnologii. **BioTechnologia** wydawana jest w języku angielskim.

---

<sup>3</sup> PSD IPAN tworzą: Instytut Chemii Bioorganicznej PAN; Instytut Genetyki Roślin PAN; Instytut Genetyki Człowieka PAN; Instytut Fizyki Molekularnej PAN; Instytut Dendrologii PAN.



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 Stroiński 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/>.

## Nagrody i wyróżnienia

Nagrody krajowe i zagraniczne przyznane pracownikom ICHB PAN:

- Krzyż Oficerski Orderu Odrodzenia Polski za wybitne zasługi dla rozwoju nauk chemicznych, za osiągnięcia w pracy naukowo-badawczej oraz popularyzowanie polskiej myśli naukowej na świecie dla prof. dr hab. Zofii Gdaniec.
- Brązowy Krzyż zasługi dla prof. dr hab. Marty Szachniuk za zasługi w działalności na rzecz rozwoju nauki.
- Wybór prof. dr hab. Marka Figlerowicza do Komitetu FEBS Advanced Courses na 4-letnią kadencję 2025–2028 (nominowany przez Polskie Towarzystwo Biochemiczne).
- Nominowanie przez Radę Narodowego Centrum Nauki prof. dr hab. Anny Pasternak i prof. dr hab. Marty Olejniczak do bazy AcademiaNet (portalu internetowego prezentującego sylwetki wybitnych kobiet naukowców, wyróżniającego i promującego osiągnięcia kobiet w świecie nauki, umożliwiającego łatwiejsze odnajdywanie ekspertek w różnych dziedzinach).
- Wybór dr Katarzyny Klonowskiej na członka Akademii Młodych Uczonych PAN, kadencja 2024–2029.
- Nagroda Young Academy of Europe André Mischke Prize dla dr. hab. Jacka Ł. Kolanowskiego za działalność na rzecz polityki naukowej w kraju i za granicą.
- Stypendium habilitacyjne w ramach 24. edycji programu L'ORÉAL-UNESCO „Dla Kobiet i Nauki” przyznane (przez L'Oréal we współpracy z MNiSW, UNESCO, PAN oraz UN Global Compact Network Poland) dr Katarzynie Klonowskiej za jej wybitne osiągnięcia oraz program badawczy zatytułowany „Ultraczułe profilowanie odkrywające ukryty krajobraz mutacji napędzających nowotworzenie”.
- Nagroda finałowa w 24. Edycji Nagród Naukowych POLITYKI dla dr. Ireneusza Stolaraka.
- Nagroda Miasta Poznania za najlepszą pracę doktorską dla dr Anny Kotowskiej-Zimmer za dysertację pt. „Opracowanie allelo-selektywnej strategii terapeutycznej dla chorób

poliglutaminowych z wykorzystaniem wektorowych narzędzi technologii interferencji RNA” (promotor pracy: prof. dr hab. Marta Olejniczak).

- Nagroda XII edycji Konkursu Oddziału Polskiej Akademii Nauk w Poznaniu na najlepszą publikację badawczą, która ukazała się w 2023 roku, a jej wiodącym autorem był doktorant dr Konrad Pakuła z zespołu prof. dr. hab. Michała Jasińskiego, za pracę opublikowaną w Cellular and Molecular Life Sciences („Restriction of access to the central cavity is a major contributor to substrate selectivity in plant ABCG transporters”).
- Wyróżnienie Wydziału II Polskiej Akademii Nauk w 2024 r. za dokonanie naukowe pt.: „Badania historii genetycznej społeczeństwa państwa Piastów” dla:
  - prof. dr. hab. Marka Figlerowicza,
  - dr. Ireneusza Stolaraka,
  - mgr. inż. Michała Zeńczaka,
  - dr hab. Luizy Handschuh, prof. ICHB PAN,
  - dr inż. Małgorzaty Marcinkowskiej-Swojak,
  - mgr. Łukasza Ciecierskiego.
- Nagroda JM Rektora Politechniki Poznańskiej za wybitne osiągnięcia dydaktyczne w roku 2023 dla prof. dr hab. inż. Marty Szachniuk i dr. hab. inż. Macieja Antczaka.
- Wyróżnienie dla mgr Joanny Strzelec za referat („Rozpuszczalne Chemiczne Kotwice: Realne Remedium na Gigantyczny Popyt na Terapeutyczne Oligonukleotydy”) wygłoszony podczas II Ogólnopolskiej Konferencji Młodych Naukowców „Zagadnienia i problemy badawcze – Wyzwania Dla Młodych Naukowców”.
- Wyróżnienie w Reviewer Spotlight, RSC Chemical Science w uznaniu wyjątkowego wkładu w recenzowaniu artykułów dla Chemical Science w roku 2023 dla prof. dr hab. Anny Pasternak.
- Nagroda Max Perutz Prize 2024 (najważniejsza europejska nagroda krystalograficzna, przyznawana przez Europejskie Towarzystwo Krystalograficzne) dla prof. dr. hab. Mariusza Jaskólskiego za całokształt zaangażowania w badania krystalograficzne makrocząsteczek istotnych z medycznego punktu widzenia.
- Medal Komisji Edukacji Narodowej dla prof. dr. hab. Mariusza Jaskólskiego (przyznany w 2022 r., wręczony w 2024 r.).
- Wybór dr hab. Edyty Kościańskiej, redaktor naczelnej kwartalnika BioTechnologia, do Komitetu Biotechnologii PAN.
- Powierzenie funkcji w Komitecie Biotechnologii PAN:
  - wybór prof. dr. hab. Tomasza Twardowskiego na Honorowego Przewodniczącego Sekcji Etycznych, Prawnych i Społecznych Aspektów Biotechnologii;
  - wybór dr hab. Agnieszki Fiszera, prof. ICHB PAN na Przewodniczącą Sekcji Biotechnologii Molekularnej;
  - wybór prof. dr. hab. Macieja Figła do Sekcji Biotechnologii Medycznej;
  - powołanie prof. dr. hab. Marka Figlerowicza do nowo utworzonej Komisji ds. diagnostyki molekularnej;
  - powołanie prof. dr. hab. Marka Figlerowicza i prof. dr. hab. Tomasza Twardowskiego do nowo utworzonego Zespołu ds. historii biotechnologii w Polsce, mającego na celu zebranie i opracowanie materiałów historycznych, dokumentujących tworzenie i rozwój ośrodków naukowych, w ramach dyscypliny biotechnologia oraz przemysłu biotechnologicznego w Polsce.
- Dyplom Poznańskiego Oddziału PAN za przygotowanie warsztatu pt. „Roboty, lasery i grzyby w laboratorium” podczas XXVII edycji Poznańskiego Festiwalu Nauki i Sztuki dla: dr Doroty Jakubczyk, dr Doroty Kwiatek, dr. Grzegorza Framskiego, dr. Krzysztofa Żukowskiego, Natalii Karczewskiej, Moniki Pyc oraz Adriana Rüfli.

- Nagrody Dyrektora ICHB PAN:
  - za najlepszą pracę doktorską z 2023 r. dla dr. Caroliny Sofii Pereira Roxo (*Badania właściwości strukturalnych oraz fizykochemicznych G-kwadrupleksów potencjalnie związanych z aktywnością antyproliferacyjną*);
  - za najlepszą pracę eksperymentalną opublikowaną w roku 2023 dla dr. Ireneusza Stolarka, mgr. Michała Zeńczaka, dr. hab. Luizy Handschuh, prof. ICHB PAN, dr. Małgorzaty Marcinkowskiej-Swojak, prof. dr. hab. Marka Figlerowicza (*Genetic history of East-Central Europe in the first millennium CE*);
  - za najlepszą pracę przeglądową, która ukazała się w 2023 r. dla dr. Gopal Singh, dr. Himani Agrawal i prof. dr. hab. Pawła Bednarka (*Specialized metabolites as versatile tools in shaping plant-microbe associations*).
- Wyróżnienia Dyrektora ICHB PAN dla:
  - Iwony Gawrońskiej za 50 lat zaangażowania w życie i rozwój Instytutu Chemii Bioorganicznej PAN;
  - zespołu krystalografów pod kierunkiem dr. hab. Miłosza Ruszkowskiego, prof. ICHB PAN, dr. hab. Agnieszki Kiliszek, prof. ICHB PAN i dr. hab. Krzysztofa Brzezińskiego, prof. ICHB PAN za umiejętne połączenie nauki ze sztuką na ścianach budynku C Instytutu Chemii Bioorganicznej PAN;
  - dr. hab. Kamilli Grzywacz, prof. ICHB PAN za zorganizowanie zbiórki na rzecz 32. Finału Wielkiej Orkiestry Świątecznej Pomocy;
  - Samorządu Doktorantów ICHB PAN pod kierownictwem Rafała Nowaka oraz Zakładu Biomolekularnego NMR, reprezentowanego przez Amadeusza Wosia, za organizację zbiórki charytatywnej na rzecz schroniska dla zwierząt w Dopiewie;
  - Zakładu Biologii Medycznej pod kierunkiem dr. hab. Agnieszki Fiszer, prof. ICHB PAN za zorganizowanie zbiórki charytatywnej;
  - prof. dr. hab. Jana Barciszewskiego za organizację i entuzjastyczne prowadzenie wykładów z cyklu „Nauka na wakacjach” w Domu Pracy Twórczej PAN w Juracie;
  - dr. Jakuba Barciszewskiego za nieocenione zasługi organizacyjno-operacyjne przy przenosinach z Centrum Zaawansowanych Technologii;
  - Aleksandry Wojnowskiej-Kwity i dr. Jakuba Barciszewskiego za inicjatywę utworzenia w Instytucie Grupy Interwencyjnej w celu zapewnienia bezpieczeństwa biologicznego, chemicznego, radiologicznego i przeciwpożarowego;
  - mec. Martyny Stańczak-Naguib za wykraczające poza obowiązki zawodowe zaangażowanie w sprawy związane z dyscypliną pracy w Instytucie Chemii Bioorganicznej PAN.

## **Organizacja seminariów i konferencji naukowych**

---

### **Instytutowe Seminaria Naukowe**

Organizacja i prowadzenie: dr Paweł Zmora (program w załączniku nr 4).

### **Poznański Salon RNA**

Spotkania dyskusyjne poświęcone naukom o życiu, organizowane cyklicznie w Instytucie (9 spotkań). Organizacja i prowadzenie: dr hab. Zbigniew Warkocki, prof. ICHB PAN (program dostępny na stronie: <https://portal.ichb.pl/rna-salon-poznan> oraz w załączniku nr 5).

### **Lekarz-Pacjent-Naukowiec, współpraca w chorobach rzadkich – konferencja naukowa**

28.02.2024 r. Poznań, organizatorzy: Fundacja ICHB PAN, Instytut Chemii Bioorganicznej PAN w Poznaniu wraz z afiliowanym przy nim Poznańskim Centrum Superkomputerowo-Sieciowym, około 1000 uczestników, 14 referatów + panel dyskusyjny (program w załączniku nr 6).

## **Sekwencjonowanie NGS Trzeciej Generacji PacBio: długie odczyty – większe możliwości**

19.06.2024 (konferencja hybrydowa), organizatorzy: TKBiotech, jej partner PAC BIO (USA) oraz Instytut Chemii Bioorganicznej PAN, około 40 uczestników, 6 referatów (program w załączniku nr 7).

## **15. Tydzień Mózgu – konferencja naukowa**

11–15.03.2024 r. Poznań, organizatorzy: Polska Akademia Nauk – Oddział w Poznaniu, Instytut Chemii Bioorganicznej PAN, Instytut Genetyki Człowieka PAN w Poznaniu, około 1500 uczestników, 10 referatów (program w załączniku nr 8).

## **Nauka na Wakacjach**

04.07–22.08.2024 r. Cykl wykładów popularnonaukowych odbywających się w okresie od lipca do sierpnia 2024 r. w Juracie. Organizacja i prowadzenie: prof. dr hab. Jan Barciszewski. Z ramienia ICHB PAN wykład wygłosiła dr hab. Luiza Handschuh, prof. ICHB PAN „Nierówność społeczna w historii świata – zaskakujący obraz wyłaniający się z badań DNA”. Z ramienia afiliowanego przy Instytucie Poznańskiego Centrum Superkomputerowo-Sieciowego wykład wygłosił dr inż. Cezary Mazurek „Cyfrowe bliźniaki: nowa szansa na przyspieszenie odkryć naukowych i zrewolucjonizowanie przemysłu”, ok. 850 uczestników, 8 referatów (program w załączniku nr 9).

## **Najważniejsze osiągnięcia**

---

### **Zaproponowanie nowego modelu oddziaływań DNAzemu 8-17 z jonami metali**

DNAzemy to cząsteczki DNA zdolne do katalizowania przekształceń chemicznych, takich jak przecięcie nici RNA w ściśle zdefiniowanym punkcie sekwencji, co czyni z nich potencjalne narzędzia terapeutyczne. Niestety, niska aktywność DNAzymów w warunkach komórkowych, które ubogie są w niezbędne do ich działania dwuwartościowe jony metali  $M^{2+}$  oraz ograniczone zrozumienie mechanizmu ich aktywności, uniemożliwiają jak na razie wykorzystanie potencjału DNAzymów w terapiach. Poznanie struktur trójwymiarowych DNAzymów może stanowić klucz do przełamania tego impasu, jednak do tej pory rozwiązano struktury jedynie dwóch DNAzymów tnących RNA, a dodatkowo dla jednego z najważniejszych tego typu układów – DNAzemu 8-17 – dotychczasowe dane literaturowe sugerowały istnienie dwóch różnych struktur aktywnych, wybieranych w zależności od typu obecnego kofaktora  $M^{2+}$ . Dr Witold Andrałojć wraz z zespołem rozwiązał strukturę przestrzenną przyjmowaną przez DNAzym 8-17 w obecności jonów  $Zn^{2+}$  oraz wykazał, że wbrew wcześniejszym założeniom enzym ten ma tylko jedną strukturę aktywną, jednak istniejącą w równowadze z formami nieaktywnymi, na którą decydujący wpływ ma rodzaj obecnego kofaktora. Poznanie struktury trójwymiarowej DNAzemu 8-17 otwiera perspektywę racjonalnego projektowania doskonalszych wariantów tego układu, potencjalnie bardziej aktywnych w warunkach komórkowych.

#### **Publikacja:**

J. Wieruszewska, A. Pawłowicz, E. Połomska, K. Pasternak, Z. Gdaniec, W. Andrałojć  
The 8-17 DNAzyme can operate in a single active structure regardless of metal ion cofactor  
*Nature Communications* 2024, 15, 4218.

#### **Finansowanie:**

projekt NCN SONATA nr 2018/31/D/ST4/01467 (kierownik projektu: Witold Andrałojć)

## **Ustalenie struktury drugorzędowej retrotranspozonu Ty3 oraz jego funkcjonalna charakterystyka**

Retrotranspozony LTR to grupa endogennych ruchomych elementów genetycznych, szeroko rozpowszechnionych w genomach eukariotycznych i w znacznym stopniu przyczyniających się do ich ewolucji i funkcjonowania. Genom RNA (gRNA) retrotranspozonów, podobnie jak u wirusów, jest swoistą instrukcją, która służy jako matryca do syntezy białek, jak i kopii DNA, która może zintegrować się z genomem gospodarza. Badania pokazują, że nie tylko sekwencja genomów RNA, ale też ich struktura odgrywa ważną rolę w procesie replikacji. Zespół pod kierunkiem dr hab. Katarzyny Pachulskiej-Wieczorek zastosował strategię SHAPE-MaP do ustalenia struktury drugorzędowej całego genomu RNA retrotranspozonu Ty3 *in vivo* oraz w warunkach bezkomórkowych. Ujawniono dynamikę strukturalną gRNA Ty3 oraz obecność dobrze zwiniętego rdzenia, uformowanego niezależnie od środowiska. Na podstawie szczegółowej mapy struktury gRNA Ty3 scharakteryzowano kontekst strukturalny sekwencji regulatorowych zaangażowanych w odwrotną transkrypcję i przesunięcie ramki odczytu. Zidentyfikowano również nową sekwencję funkcjonalną służącą jako potencjalny inicjator dimeryzacji gRNA Ty3. Wykazano, że dimer jest utrzymywany przez bezpośrednią interakcję między krótkimi sekwencjami palindromicznymi na końcach 5' dwóch nici gRNA Ty3, przypominając model charakterystyczny dla innych retroelementów, takich jak HIV-1 i Ty1. Niniejsza praca wskazuje na szereg zależnych od komórek i niezależnych od nich zmian strukturalnych gRNA Ty3, które stanowią solidne tło dla badań nad związkami pomiędzy strukturą a funkcją RNA, ważnymi dla biologii retroelementów. Ilustracja obrazująca ideę pracy została wybrana na okładkę czasopisma *Nucleic Acids Research*.

### **Publikacja:**

A. Andrzejewska-Romanowska, J. Gumna, E. Tykwinska, K. Pachulska-Wieczorek  
Mapping the structural landscape of the yeast Ty3 retrotransposon RNA genome  
*Nucleic Acids Research* 2024, 52, 16, 9821–9837

### **Finansowanie:**

projekt NCN PRELUDIUM nr 2021/41/N/NZ3/04060 (kierownik projektu: Angelika Andrzejewska-Romanowska)  
projekt NCN PRELUDIUM nr 2019/35/N/NZ1/01954 (kierownik projektu: Julita Gumna)  
projekt NCN OPUS nr 2020/39/B/NZ3/03020 (kierownik projektu: Katarzyna Pachulska-Wieczorek)

## **Rozszyfrowanie struktury antysensowego RNA C9orf72 związanego z patologią stwardnienia zanikowego bocznego i otępienia czołowo-skroniowego**

Stwardnienie zanikowe boczne (ALS) oraz otępienie czołowo-skroniowe (FTD) są nieuleczalnymi i śmiertelnymi chorobami neurodegeneracyjnymi o złożonej etiologii. Jednym ze znanych czynników chorobotwórczych jest mutacja w genie C9orf72, w której sześci nukleotydowa sekwencja GGGGCC/GGCCCC (HR) ulega nadmiernemu zwielokrotnieniu. Efekt takiej patogennej mutacji na funkcjonowanie komórki jest obserwowany między innymi na poziomie RNA. Transkrypty zawierające nadmiernie powtórzoną sekwencję HR wykazują polimorfizm strukturalny i mogą przyjąć różnorodne struktury drugo- i trzeciorzędowe. Struktury te odpowiedzialne są za obniżenie poziomu białek niezbędnych do funkcjonowania komórki oraz służą jako matryca do produkcji toksycznych polipeptydów. Zespół dr hab. Agnieszki Kiliszek, we współpracy z grupą prof. Kazuhiko Nakatani z Uniwersytetu w Osace, dokonał charakterystyki strukturalnej antysensowego RNA zawierającego sekwencje powtarzającą się C4G2, związaną z patologią ALS i FTD. Wykazano, że cząsteczka RNA bogata w reszty cytozyny, ma potencjał do tworzenia struktury typu tripleks. Wyznaczono również strukturę kompleksu RNA z ligandem ANP77, w którym ANP77 oddziałuje z jednoniciowymi cytozynami, tworząc pseudokanoniczne pary nukleotydowe. Badania krystalograficzne zostały poparte danymi biochemicznymi, co pozwoliło na scharakteryzowanie badanych związków. Uzyskane wyniki mogą zostać wykorzystane w opracowywaniu

skutecznych terapii zaburzeń neurodegeneracyjnych. Zaprezentowane modele krystaliczne są rzadkimi przykładami demonstrującymi niezbadany potencjał cząsteczek RNA bogatych w reszty cytozyny, do tworzenia złożonych struktur przestrzennych.

**Publikacja:**

L. Blaszczyk, M. Ryczek, B. Das, M. Mateja-Pluta, M. Bejger, J. Sliwiak, K. Nakatani, A. Kiliszek  
Antisense RNA C9orf72 hexanucleotide repeat associated with amyotrophic lateral sclerosis and frontotemporal dementia forms a triplex-like structure and binds small synthetic ligand  
*Nucleic Acids Research* 2024, 52, 11, 6707–6717

**Współpraca:**

Uniwersytet Osaka, Japonia  
Pracownia Inżynierii Białek ICHB PAN, Pracownia NMR ICHB PAN

**Finansowanie:**

projekt NCN OPUS nr 2022/45/B/NZ7/03543 (kierownik: Agnieszka Kiliszek)  
projekt NCN SONATA BIS nr 2017/26/E/NZ1/00950 (kierownik: Agnieszka Kiliszek)

**Wyzwania związane z analizą małych pęcherzyków zewnątrzkomórkowych z wykorzystaniem metod proteomicznych**

Profilowanie proteomiczne małych pęcherzyków zewnątrzkomórkowych (sEV) z wykorzystaniem spektrometrii mas jest ważnym narzędziem do odkrywania biomarkerów różnych chorób. Jednak do tej pory nie opracowano standardów dotyczących tych analiz, co może prowadzić do generowania mało wiarygodnych wyników. Naukowcy z ICHB PAN opracowali raport, w którym szczegółowo zbadali wpływ różnych parametrów (począwszy od izolacji pęcherzyków, do analizy danych) na jakość uzyskanych informacji. Wnioski zebrane w artykule mogą w przyszłości pomóc w nieinwazyjnym poszukiwaniu białkowych biomarkerów stanów patologicznych.

**Publikacja:**

D. Fochtman, L. Marczak, M. Pietrowska, A. Wojakowska  
Challenges of MS-based small extracellular vesicles proteomics  
*Journal of Extracellular Vesicles* 2024, 13, e70020

**Współpraca:**

Instytut Onkologii im. Marii Skłodowskiej-Curie, Państwowy Instytut Badawczy, Oddział w Gliwicach

**Finansowanie:**

projekt NCN OPUS nr 2021/43/B/NZ7/02221 (kierownik projektu: Anna Wojakowska)

**Krótkie oligomery 2'-O-metylo/LNA jako wysoce selektywne inhibitory produkcji miRNA w warunkach *in vitro* oraz *in vivo***

MikroRNA (miRNA) to grupa najlepiej jak dotąd poznanych, krótkich niekodujących RNA, zaangażowanych w regulację ekspresji informacji genetycznej u roślin i zwierząt. Na podstawie podobieństwa sekwencji dojrzałych miRNA oraz ich prekursorów, miRNA klasyfikowane są w tzw. rodziny. Powszechnie uważa się, że miRNA należące do jednej rodziny oddziałują z takimi samymi transkryptami i działają wymiennie jako regulatory tych samych procesów biologicznych. Nowe dowody sugerują, że nie zawsze tak jest i nawet identyczne miRNA, powstające z różnych prekursorów, mogą pełnić odmienne funkcje w komórce. Stosowane obecnie metody nie pozwalają na odróżnianie identycznych lub bardzo podobnych miRNA, pochodzących z różnych prekursorów, co uniemożliwia badanie unikalnych funkcji tych miRNA. W publikacji przedstawiono nową strategię wykorzystującą krótkie modyfikowane oligonukleotydy do selektywnego manipulowania produkcją poszczególnych członków rodzin miRNA. Skuteczność techniki wykazano także *in vivo*.

**Publikacja:**

N. Koralewska, E. Corradi, M.C. Milewski, L. Masante, A. Szczepanska, R. Kierzek, M. Figlerowicz, M.-L. Baudet, A. Kurzynska-Kokorniak

Short 2'-O-methyl/LNA oligomers as highly-selective inhibitors of miRNA production *in vitro* and *in vivo*

*Nucleic Acids Research* 2024, 52(10), 5804–5824

**Współpraca:**

Department of Cellular, Computational and Integrative Biology – CIBIO, University of Trento, Trydent, Włochy

Zakład Biologii Molekularnej i Systemowej ICHB PAN

Zakład Chemii i Biologii Strukturalnej Kwasów Nukleinowych ICHB PAN

**Finansowanie:**

projekt NCN SONATA BIS nr 2016/22/E/NZ1/00422 (kierownik projektu: Anna Kurzyńska-Kokorniak)

projekt NCN OPUS nr 2021/41/B/NZ2/03781 (kierownik projektu: Anna Kurzyńska-Kokorniak)

G. Armenise-Harvard Foundation, the Italian Ministry for Research: MIUR SIR, RBSI144NZ4 (kierownik projektu: Marie-Laure Baudet)

**Wpływ N7-regioizomerów guanozyny, adenozyne oraz LNA-adenozyny na oddziaływania i własności termodynamiczne oraz strukturalne dupleksów RNA**

N7-regioizomery purynowych nukleotydów oddziałują z komplementarnym oligonukleotydem w odmienny sposób niż ich N9-analogi. W dupleksach RNA N7-regioizomery A, G oraz LNA-A umieszczano naprzeciw A, C, G i U. Gdy N7-regioizomer G, A oraz LNA-A znajdował się naprzeciw U lub C, obserwowano silną destabilizację trwałości termodynamicznej takiego dupleksu. Natomiast umieszczenie tych samych N7-regioizomerów naprzeciw A i G zwykle zwiększało stabilność dupleksów RNA. Dla wybranych dupleksów RNA zawierających wymienione N7-regioizomery przeprowadzono badanie strukturalne (NMR) oraz obszernie obliczenia oparte o metody dynamiki molekularnej. Te ostatnie potwierdziły, że w przypadku oddziaływań badanych N7-regioizomerów z A i G najlepiej właściwości termodynamiczne oraz strukturalne tłumaczy występowanie N7-regioizomerów G, A oraz LNA-A w niestandardowych formach tautomerycznych.

**Publikacje:**

A. Jarmolowicz, N. Dutta, W. Andralojc, J. Sarzynska, G. Framski, D. Baranowski, J. Boryski, A. Lahiri, Z. Gdaniec, E. Kierzek, R. Kierzek

The oligonucleotides containing N7-regioisomer of guanosine. Influence on thermodynamic properties and structure of RNA duplexes

*RNA*, in press., 2025, 31, 86–99

I. Yildirim, W. Andralojc, A. Taghavi, D. Baranowski, Z. Gdaniec, R. Kierzek, E. Kierzek

Experimental and computational investigations of RNA duplexes containing N7-regioisomers of adenosine and LNA-adenosine

*Nucleic Acids Research*, in press., 2025, 53,1.

**Współpraca:**

Zakład Genomiki Strukturalnej RNA ICHB PAN

Zakład Biomolekularnego NMR ICHB PAN

Department of Chemistry and Biochemistry, Florida Atlantic University, Jupiter, FL 33458 USA

University of Calcutta, 92 A.P.C. Road, Kolkata-700009, West Bengal, India

**Finansowanie:**

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

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

projekt NCN OPUS nr 2022/45/B/ST4/03586 (kierownik projektu: Ryszard Kierzek)

projekt NCN OPUS nr 2020/37/B/ST4/03182 (kierownik projektu: Witold Andrałojć)  
projekt NCN SONATA nr 2018/31/D/ST4/01467 (kierownik projektu: Witold Andrałojć)

### **Opracowanie pierwszej referencyjnej listy genów miRNA powiązanych z nowotworami**

Stworzono pierwszą kompleksową listę 165 genów miRNA związanych z nowotworami, nazwaną Cancer miRNA Census (CMC). Lista CMC została opracowana na podstawie specjalnie przygotowanego systemu punktacji, uwzględniającego różne typy dowodów funkcjonalnych i genetycznych na rolę poszczególnych miRNA w procesach nowotworowych. Lista CMC została następnie zwalidowana, m.in. przez porównania z dostępnymi danymi dotyczącymi nowotworów (publikacje i bazy danych) oraz analizy wzbogacania ścieżek i procesów biologicznych, takich jak Gene Ontology lub DisGeNET. Wszystkie etapy walidacji wykazały silny związek listy CMC z nowotworami, co potwierdza jej przydatność jako wartościowego zasobu referencyjnego do badań nad rolą miRNA w nowotworach.

#### **Publikacja:**

M. Suszynska, M. Machowska, E. Fraszczyk, M. Michalczyk, A. Philips, P. Galka-Marciniak, P. Kozłowski

CMC: Cancer miRNA Census – a list of cancer-related miRNA genes

*Nucleic Acids Res.* 2024 Feb 28;52(4):1628-1644. doi: 10.1093/nar/gkae017

#### **Współpraca:**

Pracownia Bioinformatyki, ICHB PAN

#### **Finansowanie:**

projekt NCN OPUS nr 2020/39/B/NZ5/01970 (kierownik projektu: Piotr Kozłowski)

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

projekt NCN SONATA nr 2020/39/D/NZ2/03106 (kierownik projektu: Paulina Gałka-Marciniak)

### **Dehydrogenaza glutaminianu roślin strączkowych: struktura, aktywność i badanie inhibicji**

Obiektem badań były dehydrogenazy glutaminianu roślin strączkowych (MtGDH2) z *Medicago truncatula*, kluczowe w łączeniu metabolizmu azotu i węgla. Określono parametry kinetyczne reakcji  $\text{Glu} \rightarrow 2\text{OG}$  oraz  $2\text{OG} \rightarrow \text{Glu}$  przy udziale  $\text{NAD}^+/\text{NADH}$ . Ustalono, że związki di- i trikarboksylowe pełnią funkcję inhibitorów, a 2,6-pirydynodikarboksylan (PYR) słabiej hamuje MtGDH2 niż homolog z *Arabidopsis thaliana*. Przebadano też pochodne tetrazolu i odkryto 3-(1H-tetrazol-5-yl)kwasy benzoesowy (TBA) jako inhibitor MtGDH2. Ustalono sześć struktur krystalicznych enzymu (wolnego, w kompleksie z  $\text{NAD}^+$ , intermediatem 2-amino-2-hydroksyglutaranem oraz innymi inhibitorami). Wykazano, że TBA uniemożliwia zamknięcie domeny inaczej niż pozostałe inhibitory. Wyniki badań zaprezentowanych w publikacji tworzą podstawy do rozwoju metod oraz projektowania nowych inhibitorów, pozwalających wydajniej kontrolować procesy metaboliczne w roślinach. Odkrycia te są niezwykle ważne nie tylko dla głębszego zrozumienia działania enzymów GDH w roślinach, ale mogą mieć praktyczne przełożenie, związane z potencjalnym zwiększaniem produkcji biomasy, kluczowego wyzwania stojącego przed rolnictwem w obliczu zmian klimatycznych.

#### **Publikacja:**

M. Grzechowiak, J. Sliwiak, A. Link, M. Ruszkowski

Legume-type glutamate dehydrogenase: Structure, activity, and inhibition studies

*International Journal of Biological Macromolecules* 2024, 278(P2), 134648

#### **Współpraca:**

Instytut Farmacji, Uniwersytet w Greifswald, Niemcy

#### **Finansowanie:**

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



## **Badanie interaktomu RNA-białko przy użyciu metody XRNAX i rozpoznanie nowych zmian molekularnych w mózgu z defektem mielinizacji**

W pracy opisano zmiany molekularne w oddziaływaniach RNA-białko towarzyszące patologii ośrodkowego układu nerwowego z defektem mielinizacji, które zostały zidentyfikowane w wyniku zastosowania metody XRNAX do wychwytywania i analizy interaktomu RNA-białko. Analizując oddziaływania RNA-białko w mózgu myszy szczepu dzikiego oraz w mutantach pozbawionych białka MBP i mieliny w mózgu, wykazano, że zestawy kanonicznych białek wiążących RNA, zaangażowanych w regulację alternatywnego splicingu i w tworzenie granul cytoplazmatycznych, są zaburzone na poziomie ich oddziaływań z RNA. Potwierdzono te obserwacje dla białek PCBP1 i MBNL1. Zademonstrowano, że PCBP1 tworzy liczne granule w komórkach mchu hipokampa, tj. wyspecjalizowanych komórkach nerwowych z rejonu zakrętu zębatego, w mózgu z defektem mieliny. Wykazano również, że wzór alternatywnego splicingu regulowanego przez białko MBNL1 różni się w mózgu pozbawionym mieliny oraz w zdrowym mózgu, a zmiany te są prawdopodobnie związane z zaburzeniem splicingu genu *Mbnl1*, deregulacją kolistych RNA generowanych z tego genu oraz zwiększoną akumulacją białka MBNL1 w jądrach komórkowych w mózgu mutantu *Mbp<sup>-/-</sup>*.

### **Publikacja:**

M. Sztachera, W. Wendlandt-Stanek, R.A. Serwa, L. Stanaszek, M. Smuszkiewicz, D. Wronka, M. Piwecka

Interrogation of RNA-bound proteome with XRNAX illuminates molecular alterations in the mouse brain affected with dysmyelination  
*Cell Reports* 2024 Dec 21;44(1):115095

### **Współpraca:**

Ośrodek Badań Proteomiki, Międzynarodowy Instytut Mechanizmów i Maszyn Molekularnych Polskiej Akademii Nauk, Warszawa  
Zakład Neurobiologii Naprawczej, Instytut Medycyny Doświadczalnej i Klinicznej im. Mirosława Mossakowskiego PAN, Warszawa  
Pracownia Modelowych Organizmów Ssaczych ICHB PAN

### **Finansowanie:**

projekt NCN SONATA BIS nr 2018/30/E/NZ3/00624 (kierownik projektu: Monika Piwecka)  
projekt NAWA Polskie Powroty nr PPN/PPO/2019/1/00035/U/0001 (kierownik projektu: Monika Piwecka)

## **Rola końców 3' mRNA LINE-1 w biologii tego retrotranspozonu oraz jego potencjale do retrotranspozycji**

Niemal połowa ludzkiego genomu zajmowana jest przez sekwencje DNA pochodzące od mobilnych elementów genetycznych, zwanych potocznie „skaczącymi genami”. Przykładem takich sekwencji jest retrotranspozon LINE-1, którego aktywność prowadzi nie tylko do powstawania nowych mutacji w genomie, lecz również może powodować wewnątrzkomórkową odpowiedź autoimmunologiczną, prowadząc do chronicznego zapalenia, starzenia komórkowego i procesów nowotworzenia. Zespół naukowców pod kierunkiem dr. hab. Zbigniewa Warkockiego, prof. ICHB PAN, wykazał istotną rolę niezakodowanych w genomie końców 3' mRNA LINE-1 w biologii tego retrotranspozonu oraz jego zdolności do tworzenia nowych insercji w genomie.

### **Publikacja:**

D.M. Janecki, R. Sen, N. Szostak, A. Kajdasz, M. Kordys, K. Plawgo, D. Pandakov, A. Philips, Z. Warkocki

LINE-1 mRNA 3' end dynamics shape its biology and retrotransposition potential  
*Nucleic Acids Research* 2024;52(6):3327–3345

**Współpraca:**

Pracownia Bioinformatyki ICHB PAN

**Finansowanie:**

projekt NCN OPUS nr 2019/33/B/NZ1/02260 (kierownik projektu: Zbigniew Warkocki)

projekt NCN SONATA 2017/26/D/NZ1/00887 (kierownik projektu: Zbigniew Warkocki)

## Pozostałe ważne wyniki

---

**Domena helikazy ludzkiej rybonukleazy Dicer hydrolizuje ATP i wiąże jednoniciowe kwasy nukleinowe**

K. CIECHANOWSKA, A. SZCZEPAŃSKA, K. SZPOTKOWSKI, K. WÓJCIK, A. URBANOWICZ, A. KURZYŃSKA-KOKORNIAK

W pracy skupiono się na domenie helikazy ludzkiej rybonukleazy Dicer (hDicer), enzymu kluczowego dla procesu biogenezy mikroRNA i małych interferujących RNA. Wykazano, że hDicer, dzięki domenie helikazy, hydrolizuje ATP. Jest to pierwsze doniesienie literaturowe opisujące aktywność hydrolizy ATP dla Dicer kręgowców. Do tej pory powszechnie przyjmowano, że hDicer zatraciła zdolność wiązania i hydrolizy ATP. Większość znanych białek typu Dicer bezkręgowców i roślin wykazuje aktywność ATPazową. Ponadto wykazano, że domena helikazowa hDicer wiąże jednoniciowe kwasy nukleinowe (RNA i DNA), lecz nie rozpoznaje dwuniciowych cząsteczek. Co ciekawe, domena helikazy hDicer może wpływać na strukturę cząsteczek RNA, z którymi się wiąże. Zgromadzone dane otwierają nowe ścieżki dla przyszłych badań mających na celu zdefiniowanie komórkowych aktywności hDicer, powiązanych z hydrolizą ATP. Wyniki opublikowano w *BMC Biology*.

**Opracowanie protokołu selektywnej izolacji jąder komórek Purkiniego z mysiego mózdzku i jego zastosowanie do wykrycia zmian transkrypcyjnych w szlaku sygnalizacji nukleotydów cyklicznych w SCA7**

L.C. BARTEL, M. FAKHRI, G. ADAMEK, M. TRYBUS, A. SAMELAK-CZAJKA, P. JACKOWIAK, A. FISZER, C.B. LOWE, A.R. LA SPADA, P.M. ŚWITOŃSKI

Stworzono protokół selektywnego oczyszczania jąder komórkowych Purkiniego (PC) z zamrożonego mózdzku myszy. Zastosowanie myszy SUN1-GFP lub przeciwciał przeciwko białku RanBP2, w połączeniu z cytometrią przepływową umożliwiło identyfikację i separację jąder komórkowych PC na podstawie sygnału fluorescencyjnego i rozpraszania bocznego. Potwierdzono tożsamość komórek PC poprzez badanie ekspresji genów markerowych oraz obserwowany zwiększony rozmiar jądra i niską liczbę jąderek. Zastosowanie metody do izolacji jąder PC u myszy SCA7 ujawniło zmiany transkrypcyjne w szlaku sygnalizacji nukleotydów cyklicznych, obejmujące deregulację ekspresji *Pde1c*, *Pde9a* i *Pde10a*. Wyniki opublikowano w *Cell Reports Methods*.

**Identyfikacja kluczowych szlaków transkrypcyjnych zaangażowanych w patogenezę komórek Purkiniego w ataksjach rdzeniowo-mózdkowych**

L.C. BARTEL, P.M. ŚWITOŃSKI, G. ADAMEK, F. LONGO, J. CARVALHO, L.A. DUVICK, S.I. JARRAH, H.S. MCLOUGHLIN, D.R. SCOLES, S.M. PULST, H.T. ORR, C. HULL, C.B. LOWE, A.R. LA SPADA

W ramach osiągnięcia przeprowadzono sekwencjonowanie RNA pojedynczych komórek w modelu myszy z ataksją rdzeniowo-mózdkową typu 7 (SCA7), a także w tkance pochodzącej od pacjentów SCA7. Badania te ujawniły obecność istotnych zaburzeń w procesach transkrypcyjnych w komórkach glejowych i komórkach Purkiniego (PC). Mechanizmy sprzyjają akumulacji synaps hamujących i tym samym zmieniają aktywność elektrofizjologiczną PC. Zwiększona deregulacja obserwowana w komórkach Purkiniego z podtypu Zebrin-II okazała się być

uniwersalnym fenotypem w ataksjach rdzeniowo-mózdkowych, prowadzącym do całkowitej utraty paskowania Zebrin-II, w momencie wystąpienia objawów ruchowych zarówno u myszy z SCA7, jak i u zwierząt z SCA1, SCA2 oraz SCA3. Wyniki opublikowano w *Science Translational Medicine*.

### **RNAhugs: serwer służący do elastycznego dopasowywania wielu struktur 3D RNA**

M. ŻURKOWSKI, M. ŚWIERCZ, F. WOŻNY, M. ANTCZAK, M. SZACHNIUK

Opracowano nowy i przyjazny dla użytkowników serwer obliczeniowy *RNAhugs*, umożliwiający elastyczne dopasowywanie wielu struktur 3D RNA, które mogą zauważalnie różnić się w zakresie sekwencji oraz liczby nukleotydów. Procedura dopasowywania minimalizuje odległości między odpowiadającymi sobie atomami i w rezultacie zwraca odległość w postaci wartości RMSD wyznaczonego dla odpowiadających sobie fragmentów porównywanych struktur. Znajdowane są najdłuższe, odpowiadające sobie fragmenty struktur, które udało się dopasować z dokładnością określoną przez użytkownika (tj. z RMSD nieprzekraczającym wartości progowej zdefiniowanej jako parametr wejściowy). Serwer obliczeniowy wykorzystuje dwa algorytmy heurystyczne, zaprojektowane przez nasz zespół, stosowane podczas procesu dopasowywania struktur RNA 3D – wyszukiwanie geometryczne (GEOS) i algorytm genetyczny (GENS). Działają one w dwóch trybach: zależnym od sekwencji lub niezależnym od sekwencji. Zaletą systemu jest możliwość przetwarzania plików zawierających wiele alternatywnych konformacji oraz realizacji procesu dopasowywania od 1 do 25 par struktur 3D RNA w ramach jednego zadania. System wspiera zarówno format PDB jak i PDBx/mmCIF oraz jest dostępny publicznie pod adresem: <https://rnahugs.cs.put.poznan.pl>. Wyniki opublikowano w *Nucleic Acids Research*.

### **RNAtango: analiza i porównywanie struktur 3D RNA w przestrzeni kątów torsyjnych**

M. MAĆKOWIAK, B. ADAMCZYK, M. SZACHNIUK, T. ŻÓK

*RNAtango* to nowatorski serwer obliczeniowy do badania struktur 3D RNA w przestrzeni kątów torsyjnych. W zależności od wybranego scenariusza użytkownicy mogą wyznaczyć kąty torsyjne dla cząsteczki RNA lub jej wybranego fragmentu, badać rozkład kątów torsyjnych w strukturze, porównywać szereg modeli RNA w kontekście struktury referencyjnej lub wykonywać analizę porównawczą w ramach rozpatrywanego zestawu modeli uzyskanych technikami obliczeniowymi. Procedura porównawcza stosuje metryki MCQ (miara odległościowa) i LCS-TA (miara podobieństwa) w celu oceny podobieństwa kąтового struktur RNA. W ramach porównywania wielu modeli w zbiorze, system wykorzystuje metodę k-Medoids do analizy skupień. *RNAtango* przetwarza pliki wejściowe w formatach zarówno PDB, jak i PDBx/mmCIF oraz prezentuje rezultaty zarówno w postaci tabelarycznej/tekstowej, a także w formie wizualizacji (dedykowanych map ciepła). Wyniki opublikowano w *PLoS Computational Biology*.

### **Podsumowanie danych epidemiologicznych oraz wyników sekwencjonowania genomów SARS-CoV-2 w trakcie pandemii COVID-19 w Polsce**

B. MIRSKA, M. ZEŃCZAK, K. NOWIS, I. STOLAREK, J. PODKOWIŃSKI, M. RAKOCZY, M. MARCINKOWSKA-SWOJAK, N. KORALEWSKA, P. ZMORA, E. LENARTOWICZ ONYEKAA, M. OSUCH, K. ŁASIŃSKA, J. KUCZMA-NAPIERAŁA, M. JAWORSKA, Ł. MADEJ, M. CIECHOMSKA, A. JAMSHEER, K. KUROWSKI, M. FIGLEROWICZ, L. HANDSCHUH

Analiza danych epidemiologicznych z okresu pandemii COVID-19 (lata 2020–2022) w Polsce pozwoliła na identyfikację regionalnych różnic w liczbie wykonanych testów, wykrytych zakażeń, zgonów związanych z COVID-19 oraz odsetka zaszczepionej populacji. We wschodniej i południowej części Polski (woj. podkarpackie, podlaskie, lubelskie, opolskie) odnotowano małą liczbę zachorowań, lecz wyższe wskaźniki śmiertelności związanej z COVID-19. Stwierdzono silną ujemną korelację między wskaźnikiem śmiertelności, a odsetkiem zaszczepionej populacji. W ramach współpracy z centrami diagnostycznymi w Polsce, zsekwencjonowano ponad 500 genomów SARS-CoV-2 i poddano analizie około 80 tys. sekwencji wirusa, zdeponowanych w bazie

GISAID z obszaru Polski. Rozkład wariantów SARS-CoV-2 w czasie był podobny jak w Europie. Analiza sieci haplotypów pozwoliła prześledzić szlaki transmisji wirusa i zidentyfikować potencjalne źródła zakażeń w każdej fali pandemii. Wyniki opublikowano w *Scientific Reports*.

### **Wzbogacenie katalogu długich niekodujących RNA za pomocą sekwencjonowania RNA z długimi odczytami w technologii CapTrap-CLS**

S. CARBONELL-SALA, T. PERTEGHELLA, J. LAGARDE, H. NISHIYORI, E. PALUMBO, C. ARNAN, H. TAKAHASHI, P. CARNINCI, B. USZCZYŃSKA-RATAJCZAK, R. GUIGÓ

Sekwencjonowanie RNA metodą długich odczytów (long-read RNA sequencing) jest kluczowe dla dokładnych adnotacji genomów eukariotycznych, ale wiarygodna identyfikacja pełnych transkryptów pozostaje wyzwaniem. Aby temu sprostać, opracowano CapTrap-seq – metodę przygotowania biblioteki cDNA, łączącą strategię Cap-trapping z oligo(dT) primingiem do wykrywania pełnej długości transkryptów RNA. Korzystając z platform Oxford Nanopore Technology (ONT) i PacBio, oceniono wydajność metody w porównaniu do innych protokołów RNA-seq w tkankach ludzkich i mysich. Do oceny ilościowej i zdolności CapTrap-seq, do rekonstrukcji RNA zastosowano syntetyczne RNA typu spike-in, imitujące naturalną czapkę 5'. Testy, uwzględniające dane z projektu LRGASP, wykazały, że CapTrap-seq to konkurencyjna i wszechstronna metoda przygotowania bibliotek RNA, umożliwiająca precyzyjną rekonstrukcję kompletnych sekwencji transkryptów. Wyniki opublikowano w *Nature Communications*.

### **Zbadanie struktury i aktywności enzymów HSN3 i HSN5 należących do szlaku biosyntezy histydyny u roślin**

W. WITEK, J. ŚLIWIAK, B. IMIOŁCZYK, M. RAWSKI, M. RUSZKOWSKI

Przedstawiono struktury krystaliczne izomerazy 5'-ProFAR (MtHSN3) z *Medicago truncatula*, związanej z enzymatycznie otrzymanymi ProFAR i PrFAR. Ustalono obecność kationu sodu w miejscu aktywnym, dotychczas nieopisanego w homologach bakteryjnych i grzybowych. Analiza kinetyki wykazała wyższy obrót enzymatyczny niż w przypadku form bakteryjnych, co przypisano obecności fragmentu charakterystycznego tylko dla roślinnych homologów, który wspomaga rozpoznawanie substratu/produktu. Dla HSN5 przedstawiono wysokorozdzielcze struktury krystaliczne i krio-EM białka związanego z nieaktywnym diastereoizomerem IGP oraz innymi ligandami, co umożliwiło wyznaczenie ich miejsc i sposobów wiązania. Stwierdzono, że MtHSN5 może służyć za nowy model do badań nad roślinną HSN5, wspierając projektowanie symetrycznych inhibitorów docierających do sąsiednich centrów aktywnych. Wyniki opublikowano we *Frontiers in Plant Science* oraz *Plant Physiology and Biochemistry*.

### **L-Asparaginazy Klasy 3 – struktura i mechanizm działania**

K. POKRYWKA, P. WORSZTYNOWICZ, J. ŚLIWIAK, M. GRZECHOWIAK, J.I. LOCH, M. RUSZKOWSKI, M.GILSKI, M. JASKÓLSKI

Na podstawie wysokorozdzielczej analizy krystalograficznej, połączonej z badaniami kinetycznymi, przeprowadzonymi dla serii mutantów L-asparaginazy ReAV z *Rhizobium etli*, ustalono rolę reszt budujących centrum katalityczne, w tym nukleofilową rolę Ser48, niekatalityczną rolę kationu Zn<sup>2+</sup> oraz sposób wiązania substratu L-Asn w centrum aktywnym. Wyniki opublikowano we *Frontiers in Chemistry*.

### **Subatomowa struktura kryształu krambiny**

J.C. CHEN, M. GILSKI, C. CHANG, D. BOREK, G. ROSENBAUM, A. LAVENS, Z. OTWINOWSKI, M. KUBICKI, Z. DAUTER, M. JASKÓLSKI, A. JOACHIMIAK

Na podstawie pomiaru dyfrakcji promienia synchrotronowego w temperaturze pokojowej, wyznaczono strukturę krystaliczną krambiny z rozdzielczością 0,7 Å i udokładniono ją do

wskaźnika rozbieżności  $R = 0,059$ , używając klasycznego modelu niezależnych atomów sferycznych. W kryształach określono organizację cząsteczek wody, niezależną od sztucznych warunków doświadczalnych, takich jak krioprotekcja czy witrifikacja w temperaturze ciekłego azotu. Wyniki opublikowano w *International Union of Crystallography Journals*.

### **Hamowanie aktywności bakteryjnej hydrolazy S-adenozyl-L-homocysteiny przez jony metali przejściowych**

M. GAWĘŁ, P.H. MAŁECKI, J. ŚLIWIAK, M. STĘPNIEWSKA, B. IMIOŁCZYK, J. CZYRKO-HORCZAK, D. JAKUBCZYK, Ł. MARCZAK, M.E. PŁOŃSKA-BRZEZIŃSKA, K. BRZEZIŃSKI

W pracy przedstawiono badania strukturalne i biochemiczne związane z hamowaniem aktywności bakteryjnej hydrolazy S-adenozyl-L-homocysteiny przez kationy metali przejściowych, takich jak  $Ni^{2+}$ ,  $Co^{2+}$ ,  $Cu^+$ ,  $Cu^{2+}$ ,  $Zn^{2+}$ ,  $Cd^{2+}$  i  $Hg^{2+}$ . Wyniki wykazały różne możliwe mechanizmy molekularne inaktywacji tego enzymu. W zależności od kationu, działanie hamujące polega na stabilizacji cząsteczki enzymu w zamkniętej konformacji poprzez koordynację kationu na styku głównych domen białka, tworzeniu wewnątrzcząsteczkowego wiązania disulfidowego w rejonie miejsca aktywnego lub interakcji z kofaktorem, dinukleotydem nikotynoamidoadeninowym, co w konsekwencji przerywa cykl katalityczny. Wyniki opublikowano w *Chemical Communications*.

### **Wgląd w patologię zależną od RNA w nowych mysich modelach choroby Huntingtona**

M. WOŹNA-WYSOCKA, M. JAZUREK-CIESIOŁKA, Ł. PRZYBYŁ, D. WRONKA, J.O. MISIOREK, J. SUSZYŃSKA-ZAJCZYK, G. FIGURA, A. CIESIOŁKA, P. SOBIESZCZAŃSKA, A. ZELLER, M. NIEMIRA, PAWEŁ M. ŚWITOŃSKI, A. FISZER

Wygenerowano dwa mysie modele choroby Huntingtona (HD), które posłużyły do określenia udziału mRNA huntiginy, powstającego ze zmutowanego genu *HTT*, w rozwoju choroby. Otrzymane w strategii *knock-in* mysie modele posiadały dwa różne fragmenty zmutowanego genu *HTT*: wariant nieulegający translacji (model HD/100CAG) oraz wariant ulegający translacji (model HD/100Q). Modele te poddano trwającej 21 miesięcy szczegółowej charakterystyce, z wykorzystaniem zestawu analiz behawioralnych i molekularnych. Testy behawioralne wykazały w obu modelach pewne zaburzenia lokomotoryczne i poznawcze, przy czym silniejszy fenotyp zaobserwowano dla modelu HD/100Q. Uzyskane wyniki sugerują mniejsze znaczenie RNA powstającego ze zmutowanego genu, w porównaniu do zaburzeń wywoływanych przez białko powstałe na matrycy tego RNA. Wykazano jednak istotne efekty nieprawidłowego RNA u myszy, m.in. niepokój, który jest jednym z pierwszych symptomów HD oraz deregulację ekspresji genów w prządkowiu, kluczowym regionie mózgu dla neurodegeneracji w HD. Wyniki opublikowano w *FASEB Journal*.

### **Skład białkowy rybosomów *Saccharomyces cerevisiae* odzwierciedla zmiany aktywności translacyjnej pod wpływem warunków stresowych**

P.J. PIETRAS, A. WASILEWSKA-BURCZYK, K. PEPŁOWSKA, Ł. MARCZAK, A. TYCZEWSKA, K. GRZYWACZ

Rybosomy, makrocząsteczki przeprowadzające translację, składają się z RNA i białek. rRNA tworzy rusztowanie rybosomu i kieruje etapami katalitycznymi syntezy białek, natomiast białka odgrywają rolę w składaniu podjednostek i są niezbędne do utworzenia prawidłowej struktury i funkcjonowania rybosomu. Celem badania była identyfikacja heterogeniczności białek rybosomalnych w rybosomach w odpowiedzi na 11 warunków stresowych w *Saccharomyces cerevisiae*, z użyciem technik chromatografii cieczowej/wysokorozdzielczej spektrometrii mas (LC-HRMS) i testów aktywności translacyjnej. Spośród 74 białek rybosomalnych zidentyfikowanych w badaniu, 14 białek małej podjednostki i 8 białek dużej podjednostki wykazywało statystycznie istotne różnice w ilości w rybosomach poddanych stresowi. Ponadto zaobserwowano istotne zmiany w proporcjach 7 paralogów białek rybosomalnych. Wykazano, że aktywność translacyjna rybo-

somów drożdży została zmieniona po narażeniu na promieniowanie UV, podczas głodu cukrowego i aminokwasowego, szoku termicznego, wysokiego stężenia soli oraz warunków beztlenowych. Wyniki opublikowano w *International Journal of Biological Macromolecules*.

### **Otrzymanie i charakterystyka wysokozaładowanych hybrydowych podłoży stałych do wielkoskalowej syntezy oligonukleotydów**

M.K. CHMIELEWSKI, J. BRZEZIŃSKA, S. TRZCIŃSKI, K. WALIGÓRSKI, K. KOLET, M. KLAREK, J. STRZELEC, O. KOŁACKI

Opracowano sposób syntezy kwasów nukleinowych w dużej skali na hybrydowym podłożu, na bazie matrycy CPG, o wysokim stopniu załadowania. Podłoże hybrydowe składało się ze szklanego rdzenia pokrytego wysoko aminowymi polimerami. Matrycę o trójwarstwowej budowie, zawierającą zwiększoną liczbę grup aminowych otrzymano łącząc ze sobą warstwę pierwszą z drugą wiązaniami siloksanowymi; warstwę drugą z trzecią wiązaniami  $\alpha$ -hydroksyaminowymi. Podłoże hybrydowe opracowano jako produkt dwóch następujących po sobie reakcji: pomiędzy szkłem a związkiem będącym glicydyłową pochodną trialkoksyalkiloksyasilanu oraz pomiędzy grupą oksiranową a grupą aminową funkcjonalizujących związków wieloaminowych. Do podłoża hybrydowego skutecznie przyłączono pierwszy nukleozyd w formie soli estru bursztynianowego, a następnie przeprowadzono zautomatyzowaną syntezę kwasów nukleinowych, otrzymując zwiększone ilości oraz dłuższe oligonukleotydy w porównaniu do komercyjnych podłoży. Wyniki opublikowano w *Chemistry – A European Journal*.

### **Mikrofalowo zależna 5'-fosforylacja oligonukleotydów**

D. KRYGIER, M. PRZYBYŁA, M.K. CHMIELEWSKI

Opracowano metodę fosforylacji oligonukleotydów oraz nukleozydów przy użyciu termoczułego „wyzwalacza”. Odblokowanie grupy fosforanowej przebiegało w warunkach neutralnych przy zastosowaniu podwyższonej temperatury. Do ochrony funkcji fosforanowej wykorzystano dwie identyczne termolabilne grupy ochronne, których usuwanie zachodzi z różną szybkością. Pierwsza z tych grup uwalnia się szybko, natomiast druga w kontrolowanym tempie. Opóźniona deprotekcja drugiej grupy pozwoliła na opracowanie metody oczyszczania 5'-fosforylowanych oligonukleotydów za pomocą HPLC. Promieniowanie mikrofalowe umożliwiło szybkie osiągnięcie całkowitej deprotekcji, w przeciwieństwie do konwencjonalnych metod ogrzewania. Wyniki opublikowano w *Organic Letters*.

### **Wykorzystanie techniki prądowo-napięciowej o niskiej polaryzacji do badania transportu ładunku w jednoniciowym DNA**

M. WIESNER, J. BARCISZEWSKI, A. BELTER, A. SIERAKOWSKI, A. DRZAZGA, M.K. CHMIELEWSKI

Technika prądowo-napięciowa o niskiej polaryzacji została wykorzystana do badania transportu ładunku w jednoniciowym ssDNA. Może być ona skuteczną metodą w przyszłych badaniach mających na celu oszacowanie stopnia mutacji lub uszkodzenia DNA. Wykazano, że procesy przenoszenia nośników ładunku w ssDNA mogą być precyzyjnie monitorowane przy użyciu prądów o niskiej polaryzacji. Wykorzystano ujemny opór różnicowy i model Fowlera-Nordheima do rozróżnienia mechanizmów transportu ładunku obserwowanych w urządzeniu złożonym ze złotych elektrod, do których za pomocą grup tiolowych zakotwiczone ssDNA. Możliwe było rozróżnienie procesów na dwóch złączach (Au/tiol i tiol/DNA) ze względu na ich różne charakterystyki prądowo-napięciowe. Zaobserwowano tunelowanie nośników ładunku dodatniego, które przypisano procesom utleniania i redukcji w zasadach nukleotydowych ssDNA. Wyniki sugerują, że nawet niewielkie zmiany w łańcuchach DNA mogą być wykryte przy użyciu opisanej metodologii. Wyniki opublikowano w *Scientific Reports*.

## **Charakterystyka czynników transkrypcyjnych z rodziny WRKY u bobowatych**

P. KUMAR, A. ALOK, K. KAUR, M. GAWLOWSKA, S. TIWARI, H. SINGH, W.K. SWIECICKI, P. AWASTHI

Zidentyfikowano i scharakteryzowano sekwencje genów *WRKY* w genomie grochu (*Pisum sativum*). Geny *WRKY* kodują jedną z największych rodzin czynników transkrypcyjnych u roślin i odgrywają kluczową rolę w wielu kaskadach sygnałowych i sieciach regulacyjnych, w szczególności odpowiedzialnych za reakcje obronne na stresy środowiskowe. Charakterystyczną cechą białek *WRKY* jest ich domena wiążąca DNA. Jest to region o długości około 60 reszt aminokwasowych, który zawiera wysoce konserwatywny motyw sekwencyjny WRKYGQK. W pracy połączono narzędzia bioinformatyczne i badania ekspresji genów w celu zidentyfikowania, scharakteryzowania i zrozumienia właściwości rodziny genów *WRKY* w grochu. W tym badaniu zidentyfikowano 86 genów PsWRKY w genomie grochu, skategoryzowanych w pięć grup filogenetycznych. Były one rozproszone na wszystkich siedmiu chromosomach, przy czym chromosom 5. wykazywał najwyższe wzbogacenie. Analiza synteniczna ujawniła ortologię 69 genów PsWRKY u *Arabidopsis* i *Medicago*. Analiza transkryptomu pozwoliła na identyfikację 36 genów PsWRKY o zróżnicowanej ekspresji w odpowiedzi na stres siarki, deficyt wody i ich kombinację. Wyniki opublikowano w *Plant Molecular Biology Reporter*.

## **Określenie struktury drugorzędowej sgRNA N SARS-CoV-2 i wykazanie, że cząsteczka ta może być celem dla skutecznych inhibitorów replikacji SARS-CoV-2**

A. BALIGA-GIL, M. SOSZYŃSKA-JÓŹWIĄK, A. RUSZKOWSKA, I. SZCZEŚNIAK, R. KIERZEK, M. CIECHANOWSKA, M. TRYBUS, P. JACKOWIAK, J.M. PETERSON, W.N. MOSS, E. KIERZEK

Genom wirusa SARS-CoV-2 stanowi jednoniciowe (+)RNA o wielkości ~30 kb. Cztery białka strukturalne: białko błonowe (M), białko kolca (S), białko otoczki (E) i białko nukleokapsydu (N) są kodowane przez subgenomowe RNA (sgRNA), wytwarzane podczas nieciągłej transkrypcji. Najliczniejszym sgRNA jest sgRNA N. Stosując mapowanie chemiczne odczynnikami DMS i CMCT oraz metodę SHAPE, połączone z analizą bioinformatyczną, określono strukturę drugorzędową sgRNA N, a następnie porównano z krótszym modelem bez 3'UTR i strukturą genomowego RNA N. Stwierdzono, że 3'UTR fałduje się niezależnie od innych struktur sgRNA. Ponadto sgRNA N jest wysoce ustrukturyzowany i zawiera kilka konserwatywnych motywów, które są obecne również w genomowym RNA. Na podstawie informacji o strukturze drugorzędowej sgRNA N, zsyntetyzowano szereg modyfikowanych gapmerów, siRNA i oligonukleotydów antysensowych. Nowych eukariotycznych wektorów ekspresyjnych użyto do testów tych potencjalnych inhibitorów ekspresji genu N SARS-CoV-2. Wykazano 81% redukcję translacji białka N dla najlepszych inhibitorów. Wyniki opublikowano w *Antiviral Research*.

## **Mechanizm skracania zmutowanego ciągu CAG po indukcji dwuniciowych pęknięć DNA metodą CRISPR-Cas9**

P. ŚLEDZIŃSKI, M. NOWACZYK, M.I. ŚMIEŁOWSKA, M. OLEJNICZAK

Ekspansja powtórzeń CAG jest czynnikiem sprawczym wielu dziedzicznych chorób neurodegeneracyjnych, w tym choroby Huntingtona. Jedną z testowanych strategii terapeutycznych jest skracanie zmutowanych sekwencji przy pomocy systemu CRISPR. Celem badań było scharakteryzowanie produktów naprawy dwuniciowych pęknięć DNA (DSB), indukowanych przez Cas9 w genie *HTT* w komórkach ludzkich i zidentyfikowanie czynników wpływających na powstawanie określonych typów sekwencji. Wykazano, że lokalizacja miejsca DSB i otaczająca je sekwencja wpływają na wynik naprawy DNA. DSB w obrębie powtórzeń CAG powodują ich skrócenie w ramce, w ~ 90% produktów na drodze zależnej od białek MRE11-CTIP i RAD51 oraz resekcji końców DNA. DSB zlokalizowane przed powtórzeniami CAG indukowało łączenie końców za pośrednictwem polimerazy theta, co skutkowało usunięciem całego ciągu CAG. Wykorzystując analizę proteomiczną, zidentyfikowano nowe czynniki, które mogą być zaangażowane w naprawę

sekwencji CAG. Badania te przybliżyły nas do zrozumienia złożonych mechanizmów skracania powtórzeń CAG w komórkach ludzkich. Wyniki opublikowano w *BMC Biology*.

### **Profile ekspresji piRNA i ich białek Piwi w modelu komórkowym rozwoju nerek: rola PIWIL1 w mitozie**

M. KAZIMIERCZYK, A. FEDORUK-WYSZOMIRSKA, D. GURDA-WOŹNA, E. WYSZKO, A. ŚWIĄTKOWSKA, J. WRZESIŃSKI

Białka Piwi i piRNA biorą udział w wyciszaniu transpozonów podczas rozwoju linii zarodkowej. Za pomocą mikroskopii konfokalnej zbadano lokalizację komórkową białka PIWIL1 oraz jego rolę w procesie podziału komórkowego. Stwierdzono, że obniżenie poziomu PIWIL1 za pomocą siRNA skutkowało istotnym spowolnieniem proliferacji komórek linii HEK293, HK-2 i A-498, przy jednoczesnym braku wpływu na poziom apoptozy. Analiza mikroskopowa wykazała, że PIWIL1 występuje zarówno w cytoplazmie, jak i jądrze komórkowym, a podczas mitozy lokalizuje się w obrębie wrzeciona kariokinetycznego we wszystkich jej fazach, z akumulacją w obszarze centrosomów i wzdłuż mikrotubul. Uzyskane wyniki sugerują kluczową rolę PIWIL1 w regulacji podziałów komórkowych, co może tłumaczyć zwiększoną inwazyjność i zdolność do tworzenia przerzutów w nowotworach z podwyższoną ekspresją PIWIL1. Białko to może stanowić potencjalny cel w terapii przeciwnowotworowej. Wyniki opublikowano w *European Journal of Cell Biology*.

### **Niekodujące RNA w cukrzycy typu 1 jako źródło potencjalnych biomarkerów**

L. STACHOWIAK, W. KRACZKOWSKA, A. ŚWIERCZ, P.P. JAGODZIŃSKI

Niekodujące RNA (ncRNA) uważane są za niezbędne cząsteczki regulacyjne pośredniczące w wielu procesach komórkowych. Do tej pory przeprowadzono wiele badań dotyczących roli ncRNA w nowotworach i różnych zaburzeniach metabolicznych, ale nadal brakuje badań w szczególności obejmujących długie niekodujące RNA oraz koliste RNA w zaburzeniach metabolicznych, w tym cukrzycy typu 1. W ramach osiągnięcia dokonano przeglądu i klasyfikacji udziału ncRNA jako biomarkerów rozwoju cukrzycy typu 1 oraz ich poziomu przy występowaniu konkretnych objawów chorobowych, np. retinopatii cukrzycowej, dysfunkcji nerek lub uszkodzenia śródbłonna. Przede wszystkim skupiono się na badaniach dotyczących lncRNA, jako potencjalnych biomarkerów w uszkodzeniu oka, nerek czy apoptozie komórek beta oraz podsumowano ostatnie badania dotyczące circRNA i ich potencjalnego udziału w rozwoju chorób metabolicznych i związanych z nimi powikłań. Wskazano na rolę ncRNA obecnych w płynach ustrojowych, jako potencjalnych biomarkerów chorób metabolicznych, z uwzględnieniem podziału na płeć. Przykładowo miRNA let-7 oraz miR-221 mają wyższy poziom u kobiet niż u mężczyzn z syndromem metabolicznym. Stąd wynika pilna potrzeba przeprowadzenia bardziej wnikliwych badań korelacji takich wyników z płcią, co umożliwi wcześniejszą diagnozę i opracowanie metod leczenia lub celów mających na celu zahamowanie postępu choroby. Wyniki opublikowano w *Biochemical and Biophysical Research Communications*.

### **Rola czynnika transkrypcyjnego ATML1 w formowaniu ciałek retikulum endoplazmatycznego i w morfologii komórek liści *Arabidopsis thaliana***

A. WILKENS, P. CZERNIAWSKI, P. BEDNAREK, M. LIBIK-KONIECZNY, K. YAMADA

Wykazano rolę czynnika ATML1 w tworzeniu ciałek-ER, które uczestniczą w obronie roślin z rodziny *Brassicaceae* przed roślinożercami, w liściach *Arabidopsis thaliana*. Stwierdzono, że ATML1 kontroluje dodatkowo rozmiar specyficznych komórek liści, które akumulują ciała-ER. Ponieważ ciała-ER akumulują myrozynazy (glukozydazy hydrolizujące glukozytolany) zbadano wpływ tego czynnika transkrypcyjnego na metabolizm glukozytolanów. Wyniki opublikowano w *Plant and Cell Physiology*.



### **Molekularne podstawy odporności żyta na rdzę liściową (*Puccinia recondita* f. sp. *secalis*)**

T. KRĘPSKI, A. PIASECKA, M. ŚWIĘCICKA, M. KAŃCZURZEWSKA, A. SAWIKOWSKA, M. DMOCHOWSKA-BOGUTA, M. MAKOCZY-TROJANOWSKA, M. MATUSZKIEWICZ

Międzyjednostkowa współpraca miała na celu pogłębienie naszej wiedzy na temat mechanizmów molekularnych leżących u podstaw odpowiedzi obronnej żyta (*Secale cereale* L.), w odpowiedzi na infekcję rdzą liściową (*Puccinia recondita* f. sp. *secalis*). Przeprowadzono szczegółową analizę transkryptomu z użyciem metody RNA-seq na próbkach liści żyta, pobranych zarówno z zainfekowanych, jak i niezainfekowanych roślin. Analiza transkryptomu ujawniła znaczące zmiany we wzorach ekspresji genów w odpowiedzi na infekcję liści. Zidentyfikowano łącznie 4 789 genów o zróżnicowanej ekspresji, które były związane między innymi z odpowiedzią obronną, metabolizmem wtórnym i szlakami sygnalizacji hormonalnej. Przeprowadzono kompleksową analizę metabolomiczną LC-MS. Dane metabolomiczne uzupełniły wyniki transkryptomowe, ujawniając znaczące zmiany w poziomach różnych metabolitów pierwotnych i wtórnych, takich jak aminokwasy, kwasy organiczne i związki fenolowe. Integracja danych transkryptomowych i metabolomicznych pozwoliła na stworzenie szczegółowego obrazu złożonej odpowiedzi molekularnej żyta na infekcję rdzy liściowej. W badaniu zidentyfikowano kluczowe geny regulatorowe i szlaki metaboliczne, zaangażowane w mechanizmy obronne rośliny, zapewniając cenny wgląd w podstawowe mechanizmy odporności żyta na choroby. Zidentyfikowane markery molekularne stanowią podstawę do wykorzystania w programach hodowlanych lub do opracowania ukierunkowanych interwencji, w celu zwiększenia odporności roślin na ten patogen grzybowy. Wyniki opublikowane w *BMC Plant Biology*.

### **Określenie roli oddziaływań miR-7 i kolistego RNA Cdr1as w neuroprzekazywaniu glutaminergicznym i aktywności neuronów pobudzających w korze mózgowej**

C.A. CERDA-JARA, S.J. KIM, G. THOMAS, Z. FARSI, G. ZOLOTAROV, G. DUBE, A. DETER, E. BAHRY, E. GEORGII, A. WOEHLE, M. PIWECKA, N. RAJEWSKY

Kolista RNA Cdr1as ulega wysokiej ekspresji w mózgu ssaków, zwłaszcza w neuronach pobudzających, gdzie bezpośrednio oddziałuje z miRNA miR-7, jednak rola tych interakcji w biologii komórek nerwowych pozostawała dotąd niezrozumiała. Wykorzystując pierwotne neurony korowe, wykazano, że stymulacja neuronów szybko indukuje wzrost ekspresji Cdr1as i powoduje silną stabilizację post-transkrypcyjną miR-7. Utrata Cdr1as w neuronach spowodowała zwiększenie uwalniania glutaminianu ze stymulowanych synaps, zwiększoną częstotliwość i czas trwania lokalnych impulsów neuronalnych oraz wpływała na zmiany w kilku innych parametrach aktywności sieci neuronowych. Efekty te okazały się odwracalne, co osiągnięto w rezultacie indukcji zwiększonej ekspresji miR-7. Konsekwentnie, bez ekspresji Cdr1as zmiany transkryptomowe spowodowane nadmierną ekspresją miR-7 są silniejsze i wzbogacone w ekspresję genów związanych ze szlakami wydzielania oraz neuroplastyczności. Przeprowadzone badania wskazują, że w neuronach korowych Cdr1as buforuje aktywność miR-7, który to z kolei kontroluje neurotransmisję glutaminergiczną i łączność neuronalną, ważną dla adaptacji synaptycznych. Wyniki opublikowano w *EMBO Reports*.

### **Wykorzystanie związków niskocząsteczkowych do modyfikacji macierzy zewnątrzkomórkowej**

K. CIESIELSKA, D. WAWRZYNIAK, G. DUTKIEWICZ, M. KUBICKI, W. JANKOWSKI, M. HOFFMANN, K. KAMEL, K. ROLLE, D. PLUSKOTA-KARWATKA

Celem prowadzonych badań była synteza nowych fluorowanych  $\alpha$ -aminofosfonianów, badania strukturalne otrzymanych związków, a także analiza aktywności biologicznej pod kątem oceny ich cytotoksyczności oraz inhibicji enzymu – urokinazy. W pierwszej kolejności przeprowadzono analizę farmakokinetyczną *in silico*, której celem była ocena związków jako substancji lekopodobnych. Następnie otrzymane związki przebadano *in vitro* pod kątem oceny ich cytotoksyczności

na reprezentatywnym panelu, złożonym z dziesięciu linii komórkowych ludzkich nowotworów, pochodzących z różnych narządów.  $\alpha$ -aminofosfoniary zostały również poddane testom inhibicji enzymatycznej, podczas których zbadano ich zdolność hamowania działania urokinazy. Badania inhibicji enzymatycznej wobec urokinazy prowadzono także z wykorzystaniem dokowania molekularnego. Pozwoliło to na poznanie szczegółowych zależności pomiędzy wykazywaną inhibicją a strukturą cząsteczki. Wyniki zostaną opublikowane w *European Journal of Medicinal Chemistry*.

### **Zaburzenia równowagi oksydacyjnej i reakcji zapalnych monocytów w miażdżycy związanej z przewlekłą chorobą nerek**

J. WATRAL, D. FORMANOWICZ, B. PEREK, K. KOSTKA-JEZIORNY, A. PODKOWIŃSKA, A. TYKARSKI, M. ŁUCZAK

Monocyty biorą udział w tworzeniu blaszek miażdżycowych i pośredniczą w nadprodukcji reaktywnych form tlenu (ROS), promując stan zapalny. Jednak związek między monocytami, zapaleniem i stanem oksydacyjnym w miażdżycy związanej z przewlekłą chorobą nerek (CKD), nie został do tej pory wyjaśniony. Przeprowadzone kompleksowe analizy proteomiczne oraz biochemiczne tej frakcji komórek krwi, ujawniły deregulację białek zaangażowanych w utlenianie lipidów, przeżycie komórek, syntezę i metabolizm ROS oraz reakcje zapalne. Charakterystyczne zaburzenia w proteomie monocytów zmieniały się wraz z postępem CKD. Dokładniejsze badania czynników indukujących stres oksydacyjny oraz jego wpływ na niektóre modyfikacje białek i lipidów, wykazały charakterystyczne zaburzenia równowagi oksydacyjnej w CKD, związane głównie z metabolizmem glutationu. Uzyskane wyniki potwierdzają udział odrębnych mechanizmów, leżących u podstaw przyspieszenia miażdżycy w CKD w porównaniu do miażdżycy niezwiązanej z dysfunkcją nerek. Wyniki opublikowano we *Frontiers in Molecular Biosciences*.

### **Proteomiczne i metabolomiczne sygnatury raka odbytnicy w odpowiedzi na radioterapię**

A. WOJAKOWSKA, Ł. MARCZAK, A. STRUGAŁA

W przeprowadzonych badaniach zastosowano zintegrowane podejście proteomiczne i metabolomiczne w celu identyfikacji składników molekularnych, które mogą różnicować guzy odbytnicy w zależności od odpowiedzi na przedoperacyjną radioterapię (RT). Zaproponowano panele białek i metabolitów, które mogą służyć jako solidna podstawa do opracowania biomarkerów do monitorowania i przewidywania skuteczności przedoperacyjnej RT u pacjentów z rakiem odbytnicy. Udowodniono, że zintegrowane podejście multiomiczne stanowi ważne spojrzenie na analizę globalnej odpowiedzi na leczenie raka odbytnicy, z perspektywy przeprogramowania metabolomicznego. Na podstawie charakterystycznego profilu molekularnego pacjentów ze słabą odpowiedzią na leczenie, wskazano szlaki metaboliczne, których przeprogramowanie związane jest z radioopornością guza, w tym m.in. zaburzony metabolizm glukozy, kwasów tłuszczowych, lipidów i aminokwasów (zwłaszcza glutaminy). Wyniki opublikowano we *Frontiers in Oncology*.

### **Oznaczenie poziomu przeciwciał przeciwko SARS-CoV-2 oraz odsetek osób zaszczepionych dwoma dawkami przypominającymi wśród personelu medycznego**

D. LORENT, R. NOWAK, M. GAZECKA, M. FIGLEROWICZ, L. HANDSCHUH, P. ZMORA

Dodatkowe dawki szczepionki przeciwko COVID-19 wzbudziły wiele wątpliwości, nawet wśród grup wysokiego ryzyka, takich jak pracownicy służby zdrowia. Przeanalizowano czynniki leżące u podstaw wątpliwości związanych z przyjęciem dawek przypominających szczepionki przeciwko COVID-19 oraz przeprowadzono analizę poziomu przeciwciał IgG anty-SARS-CoV-2 po szczepieniu przypominającym wśród pracowników służby zdrowia. Badanie wykazało, że 42% pracowników służby zdrowia wahało się przed przyjęciem drugiej dawki przypominającej, a 7% zgłosiło brak zamiaru zaszczepienia się dodatkowymi dawkami. Jako powody nieszczepienia uczestnicy najczęściej wskazywali brak czasu, negatywne doświadczenia z poprzednimi szczepie-

niami i odporność nabytą w wyniku wcześniejszych infekcji. Wykazano najniższe miana przeciwciał po szczepieniu wśród pracowników służby zdrowia, którzy nie otrzymali żadnej dawki przypominającej szczepionki, natomiast najwyższe miana przeciwciał prezentowali pracownicy zaszczepieni dwiema dawkami przypominającymi. Wyniki opublikowano w *Vaccines*.

### **Określenie właściwości przeciwwirusowych oraz przeciwnowotworowych koniugatów molekularnych**

P. BIEGAŃSKI, M. GAZECKA, R. NOWAK, A. GÓRSKI, N. DUTKIEWICZ, D.F. KAVANO, J. SKIBA, M. HIRSCHFELD, H. LANG, D. TRZYBIŃSKI, K. WOŹNIAK, P. ZMORA, K. KOWALSKI

Erlotynib jest ważnym lekiem przeciwko niedrobnokomórkowemu rakowi płuc, o działaniu hamującym kinazę tyrozynową receptora naskórkowego czynnika wzrostu (EGFR TK). Przeprowadzone badania pokazały, że koniugaty ferrocenyl-erlotynib są bardziej aktywne przeciwnowotworowo. Mechanizm ich działania przeciwnowotworowego obejmuje połączenie działania hamującego EGFR TK i zdolności do generowania reaktywnych form tlenu w komórkach raka płuc. Jeden z nieaktywnych przeciwnowotworowo koniugatów wykazał aktywność hamującą replikację wirusa grypy typu A (H1N1) w komórkach MDCK. Ponadto ten sam związek hamował wnikanie koronawirusa SARS-CoV-1 i -2 do ludzkich komórek gospodarza HEK293T z ekspresją ACE-2 i TMPRSS2. Wykazano, że ta aktywność przeciwkoronawirusowa wynika z blokowania aktywacji proteolitycznej białka kolca napędzanego przez ACE-2/TMPRSS2. Pytanie, czy odkryty mechanizm hamowania wnikania wirusa obejmuje bezpośrednie wiązanie koniugatu do ACE-2, czy też obejmuje dodatkowe mediatory, takie jak EGFR, pozostaje otwarte. Wyniki opublikowano w *Journal of Organometallic Chemistry* i *Organometallics*.

### **Opracowanie nowej strategii przeciwwirusowej wykorzystującej antysensowne oligonukleotydy specyficzne dla TMPRSS2 o właściwościach hamujących wnikanie nowo pojawiających się wirusów**

R. NOWAK, M. GAZECKA, M. HOFFMANN, R. KIERZEK, S. PÖHLMANN, P. ZMORA

Nowo pojawiające się wirusy, takie jak nowe wirusy grypy typu A (IAV) i koronawirus zespołu ostrej niewydolności oddechowej 2 (SARS-CoV-2), stanowią stałe zagrożenie dla zdrowia zwierząt i ludzi. Identyfikacja czynników komórek gospodarza niezbędnych do replikacji wirusa, ale zbędnych dla przeżycia komórkowego, może ujawnić nowe, atrakcyjne cele interwencji terapeutycznej. Proteolityczna aktywacja hemaglutyniny IAV (HA) i białka kolca SARS-CoV-2 (S) przez transbłonową proteazę serynową typu II (TTSP), np. TMPRSS2, jest krytyczna dla rozprzestrzeniania się wirusa i jego patogenezy. W toku badań opracowano innowacyjną, dotychczas nieopisaną strategię inhibicji wnikania wirusa do wnętrza komórki, wykorzystującą antysensowne oligonukleotydy (ASO) specyficzne dla TMPRSS2. Większość z zaprojektowanych ASO znacząco hamowało proces wnikania wirusa do komórki na drodze inhibicji translacji TMPRSS2. Dodatkowo wykazano, że zsyntezowane ASO obniżały poziom mRNA TMPRSS2, czym potwierdzono niedawno postulowany nowy mechanizm degradacji mRNA, tzw. Decay no-go. Wyniki opublikowano w *Virology*.

### **Badanie profilu mikroRNA w zapaleniu błony naczyniowej oka**

O. WAWRZYŃIAK, D. WAWRZYŃIAK, M. SMUSZKIEWICZ, P. GŁODOWICZ, A. GOTZ-WIĘCKOWSKA, K. ROLLE

W ramach pracy wykonano metaanalizę danych literaturowych w zakresie udziału mikroRNA w zapaleniach błony naczyniowej (ZBN) i młodzieńczym idiopatycznym zapaleniu stawów (MIZS). Następnie przeprowadzono badanie poziomu ekspresji wybranych miRNA w surowicy pacjentów z rozpoznaniem idiopatycznym ZBN i ZBN związanym z MIZS oraz bioinformatyczną analizę potencjalnych cząsteczek docelowych dla wybranych miRNA. Na podstawie uzyskanych wyników wysunięto wnioski o istnieniu wspólnego podłoża molekularnego u pacjentów z idiopatycznym ZBN i zapaleniem błony naczyniowej związanym z MIZS. Co istotne, wykazano zmiany

w poziomach ekspresji miRNA u pacjentów z ujemnym wywiadem reumatologicznym, niewykazujących obecności przeciwciał ANA, a także podwyższonego poziomu czynnika RF. Sugeruje to, że zmiany na poziomie molekularnym mogą wystąpić wcześniej niż zmiany w poziomie „klasycznych” markerów. Wyniki te pokazują, że niekodujące RNA mogą być potencjalnym narzędziem przyspieszającym postawienie prawidłowej diagnozy i dopasowanie leczenia do indywidualnego pacjenta. Wyniki opublikowano w *Journal of Applied Genetics*.

### **Wykorzystanie metforminy i argininy w leczeniu glejaka wielopostaciowego**

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

Najbardziej agresywny guz mózgu, glejak wielopostaciowy, pomimo kompleksowego leczenia, polegającego na całkowitej resekcji, radioterapii i chemioterapii temozolomidem, nadal jest nieuleczalny. W poszukiwaniu nowych rozwiązań terapeutycznych wykorzystano istniejące leki, które mają już ustalony profil bezpieczeństwa. Metformina jest szeroko stosowana w leczeniu cukrzycy, a arginina to lek ochronny dla układu sercowo-naczyniowego.

W badaniach obserwowano zmiany zawartości 5-metylocytozyny oraz 8-okso-deoksyguanozyny. W połączeniu z temozolomidem obie guanidyny zwiększyły metylację DNA oraz zmniejszyły zawartość 8-oxo-dG. Efekt ten wyjaśniono specyficznym oddziaływaniem grupy guanidynowej z dwunukleotydem m<sup>5</sup>CpG. Metformina i arginina działają na poziomie epigenetycznym i mogą być stosowane w leczeniu glejaków. Wyniki opublikowano w *International Journal of Molecular Sciences*.

### **Zbadanie oddziaływań pronukleotydów z modelowymi błonami fosfolipidowymi**

M. ROJEWSKA, J. ROMANOWSKA, A. KRASZEWSKI, M. SOBKOWSKI, K. PROCHASKA

Występowanie oddziaływań między cząsteczkami fosfolipidowymi a pochodnymi AZTMP zostało potwierdzone przez analizę przebiegów izoterm  $\pi$ -A i eksperymenty relaksacji dla monowarstwy fosfolipidowej w obecności pronukleotydów. Najlepsze wyniki uzyskano, gdy do cząsteczki AZTMP wprowadzono dwie grupy anilidowe. Pochodna ta wykazała dużą aktywność powierzchniową i najsilniejszą fluidyzację filmu fosfolipidowego przy niskich stężeniach, natomiast przy wyższych stężeniach utworzyła ściśle upakowany film. Wykazano, że stężenie pronukleotydów silnie wpływa na właściwości powierzchniowe filmu fosfolipidowego. Maskowanie AZTMP grupami anilidowymi wydaje się być właściwym krokiem w kierunku przygotowania bardziej efektywnych pronukleotydów. Trend zaobserwowany w tym badaniu wskazuje, że cząsteczki te prawdopodobnie będą przenikać przez błony komórkowe przy wyższych stężeniach. Są to zatem obiecujące związki do transportu leków przez modelowe błony lipidowe. Wyniki opublikowano w *Molecules*.

### **Aktualizacja najnowszych osiągnięć technik edycji genomu stosowanych u roślin oraz określenie perspektyw edycji genomu roślin**

A. RICOCH, D. ERIKSSON, D. MILADINOVIĆ, J. SWEET, K. VAN LAERE, E. WOŹNIAK-GIENTKA

W monografii omówiono najnowsze techniki edycji genomu i ich zastosowanie w odniesieniu do zbóż, roślin korzeniowych i bulwiastych, roślin oleistych, drzew owocowych i leśnych, warzyw, roślin strączkowych oraz alg, w tym kwestię odporności na stresy biotyczne i abiotyczne, poprawę jakości, produkcję leków, plonowanie oraz adaptację do zmian klimatycznych. Analizowano także regulacje obowiązujące w różnych krajach na świecie, w szczególności kwestie patentowalności oraz postrzegania przez społeczeństwo zastosowań nowych technik genomowych. Technologie edycji genomu przewyższyły początkowe oczekiwania jako narzędzie przydatne w nauce o roślinach i hodowli, szybko zyskując popularność w laboratoriach jako precyzyjna i wysoko-przepustowa metoda do ukierunkowanego doskonalenia roślin uprawnych. Jednak edycja genomu może być jedynie narzędziem uzupełniającym, a nie zastępować tradycyjne metody

hodowli roślin. Dalsze zastosowania technologii edycji genomu w doskonaleniu roślin będą w dużej mierze zależać od ram ekonomicznych i prawnych, a także od postrzegania tej technologii przez społeczeństwo. Pozytywne nastawienie do edycji genomu, zarówno w opinii publicznej, jak i wśród interesariuszy, może wspierać wdrażanie odpowiednich regulacji w różnych krajach. Opracowanie skierowano do szerokiego grona odbiorców, w tym studentów, hodowców, pracowników sektora żywności i biogospodarki oraz decydentów i twórców prawa. Monografia ukazała się pod tytułem *A roadmap for plant genome editing*, SPRINGER.

## 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 Naukowców”.

Instytut podjął w 2024 roku szereg istotnych działań mających na celu wzmocnienie wsparcia dla naukowców i doktorantów. 27 lutego 2024 r. odbyła się wizytacja ekspertów Komisji w celu weryfikacji zmian, jakie zaszły w ICHB PAN od czasu uzyskania wyróżnienia. Podczas wizyty przeprowadzono szereg rozmów z różnymi grupami pracowników Instytutu, w tym doktorantami, naukowcami, administracją oraz osobami zaangażowanymi w kwestie etyki, równości płci i przeciwdziałania mobbingowi. Komisja pozytywnie oceniła działania Instytutu, doceniając szczególnie poprawę systemu rekrutacji, wsparcie dla naukowców, politykę równości płci oraz organizację wydarzeń socjalnych. Wskazano jednak na konieczność wprowadzenia pewnych usprawnień, m.in. rozdzielenia zadań między Komitet Sterujący a Grupę Roboczą, opracowania polityki uczciwości w badaniach i otwartej nauki oraz zwiększenia nacisku na szkolenia dla naukowców. Na podstawie Zarządzenia Dyrektora ICHB PAN z dnia 17 czerwca 2024 r., powołano nowy skład Grupy Roboczej oraz utworzono Komitet Sterujący ds. HR Excellence in Research. W lutym 2024 roku Instytut dołączył do sieci Euraxess-Researchers in Motion, jako dziewiąta instytucja w Polsce. Członkostwo w tej międzynarodowej organizacji wspiera mobilność naukowców, rozwój ich kariery, ma również na celu wzmocnienie współpracy międzynarodowej i wspieranie działań podejmowanych przez instytucje w ramach strategii HR Excellence in Research.

Opracowano również nowy Plan Działań na lata 2024–2025. Regularne spotkania grupy roboczej, odbywające się średnio raz w miesiącu, pozwalają na skuteczne monitorowanie i wdrażanie zaplanowanych inicjatyw. Jednym z kluczowych osiągnięć w 2024 roku było sformalizowanie i rozwinięcie działań zespołu pod nazwą Welcome Point, który oferuje wsparcie dla obcokrajowców zatrudnionych w ICHB PAN i ich rodzin. Zespół Welcome Point zajmuje się: pomocą w uzyskaniu wiz i kart pobytu, wsparciem w formalnościach urzędowych, takich jak uzyskanie numeru PESEL, założenie konta bankowego, czy zapisanie dzieci do szkoły, pomocą w relokacji i znalezieniu zakwaterowania.

## Działalność statutowa

---

### Tematy statutowe realizowane w roku 2024

---

1. Zakład Biomolekularnego NMR  
Kierownik: dr Witold Andrałojć  
Temat: *Badania struktury i dynamiki kwasów nukleinowych metodami biomolekularnego NMR* (N)
2. Zakład Metabolomiki Funkcjonalnej Roślin  
Kierownik: prof. dr hab. Paweł Bednarek  
Temat: *Metabolity wtórne w regulacji odpowiedzi immunologicznej roślin* (M)
3. Zakład Biologii Strukturalnej Organizmów Prokariotycznych  
Kierownik: dr hab. Krzysztof Brzeziński, prof. ICHB PAN  
Temat: *Badania strukturalne makromolekuł oraz małocząsteczkowych związków bioaktywnych* (K)
4. Zakład Chemii Biopolimerów  
Kierownik: dr hab. Marcin K. Chmielewski, prof. ICHB PAN  
Temat: *Synteza i analityka modyfikowanych biopolimerów* (K)
5. Zakład Neurobiologii Molekularnej  
Kierownik: prof. dr hab. Maciej Figiel  
Temat: *Definiowanie nowych mechanizmów chorób neurodegeneracyjnych z użyciem mysich i komórkowych (iPSC) modeli chorób poliQ* (K)
6. Zakład Biologii Molekularnej i Systemowej  
Kierownik: prof. dr hab. Marek Figlerowicz  
Temat 1: *Genomika człowieka i jej wykorzystanie w badaniach biomedycznych* (K)  
Temat 2: *Badania molekularne i systemowe procesu regeneracji i wymiany komórek* (K)
7. Zakład Biotechnologii Medycznej  
Kierownik: dr hab. Agnieszka Fiszer, prof. ICHB PAN  
Temat: *Biologia RNA w chorobach neurodegeneracyjnych* (N)  
Zadanie 1: *Regulacja posttranskrypcyjna w procesach rozwojowych modelowych organizmów zwierzęcych* (K)  
Pracownia Modelowych Organizmów Bezkęgowych (dr hab. Agata Tyczewska), afiliowana przy Zakładzie Biotechnologii Medycznej
8. Zakład Biomolekularnego NMR  
Kierownik: prof. dr hab. Zofia Gdaniec  
Temat: *Analiza struktury i dynamiki kwasów nukleinowych metodami biomolekularnego NMR* (K)
9. Pracownia Chemii Medycznej  
Kierownik: dr Dorota Jakubczyk  
Temat: *Projektowanie oraz otrzymywanie związków chemicznych o potencjalnych właściwościach biologicznych* (N)
10. Zakład Fizjologii Molekularnej Roślin  
Kierownik: prof. dr hab. Michał Jasiński  
Temat: *Badania mechanizmów transportu związków niskocząsteczkowych decydujących o cechach użytkowych roślin uprawnych* (K)
11. Zakład Genomiki Strukturalnej RNA  
Kierownik: prof. dr hab. Elżbieta Kierzek  
Temat: *Uniwersalne elementy strukturalne RNA wirusów* (K)

12. Zakład Chemii i Biologii Strukturalnej Kwasów Nukleinowych  
Kierownik: prof. dr hab. Ryszard Kierzek  
Temat: *Termodynamika modyfikowanych kwasów nukleinowych* (K)
13. Zakład Badań Strukturalnych RNA  
Kierownik: dr hab. Agnieszka Kiliszek, prof. ICHB PAN  
Temat: *Badania zależności między strukturą i funkcją biomolekuł* (N)
14. Zakład Genetyki Nowotworów  
Kierownik: dr Katarzyna Klonowska  
Temat: *Analiza genomowa w celu rozpoznania patogenezы chorób człowieka o podłożu genetycznym* (N)
15. Zakład Genetyki Molekularnej  
Kierownik: prof. dr hab. Piotr Kozłowski  
Temat: *Opracowanie nowych metod, testów i strategii analiz genetycznych* (K)
16. Zakład Biochemii Rybonukleoprotein  
Kierownik: dr hab. Anna Kurzyńska-Kokorniak, prof. ICHB PAN  
Temat: *Poszukiwanie nowych układów modelowych do badania oddziaływań białko-kwas nukleinowy* (K)
17. Pracownia Testów i Obrazowania Molekularnego  
Kierownik: dr Dorota Kwiatek  
Temat: *Opracowywanie narzędzi molekularnych do pomiaru parametrów biochemicznych w modelach biologicznych* (N)  
Temat dodatkowy: *Rozwój metodologii syntezy bloków budulcowych i projektowania farmakoforów dla związków biologicznie czynnych* (N)
18. Zakład Proteomiki Biomedycznej  
Kierownik: dr hab. Magdalena Łuczak, prof. ICHB PAN  
Temat: *Optymalizacja i zastosowanie przesiewowych i celowanych metod proteomicznych w badaniach biomedycznych* (K)
19. Zakład Biologii Medycznej  
Kierownik: prof. dr hab. Mirosława Naskręt-Barciszewska  
Temat: *Wykorzystanie zmodyfikowanych nukleotydów RNA i DNA w diagnostyce medycznej i biotechnologii* (K)
20. Zakład Inżynierii Genomowej  
Kierownik: prof. dr hab. Marta Olejniczak  
Temat: *Rozwijanie technologii edycji genomów oraz metod oceny jej efektywności i specyficzności* (K)  
Zadanie 1: *Przeciwwzpalny efekt związków małocząsteczkowych w organizmach modelowych i liniach komórkowych* (K)  
Pracownia Analiz Struktur Subkomórkowych (prof. dr hab. Eliza Wyszko), afiliowana przy Zakładzie Inżynierii Genomowej
21. 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)
22. Zakład Bioinżynierii Kwasów Nukleinowych  
Kierownik: prof. dr hab. Anna Pasternak  
Temat: *Badania właściwości fizykochemicznych oraz biologicznych modyfikowanych oligonukleotydów o potencjale diagnostycznym oraz terapeutycznym* (K)

23. Zespół Automatyki i Robotyki Laboratoryjnej  
Kierownik: dr Radosław Pilarski  
Temat: *Kombinatoryczne badania przesiewowe i optymalizacja bioprocessów z wykorzystaniem systemu AGAMEDE* (K)
24. Zakład Niekodujących RNA  
Kierownik: dr Monika Piwecka  
Temat: *Regulacja ekspresji genów na poziomie niekodujących RNA w układzie nerwowym ssaków* (K)
25. Zakład Neuroonkologii Molekularnej  
Kierownik: dr hab. Katarzyna Rolle, prof. ICHB PAN  
Temat: *Rola RNA w mechanizmach inwazji komórek nowotworowych guzów mózgu* (K)  
Zadanie 1: *Immunologia w badaniach przedklinicznych* (N)  
Pracownia Modelowych Organizmów Ssaczych (dr Łukasz Przybył), afiliowana przy Zakładzie Neuroonkologii Molekularnej
26. Zakład Biologii Strukturalnej Eukariontów  
Kierownik: dr hab. Miłosz Ruszkowski, prof. ICHB PAN  
Temat: *Badania strukturalne białek i kwasów nukleinowych* (K)
27. 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)
28. Zakład Bioinformatyki Strukturalnej  
Kierownik: prof. dr hab. Marta Szachniuk  
Temat: *Modele i algorytmy w bioinformatyce strukturalnej* (K)
29. Zakład Biologii Komórek Nerwowych  
Kierownik: dr Paweł Świtoński  
Temat: *Badania mechanizmów odpowiedzialnych za selektywną dysfunkcję neuronów w chorobach neurodegeneracyjnych* (N)
30. 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)
31. Zakład Chorób Rzadkich  
Kierownik: dr hab. Marzena Wojciechowska, prof. ICHB PAN  
Temat: *Poszukiwanie nowych biomarkerów i podejść terapeutycznych w chorobach rzadkich człowieka* (M)
32. Zespół Biogospodarki i Zrównoważonego Rozwoju  
Kierownik: dr Ewa Woźniak-Gientka  
Temat: *Biogospodarka i biotechnologia – aspekty ekonomiczne, społeczne i prawne* (K)
33. Zakład Wirusologii Molekularnej  
Kierownik: dr Paweł Zmora  
Temat: *Oddziaływania pomiędzy patogenem a komórką gospodarza* (K)
34. 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 podmiotowa 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 2024 działało 11 specjalistycznych pracowni ICHB PAN: Pracownia Genomiki, Pracownia Spektrometrii Mas, Pracownia Hodowli Komórkowych i Tkankowych, Pracownia NMR, Pracownia Inżynierii Białek, Pracownia Analiz Struktur Subkomórkowych, Pracownia Modelowych Organizmów Bezkręgowych, Pracownia Modelowych Organizmów Ssaczych, Pracownia Bioinformatyki, Pracownia Analiz Pojedynczych Komórek oraz Pracownia Hodowli Roślin.

Ze środków dotacji w roku 2024, niewykorzystanych w poprzednim roku, dokonano napraw i konserwacji sprzętu za łączną kwotę około 244 tys. zł. Na zakup materiałów eksploatacyjnych (gazy, plastiki i inne materiały zużywalne) oraz odczynników niezbędnych do przeprowadzenia rutynowych testów i konserwacji aparatury wydano około 64 tys. zł. Pokryto także częściowo koszty wynagrodzeń pracowników technicznych, za łączną kwotę 358 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.

Decyzją Ministra Nauki i Szkolnictwa Wyższego z dnia 3 października 2024 r. Instytutowi Chemii Bioorganicznej PAN przyznano kolejną dotację podmiotową na finansowanie w latach 2024–2026, przeznaczoną na utrzymanie aparatury naukowo-badawczej/stanowiska badawczego pod nazwą „ECBiG – Europejskie Centrum Bioinformatyki i Genomiki”, w wysokości 11 949 240 zł.

# Opis działalności naukowej

---

## Zakład Bioinformatyki Strukturalnej

---

**Kierownik Zakładu: prof. dr hab. inż. Marta Szachniuk (1 STATUT)<sup>4</sup>**

### Skład osobowy<sup>5</sup>

Pracownicy techniczni:

dr hab. inż. Maciej Antczak (0,33 STATUT)

dr inż. Marcin Radom (0,33 STATUT)

dr Joanna Sarzyńska (1 STATUT)

dr hab. inż. Agnieszka Rybarczyk (0,33 STATUT)

Osoby afiliowane przy zakładzie:

prof. dr hab. inż. Jacek Błazewicz

dr Mariusz Popena

### Temat statutowy Zakładu

---

Modele i algorytmy w bioinformatyce strukturalnej (K)

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

#### *Cel badań*

1. Analiza statystyczna splątań w predykcjach 3D RNA.
2. Opracowanie *RNAhugs* – serwera obliczeniowego do elastycznego dopasowywania struktur 3D RNA.
3. Opracowanie *RNAango* – platformy bioinformatycznej do analizy struktur 3D RNA opartej o kąty torsyjne.
4. Przewidywanie *in silico* struktur 3D RNA w konkursach CASP16 i RNA-Puzzles.
5. Metody wspomagające projektowanie RNA.

#### *Opis zrealizowanych prac*

1. Przeprowadzono analizę statystyczną splątań elementów strukturalnych oraz węzłów topologicznych, które pojawiły się w strukturach referencyjnych oraz modelach komputerowych RNA zgłoszonych do konkursu CASP15. Porównano liczbę artefaktów i ich typów dla metod tradycyjnych oraz tych, wykorzystujących sztuczną inteligencję, rozpatrując niezależnie predykcje dla targetów prostych, średnich, trudnych oraz syntetycznych. Opracowano skrypt do wyznaczania głębokości lassa i przy jego użyciu przeanalizowano wszystkie lassa znalezione w przewidzianych modelach RNA. Wyniki badań opublikowano w *PLoS Computational Biology*.
2. Opracowano przyjazne dla użytkowników narzędzie z interfejsem sieciowym, które umożliwia elastyczne dopasowywanie dwóch lub więcej struktur 3D RNA. W silniku obliczeniowym zaimplementowano dwa algorytmy dopasowania strukturalnego. Najdłuższe zwrocane dopasowanie nie może być gorsze – w rozumieniu miary RMSD – niż wartość progowa podana przez użytkownika. System został kompleksowo przetestowany i opublikowany w *Nucleic Acids Research* (publikacja 1).
3. Opracowano serwer obliczeniowy *RNAango* pozwalający na analizę struktur 3D RNA w przestrzeni kątów torsyjnych. Funkcjonalność *RNAango* obejmuje: wyznaczanie kątów torsyjnych dla zadanej struktury RNA, badanie rozkładu kątów torsyjnych w strukturze lub jej fragmencie, porównywanie modeli RNA ze strukturą referencyjną i wyznaczanie wartości

---

<sup>4</sup> W nawiasach podano źródło finansowania pracowników.

<sup>5</sup> Stan na 31.12.2024 r.

- miary MCQ oraz LCS-TA, analiza porównawcza w obrębie zestawu predykcji 3D RNA. Narzędzie zostało kompleksowo przetestowane oraz opublikowane w *PLoS Computational Biology*.
- Przewidziano 65 modeli dla 7 sekwencji RNA w konkursie RNA-Puzzles oraz 210 modeli dla 44 sekwencji w CASP16 (w tym 65 modeli dla 14 multimerów, 20 modeli dla 4 struktur hybrydowych oraz 20 modeli dla 4 struktur RNA-ligand).
  - Opracowano i przetestowano metodę projektowania sekwencji RNA ze struktury drugorzędowej z wyborem i ewaluacją wyników na podstawie wymodelowanych komputerowo struktur 3D. Stworzono zbiory wspomagające projektowanie sekwencji RNA dla struktur zawierających pętle wielokrotne oraz pokazano ich wykorzystanie na podstawie przykładowych metod projektowania.

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

### *Research goals*

- Statistical analysis of entanglements in 3D RNA predictions.
- A development of *RNAhugs* – a computational server for flexible alignment of RNA 3D structures.
- A development of *RNAango* – a bioinformatic platform to study torsion angle-based analysis of RNA 3D structures.
- In silico* prediction of RNA 3D structures in CASP16 and RNA-Puzzles.
- Methods supporting RNA design.

### *Description of the accomplished works*

- A statistical analysis was conducted on the entanglements of structural elements and topological knots observed in reference structures and RNA computational models submitted to the CASP15 competition. The number and types of artifacts were compared between traditional methods and those utilizing AI, analyzing predictions separately for simple, medium, difficult, and synthetic targets. A script for determining lasso depth was developed, and it was used to analyze all lasso motifs identified in the predicted RNA models. The research findings were published in *PLoS Computational Biology*.
- A user-friendly web-based tool was developed to enable flexible alignment of two or more RNA 3D structures. The computational engine implements two structural alignment algorithms, ensuring that the longest returned alignment is no worse – according to the RMSD metric – than the threshold specified by the user. The system was comprehensively tested and published in *Nucleic Acids Research* (publication 1).
- The computational server *RNAango* was developed to analyze RNA 3D structures in torsional angle space. Its functionalities include determining torsional angles for a given RNA structure, analyzing the distribution of torsional angles within a structure or its fragment, comparing RNA models to a reference structure, and calculating MCQ and LCS-TA metrics, as well as comparative analysis within a set of RNA 3D predictions. The tool was extensively tested and published in *PLoS Computational Biology*.
- 65 models were predicted for 7 RNA sequences in RNA-Puzzles, and 210 models for 44 sequences in CASP16 (incl. 65 models for 14 multimers, 20 models for 4 hybrid structures, and 20 models for 4 RNA-ligand structures).
- A method for designing RNA sequences from secondary structures was developed and tested, with the selection and evaluation of results based on computationally modeled 3D structures. Datasets supporting RNA sequence design for structures containing multibranch loops were created, and their application was demonstrated using example design methods.

1. M. Zurkowski, M. Swiercz, F. Wozny, **M. Antczak, M. Szachniuk**  
RNAhugs web server for customized 3D RNA structure alignment  
*NUCLEIC ACIDS RESEARCH* 2024, 52, W348-W353
2. B.A. Gren, **M. Antczak**, T. Zok, J.I. Sulkowska, **M. Szachniuk**  
Knotted artifacts in predicted 3D RNA structures  
*PLOS COMPUTATIONAL BIOLOGY* 2024, 20, e1011959
3. M. Mackowiak, B. Adamczyk, **M. Szachniuk**, T. Zok  
RNAtango: Analysing and comparing RNA 3D structures via torsional angles  
*PLOS COMPUTATIONAL BIOLOGY* 2024, 20, e1012500
4. **M. Radom, A. Rybarczyk**, I. Piekarz, P. Formanowicz  
Algorithms for evaluation of minimal cut sets  
*JOURNAL OF BIOMEDICAL INFORMATICS* 2024, 159, 104740
5. 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* 2024, 26, 992-999
6. **A. Rybarczyk**, D. Formanowicz, P. Formanowicz  
The Role of Macrophage Dynamics in Atherosclerosis Analyzed Using a Petri Net-Based Model  
*APPLIED SCIENCES-BASEL* 2014, 14, 3219
7. J. Synak, **A. Rybarczyk**, M. Kasprzak, **J. Blazewicz**  
RNA World with Inhibitors  
*ENTROPY* 2024, 26, 1012
8. **W. Witek, W. Ragin, H.L. Tran, E. Polomska, M. Podlewski, A. Pawlowicz, A. Cioch-Binas, A. Wos, W. Andralojc, M. Szachniuk, M. Ruskowski**  
Postępy biologii strukturalnej – jak zobaczyć cząsteczki życia  
*POSTĘPY BIOCHEMII* 2024, 70, 128-138

### Prace przyjęte do druku

1. M. Antczak, **M. Szachniuk**  
Toward Increasing the Credibility of RNA Design  
*METHODS IN MOLECULAR BIOLOGY*, DOI: 10.1007/978-1-0716-4079-1\_9
2. **A. Jarmolowicz, N. Dutta, W. Andralojc, J. Sarzynska, G. Framski, D. Baranowski, J. Boryski**, A. Lahiri, **Z. Gdaniec, E. Kierzek, R. Kierzek**  
The oligonucleotides containing N7-regioisomer of guanosine. Influence on thermodynamic properties and structure of RNA duplexes  
*RNA*, DOI: 10.1261/rna.080106.124)
3. J. Badura, T. Zok, **A. Rybarczyk**  
Datasets for Benchmarking RNA Design Algorithms  
*METHODS IN MOLECULAR BIOLOGY*, DOI: 10.1007/978-1-0716-4079-1\_16
4. F. Bu, Y. Adam, R.W. Adamiak, **M. Antczak**, B.R.H. de Aquino, N.G. Badepally, R.T. Batey, E.F. Baulin, P. Boinski, M.J. Boniecki, J.M. Bujnicki, K.A. Carpenter, J. Chacon, A-J Chen, W. Chiu, P. Cordero, N.K. Das, R. Das, W.K. Dawson, F. DiMaio, F. Ding, A-C. Dock-Bregeon, N.V. Dokholyan, R.O. Dror..., **M. Popenda**, L. Popenda, ..., **J. Sarzynska**, ..., **M. Szachniuk**, ..., E. Westhof, Z. Miao  
RNA-Puzzles Round V: blind predictions of 23 RNA structures  
*NATURE METHODS*, DOI: 10.1038/s41592-024-02543-9

## Zakład Bioinżynierii Kwasów Nukleinowych

---

**Kierownik Zakładu: prof. dr hab. Anna Pasternak (0,35 STATUT/0,65 GRANTY)<sup>6</sup>**

### **Skład osobowy<sup>7</sup>**

Pracownicy naukowcy:

dr Natalia Bartyś (0,05 STATUT/0,95 GRANTY)

dr Weronika Kotkowiak (1 GRANTY)

dr inż. Jolanta Lisowiec-Wąchnicka (0,9 STATUT/0,1 GRANTY)

Pracownicy techniczni:

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

### **Temat statutowy Zakładu**

---

Badania właściwości fizykochemicznych oraz biologicznych modyfikowanych oligonukleotydów o potencjale diagnostycznym oraz terapeutycznym (K)

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

#### *Cel badań*

Badanie właściwości oligonukleotydów o potencjalnych cechach terapeutycznych

#### *Opis zrealizowanych prac*

Badania były przeprowadzane wielotorowo, w ramach kilku projektów badawczych. Pierwszy z wątków dotyczył oligonukleotydów (FTFOs) rozplatających strukturę G-kwadrupleksu w onkogenie c-myc. Nowe cząsteczki wpływały na ekspresję genu lucyferazy, kontrolowaną przez promotor genu c-myc. Niektóre z nich wykazały działanie przeciwnowotworowe, wpływając na liczbę komórek oraz ich ruchliwość. Wykazano również, że po transfekcji do komórek HeLa FTFO zmieniają naturalną ekspresję genu c-myc. Drugim tematem było określenie zmiany właściwości fizykochemicznych oraz biologicznych aptamerów o potencjale przeciwnowotworowym i/lub przeciwnowotworowym, modyfikowanych nowym rodzajem pochodnych UNA. Modyfikowane aptamery zachowywały w większości swoje właściwości przeciwnowotworowe, natomiast niektóre z nich wykazały polepszenie właściwości antyproliferacyjnych. Przeprowadzono również badania, które miały na celu przeanalizowanie mechanizmu działania przeciwnowotworowego aptameru TBA. Zaprojektowano sześć cząsteczek o tej samej długości i składzie nukleotydowym, ale różnej sekwencji i scharakteryzowano je pod kątem ich stabilności termodynamicznej, enzymatycznej, tworzenia struktur oraz działania na komórki nowotworowe. Publikacje opisujące wyniki przyjęto do druku.

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

#### *Research goals*

The studies of potentially therapeutic oligonucleotides.

#### *Description of the accomplished works*

The research was conducted in multiple parallel threads within several research projects. The first thread was focused on oligonucleotides (FTFOs) that unfold the G-quadruplex structure in the c-myc oncogene. The new molecules affected the expression of the luciferase gene, which was controlled by the c-myc gene promoter. Some of them showed anticancer activity by influencing cell numbers and mobility. It has also been demonstrated that after transfection into HeLa cells, FTFOs altered the natural expression of the c-myc gene. The second topic was based on determining the changes in physicochemical and biological properties of aptamers with potential

---

<sup>6</sup> W nawiasach podano źródło finansowania pracowników.

<sup>7</sup> Stan na 31.12.2024 r.

anticoagulant and/or anticancer activity, modified by a new type of UNA derivatives. The modified aptamers mostly retained their anticoagulant properties, while some of them exhibited enhanced antiproliferative properties. Additional studies were conducted to analyze the anticancer mechanism of action of the TBA aptamer. Six molecules with the same length and nucleotide composition but different sequences were designed and characterized in terms of their thermodynamic stability, enzymatic stability, structural formation, and effects on cancer cells. Articles describing the results have been accepted for publication.

## Publikacje

---

### Przyjęte do druku

1. **C. Roxo, A. Pasternak**  
Switching off cancer – An overview of G-quadruplex and i-motif functional role in oncogene expression  
BIOORGANIC AND MEDICINAL CHEMISTRY LETTERS, DOI: 10.1016/j.bmcl.2024.130038
2. **N. Bartys, J. Lisowiec-Wachnicka, A. Pasternak**  
Thermodynamic control of mismatch discrimination for extensive splicing regulation of PKM pre-mRNA  
RNA, DOI: 10.1261/rna.080212.124

### Projekty realizowane w Zakładzie w 2024 r.

---

1. Oligonukleotydy tworzące trypleksy jako nowe narzędzia do rozplatania struktury G-kwadru-pleksu 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*
4. Termodynamiczna identyfikacja oraz charakterystyka struktur G-kwadrupeksu obecnych w pre-mRNA protoonkogenu RON; (MINIATURA)  
*Kierownik projektu: dr Natalia Bartyś*

## Zakład Biologii Molekularnej i Systemowej

---

**Kierownik Zakładu: prof. dr hab. Marek Figlerowicz (0,15 STATUT/0,85 GRANTY)<sup>8</sup>**

### Skład osobowy<sup>9</sup>

Pracownicy naukowci:

- dr hab. Zbigniew Warkocki, prof. ICHB PAN (0,7 STATUT/0,3 GRANTY)
- dr Lucyna Budźko (0,15 STATUT/0,85 GRANTY)
- dr Ireneusz Stolarek (0,01 STATUT/0,99 GRANTY)
- dr Mikołaj Zaborowski (0,7 GRANTY)
- dr Marcin Jukiewicz (0,2 GRANTY)
- mgr Łukasz Ciecierski (1 GRANTY)

---

<sup>8</sup> W nawiasach podano źródło finansowania pracowników.

<sup>9</sup> Stan na 31.12.2024 r.

Pracownicy techniczni:

mgr Marcin Osuch (0,7 STATUT/0,3 GRANTY)  
mgr Jarosław Sikora (1 GRANTY)  
mgr Joanna Delimata-Raczek (1 GRANTY)  
lic. Katarzyna Zielezińska (1 GRANTY)

Doktoranci:

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

### **Pracownia Analiz Pojedynczych Komórek**

Kierownik: dr hab. Paulina Jackowiak, prof. ICHB PAN (0,15 STATUT/0,85 GRANTY)

Pracownicy naukowci:

dr Anna Samelak-Czajka (0,5 STATUT/0,5 GRANTY)

Pracownicy techniczni:

dr inż. Małgorzata Marszałek-Zeńczak (0,5 GRANTY)  
mgr Magdalena Trybus (0,5 STATUT/0,5 GRANTY)

Doktoranci:

mgr Annasha Dutta (stypendium NCN)  
mgr inż. Jakub Kubiś (1 GRANTY)  
mgr Anastasiia Zaremba (1 STATUT)

### **Pracownia Genomiki**

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

Pracownicy naukowci:

dr Małgorzata Marcinkowska-Swojak (0,1 STATUT/0,9 GRANTY)

Pracownicy techniczni:

dr Jan Podkowiński (1 STATUT)  
dr Paweł Wojciechowski (0,5 STATUT)  
mgr Sylwia Nawrocka (0,5 STATUT/0,5 GRANTY)  
mgr Magdalena Rakoczy (0,1 STATUT/0,9 GRANTY)  
mgr inż. Michał Zeńczak (0,5 GRANTY)

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

Kierownik: dr Natalia Koralewska (0,15 STATUT/0,85 GRANTY)

Pracownicy naukowci:

dr Mariia Dekaliuk (1 STATUT)  
dr Jarosław Lewandowski (0,8 STATUT/0,2 GRANTY)

Pracownicy techniczni:

dr Marta Wojnicka (1 STATUT)  
mgr Aleksandra Błaszczak (0,3 STATUT/0,7 GRANTY)  
mgr inż. Sylwia Biernacka-Nowak (0,5 STATUT)  
Magdalena Puszczuk (1 STATUT)

## **Tematy statutowe Zakładu**

---

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

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

*Cel badań*

Wykorzystanie genomicznych podejść systemowych do identyfikacji patomechanizmów chorób człowieka.

Zastosowanie podejść molekularnych i systemowych w poznawaniu mechanizmów regeneracji.

### *Opis zrealizowanych prac*

Zidentyfikowano niekodujące RNA zaangażowane w proces regeneracji u *S. mediterranea*, a następnie przeprowadzono analizę funkcjonalną wybranych cząsteczek (Pracownia Analiz Pojedynczych Komórek).

Podsumowano dane epidemiologiczne oraz genomiczne dotyczące wirusa SARS-CoV-2 występującego w Polsce podczas pandemii COVID-19. Odkryto istotne różnice regionalne w liczbie wykonanych testów, liczbie wykrytych zakażeń, liczbie zgonów związanych z COVID-19 i odsetka zaszczepionej populacji. Wyniki opublikowano w Scientific Reports (Pracownia Genomiki, Pracownia Hodowli Komórkowych i Tkankowych, Zakład Biologii Molekularnej i Systemowej).

Opracowano metodę identyfikacji komórek nowotworowych w płynie otrzewnowym u pacjentek z rakiem jajnika. Czułość i swoistość metody bazującej na głębokim uczeniu osiągnęła poziom 97% (Zakład Biologii Molekularnej i Systemowej, Pracownia Analiz Pojedynczych Komórek).

W pęcherzykach zewnątrzkomórkowych płynu otrzewnowego zidentyfikowano RNA pochodzące z komórek raka jajnika (Zakład Biologii Molekularnej i Systemowej, Pracownia Genomiki, Pracownia Analiz Pojedynczych Komórek).

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

### *Research goals*

Application of genomic systems approaches to identify pathomechanisms of human diseases. Using molecular and systems approaches to elucidate mechanisms of regeneration.

### *Description of the accomplished works*

Non-coding RNAs involved in the regeneration process in *S. mediterranea* were identified, and functional analyses of selected molecules were performed (Laboratory of Single Cell Analysis).

Epidemiological and genomic data on the SARS-CoV-2 virus occurrence in Poland during the COVID-19 pandemic were summarized. Significant regional differences were found in the number of performed tests, the number of detected infections, the number of COVID-19-related deaths and the percentage of the vaccinated population. The results were published in Scientific Reports (Laboratory of Genomics, Laboratory of Cell and Tissue Culture, Department of Molecular and Systems Biology).

A deep learning-based method for identifying cancer cells in the peritoneal fluid of patients with ovarian cancer was developed. The sensitivity and specificity of the method reached 97% (Department of Molecular and Systems Biology, Laboratory of Single Cell Analysis).

RNAs derived from ovarian cancer cells were identified in the extracellular vesicles of peritoneal fluid (Department of Molecular and Systems Biology, Laboratory of Genomics, Laboratory of Single Cell Analysis).

## **Publikacje**

---

1. K. Zimmer, A.M. Chmielewska, **P. Jackowiak**, **M. Figlerowicz**, K. Bienkowska-Szewczyk  
Alterations in N-glycosylation of HCV E2 Protein in Children. Patients with IFN-RBV Therapy Failure  
*PATHOGENS* 2024, 13, 256
2. A.M. Majewska, M.A. Dietrich, **L. Budzko**, M. Adamek, **M. Figlerowicz**, A. Ciereszko  
Secreted novel AID/APOBEC-like deaminase 1 (SNAD1) – a new important player in fish immunology  
*FRONTIERS IN IMMUNOLOGY* 2024, 15, 1340273
3. **D. Lorent**, **R. Nowak**, M. Figlerowicz, **L. Handschuh**, **P. Zmora**  
Anti-SARS-CoV-2 Antibodies Level and COVID-19 Vaccine Boosters among Healthcare Workers with the Highest SARS-CoV-2 Infection Risk-Follow Up Study  
*VACCINES* 2024, 12, 475



4. **N. Koralewska, E. Corradi, M.C. Milewski, L. Masante, A. Szczepanska, R. Kierzek, M. Figlerowicz, M-L. Baudet, A. Kurzynska-Kokorniak**  
Short 2'-O-methyl/LNA oligomers as highly-selective inhibitors of miRNA production *in vitro* and *in vivo*  
*NUCLEIC ACIDS RESEARCH* 2024, 52, 5804-5924
5. **B. Mirska, M. Zenczak, K. Nowis, I. Stolarek, J. Podkowinski, M. Rakoczy, M. Marcinkowska-Swojak, N. Koralewska, P. Zmora, E. Lenartowicz Onyeka, M. Osuch, K. Lasinska, J. Kuczma-Napierala, M. Jaworska, L. Madej, M. Ciechomska, A. Jamsheer, K. Kurowski, M. Figlerowicz, L. Handschuh**  
The landscape of the COVID-19 pandemic in Poland emerging from epidemiological and genomic data  
*SCIENTIFIC REPORTS* 2024, 14, 14416
6. **D.M. Janecki, R. Sen, N. Szostak, A. Kajdasz, M. Kordys, K. Plawgo, D. Pandakov, A. Philips, Z. Warkocki**  
LINE-1 mRNA 3' end dynamics shape its biology and retrotransposition potential  
*NUCLEIC ACIDS RESEARCH* 2024, 52, 3327-3345
7. **M. Dekaliuk, Z. Farka, N. Hildebrandt**  
The pros and cons of nucleic acid-amplified immunoassays – a comparative study on the quantitation of prostate-specific antigen with and without rolling circle amplification  
*ANALYTICAL AND BIOANALYTICAL CHEMISTRY* 2024, 416, 7285-7294
8. **N. Szostak, L. Handschuh, A. Samelak-Czajka, K. Tomela, B. Pietrzak, M. Schmidt, L. Galus, J. Mackiewicz, P. Kozlowski, A. Mackiewicz, A. Philips**  
Gut Mycobiota Dysbiosis is Associated with Melanoma and Response to Anti-PD-1 Therapy  
*CANCER IMMUNOLOGY RESEARCH* 2024, 12, 427-439
9. **M. Marcinkowska-Swojak, M. Rakoczy, J. Podkowinski, J. Handschuh, P. Wojciechowski, L. Handschuh**  
Od Sangera do sekwencjonowania genomów – przegląd technologii sekwencjonowania DNA  
*POSTĘPY BIOCHEMII* 2024, 70, 173-189
10. **P. Wojciechowski, M. Kasprzak**  
Assignment of Tasks to Machines Under Data Replication with a Tie to Steiner Systems  
*INTERNATIONAL JOURNAL OF APPLIED MATHEMATICS AND COMPUTER SCIENCE* 2024, 34, 263-275
11. **A.A. Mieloch, A.M. Mleczko, A. Samelak-Czajka, P. Jackowiak, J.D. Rybka**  
Biomimetic virus-like particles with magnetic core. From bioactivity to an immunodiagnostic tool  
*CHEMICAL ENGINEERING JOURNAL* 2024, 485, 149714
12. **A. Baliga-Gil, M. Soszynska-Jozwiak, A. Ruszkowska, I. Szczesniak, R. Kierzek, M. Ciechanowska, M. Trybus, P. Jackowiak, J.M. Peterson, W.N. Moss, E. Kierzek**  
Targeting sgRNA N secondary structure as a way of inhibiting SARS-CoV-2 replication  
*ANTIVIRAL RESEARCH* 2024, 228, 105946
13. **L.C. Bartelt, M. Fakhri, G. Adamek, M. Trybus, A. Samelak-Czajka, P. Jackowiak, A. Fiszer, C.B. Lowe, A.R. La Spada, P.M. Switonski**  
Antibody-assisted selective isolation of Purkinje cell nuclei from mouse cerebellar tissue  
*CELL REPORTS METHODS* 2024, 4, 100816
14. **A. Samelak-Czajka, M. Marszalek-Zenczak, P. Jackowiak**  
Sekwencjonowanie transkryptomu pojedynczych komórek: droga do odkrywania bioróżnorodności komórkowej  
*POSTĘPY BIOCHEMII* 2024, 70, 190-203
15. **L. Handschuh, M. Figlerowicz, A. Konrad, E. Koscianska**  
Historia Instytutu Chemii Bioorganicznej Polskiej Akademii Nauk w Poznaniu  
*POSTĘPY BIOCHEMII* 2024, 70, 122-127

16. **L. Handschuh, M. Marcinkowska-Swojak, I. Stolarek, H. Kocka-Krenz, A. Michalowski, M. Figlerowicz**  
W poszukiwaniu prawdy o wędrownikach Gotów  
[w:] KULTURA WIELBARSKA. Procesy przemian i kontakty zewnętrzne (red. A. Michalowski, M. Piotrowska, M. Oledzki)  
*WYDAWNICTWO NAUKA I INNOWACJE* 2024, 2, 368-387
17. **L. Handschuh, I. Stolarek, M. Zenczak, M. Marcinkowska-Swojak, M. Figlerowicz**  
Pokolenie 966 oczami archeogenetyki  
[w:] Przekrój Poznania. Katalog wystawy stałej Rezerwatu Archeologicznego Genius loci (red. A. Stempin)  
*MUZEUM ARCHEOLOGICZNE W POZNANIU* 2024, 66-74
18. **M. Figlerowicz**  
Czy chaos musi być cechą charakterystyczną każdej reformy systemu nauki w Polsce?  
*NAUKA* 2024, 3, 7-24
19. **M. Marcinkowska-Swojak, I. Stolarek, L. Handschuh, M. Figlerowicz**  
Społeczeństwo państwa Piastów – historia zapisana w DNA  
*W SIECI HISTORII* 2024, 1-2, 28

#### Prace przyjęte do druku

- B. Mnich, K. Szostek, O. Nowak, J. Rodzinska-Nowak, M.M. Przybyła, **M. Marcinkowska-Swojak**, M. Nowak  
One place, many worlds – nutrition strategies of human groups inhabiting the site 3 in Miechów (southern Poland) since the Neolithic until the Iron Age  
*PRAEHISTORISCHE ZEITSCHRIFT*, DOI: 10.1515/pz-2024-2030

#### Projekty realizowane w Zakładzie i Pracowniach w 2024 r.

1. Technologia ukierunkowanej analizy pojedynczych komórek na potrzeby diagnostyki nowotworów – wstęp do rozwoju komórkowej medycyny interceptywnej; (WIB)  
*Kierownik projektu: prof. dr hab. Marek Figlerowicz*
2. 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*
3. Genome of Europe; 101168231  
Zadania ICHB PAN: WP5 – Data collection – projekt realizowany w konsorcjum (lider – Erasmus Universitair Medisch Centrum Rotterdam; (Erasmus MC)  
*Kierownik zadania z ramienia ICHB PAN: dr hab. Luiza Handschuh, prof. ICHB PAN*
4. Algorytm do personalizacji leczenia raka jajnika na podstawie przestrzennego modelu transkryptomycznego tkanki guza o rozdzielczości jednokomórkowej; (FENG – FIRST TEAM)  
*Kierownik projektu: dr Mikołaj Zaborowski*
5. U zarania państwowości środkowoeuropejskich na przykładzie Czech i Polski. Dynastie – elity – społeczeństwa (koniec IX–XI wiek); (OPUS + LAP)  
*Kierownik projektu: prof. dr hab. Marek Figlerowicz*
6. 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*
7. Określenie roli końców 5' i 3' mRNA LINE-1 w biologii tego retrotranspozonu; (OPUS)  
*Kierownik projektu: dr hab. Zbigniew Warkocki, prof. ICHB PAN*

8. Platforma obliczeniowa do optymalizacji ścieżek rozwojowych komórek w celu uzyskania populacji jednorodnych; (LIDER)

*Kierownik projektu: dr Ireneusz Stolarek*

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

*Kierownik projektu: dr Mariia Dekaliuk*

10. Psychedeliki 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*

11. Charakterystyka fenotypu organoidów serca uzyskanych z materiału pobranego od pacjentów jako modelu arytmogenicznej kardiomiopatii prawej komory serca; (MINIATURA)

*Kierownik projektu: dr Jarosław Lewandowski*

12. Międzynarodowa konferencja „Understand and describe life” – 35-lecie istnienia Instytutu Chemii Bioorganicznej PAN”; (DOSKONAŁA NAUKA)

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

## Zakład Chemii Komponentów Kwasów Nukleinowych

**Kierownik Zakładu: dr hab. Michał Sobkowski, prof. ICHB PAN (1 STATUT)<sup>10</sup>**

### Skład osobowy<sup>11</sup>

Pracownicy naukowci:

dr Joanna Romanowska (1 STATUT)

Osoby afiliowane przy zakładzie:

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)

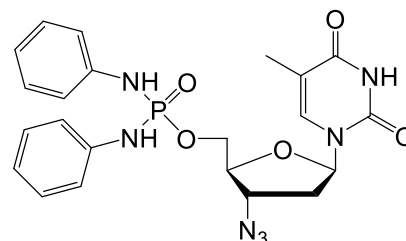
### Opis prowadzonej działalności naukowej finansowanej z subwencji i projektów

#### *Cel badań*

Poszukiwanie nowych pochodnych nukleotydów jako potencjalnych proleków.

#### *Opis zrealizowanych prac*

Otrzymano kilka analogów nukleotydów zawierających O-acylowaną monoestrową grupę tiofosforanową. Stwierdzono, że pochodne zawierające acylową grupę aromatyczną lub grupę stanowiącą dużą zawadę steryczną są trwałe. Zostały one zbadane jako potencjalne leki przeciwnowotworowe. Natomiast pochodne z niewielką grupą alkilową możliwe były do otrzymania, jednak rozpadały się one podczas oczyszczania. Publikacja w przygotowaniu.



<sup>10</sup> W nawiasach podano źródło finansowania pracowników.

<sup>11</sup> Stan na 31.12.2024 r.

Badania dotyczące oddziaływań analogów nukleotydów z błonami biologicznymi (współpraca z grupą prof. K. Prochaski, Wydział Technologii Chemicznej<sup>12</sup>) zostały zakończone publikacją w czasopiśmie *Molecules*. Najsilniejsze interakcje stwierdzono dla pochodnej AZT zawierającej w pozycji 5' ugrupowanie dianilidofosforanowe.

Nawiązana została współpraca z Dr. Cosimo Ducanim (firma Moligo, Szwecja), w zakresie syntezy i badania 5'-( $\alpha$ -P-tio)-trifosforanów deoksynukleozydów. Badania są w fazie wstępnej.

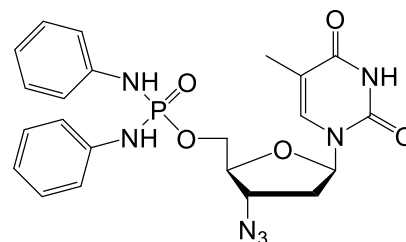
## The description of research activity funded by the statutory subsidy and grants

### Research goals

Search for new nucleotide derivatives as potential prodrugs

### Description of the accomplished works

Several nucleotide analogues containing an O-acylated mono-ester phosphorothioate group were obtained. Derivatives containing an aromatic acyl group or a group that constitutes a large steric hindrance were found to be stable. They were studied as potential anticancer drugs. Derivatives with a small alkyl group could be obtained, but they decomposed during purification. Publication is in preparation.



Studies on the interactions of nucleotide analogues with biological membranes (cooperation with prof. K. Prochaska group, Faculty of Chemical Technology<sup>13</sup>) were completed with a publication in the *Molecules* journal. The strongest interactions were found for the AZT derivative containing a phosphorodanilidate group in the 5' position.

Collaboration with Dr. Cosimo Ducani (Moligo, Sweden) on the synthesis and studies of deoxynucleoside  $\alpha$ -thio triphosphates has been started. This research is in the preliminary phase.

## Publikacje

1. **J. Golebiewska, M. Sobkowski, J. Stawinski**  
Synthesis of Nucleoside Selenophosphoramidates via H-Phosponate Intermediates  
*JOURNAL OF ORGANIC CHEMISTRY* 2024, 89, 12032-12043
2. **M. Rojewska, J. Romanowska, A. Kraszewski, M. Sobkowski, K. Prochaska**  
The Interactions of Anti-HIV Pronucleotides with a Model Phospholipid Membrane  
*MOLECULES* 2024, 29, 5787

## Zakład Fizjologii Molekularnej Roślin

**Kierownik Zakładu: prof. dr hab. Michał Jasiński (0,45 STATUT/0,55 GRANTY)<sup>14</sup>**

### Skład osobowy<sup>15</sup>

Pracownicy naukowci:

- dr Joanna Banasiak (1 GRANTY)
- dr Wanda Biała-Leonhard (1 GRANTY)
- dr Sara Blicharz (1 GRANTY)

Doktoranci:

- mgr Krishnapriya Anirudhan (stypendium NCN)
- mgr Maciej Nowak (stypendium NCN)

<sup>12</sup> Politechnika Poznańska.

<sup>13</sup> Poznań University of Technology.

<sup>14</sup> W nawiasach podano źródło finansowania pracowników.

<sup>15</sup> Stan na 31.12.2024 r.

**Pracownia Hodowli Roślin** (*pracownia powołana 01.06.2024 r.*)

Kierownik: dr Aleksandra Paweła (0,45 STATUT/0,55 GRANTY)

Pracownicy naukowcy:

dr Mariola Piślewska-Bednarek (1 STATUT)

Pracownicy techniczni:

dr Paweł Stróżycki (0,5 STATUT)

Hanna Glapiak (0,25 STATUT)

## **Temat statutowy Zakładu**

---

Badania mechanizmów transportu związków niskocząsteczkowych decydujących o cechach użytkowych roślin uprawnych (K)

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

#### *Cel badań*

Celem badań było poznanie mechanizmów molekularnych warunkujących cechy użytkowe roślin bobowatych, takie jak: odporność na stres biotyczny czy kontrola spoczynku nasion. Badano m.in. zależność pomiędzy transportem błonowym bioaktywnych flawonoidów, a odpowiedzią na stres biotyczny, a także wpływ białek regulatorowych na uśpienie nasion.

#### *Opis zrealizowanych prac*

Opracowano efektywną metodę edycji wielu genów jednocześnie z wykorzystaniem CRISPR/Cas9 w roślinach bobowatych, takich jak lucerna. Dzięki temu wykazano m.in. zależność pomiędzy dwoma transporterami ABC lucerny w dystrybucji prekursorów ze szlaku biosyntezy fitoaleksyny jaką jest medicarpina. Pokazano ich selektywność względem endogennych molekuł oraz jej znaczenie dla biologii lucerny.

Zidentyfikowano oraz wstępnie scharakteryzowano czynniki transkrypcyjne oraz białka regulatorowe modyfikujące aktywność czynników transkrypcyjnych, w tym białko MFT z lucerny. Uzyskane wyniki wskazują na odmienny sposób regulacji hamowania kiełkowania nasion uwolnionych z uśpienia w zależności od typu czynnika stresowego, w tym znaczącą rolę MFT w przypadku stresu wysokiej temperatury.

Uzyskane wyniki stanowią ważny wkład w zrozumienie mechanizmów molekularnych warunkujących odpowiedź bobowatych na zmienne warunki środowiskowe (niedobór makroelementów, temperatura, zasolenie) i zostaną opublikowane w kolejnym roku. Pozwalają one na rozwój nowych płaszczyzn badawczych, ze szczególnym uwzględnieniem charakteryzowanych genów jako markerów molekularnych istotnych dla zrównoważonego rolnictwa.

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

#### *Research goals*

The aim of the study was to understand the molecular mechanisms that determine the functional features of legumes, such as resistance to biotic stress or control of seed dormancy. Among others, the relationship between the membrane transport of bioactive flavonoids and the response to biotic stress, as well as the influence of regulatory proteins on seed dormancy, was studied.

#### *Description of the accomplished works*

A novel multiple gene editing technique utilizing CRISPR/Cas9 has been successfully developed in legume crop plants. This advancement has enabled the elucidation of the intricate relationship between two Medicago ABC transporters, which facilitate the distribution of precursors from the phytoalexin biosynthesis pathway, specifically medicarpin. The selectivity of this technique towards endogenous molecules and its pivotal role in alfalfa biology have been demonstrated. Transcription factors (TFs) and regulatory proteins that modify TF activity, including the MtMFT protein, have been identified and preliminarily characterized. The results indicate distinct mechanisms regulating the germination inhibition of nondormant seeds, depending on the type

of stress factor, with the MFT protein playing a significant role under high-temperature stress. The results obtained provide valuable insights into the molecular mechanisms underlying the response of legumes to variable environmental conditions, such as macroelement deficiencies, temperature fluctuations, and salinity. These findings constitute a significant contribution to the comprehension of the underlying mechanisms that govern legume responses to diverse environmental factors. This knowledge paves the way for the development of novel research avenues, with a particular focus on the characterized genes as molecular markers that hold immense potential for sustainable agriculture.

## Publikacje

---

### Prace przyjęte do druku:

P. Kumar, A. Alok, K. Kaur, M. Gawłowska, S. Tiwari, H. Singh, W.K. Swiecicki, **P. Awasthi**  
Genome-Wide Identification of WRKY Transcription Factors in Pea (*Pisum sativum* L.) and their Response to Sulfur and Water Stress  
*PLANT MOLECULAR BIOLOGY REPORTER*, DOI: 10.1007/s11105-024-01498-71

## Projekty realizowane w Zakładzie i Pracowni w 2024 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 absycynowy podczas kiełkowania; (OPUS)

Kierownik projektu: dr Joanna Banasiak

3. Charakterystyka funkcjonalna transporterów ABCG obecnych w nasionach *Medicago truncatula*; (OPUS)

Kierownik projektu: prof. dr hab. Michał Jasiński

4. Zgłębienie podstaw transportu fenylopropanoidów w modelowej roślinie bobowatej *Medicago truncatula*; (SONATA)

Kierownik projektu: Wanda Biała-Leonhard

## Zakład Genetyki Molekularnej

---

**Kierownik Zakładu: prof. dr hab. Piotr Kozłowski** (0,9 STATUT/0,1 GRANTY)<sup>16</sup>

### **Skład osobowy**<sup>17</sup>

Pracownicy naukowci:

dr hab. Anna Jasińska

dr Paulina Gałka-Marciniak (1 GRANTY)

dr Daniel Kuźnicki (1 GRANTY)

dr Malwina Suszyńska (0,9 STATUT/0,1 GRANTY)

Doktoranci:

mgr inż. Adrian Tiré (stypendium ICHB PAN)

mgr Władysław Węgorek (stypendium NCN)

---

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

<sup>17</sup> Stan na 31.12.2024 r.

## **Pracownia Bioinformatyki**

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

Pracownicy naukowci:

dr Arkadiusz Kajdasz (0,9 STATUT/0,1 GRANTY)

dr Natalia Szóstak (1 STATUT)

Pracownicy techniczni:

Szymon Melewski (1 GRANTY)

Doktoranci:

mgr Maciej Michalczyk (stypendium NCN)

## **Temat statutowy Zakładu**

---

Opracowanie nowych metod, testów i strategii analiz genetycznych (K)

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

#### *Cel badań*

Opracowanie nowych metod, testów i strategii analiz genetycznych.

#### *Opis zrealizowanych prac*

Ogólny zakres zainteresowań zakładu obejmuje szeroko pojęte obszary związane z genetyką molekularną człowieka, związkiem genotypu z fenotypem oraz charakterystyką zmienności genetycznej. Aktualne zainteresowania koncentrują się na genetyce nowotworów, genetyce niekodujących elementów genomu oraz genetycznej predyspozycji do nowotworów. W tym zakresie realizowane są trzy projekty grantowe obejmujące następujące zagadnienia: (i) analizę związku metylacji z predyspozycją do, oraz fenotypem raka jajnika, (ii) analizę wpływu mutacji w genach miRNA na funkcjonowanie tych genów, oraz (iii) analizę somatycznych mutacji w niekodujących elementach (5' i 3'UTR) genów. W ramach działalności statutowej została opracowana procedura oraz charakterystyka sekwencjonowania miRNA-seq w silnie zdegradowanych, archiwalnych próbkach nowotworowych FFPE. Przeprowadzone analizy wykazały bardzo niewielki poziom degradacji końców generowanych miRNA oraz umożliwiły ilościową analizę szeregu miRNA sekwencjonowanych z bardzo wysokim pokryciem. Najważniejszą pracą opublikowaną w zakładzie w 2024 r. jest artykuł w *Nucleic Acids Research* (publikacja 1) opisujący pierwszą listę i ranking genów miRNA odgrywającą rolę w raku.

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

#### *Research goals*

Development of new methods, tests and strategies for genetic analysis.

#### *Description of the accomplished works*

The general interests of the department include broadly understood areas of human molecular genetics, the relationship between genotype and phenotype, and the characteristics of genetic variability. Current interests focus on cancer genetics, genetics of non-coding elements, and genetic predisposition to cancer. In this area, three grant projects are being implemented: (i) analysis of the relationship between methylation and the predisposition to, and phenotype of ovarian cancer, (ii) analysis of the effect of mutations in miRNA genes on the functioning of these genes, and (iii) analysis of somatic mutations in non-coding elements (5' and 3'UTR) of genes. As part of the statutory activity, a procedure and characteristics of miRNA-seq sequencing in highly degraded, archival FFPE cancer samples were developed. The analyses performed showed a very low level of degradation of the ends of generated miRNAs and enabled quantitative analysis of a number of miRNAs sequenced with very high coverage. The most important article published in the department in 2024 is the article in *Nucleic Acids Research* (publication 1) describing the first list and ranking of miRNA genes playing a role in cancer.

## Publikacje

---

1. **M. Suszynska, M. Machowska, E. Fraszczyk, M. Michalczyk, A. Philips, P. Galka-Marciniak, P. Kozłowski**  
CMC: Cancer miRNA Census – a list of cancer-related miRNA genes  
*NUCLEIC ACIDS RESEARCH* 2024, 52, 1628-1644
2. **N. Szostak, L. Handschuh, A. Samelak-Czajka, K. Tomela, B. Pietrzak, M. Schmidt, L. Galus, J. Mackiewicz, P. Kozłowski, A. Mackiewicz, A. Philips**  
Gut Mycobiota Dysbiosis is Associated with Melanoma and Response to Anti-PD-1 Therapy  
*CANCER IMMUNOLOGY RESEARCH* 2024, 12, 427-439
3. **D.M. Janecki, R. Sen, N. Szostak, A. Kajdasz, M. Kordys, K. Plawgo, D. Pandakov, A. Philips, Z. Warkocki**  
LINE-1 mRNA 3' end dynamics shape its biology and retrotransposition potential  
*NUCLEIC ACIDS RESEARCH* 2024, 52, 3327-3345
4. P. Pawlak, P. Lipinska, E. Sell-Kubiak, **A. Kajdasz**, N. Derebecka, E. Warzych  
Energy metabolism disorders during in vitro maturation of bovine cumulus-oocyte complexes interfere with blastocyst quality and metabolism  
*DEVELOPMENTAL BIOLOGY* 2024, 509, 51-58
5. A. Piasecka, M.W. Szczesniak, M. Sekrecki, **A. Kajdasz**, L.J. Sznajder, A. Baud, K. Sobczak  
MBNL splicing factors regulate the microtranscriptome of skeletal muscles  
*NUCLEIC ACIDS RESEARCH* 2024, 52, 12055-12073
6. S. Baranykova, R.K. Gupta, **A. Kajdasz**, I. Wasilewska, M. Macias, A. Szybinska, T. Wegierski, K.A. Nahia, S.S. Mondal, C. Winata, J. Kuznicki, L. Majewski  
Loss of Stim2 in zebrafish induces glaucoma-like phenotype  
*SCIENTIFIC REPORTS* 2024, 14, 24442
7. M. Budnik, J. Wawrzyniak, L. Grala, M. Kadzinski, **N. Szostak**  
Deep dive into RNA: a systematic literature review on RNA structure prediction using machine learning methods  
*ARTIFICIAL INTELLIGENCE REVIEW* 2024, 57, 254
8. **N. Makowska-Zawierucha**, A. Trzebny, K. Zawierucha, V. Manthapuri, J.A. Bradley, A. Pruden  
Arctic plasmidome analysis reveals distinct relationships among associated antimicrobial resistance genes and virulence genes along anthropogenic gradients  
*GLOBAL CHANGE BIOLOGY* 2024, 30, e17293

### Prace przyjęte do druku:

**N. Szostak, M. Budnik, K. Tomela, L. Handschuh, A. Samelak-Czajka, B. Pietrzak, M. Schmidt, M. Kaczmarek, L. Galus, J. Mackiewicz, A. Mackiewicz, P. Kozłowski, A. Philips**  
Exploring correlations between gut mycobiome and lymphocytes in melanoma patients undergoing anti-PD- therapy  
*CANCER IMMUNOLOGY, IMMUNOTHERAPY*, DOI: 10.1007/s00262-024-03918-9

## Projekty realizowane w Zakładzie i Pracowni w 2024 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. Wpływ nowotworowych mutacji somatycznych w genach miRNA na funkcjonowanie tych cząsteczek i ich potencjalną rolę w nowotworach; (SONATA)

*Kierownik projektu: dr Paulina Gałka-Marciniak*

4. Mikrobiom powietrza – charakterystyka mikroorganizmów bytujących w pyłe zawieszonym w powietrzu obszarze miejskiego i ich wpływ na zdrowie człowieka; (OPUS) – projekt realizowany w konsorcjum; lider projektu: ICHB PAN

*Kierownik projektu: dr hab. Anna Philips, prof. ICHB PAN*

5. W poszukiwaniu aberracji metylacji DNA związanych z podatnością na raka jajnika; (OPUS)

*Kierownik projektu: dr Malwina Suszyńska*

## Zakład Genomiki Strukturalnej RNA

---

**Kierownik Zakładu: prof. dr hab. Elżbieta Kierzek (0,55 STATUT/0,45 GRANTY)<sup>18</sup>**

### **Skład osobowy<sup>19</sup>**

Pracownicy naukowcy:

dr Marta Soszyńska-Józwiak (1 STATUT)

dr Marta Szabat (1 GRANTY)

Doktoranci:

mgr Maria Nalewaj

mgr Izabela Ulanowska (stypendium NCN)

mgr Agnieszka Baliga-Gil (stypendium NCN)

mgr inż. Kinga Maziec (stypendium NCN)

mgr Mariia Sokulska (stypendium NCN)

### **Temat statutowy Zakładu**

---

Uniwersalne elementy strukturalne RNA wirusów (K)

#### **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.
2. Określenie udziału struktury RNA wirusa grypy typu A w regulacji jego replikacji.
3. Badania nowych antywirusowych strategii inhibitorowych nakierowanych 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 (lncRNA), jako obiektów terapii antygrypowej.
6. Badania potencjalnych G-kwadrupleksów, jako struktur o znaczeniu funkcjonalnym w genomie wirusa grypy typu A.

*Opis zrealizowanych prac*

Wybrano konserwatywne motywy strukturalne RNA wirusa grypy typu A oraz SARS-CoV-2, jako cele wiązania inhibitorowych ligandów. Przeprowadzono wysokoprzepustowe badania przesiewowe 100 000 ligandów niskocząsteczkowych z European Chemical Biology Library (ECBL)

---

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

<sup>19</sup> Stan na 31.12.2024 r.

w ramach grantu ISIDORE EU OpenScreen. Określono i zanalizowano strukturę drugorzędową sgRNA N SARS-CoV-2. Zaprojektowano szereg oligonukleotydów (gapmery, siRNA, ASO) hamujących ekspresję SARS-CoV-2 N (publikacja 1). Określono strukturę drugorzędową lncRNA-PAAN i przeanalizowano bioinformatycznie jej motywy strukturalne. Zaprojektowano narzędzia oligonukleotydowe, celujące w lncRNA-PAAN, w celu inhibicji namnażania wirusa grypy. Przeprowadzono wstępne badania komórkowe z zastosowaniem minireplikonu wirusa grypy oraz natywnych szczepów wirusa grypy w kierunku wykrycia G-kwadrupleksów, w cyklu replikacyjnym wirusa grypy.

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

### *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 (lncRNA) as objects of anti-influenza therapy.
6. Research on potential G-quadruplexes as structures of functional importance in the genome of influenza A virus.

### *Description of the accomplished works*

Conserved structural motifs of influenza A virus and SARS-CoV-2 RNA were selected as targets for inhibitory ligand binding. High-throughput screening of 100 000 small molecules from the European Chemical Biology Library (ECBL) was performed under the ISIDORE EU OpenScreen grant. The secondary structure of SARS-CoV-2 sgRNA N was determined and analysed. A series of oligonucleotides (gapmers, siRNA, ASO) inhibiting the expression of SARS-CoV-2 N were designed (publication 1). The secondary structure of lncRNA-PAAN was determined, and its structural motifs were analysed bioinformatically. Oligonucleotide tools targeting lncRNA-PAAN were designed to inhibit influenza virus replication. Preliminary cellular studies using an influenza virus minireplicon and native influenza virus strains were performed to detect G-quadruplexes in the influenza virus replication cycle.

## **Publikacje**

---

1. **A. Baliga-Gil, M. Soszynska-Jozwiak, A. Ruszkowska, I. Szczesniak, R. Kierzek, M. Ciechanowska, M. Trybus, P. Jackowiak, J.M. Peterson, W.N. Moss, E. Kierzek**  
Targeting sgRNA N secondary structure as a way of inhibiting SARS-CoV-2 replication  
*ANTIVIRAL RESEARCH* 2024, 228, 105946

### Prace przyjęte do druku:

1. **A. Jarmolowicz, N. Dutta, W. Andralojc, J. Sarzynska, G. Framski, D. Baranowski, J. Boryski, A. Lahiri, Z. Gdaniec, E. Kierzek, R. Kierzek**  
The oligonucleotides containing N7-regioisomer of guanosine. Influence on thermodynamic properties and structure of RNA duplexes  
RNA, DOI: 10.1261/rna.080106.124).
2. **I. Yildirim, W. Andralojc, A. Taghavi, D. Baranowski, Z. Gdaniec, R. Kierzek, E. Kierzek**  
Experimental and computational investigations of RNA duplexes containing N7-regioisomers of adenosine and LNA-adenosine  
NUCLEIC ACIDS RESEARCH, DOI: 10.1093/nar/gkae1222

## Projekty realizowane w Zakładzie w 2024 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. Antysensowe oligonukleotydy jako narzędzia specyficznie wiążące wirusowe G-kwadrupleksy oraz ich eksperymentalna weryfikacja; (OPUS)

*Kierownik projektu: dr Marta Szabat*

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

*Kierownik projektu: dr Marta Soszyńska-Jóźwiak*

## Zakład Inżynierii Genomowej

---

**Kierownik Zakładu: prof. dr hab. Marta Olejniczak (0,9 STATUT/0,1 GRANTY)<sup>21</sup>**

### **Skład osobowy<sup>22</sup>**

Pracownicy naukowci:

dr Agnieszka Belter (1 GRANTY)

dr Yauhen Bandaruk (1 GRANTY)

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

dr inż. Anna Kotowska-Zimmer (0,5 STATUT/0,5 GRANTY)

Pracownicy techniczni:

mgr Anna Misiukiewicz (1 GRANTY)

Doktoranci:

mgr inż. Mateusz Nowaczyk (1 GRANTY)

mgr inż. Marianna Pewińska-Kołodziejczak (1 STATUT)

mgr Marianna Śmiełowska (stypendium NCN)

Magistranci:

Julia Skoracka (stypendium NCN)

### **Pracownia Analiz Struktur Subkomórkowych**

Kierownik: prof. dr hab. Eliza Wyszko (1 STATUT)<sup>23</sup>

Pracownicy badawczo-techniczni:

dr Dorota Gurda-Woźna (1 STATUT)

dr Marta Orlicka-Płocka (1 STATUT)

---

<sup>21</sup> W nawiasach podano źródło finansowania pracowników.

<sup>22</sup> Stan na 31.12.2024 r.

<sup>23</sup> Stan na 31.12.2024 r.

## Temat statutowy Zakładu

---

Rozwijanie technologii edycji genomów oraz metod oceny jej efektywności i specyficzności (K)

### Zadanie statutowe Pracowni

Przeciwpalny efekt związków małowzasteczkowych w organizmach modelowych liniach komórkowych (K)

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

#### *Cel badań*

Poznanie mechanizmów odpowiedzialnych za skracanie zmutowanej sekwencji CAG po indukcji dwuniciowych pęknięć DNA z użyciem nukleazy Cas12a.

#### *Opis zrealizowanych prac*

Kontrolowane skracanie zmutowanych sekwencji CAG może być uniwersalnym podejściem terapeutycznym dla wielu nieuleczalnych chorób genetycznych. Aby dowiedzieć się jakie białka uczestniczą w procesie naprawy pęknięć DNA indukowanych nukleazą Cas12a i przyczyniają się do powstania skróconych wariantów sekwencji CAG, przeprowadzono analizy MS-BioID, NGS oraz koimmunoprecypitację białek. Odkryto, że białko DCLRE1A w połączeniu z POLI są zaangażowane w mechanizm microhomology-mediated break-induced replication (MMBIR), co powoduje powstawanie specyficznych mutacji, które hamują stopniowe skracanie sekwencji CAG. Ponadto udowodniono, że DCLRE1A jest odpowiedzialne za docinanie powtórzeń i w połączeniu z białkami należącymi do ścieżki DNA interstrand crosslink repair przyczynia się do powstawania wariantów skróconych w ramce odczytu. Finalnie stworzono białka fuzyjne Cas12a ze specyficznymi białkami naprawy DNA i wykorzystano je do sterowania procesem skracania sekwencji CAG. W efekcie uzyskano zwiększenie liczby skróconych w ramce odczytu produktów edycji. Publikacja opisująca te nowe mechanizmy naprawy DNA o znaczeniu aplikacyjnym jest w przygotowaniu.

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

#### *Research goals*

Understanding the mechanisms responsible for shortening the mutated CAG sequence after induction of double-stranded DNA breaks using Cas12a nuclease.

#### *Description of the accomplished works*

Controlled shortening of mutated CAG sequences may be a universal therapeutic approach for many incurable genetic diseases. To better understand which proteins participate in the process of repairing DNA breaks induced by Cas12a nuclease, and contribute to the formation of shortened variants of CAG sequences, MS-BioID, NGS and protein co-immunoprecipitation analyses were performed. It was discovered that the DCLRE1A protein in combination with POLI is involved in the mechanism of microhomology-mediated break-induced replication (MMBIR), which causes the formation of specific mutations that inhibit the gradual shortening of the CAG sequence. Moreover, it was proven that DCLRE1A is responsible for repeat shortening, and, in combination with proteins belonging to the DNA interstrand crosslink repair pathway, contributes to the formation of variants shortened in the frame. Finally, Cas12a fusion proteins with specific DNA repair factors were created and used to control the process of CAG sequence shortening. As a result, an increase in the number of in-frame shortened editing products was obtained. A publication describing these new DNA repair mechanisms of application importance is in preparation.

## Publikacje

---

1. **P. Sledzinski, M. Nowaczyk, M.I. Smielowska, M. Olejniczak**  
CRISPR/Cas9-induced double-strand breaks in the huntingtin locus lead to CAG repeat contraction through DNA end resection and homology-mediated repair  
*BMC BIOLOGY* 2024, 22, 282
2. A.M. Barciszewska, **A. Belter, J.F. Barciszewski, I. Gawronska, M. Giel-Pietraszuk, M.Z. Naskret-Barciszewska**  
Mechanistic Insights on Metformin and Arginine Implementation as Repurposed Drugs in Glioblastoma Treatment  
*INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES* 2024, 25, 9460
3. M. Wiesner, **J. Barciszewski, A. Belter**, A. Sierakowski, A. Drzazga, **M.K. Chmielewski**  
Low bias charge transport in DNA  
*SCIENTIFIC REPORTS* 2024, 14, 22405
4. E. Toton, 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 AND MEDICINAL CHEMISTRY LETTERS* 2024, 100, 129628
5. **M. Kazimierczyk, A. Fedoruk-Wyszomirska, D. Gurda-Wozna, E. Wyszko, A. Swiatkowska, J. Wrzesinski**  
The expression profiles of piRNAs and their interacting Piwi proteins in cellular model of renal development: Focus on Piwil1 in mitosis  
*EUROPEAN JOURNAL OF CELL BIOLOGY* 2024, 103, 151444
6. T. Kolenda, **M. Smielowska**, J. Lipowicz, J. Ostapowicz, P. Paczesna, M.A. Rosochowicz, P. Poter, J. Kozłowska-Maslon, K. Guglas, K. Dudek, N. Grzejda, K. Regulska  
The RNA world: from experimental laboratory to “in silico” approach. Part 1: User friendly RNA expression databases portals  
*REPORTS OF PRACTICAL ONCOLOGY AND RADIOTHERAPY* 2024, 29, 245-257
7. **M. Kazmierska**, A. Lesniewska, A. Bakker, A. Diepstra, M.E. Kasprzyk, M. Podralskam 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* 2024, 65, 95-101

## Projekty realizowane w Zakładzie i Pracowni w 2024 r.

---

1. Poszukiwanie nowych celów terapeutycznych w chorobach poliglutaminowych; (OPUS)  
*Kierownik projektu: prof. dr hab. Marta Olejniczak*
2. Allelo-selektywna terapia dla chorób poliglutaminowych z wykorzystaniem technologii interferencji RNA; (PRELUDIUM BIS)  
*Kierownik projektu: prof. dr hab. Marta Olejniczak*
3. Assessing efficacy and safety of genome EDITing approaches for Sickle Cell Disease - Hop-on Facility; (EDITSCD-HOP-ON)  
*Kierownik projektu: prof. dr hab. Marta Olejniczak*
4. Badanie mechanizmów naprawy DNA w modelu DRPLA z wykorzystaniem systemu CRISPR-Cas; (PRELUDIUM)  
*Kierownik projektu: dr Magdalena Dąbrowska*
5. Wykorzystanie sztucznych miRNA w terapii choroby Huntingtona; (PRELUDIUM)  
*Kierownik projektu: dr inż. Anna Kotowska-Zimmer*

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

*Kierownik projektu: mgr Mateusz Nowaczyk*

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

*Kierownik projektu: mgr Marianna Śmiełowska*

## Zakład Metabolomiki Funkcjonalnej Roślin

---

**Kierownik Zakładu: prof. dr hab. Paweł Bednarek (0,75 STATUT/0,25 GRANTY)<sup>24</sup>**

### Skład osobowy<sup>25</sup>

Pracownicy naukowcy:

dr Justyna Lalak-Kańczugowska (1 GRANTY)

dr Anna Piasecka (1 GRANTY)

dr Gopal Singh (1 GRANTY)

dr Lokesh Veeresh (1 STATUT)

Pracownicy techniczni:

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

Doktoranci:

mgr inż. Serhii Kozin (0,67 STATUT/0,33 GRANTY)

mgr Monidipa Bose (stypendium NCN)

mgr inż. Mikołaj Małecki (stypendium NCN)

## Temat statutowy Zakładu

---

Metabolity wtórne w regulacji odpowiedzi immunologicznej roślin (M)

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

#### *Cel badań*

Celem badań jest 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 dalszą charakterystykę uzyskanych wcześniej linii eksprymujących geny kodujące enzymy biosyntezy serotoniny w mutancie *cyp79b2 cyp79b3 Arabidopsis thaliana*. Wykazano, że transgeniczne linie mają przywróconą odporność na patogen grzybowy *Plectosphaerella cucumerina*. Wygenerowano linie z dwoma innymi promotorami, które powinny wykazywać inną lokalizację komórkową i kinetykę akumulacji serotoniny. Rozpoczęto prace nad wprowadzeniem szlaku biosyntezy benzoksazynonów w mutancie *cyp79b2 cyp79b3*. Dodatkowo, uzyskano linie transgeniczne *A. thaliana* z przeprogramowaną z komórek mezofilu do komórek epidermy produkcją kamaleksyny (fitoaleksyna indolowa). Prowadzono analizy uzyskanych wcześniej linii eksprymujących geny kodujące wybrane izoformy enzymów związanych z metabolizmem glukozynolanów. Wykazano, że bliskie homologi białka PEN2 mogą zastąpić ten enzym w metabolizmie glukozynolanów i w odporności na infekcję. Przeprowadzone analizy pozwoliły też na scharakte-

---

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

<sup>25</sup> Stan na 31.12.2024 r.

ryzowanie specyficzności substratowej dwóch badanych homologów PEN2. Analiza linii ekspresujących izoformy CYP81F ujawniła, że enzym CYP81F5 hydroksyluje cząsteczkę glukozynolanu w pozycji 4 pierścienia indolowego.

Wyniki będą użyte do przygotowania kilku publikacji.

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

### 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 accomplished works

Transgenic lines expressing *Brachypodium distachyon* genes, encoding enzymes involved in serotonin biosynthesis in *Arabidopsis thaliana* cyp79b2 cyp79b3 mutant, have further been characterized. It has been shown that lines producing serotonin have restored resistance towards necrotrophic fungal pathogen *Plectosphaerella cucumerina*. Additional set of lines with two different promoters have been generated. These lines should reveal different cellular localization and kinetics of serotonin accumulation. Work on introducing benzoxazinoid biosynthesis in the cyp79b2 cyp79b3 mutant has been initiated. In addition, transgenic lines with camalexin (indolic phytoalexin) biosynthesis reprogrammed from mesophyll to epidermal cells have been obtained. Analyses of the obtained transgenic lines expressing genes encoding selected isoforms of enzymes involved in indole glucosinolate metabolism have been conducted. These revealed that close homologs of PEN2 can replace this enzyme in glucosinolate metabolism and plant immunity. The results obtained also enabled characterization of substrate specificity of two investigated PEN2 homologs. Analysis of lines expressing CYP81F isoforms revealed that CYP81F4 hydroxylates glucosinolate molecule at the position 4 of the indole core.

The results will be used to prepare several publications.

## Publikacje

---

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* 2024, 241, 329-342
2. A. Wilkens, **P. Czerniawski**, **P. Bednarek**, M. Libik-Konieczny, K. Yamada  
ATML1 Regulates the Differentiation of ER Body-Containing Large Pavement Cells in Rosette Leaves of Brassicaceae Plants  
*PLANT AND CELL PHYSIOLOGY* 2024, 65, 1160-1172
3. T. Krepeski, **A. Piasecka**, M. Swiecicka, M. Kancorzewska, **A. Sawikowska**, M. Dmochowska-Boguta, M. Rakoczy-Trojanowska, M. Matuszkiewicz  
Leaf rust (*Puccinia recondita* f. sp. *secalis*) triggers substantial changes in rye (*Secale cereale* L.) at the transcriptome and metabolome levels  
*BMC PLANT BIOLOGY* 2024, 24, 107
4. 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* 2024, 64, 7220-7236

## Projekty realizowane w Zakładzie w 2024 r.

---

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

*Kierownik projektu: prof. dr hab. Paweł Bednarek*

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

*Kierownik projektu: prof. dr hab. Paweł Bednarek*

3. Molekularne podstawy modyfikacji i aktywacji glukozyzolanów w odporności roślin *Brassicaceae* na inhibicje 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 Biochemii Rybonukleoprotein

---

**Kierownik Zakładu: dr hab. Anna Kurzyńska-Kokorniak, prof. ICHB PAN (0,9 STATUT/0,1 GRANTY)<sup>26</sup>**

### **Skład osobowy<sup>27</sup>**

Pracownicy naukowci:

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 (0,5 STATUT)

Doktoranci:

mgr Klaudia Wójcik (stypendium NCN)

Osoby afiliowane przy zakładzie:

prof. dr hab. Jerzy Ciesiołka

dr hab. Jan Wrzesiński, prof. ICHB PAN

## Temat statutowy Zakładu

---

Poszukiwanie nowych układów modelowych do badania oddziaływań białko-kwas nukleinowy (K)

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

#### *Cel badań*

Badania wybranych kompleksów ludzkiej rybonukleazy Dicer (hDicer) z niekanonicznymi substratami RNA i DNA

#### *Opis zrealizowanych prac*

W ramach prowadzonych badań skupiono się głównie na wizualizacji kompleksów hDicer z cząsteczkami RNA i DNA przyjmującymi struktury G-kwadrupleksu (G4-RNA i G4-DNA). Do zobrazowania kompleksów hDicer wykorzystano mikroskopię konfokalną i nanoskopię

---

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

<sup>27</sup> Stan na 31.12.2024 r.



MINFLUX, użyto komórki HEK293T i linię kontrolną HEK293T NoDice (*DICER1* KO). Optymalizowano protokół wizualizacji G-kwadrupleksów z użyciem przeciwciał skierowanych na G4-DNA oraz barwnika specyficznie oddziałującego ze strukturami G4-RNA. W celu wizualizacji rybonukleazy hDicer stworzono szereg konstruktów genetycznych hDicer w fuzji z białkiem fluorescencyjnym lub ze znacznikiem SNAP. Opracowano protokół detekcji hDicer z wykorzystaniem dedykowanego substratu SNAP. Następnie przeprowadzono jednoczesną wizualizację rybonukleazy hDicer oraz G4-RNA lub G4-DNA. Kolokalizację sygnałów uzyskano za pomocą oprogramowania ImageJ. W przypadku wizualizacji kompleksów hDicer z wykorzystaniem nanoskopii MINFLUX, opracowano protokół wizualizacji hDicer z wykorzystaniem zestawu wybranych przeciwciał I- i II-rzędowych.

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

### *Research goals*

Studies of the selected human Dicer ribonuclease (hDicer) complexes with non-canonical RNA and DNA substrates

### *Description of the accomplished works*

The conducted studies focused mainly on the visualization of hDicer complexes with RNA and DNA molecules adopting G-quadruplex structures (G4-RNA and G4-DNA). To visualize hDicer complexes, confocal microscopy and MINFLUX nanoscopy were used, HEK293T cells and the HEK293T NoDice (*DICER1* KO) control line were also applied. The G-quadruplex visualization protocol was optimized using antibodies directed against G4-DNA and a G4-RNA-specific probe. To visualize hDicer ribonuclease, a number of hDicer genetic constructs in fusion with a fluorescent protein or with a SNAP tag were created. A hDicer detection protocol was developed using a dedicated SNAP substrate. Then, the simultaneous visualization of hDicer ribonuclease and G4-RNA or G4-DNA was performed. Colocalization of signals was implemented using ImageJ software. For the visualization of hDicer complexes using MINFLUX nanoscopy, a protocol involving a set of selected primary and secondary antibodies was developed.

## **Publikacje**

---

1. **N. Koralewska**, E. Corradi, **M.C. Milewski**, L. Masante, **A. Szczepanska**, **R. Kierzek**, **M. Figlerowicz**, M-L. Baudet, **A. Kurzynska-Kokorniak**  
Short 2'-O-methyl/LNA oligomers as highly-selective inhibitors of miRNA production *in vitro* and *in vivo*  
*NUCLEIC ACIDS RESEARCH* 2024, 52, 5804-5924
2. **K. Ciechanowska**, **A. Szczepanska**, **K. Szpotkowski**, **K. Wojcik**, **A. Urbanowicz**, **A. Kurzynska-Kokorniak**  
The human Dicer helicase domain is capable of ATP hydrolysis and single-stranded nucleic acid binding  
*BMC BIOLOGY* 2024, 22, 287
3. J. Czubinski, M. Kubickova, **K. Szpotkowski**, J. Komarek  
pH-Dependent oligomerization of gamma-conglutin: A key element to understand its molecular mechanism of action  
*FOOD HYDROCOLLOIDS* 2024, 147, Part A:109386
4. **P. Krzeminska**  
Exploring Testicular Descent: Recent Findings and Future Prospects in Canine Cryptorchidism  
*SEXUAL DEVELOPMENT* 2024, 1-13
5. M. Stachowiak, J. Nowacka-Woszek, A. Szabelska-Beresewicz, J. Zyprych-Walczak, **P. Krzeminska**, O. Sosinski, T. Nowak, M. Switonski  
A massive alteration of gene expression in undescended testicles of dogs and the association of *KAT6A* variants with cryptorchidism

6. **M. Kazimierczyk, A. Fedoruk-Wyszomirska, D. Gurda-Wozna, E. Wyszko,  
A. Swiatkowska, J. Wrzesinski**

The expression profiles of piRNAs and their interacting Piwi proteins in cellular model  
of renal development: Focus on Piwil1 in mitosis

EUROPEAN JOURNAL OF CELL BIOLOGY 2024, 103, 151444

### Projekty realizowane w Zakładzie w 2024 r.

---

1. 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

2. Komórkowa sieć oddziaływań pomiędzy RNA i domeną helikazową rybonukleazy Dicer czło-  
wieka; (PRELUDIUM)

Kierownik projektu: dr Kinga Ciechanowska

3. Otrzymanie dwóch wariantów rybonukleazy Dicer organizmu modelowego *Xenopus laevis*  
– przygotowanie do badań aktywności biochemicznych i analiz strukturalnych; (MINIATURA)

Kierownik projektu: dr inż. Agnieszka Szczepańska

### Zakład Biologii Strukturalnej Eukariontów

---

**Kierownik Zakładu: dr hab. Miłosz Ruszkowski, prof ICHB PAN (0,6 STATUT/0,4 GRANTY)<sup>28</sup>**

#### Skład osobowy<sup>29</sup>

Pracownicy naukowci:

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

dr Dominika Czerwonka (1 GRANTY)

dr Marta Grzechowiak (0,7 STATUT/0,3 GRANTY)

dr Maria Małecka (1 GRANTY)

dr Daria Nawrot (1 GRANTY)

dr Paulina Worsztynowicz (1 GRANTY)

Pracownicy techniczni:

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

Doktoranci:

mgr Ha Linh Tran (0,8 STATUT/0,2 GRANTY)

mgr Kinga Pokrywka (stypendium NCN)

mgr Wiktoria Ragin-Oh (stypendium NCN)

mgr Agata Warlich (stypendium NCN)

#### 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)

---

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

<sup>29</sup> Stan na 31.12.2024 r.

Pracownicy techniczni:

dr Jakub Barciszewski (1 STATUT)

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

mgr Martyna Kordyś (1 GRANTY)

## Temat statutowy Zakładu

---

Badania strukturalne białek i kwasów nukleinowych (K)

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

#### *Cel badań*

Poznanie struktur, wyjaśnienie mechanizmów molekularnych, zbadanie aktywności i/lub określenie sposobów wiązania inhibitorów: dehydratazy imidazolo-glicerolo-fosforanowej (HISN5), izomerazy 5'-ProFAR (HISN3), dehydrogenazy glutaminianowej roślin strączkowych (MtGDH2), L-asparaginazy klasy 3 i ludzkiej reduktazy  $\delta$ 1-pirolino-5-karboksylanu (PYCR1).

#### *Opis zrealizowanych prac*

Zbadano enzymy HISN3 oraz HISN5 uczestniczące w szlaku biosyntezy histydyny u roślin. Uzyskane struktury ujawniły, m.in. swoisty dla roślin, motyw wspomagający rozpoznawanie substratu w HISN3 oraz „gorące punkty” (hot spots) wiązania ligandów w HISN5 (publikacje 2. i 3.). Odkrycia te stanowią podstawę do rozwoju nowych herbicydów. Zbadano również MtGDH2, dostarczając nowych informacji do projektowania inhibitorów mających na celu zwiększenie produkcji biomasy (publikacja 1.). Wyznaczono struktury krystaliczne L-asparaginazy klasy 3, które pozwoliły zaproponować ogólny schemat mechanizmu katalitycznego i zbadać strukturalnie kompleks enzymu z jego substratem L-Asn (publikacja 4.). Przeanalizowano struktury PYCR1 w kompleksach z inhibitorami pokierując projektowanie nowych związków o potencjalnym zastosowaniu przeciwnowotworowym.

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

#### *Research goals*

Investigating the structures, explaining the molecular mechanisms, measuring the activities revealing and/or description of the inhibitor binding modes for: imidazole-glycerol phosphate dehydratase (HISN5), 5'-ProFAR isomerase (HISN3), legume-type glutamate dehydrogenase (MtGDH2), and class 3 L-asparaginase and human  $\delta$ 1-pyrroline-5-carboxylate reductase (PYCR1).

#### *Description of the accomplished works*

Two enzymes involved in the histidine biosynthetic pathway in plants were studied: HISN3 and HISN5. The structures revealed i.a. a plant-specific motif that aids substrate recognition in HISN3 and ligand-binding hot spots in HISN5 (publications 2 and 3). The discoveries shape development of novel herbicides.

MtGDH2 was investigated to deliver information for inhibitor design with the purpose to boost biomass production (publication 1).

A number of crystal structures of class 3 L-asparaginase lead to the elucidation of the general mechanism of the catalytic reaction and investigate the complex with L-Asn (publication 4).

The structures solved for PYCR1-inhibitor complexes will guide design of new inhibitors, with the potential use in anticancer therapies.

## Publikacje

---

### 1. W. Witek, J. Sliwiak, M. Rawski, M. Ruszkowski

Targeting imidazole-glycerol phosphate dehydratase in plants: novel approach for structural and functional studies, and inhibitor blueprinting  
*FRONTIERS IN PLANT SCIENCE* 2024, 15, 1343980

2. **K. Pokrywka, M. Grzechowiak, J. Sliwiak, P. Worsztynowicz, J.I. Loch, M. Ruszkowski, M. Gilski, M. Jaskolski**  
Probing the active site of Class 3 L-asparaginase by mutagenesis. I. Tinkering with the zinc coordination site of ReAV  
*FRONTIERS IN CHEMISTRY* 2024, 12, 1381032
3. **W. Witek, B. Imiolczyk, M. Ruszkowski**  
Structural, kinetic, and evolutionary peculiarities of HISN3, a plant 5'-ProFAR isomerase  
*PLANT PHYSIOLOGY AND BIOCHEMISTRY* 2024, 215, 109065
4. **M. Grzechowiak, J. Sliwiak, A. Link, M. Ruszkowski**  
Legume-type glutamate dehydrogenase: Structure, activity, and inhibition studies  
*INTERNATIONAL JOURNAL OF BIOLOGICAL MACROMOLECULES* 2024, 2024, 278, 134648
5. **J. Sliwiak, P. Worsztynowicz, K. Pokrywka, J.I. Loch, M. Grzechowiak, M. Jaskolski**  
Biochemical characterization of L-asparaginase isoforms from *Rhizobium etli*-the boosting effect of zinc  
*FRONTIERS IN CHEMISTRY* 2024, 12, 1373312
6. K.J. Frackowiak, M.T. Ignasiak, **M. Grzechowiak**, E. Fuentes-Lemus, L.F. Gamon, T. Pedzinski, P.M. Hagglund, **M. Jaskolski**, M.J. Davies, B. Marciniak  
Dual behavior of histidine during sensitized photo-oxidation of model compounds and proteins  
*FREE RADICAL BIOLOGY AND MEDICINE* 2024, 224, 393-404
7. A. Wlodawer, Z. Dauter, J. Lubkowski, J.I. Loch, **M. Gilski, M. Jaskolski**  
Towards a dependable data set of structures for L-asparaginase research  
*ACTA CRYSTALLOGRAPHICA SECTION D: STRUCTURAL BIOLOGY* 2024, 80, 506-527
8. J.C-H. Chen, **M. Gilski**, C. Chang, D. Borek, G. Rosenbaum, A. Lavens, Z. Otwinowski, M. Kubicki, Z. Dauter, **M. Jaskolski**, A. Joachimiak  
Solvent organization in the ultrahigh-resolution crystal structure of crambin at room temperature  
*INTERNATIONAL UNION OF CRYSTALLOGRAPHY JOURNALS* 2024, 11, 649-663
9. K. Szafran, D. Rafalski, K. Skowronek, M. Wojciechowski, A.A. Kazrani, **M. Gilski**, S.Y. Xu, M.Bochtler  
Structural analysis of the BspI family of modification dependent restriction endonucleases  
*NUCLEIC ACIDS RESEARCH* 2024, 52, 9103-9118
10. A. Wlodawer, Z. Dauter, P. Rubach, W. Minor, J.I. Loch, D. Brzezinski, **M. Gilski, M. Jaskolski**  
Waterless structures in the Protein Data Bank  
*INTERNATIONAL UNION OF CRYSTALLOGRAPHY JOURNALS* 2024, 11, 966-967
11. A. Sciuk, K. Wator, I. Staron, **P. Worsztynowicz, K. Pokrywka, J. Sliwiak**, M. Kilichowska, K. Pietruszewska, Z. Mazurek, A. Skalniak, K. Lewandowski, **M. Jaskolski**, J. Loch, M. Surmiak  
Substrate Affinity Is Not Crucial for Therapeutic L-Asparaginases: Antileukemic Activity of Novel Bacterial Enzymes  
*MOLECULES* 20214, 29, 2272
12. J.I. Loch, A. Sciuk, M. Kilichowska, I. Pierog, W. Lukaszczyk, K. Zimowska, **M. Jaskolski**  
Probing the enzymatic activity and maturation process of the EcAIII Ntn-amidohydrolase using local random mutagenesis  
*ACTA BIOCHIMICA POLONICA* 2024, 71, 12299
13. 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* 2024, 1295, 136748

14. **M. Kordys, A. Urbanowicz**  
3D Puzzle at the Nanoscale-How do RNA Viruses Self-Assemble their Capsids into Perfectly Ordered Structures  
*MACROMOLECULAR BIOSCIENCE* 2024, 24, 2400088
15. J. Rozanska-Wrobel, M. Migalska, **A. Urbanowicz**, M. Grzybek, R.O.M. Rego, A. Bajer, D. Dwuznik-Szarek, M. Alsarraf, J. Behnke-Borowczyk, J.M. Behnke, J. Radwan  
Interplay between vertebrate adaptive immunity and bacterial infectivity genes: Bank vole MHC versus *Borrelia afzelii* OspC  
*MOLECULAR ECOLOGY* 2024, 33
16. **K. Ciechanowska, A. Szczepanska, K. Szpotkowski, K. Wojcik, A. Urbanowicz, A. Kurzynska-Kokorniak**  
The human Dicer helicase domain is capable of ATP hydrolysis and single-stranded nucleic acid binding  
*BMC BIOLOGY* 2024, 22, 287
17. **M. Kazmierczyk, A. Fedoruk-Wyszomirska, D. Gurda-Wozna, E. Wyszko, A. Swiatkowska, J. Wrzesinski**  
The expression profiles of piRNAs and their interacting Piwi proteins in cellular model of renal development: Focus on Piwil1 in mitosis  
*EUROPEAN JOURNAL OF CELL BIOLOGY* 2024, 103, 151444
18. **L. Blaszczyk, M. Ryczek, B. Das, M. Mateja-Pluta, M. Bejger, J. Sliwiak, K. Nakatani, A. Kiliszek**  
Antisense RNA C9orf72 hexanucleotide repeat associated with amyotrophic lateral sclerosis and frontotemporal dementia forms a triplex-like structure and binds small synthetic ligand  
*NUCLEIC ACIDS RESEARCH* 2024, 52, 6707-6717
19. **M. Gawel, P.H. Malecki, J. Sliwiak, M. Stepniewska, B. Imiolczyk, J. Czyrko-Horczak, D. Jakubczyk, L. Marczak, M.E. Plonska-Brzezinska, K. Brzezinski**  
A closer look at molecular mechanisms underlying inhibition of S-adenosyl-l-homocysteine hydrolase by transition metal cations  
*CHEMICAL COMMUNICATIONS* 2024, 60, 11504-11507
20. **W. Witek, W. Ragin, H.L. Tran, E. Polomska, M. Podlewski, A. Pawlowicz, A. Cioch-Binas, A. Wos, W. Andralojc, M. Szachniuk, M. Ruszkowski**  
Postępy biologii strukturalnej – jak zobaczyć cząsteczki życia?  
*POSTĘPY BIOCHEMII* 2024, 70, 128-138
21. **J. Sliwiak, A. Urbanowicz**  
Mikrokalorymetria jako narzędzie w badaniach kinetyki enzymatycznej  
*POSTĘPY BIOCHEMII* 2024, 70, 223-229
22. Z. Dauter, **M. Jaskolski**  
Zastosowanie promieniowania synchrotronowego w krystalografii białek  
[w:] Promieniowanie synchrotronowe w fizyce i chemii ciała stałego: wybrane zagadnienia (red. B.J. Kowalski, W. Paszkowicz, E.A. Gorlich)  
*WYDAWNICTWO NAUKOWE UAM POZNAŃ* 2024, 533-572

#### Prace przyjęte do druku

1. **K. Pokrywka, M. Grzechowiak, J. Sliwiak, P. Worsztynowicz, J.I. Loch, M. Ruszkowski, M. Gilski, M. Jaskolski**  
Controlling enzyme activity by mutagenesis and metal exchange to obtain crystal structures of stable substrate complexes of Class 3 L-asparaginase  
*FEBS JOURNAL*, DOI: 10.1111/febs.17388
2. B. Naskrecki, J. Malinowski, Z. Dauter, **M. Jaskolski**  
Growth functions of periodic space tessellations  
*ACTA CRYSTALLOGRAPHICA A*, DOI: 10.1107/S2053273324010763

3. **M. Jaskolski**, B. Naskrecki, Z. Dauter  
Periodic arrangements of closely packed spheres  
CHEMTEXTS, DOI: 10.1007/s40828-024-00199-8

### Projekty realizowane w Zakładzie i Pracowni w 2024 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  $\delta$ 1-pyrrolino-5-karboksyłanu (PYCR1) jako cząsteczek wiodących w rozwoju nowych leków antynowotworowych; (OPUS) – projekt realizowany w konsorcjum; lider projektu: ICHB PAN

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

3. Projektowanie i rozwój inhibitorów hydroksymetylotransferazy serynowej-2 (SHMT2) blokujących wzrost nowotworu; (SONATA BIS)

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

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

*Kierownik projektu: dr Maria Małecka*

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 Biotechnologii Medycznej

---

**Kierownik Zakładu: dr hab. Agnieszka Fiszer, prof. ICHB PAN (0,8 STATUT/0,2 GRANTY)<sup>30</sup>**

#### **Skład osobowy<sup>31</sup>**

Pracownicy naukowcy:

dr Magdalena Jazurek-Ciesiołka (0,3 STATUT/0,7 GRANTY)

dr Emilia Kozłowska (1 GRANTY)

dr Magdalena Woźna-Wysocka (1 GRANTY)

dr Natalia Ziojła (1 GRANTY)

Pracownicy techniczni:

dr Paweł Joachimiak (0,7 STATUT/0,3 GRANTY)

mgr Magdalena Sikora (0,1 STATUT/0,9 GRANTY)

Doktoranci:

mgr Weronika Pawlik (stypendium NCN)

mgr Agata Ciołak (0,1 STATUT/0,9 GRANTY)

#### **Pracownia Modelowych Organizmów Bezkręgowych**

Kierownik: dr hab. Agata Tyczewska, prof. ICHB PAN (0,9 STATUT/0,1 GRANTY)<sup>32</sup>

Pracownicy naukowcy:

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

---

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

<sup>31</sup> Stan na 31.12.2024 r.

<sup>32</sup> W nawiasach podano źródło finansowania pracowników.

Pracownicy techniczni:

mgr inż. Kamila Pełowska (1 STATUT)

Doktoranci:

mgr Kinga Plawgo (stypendium NCN)

mgr Alicja Rzepczak (stypendium NCN)

mgr Anna Wasilewska-Burczyk

## Temat statutowy Zakładu

---

Biologia RNA w chorobach neurodegeneracyjnych (N)

### Zadanie statutowe Pracowni

Regulacja posttranskrypcyjna w procesach rozwojowych modelowych organizmów zwierzęcych (K)

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

*Cel badań*

1. Poznanie mechanizmów molekularnych związanych z obecnością ciągów powtórzeń CAG w określonych transkryptach, ze szczególnym uwzględnieniem zaburzonych ścieżek w chorobach, takich jak choroba Huntingtona (HD), ataksje-rdzeniowo-mózdkowe (SCA) i zanik jądra zębatego, jądra czerwienno i jądra niskowzgórzowego (DRPLA).
2. Identyfikacja genów wpływających na przebieg chorób neurodegeneracyjnych, w tym choroby Alzheimerera (AD).
3. Identyfikacja i charakterystyka krótkich niekodujących RNA, pochodzących z tRNA (tRF) w trakcie starzenia w *Caenorhabditis elegans*.

*Opis zrealizowanych prac*

Kontynuowano realizację projektu OPUS, w ramach którego, m.in. uzyskano linię komórkową z wyciszeniem genu *ATN1* (związanego z chorobą DRPLA), scharakteryzowano ją molekularnie (z wykorzystaniem RNA-seq) i fenotypowo. Ponadto zbadano występowanie i poziom ekspresji wybranych niekodujących RNA, zawierających ciągi powtórzeń CAG, w tym *circ\_ATXN7*, o potencjalnej roli w molekularnych zaburzeniach w SCA7. Sfinalizowano publikację charakterystykę molekularną i behawioralną nowych modeli mysich HD, w której wykazano rolę zmutowanego RNA, w wywołaniu objawów charakterystycznych dla początkowej fazy HD u ludzi. Rozpoczęto realizację projektu JPND, w ramach którego zoptymalizowano protokoły do analizy funkcjonalności lizosomów i mitochondriów w ludzkich liniach komórkowych.

Wytypowano 7 cząsteczek tRF o zwiększonej akumulacji podczas starzenia u *C. elegans*. Zbadano ilość tRF w dniach 0, 5, 8 i 10 życia *C. elegans* i wykazano zależną od starzenia akumulację tRF. We współpracy z Pracownią Bioinformatyki ICHB wytypowano cząsteczki docelowe tRF i zbadano poziomy ich ekspresji.

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

*Research goals*

1. Understanding the molecular mechanisms related to the presence of CAG repeat sequences in specific transcripts, with particular emphasis on the disrupted pathways in diseases, such as Huntington's disease (HD), spinocerebellar ataxia (SCA) and dentatorubral-pallidoluysian atrophy (DRPLA).
2. Identifying genes that influence the course of neurodegenerative diseases, including Alzheimer's disease (AD).
3. Identification and characterization of short non-coding RNAs derived from tRNAs (tRFs) during aging in *Caenorhabditis elegans*.

### *Description of the accomplished works*

The OPUS project was continued, within which, i.a., a cell line with a knockout of the *ATN1* gene (associated with DRPLA disease) was obtained, and its molecular (using RNA-seq) and phenotypic characterization was performed. In addition, the occurrence and expression level of selected non-coding RNAs containing CAG repeat sequences, including circ\_ATXN7, with a potential role in molecular disorders in SCA7, were examined. The molecular and behavioral characterization of new HD mouse models was finalized with a publication, which demonstrated the role of mutated RNA in causing symptoms characteristic of the initial phase of HD in humans. The JPND project was initiated, within which protocols for the analysis of the functionality of lysosomes and mitochondria in human cell lines were optimized. Seven tRF molecules were selected with increased accumulation during aging in *C. elegans*. The amount of tRF was examined on days 0, 5, 8 and 10 of *C. elegans* life, and an aging-dependent accumulation of tRF was demonstrated. In cooperation with the Laboratory of Bioinformatics at IBCH PAS, target tRF molecules were selected and their expression levels were examined.

### **Publikacje**

---

1. A. Niewiadomska-Cimicka, L. Fievet, **M. Surdyka, E. Jesion**, C. Keime, E. Singer, A. Eisenmann, **Z. Kalinowska-Poska**, H.H.P. Nguyen, **A. Fiszer, M. Figiel**, Y. Trottier  
AAV-Mediated CAG-Targeting Selectively Reduces Polyglutamine-Expanded Protein and Attenuates Disease Phenotypes in a Spinocerebellar Ataxia Mouse Model  
*INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES* 2024, 25, 4354
2. L.C. Bartelt, **M. Fakhri, G. Adamek, M. Trybus, A. Samelak-Czajka, P. Jackowiak, A. Fiszer**, C.B. Lowe, A.R. La Spada, **P.M. Switonski**  
Antibody-assisted selective isolation of Purkinje cell nuclei from mouse cerebellar tissue  
*CELL REPORTS METHODS* 2024, 4, 100816
3. **A. Fiszer, E. Kozłowska, M. Jazurek-Ciesiolka**  
From design to cellular processing: Insights into sequencing of vectorized therapeutic small RNAs  
*MOLECULAR THERAPY NUCLEIC ACIDS* 2024, 35, 102277
4. **M. Wozna-Wysocka, M. Jazurek-Ciesiolka, L. Przybył, D. Wronka, J.O. Misiorek, J. Suszynska-Zajczyk, G. Figura, A. Ciesiolka, P. Sobieszczanska, A. Zeller, M. Niemira, P.M. Switonski, A. Fiszer**  
Insights into RNA-mediated pathology in new mouse models of Huntington's disease  
*FASEB JOURNAL* 2024, 38, e70182
5. R. Kamieniarz, M. Szymanski, **M. Wozna-Wysocka**, B.M. Jaskowski, M.K. Dyderski, E. Pers-Kamczyc, M. Skorupski  
Roe Deer Reproduction in Western Poland: The Late Autumn Rut Phenomenon  
*ANIMALS* 2024, 14, 3078
6. **P.J. Pietras, A. Wasilewska-Burczyk, K. Peplowska, L. Marczak, A. Tyczewska, K. Grzywacz**  
Dynamic protein composition of *Saccharomyces cerevisiae* ribosomes in response to multiple stress conditions reflects alterations in translation activity  
*INTERNATIONAL JOURNAL OF BIOLOGICAL MACROMOLECULES* 2024, 268, 132004
7. **I. Aygun, J. Barciszewski**  
The forerunners and successful partnerships behind the BioNTech mRNA vaccine  
*JOURNAL OF APPLIED GENETICS* 2024, 65, 47-55
8. R. Kamieniarz, M. Szymanski, M.K. Dyderski, G. Gorecki, B.M. Jaskowski, M. Skorupski, J. Skubis, **M. Wozna-Wysocka**, D. Zalewski  
Coraz mniej saren w lesie – przyczyny populacyjne i środowiskowe / Less and less roe deer in the forest – population and habitat reasons  
*SYLWAN* 2024, 168, 408-422



9. **K. Marciniak, A. Tyczewska, K. Grzywacz**  
Genetics of antibiotic resistance in methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* (MRSA)  
*BIOTECHNOLOGIA* 2024, 105, 169-177
10. M. Pawła, J. Walecka, P. Bakowski, **A. Tyczewska, K. Grzywacz**  
Biologiczne wspomaganie leczenia ortopedycznego  
*POSTĘPY BIOCHEMII* 2024, 69, 310-318

### Projekty realizowane w Zakładzie i Pracowni w 2024 r.

---

1. Funkcja i dysfunkcja ciągów powtórzeń w transkryptach niekodujących i kodujących białka; (OPUS)

*Kierownik projektu: dr hab. Agnieszka Fiszer, prof. ICHB PAN*

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

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

3. Wykorzystanie mikroRNA i informatycznych narzędzi dla diagnozy i leczenia choroby Alzheimera i demencji; (JPND CALL)

*Kierownik projektu: dr hab. Agnieszka Fiszer, prof. ICHB PAN*

### Zakład Chemii Biopolimerów

---

**Kierownik Zakładu: dr hab. Marcin K. Chmielewski, prof. ICHB PAN**  
(0,5 STATUT/0,5 GRANTY)<sup>33</sup>

#### **Skład osobowy<sup>34</sup>**

Pracownicy naukowci:

- dr Justyna Gołębiowska-Pikuła (1 GRANTY)
- dr Stanisław Trzeciński (0,1 STATUT/0,9 GRANTY)
- mgr Joanna Strzelec (1 GRANTY)

Pracownicy techniczni:

- dr Jolanta Brzezińska (1 GRANTY)
- dr Magdalena Paluch (0,5 GRANTY)
- mgr Oskar Kołacki (1 STATUT)
- mgr inż. Dominika Krygier (0,1 STATUT/0,9 GRANTY)
- mgr Anna Wychowaniec (1 GRANTY)

### Temat statutowy Zakładu

---

Synteza i analityka modyfikowanych biopolimerów (K)

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

*Cel badań*

Synteza i analityka modyfikowanych biopolimerów.

*Opis zrealizowanych prac*

Przeprowadzono badania nad chemiczną syntezą oraz analityką modyfikowanych biopolimerów takich jak: kwasy nukleinowe, peptydy czy polocukry. Badano ich właściwości oraz poszukiwano nowych zastosowań w aplikacjach biologicznych:

---

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

<sup>34</sup> Stan na 31.12.2024 r.

a) modyfikowano podłoża typu CPG w szerokim zakresie porowatości (50–500 nm). Modyfikację podłoży wykonano za pomocą oligo i polimerycznych modyfikatorów, tj.: tris[poli(oksypropyleno)]trimetylopropylotriaminy (PTAG), oktaaminopoliglikolu etylenowego (PEG-(NH<sub>2</sub>)<sub>8</sub>), dendrymerycznej drugiej generacji polipropylenoiminy (PPI-G2), rozgałęzionej polietylenoiminy (b-PEI) oraz polialliloaminy (PAA). Otrzymano szereg podłoży hybrydowych charakteryzowanych pożądanymi właściwościami fizykochemicznymi (wysokie załadowanie, możliwość syntezy długich łańcuchów, wysoka wydajność i czystość otrzymywanych oligonukleotydów) oraz bardzo dobrymi cechami użytkowymi (przeznaczenie do syntezy automatycznej, możliwość syntezy wielkoskalowej). Wyniki zostały opublikowane (publikacja 3.).

b) opracowano metody syntezy terapeutycznych oligonukleotydów

Prowadzono badania nad chemiczną syntezą połączeń tiofosforanowych, trójfosforanowych oraz fosforanowych (5'-tiofosforylacja, 5'-trifosforylacja oraz 5'-fosforylacja) w kwasach nukleinowych. Wyniki dotyczące 5'-fosforylacji zostały opublikowane (publikacja 1.).

c) wykorzystano techniki prądowo-napięciowej o niskiej polaryzacji do badania transportu ładunku w jednoniciowym DNA.

Badano procesy przenoszenia nośników ładunku w ssDNA, które mogą być precyzyjnie monitorowane przy użyciu prądów o niskim poziomie polaryzacji. Wyniki zostały opublikowane (publikacja 2.).

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

### *Research goals*

Synthesis and analytics of modified biopolymers

### *Description of the accomplished works*

The research focused on the chemical synthesis and characterization of modified biopolymers, such as nucleic acids, peptides or polysaccharides. Their properties were studied, and new ways to exploit them in biological applications were sought for. In particular:

a) CPG-type supports were modified within a wide range of porosity (50–500 nm). Modification of CPG-type support and non-porous glass was performed with oligo- and polymeric modifiers, viz. : tris[poly(oxypropylene)]trimethyltriamine (PTAG), octaaminopolyethylene glycol (PEG-(NH<sub>2</sub>)<sub>8</sub>), denimeric second-generation polypropyleneimine (PPI-G2), branched polyethyleneimine (b-PEI) and polyallylamine (PAA). As far as the modification of CPG with PTAG, PEG-(NH<sub>2</sub>)<sub>8</sub> and PPI-G2 is concerned, a series of hybrid substrates characterized by desirable physicochemical properties (high loading, length of the synthesized chain, good yield and purity of the obtained oligonucleotides) and very good functional characteristics (intended for automatic synthesis, possibility of large-scale synthesis) were obtained. The results have been published (publication 3).

b) Methods were developed for the synthesis of therapeutic oligonucleotides. Research was conducted on the chemical synthesis of thiophosphate, triphosphate and phosphate linkages (5'-thiophosphorylation, 5'-triphosphorylation and 5'-phosphorylation) in nucleic acids. Results on 5'-phosphorylation have been published (publication 1).

c) Low-polarization current-voltage techniques were used to study charge transport in single-stranded DNA.

Charge carrier transfer processes in ssDNA that can be precisely monitored using low-polarization currents were studied. The results have been published (publication 2).

## **Publikacje**

---

1. **D. Krygier, M. Przybyła, M.K. Chmielewski**  
Microwave-Dependent Thermo-Release Approach for Oligonucleotides 5'-Phosphorylation  
*ORGANIC LETTERS* 2024, 26, 1134-1137

2. M. Wiesner, **J. Barciszewski**, **A. Belter**, A. Sierakowski, A. Drzazga, **M.K. Chmielewski**  
Low bias charge transport in DNA  
*SCIENTIFIC REPORTS* 2024, 14, 22405
3. **S. Trzcinski**, **J. Brzezinska**, K. Waligorski, **J. Strzelec**, K. Kolet, O. Kolacki, **M.K. Chmielewski**  
Hybrid Supports for Oligonucleotide Synthesis: Controlled Pore Glass Derivatives with  
Branched Amine-Ended Polyether or Polyimine  
*CHEMISTRY – A EUROPEAN JOURNAL* 2024 30, e202403086
4. **J. Golebiewska**, **M. Sobkowski**, **J. Stawinski**  
Synthesis of Nucleoside Selenophosphoramidates via H-Phosphonate Intermediates  
*JOURNAL OF ORGANIC CHEMISTRY* 2024, 89, 12032-12043
5. **A. Wychowaniec**, **F. Canyelles i Font**, **M.A. Khan**, **M. Gladysz**, **D. Kwiatek**, **J.L. Kolanowski**  
Wieloanalitowe, małowzrostkowe sondy luminescencyjne do symultanicznego wykrywania  
kilku celów molekularnych w modelach komórkowych / Multi-analyte, small-molecule  
luminescent probes for simultaneous detection of several molecular targets in cellular  
models  
*POSTĘPY BIOCHEMII* 2024, 70, 150-172

## Zakład Neuroonkologii Molekularnej

---

**Kierownik Zakładu: dr hab. Katarzyna Rolle, prof. ICHB PAN (1 STATUT)<sup>35</sup>**

### **Skład osobowy<sup>36</sup>**

Pracownicy naukowcy:

- dr Julia Latowska-Łysiak (1 GRANTY)
- 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)
- dr Adriana Grabowska (1 GRANTY)

Osoby afiliowane przy zakładzie:

- prof. dr hab. Jan Barciszewski

### **Pracownia Modelowych Organizmów Ssaczych**

Kierownik: dr Łukasz Przybył (0,625 STATUT/0,375 GRANTY)<sup>37</sup>

Pracownicy naukowcy:

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

Pracownicy badawczo-techniczni:

- dr Konrad Kuczyński (1 STATUT)

Pracownicy techniczni:

- mgr inż. Dorota Wronka (0,55 STATUT/0,45 GRANTY)
- mgr Anna Karlik (1 GRANTY)

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

<sup>36</sup> Stan na 31.12.2024 r.

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

## Temat statutowy Zakładu

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

### Zadanie statutowe Pracowni

Immunologia w badaniach przedklinicznych (N)

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

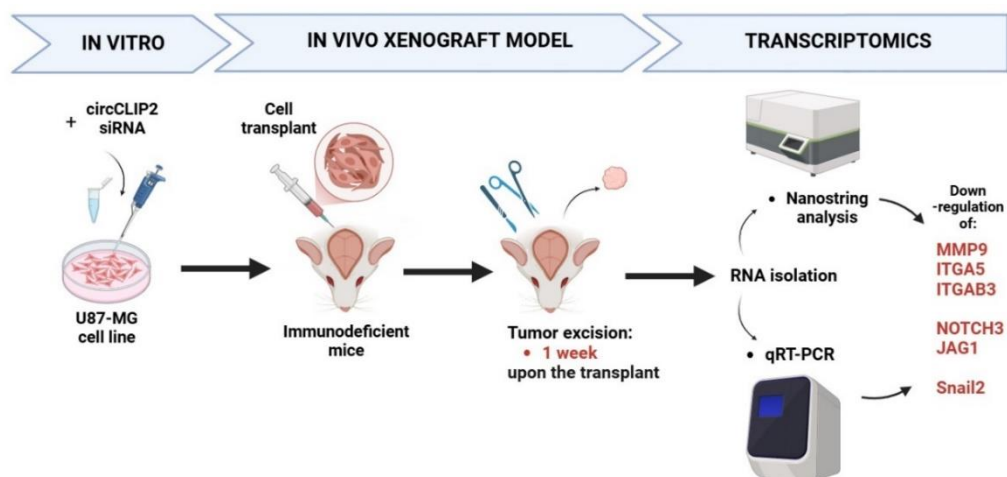
#### Cel badań

Celem prowadzonych badań jest 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

W wyniku sekwencjonowania RNA wykazano, że circRNA CLIP2 (circCLIP2) ulega silnej nadekspresji w tkankach pierwotnego glejaka (GBM). Po wyciszeniu circCLIP2 za pomocą specyficznych siRNA w modelach 2D i 3D przeprowadzono testy funkcjonalne *in vitro*, które wyraźnie wskazały na udział circCLIP2 w tworzeniu agresywnego potencjału GBM, zwłaszcza w takich procesach jak: proliferacja, migracja i inwazja. Wykazano także dominującą ekspresję circCLIP2 we frakcji komórek macierzystych nowotworu (GSC), szczególnie w warunkach niedotlenienia. Biologiczne znaczenie circCLIP2 potwierdzono również w warunkach *in vivo*, w których zastosowano model mysiego heteroprzeszczepu. W wyniku wyciszenia circCLIP2 w komórkach GBM obserwowano znaczące zmniejszenie masy guza, a na poziomie molekularnym – drastyczne obniżenie poziomu ekspresji markera progresji GBM związanego z, tzw. przejściem nabłonkowo-mezenchymalnym (EMT) – białka Snail2 oraz enzymu degradującego ECM – metaloproteinazy 9 (MMP9). Uzyskane wyniki wskazują na silny udział circCLIP2 w tworzeniu agresywnego fenotypu GBM, który związany jest z potencjałem proliferacyjnym GSC, procesami migracji i inwazji z udziałem EMT, a także zmianą składu ECM.

Schemat realizacji projektu



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

#### Research goals

The aim of the research 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

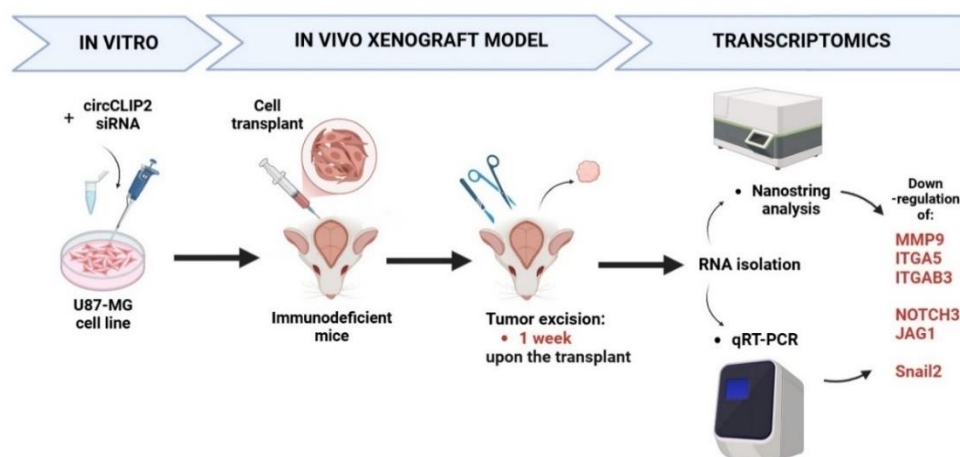
for further use the potential innovative strategies to develop potential therapeutic molecules have also been conducted.

#### *Description of the accomplished works*

Based on the RNA-seq analysis circRNA CLIP2 (circCLIP2) was found highly overexpressed in primary tumor tissues. Upon the knock-down of circCLIP2 in 2D and 3D *in vitro* models, functional tests performed clearly indicate a significant contribution of circCLIP2 to aggressive potential of GBM, as shown by decreased rates of proliferation, migration and invasion. Further studies indicated predominant expression of circCLIP2 in GSC fractions, additionally elevated by hypoxic conditions. The increased rates of proliferation and migration, as well as molecular analyses were also confirmed in *in vivo* settings, where xenograft model was applied.

Upon the circCLIP2 knockdown, we observed a significant decrease of the tumor mass, and at the molecular level – the dramatic drop of the expression level of the GBM progression marker's related to epithelia to mesenchymal transition (EMT), such as Snail2, as well as the ECM-degrading enzyme metalloproteinase 9 (MMP9). The obtained results indicate strong contribution of circCLIP2 to the aggressive phenotype of GBM, which is due to a modulation of GSC proliferative potential, as well as migration and invasion via EMT together with the modulation of ECM composition.

Schematic overview of the project



#### Publikacje

1. K. Zebrowska, M. Grabowska, E. Coy, **K. Rolle**, R. Mrowczynski, B.F. Grzeskowiak  
*In vitro* anticancer activity of melanin-like nanoparticles for multimodal therapy of glioblastoma  
*NANOTECHNOLOGY REVIEWS* 2024, 12, 20230206
2. H. Fuchs, A.M. Staszak, P.A. Vargas, M. Sahrawy, A.J. Serrato, M.K. Dyderski, E.A. Klupczynska, **P. Glodowicz**, **K. Rolle**, E. Ratajczak  
Redox dynamics in seeds of *Acer* spp: unraveling adaptation strategies of different seed categories  
*FRONTIERS IN PLANT SCIENCE* 2024, 15, 1430695
3. **M. Wozna-Wysocka**, **M. Jazurek-Ciesiolka**, **L. Przybyl**, **D. Wronka**, **J.O. Misiorek**, **J. Suszynska-Zajczyk**, **G. Figura**, **A. Ciesiolka**, **P. Sobieszczanska**, A. Zeller, **M. Niemira**, **P.M. Switonski**, **A. Fiszer**  
Insights into RNA-mediated pathology in new mouse models of Huntington's disease  
*FASEB JOURNAL* 2024, 38, e70182

4. **I. Aygun, J. Barciszewski**  
The forerunners and successful partnerships behind the BioNTech mRNA vaccine  
*JOURNAL OF APPLIED GENETICS* 2024, 65, 47-55
5. M. Wiesner, **J. Barciszewski, A. Belter**, A. Sierakowski, A. Drzazga, **M.K. Chmielewski**  
Low bias charge transport in DNA  
*SCIENTIFIC REPORTS* 2024, 14, 22405
6. J.P.R. Martins, M.K. Wawrzyniak, E.M. Kalemba, J.M. Ley-Lopez, M.M. Mendes, **M.Z. Naskret-Barciszewska, J. Barciszewski**, P. Chmielarz  
Differential morphophysiological and epigenetic responses during in vitro multiplication of *Quercus robur* depending on donor age and plant growth regulators  
*PLANT CELL, TISSUE AND ORGAN CULTURE* 2024, 159, 62
7. A. Niewiadomska-Cimicka, L. Fievet, **M. Surdyka, E. Jesion**, C. Keime, E. Singer, A. Eisenmann, **Z. Kalinowska-Poska**, H.H.P. Nguyen, **A. Fiszer, M. Figiel**, Y. Trottier  
AAV-Mediated CAG-Targeting Selectively Reduces Polyglutamine-Expanded Protein and Attenuates Disease Phenotypes in a Spinocerebellar Ataxia Mouse Model  
*INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES* 2024, 25, 4354
8. J. Rzeszowska-Wolny, **J. Barciszewski**  
Wonderful World of Nucleic Acids  
*POSTĘPY BIOCHEMII* 2024, 70, 1-3
9. **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* 2023, 15, mjad051 (*nie wykazano w sprawozdaniu za 2023 r.*)

#### Prace przyjęte do druku

1. K. Ciesielska, **D. Wawrzyniak**, G. Dutkiewicz, M. Kubicki, W. Jankowski, M. Hoffmann, K. Kamel, **K. Rolle**, D. Pluskota-Karwatka  
Diastereoselective synthesis and biological evaluation of new fluorine-containing  $\alpha$ -aminophosphonates as anticancer agents and scaffold to human urokinase plasminogen activator inhibitors  
*EUROPEAN JOURNAL OF MEDICINAL CHEMISTRY*, DOI: 10.1016/j.ejmech.2024.117116
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. **M. Sztachera, W. Wendlandt-Stanek**, R.A. Serwa, L. Staszek, **M. Smuszkiewicz, D. Wronka, M. Piwecka**  
Interrogation of RNA-bound proteome with XRNAX illuminates molecular alterations in the mouse brain affected with dysmyelination  
*CELL REPORTS*, DOI: 10.1016/j.celrep.2024.115095
4. O. Wawrzyniak, **D. Wawrzyniak, M. Smuszkiewicz, P. Glodowicz**, A. Gotz-Wieckowska, **K. Rolle**  
Exploring microRNA signatures in pediatric non-infectious uveitis: meta-analysis and molecular profiling of patient samples  
*JOURNAL OF APPLIED GENETICS*, DOI: 10.1007/s13353-024-00922-8

#### Projekty realizowane w Zakładzie i Pracowni w 2024 r.

1. 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; (SONATA BIS)  
*Kierownik projektu: dr hab. Katarzyna Rolle, prof. ICHB PAN*

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

*Kierownik projektu: dr Dariusz Wawrzyniak*

3. Testowanie strategii terapeutycznej przywracającej ekspresję genu SMN1 w ludzkich neuronach ruchowych; (MINIATURA)

*Kierownik projektu: dr Magdalena Surdyka*

4. Źródła energii w organoidach glejaka: Mapowanie lokalizacji i aktywności mitochondriów w zróżnicowanych warunkach tlenowych; (MINIATURA)

*Kierownik projektu: dr Konrad Kuczyński*

## Zakład Proteomiki Biomedycznej

---

**Kierownik Zakładu: dr hab. Magdalena Łuczak, prof. ICHB PAN (1 STATUT)<sup>38</sup>**

### **Skład osobowy<sup>39</sup>**

Pracownicy naukowcy:

prof. dr hab. Maciej Figiel (0,9 STATUT/0,1 GRANTY)

Pracownicy techniczni:

dr Marta Nolka-Szaszner (0,9 STATUT/0,1 GRANTY)

dr Karolina Świtońska-Kurkowska (1 GRANTY)

Doktoranci:

mgr Raneet Sen (stypendium NCN)

mgr Bożena Bołaz (stypendium NCN)

### **Pracownia Spektrometrii Mas**

Kierownik: dr Łukasz Marczak (1 STATUT)

Pracownicy naukowcy:

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

Pracownicy badawczo-techniczni:

dr inż. Aleksander Strugała (1 STATUT)

Doktoranci:

mgr inż. Daniel Fochtman (stypendium NCN)

## Temat statutowy Zakładu

---

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

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

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

#### *Cel badań*

Identyfikacja mechanizmów molekularnych przyspieszonego rozwoju miażdżycy w przewlekłej chorobie nerek (CKD) w kontekście procesu fosforylacji białek związanych z transmigracją; Zbadanie wpływu środowiska moczniczowego na komórki śródbłonna i komórki krążące w CKD; Analiza profilu proteomicznego monocytów w CKD w porównaniu do klasycznej choroby sercowo-naczyniowej (CVD). Badania mechanizmów molekularnych w neurodegeneracji.

---

<sup>38</sup> W nawiasach podano źródło finansowania pracowników.

<sup>39</sup> Stan na 31.12.2024 r.

### *Opis zrealizowanych prac*

Wykazano, że surowica pochodząca z CKD obniża żywotność komórek śródbłonka oraz wpływa na procesy immunologiczne związane z adhezją leukocytów. Analiza cyklu komórkowego ujawniła zatrzymanie fazy S komórek wystawionych na działanie zarówno surowicy CKD, jak i CVD. Proteomiczne profilowanie z wykorzystaniem podejścia LC-MS/MS ujawniło, że potraktowanie komórek śródbłonka surowicą CKD, powoduje deregulację procesów organizacji składników komórkowych, transportu i metabolizmu lipidów oraz cząsteczek sygnałowych odpowiedzialnych za procesy migracji komórek. Analiza kinaz białkowych zaangażowanych w procesy fosforylacji pozwoliła na identyfikację 32 enzymów o różnicowej akumulacji w komórkach HUVEC poddanych działaniu surowicy CKD i CVD, uczestniczących między innymi w regulacji procesów adhezji i transmigracji przez śródbłonek. Opublikowano wyniki badań uzyskane w poprzednich latach w ramach współpracy z Uniwersytetem Medycznym w Poznaniu oraz University of Tuebingen, University of Strasbourg i Ruhr University Bochum.

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

#### *Research goals*

Identification of molecular mechanisms of accelerated atherosclerosis in chronic kidney disease (CKD) in the context of protein phosphorylation; Investigation of the influence of the uremic environment on endothelial cells and circulating cells in CKD; Analysis of the proteomic profile of monocytes in CKD compared to classical cardiovascular disease. Study on molecular mechanisms in neurodegeneration.

#### *Description of the accomplished works*

CKD serum has been shown to reduce endothelial cells viability and trigger an immune response related to leukocyte adhesion. Cell cycle analysis revealed S-phase arrest in cells exposed to both CKD and CVD serum. Proteomic profiling using LC-MS/MS approach revealed deregulation of the processes of cellular component organization, transport and lipid metabolism, and signalling molecules involved in cell migration. Analysis of protein kinases involved in phosphorylation processes allowed identification of 32 enzymes with differential abundance in HUVECs exposed to CKD and CVD serum, responsible for regulation of adhesion and transmigration through endothelium. The results of studies obtained in the previous years, in collaboration with the Poznań University of Medical Sciences, University of Tuebingen, University of Strasbourg and Ruhr University Bochum, have been published.

### **Publikacje**

---

1. **J. Watral**, D. Formanowicz, B. Perek, K. Kostka-Jeziorny, A. Podkowinska, A. Tykarski, **M. Luczak**  
Comprehensive proteomics of monocytes indicates oxidative imbalance functionally related to inflammatory response in chronic kidney disease-related atherosclerosis  
*FRONTIERS IN MOLECULAR BIOSCIENCES* 2024, 11, 1229648
2. K. Mazur-Milewska, **M. Luczak**, **J. Watral**, P. Malecki, A. Mania, M. Figlerowicz  
The Impact of Acute EBV Infection on Changes in the Serum Proteome in Children – A Pilot Study  
*PATHOGENS* 2024, 13, 471
3. **M. Nolka-Szaszner**, **A. Strugala**, **L. Marczak**  
Metody spektrometrii mas oparte o dane (DDA) oraz metody niezależne od danych (DIA) wykorzystywane w analizie materiału biologicznego  
*POSTĘPY BIOCHEMII* 2024, 70, 212-222
4. A. Niewiadomska-Cimicka, L. Fievet, **M. Surdyka**, **E. Jesion**, C. Keime, E. Singer, A. Eisenmann, **Z. Kalinowska-Poska**, H.H.P. Nguyen, **A. Fiszler**, **M. Figiel**, Y. Trottier  
AAV-Mediated CAG-Targeting Selectively Reduces Polyglutamine-Expanded Protein and



- Attenuates Disease Phenotypes in a Spinocerebellar Ataxia Mouse Model  
*INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES* 2024, 25, 4354
5. **A. Wojakowska, L. Marczak**, M. Zeman, M. Chekan, E. Zembala-Nozynska, K. Polanski, **A. Strugala**, P. Widlak, M. Pietrowska  
Proteomic and metabolomic signatures of rectal tumor discriminate patients with different responses to preoperative radiotherapy  
*FRONTIERS IN ONCOLOGY* 2024, 14, 1323961
  6. **P.J. Pietras, A. Wasilewska-Burczyk, K. Peplowska, L. Marczak, A. Tyczewska, K. Grzywacz**  
Dynamic protein composition of *Saccharomyces cerevisiae* ribosomes in response to multiple stress conditions reflects alterations in translation activity  
*INTERNATIONAL JOURNAL OF BIOLOGICAL MACROMOLECULES* 2024, 268, 132004
  7. **D. Fochtman, A. Wojakowska, L. Marczak**  
Spektrometria mas z mobilnością jonów w badaniach multi-omicznych  
*POSTĘPY BIOCHEMII* 2024, 70, 204-211
  8. **M. Gawel, P.H. Malecki, J. Sliwiak, M. Stepniewska, B. Imiolczyk, J. Czyrko-Horczak, D. Jakubczyk, L. Marczak**, M.E. Plonska-Brzezinska, **K. Brzezinski**  
A closer look at molecular mechanisms underlying inhibition of S-adenosyl-l-homocysteine hydrolase by transition metal cations  
*CHEMICAL COMMUNICATIONS* 2024, 60, 11504-11507
  9. **D. Fochtman, L. Marczak, M. Pietrowska, A. Wojakowska**  
Challenges of MS-based small extracellular vesicles proteomics  
*JOURNAL OF EXTRACELLULAR VESICLES* 2024, 13, e70020

### Projekty realizowane w Zakładzie i Pracowni w 2024 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 gatunkowa zwierzęcych szczątków kostnych ze stanowisk archeologicznych za pomocą spektrometrii mas; (MINIATURA)  
*Kierownik projektu: dr Aleksander Strugała*
5. Badanie nowej strategii terapeutycznej zmierzającej do obniżenia zmutowanego białka w SCA3/MJD; (OPUS)  
*Kierownik projektu: prof. dr hab. Maciej Figiel*
6. 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: prof. dr hab. Maciej Figiel*
7. Mechanizmy molekularne terapeutycznych podejść żywieniowych w neurodegeneracji; (JPND Call 2022)  
*Kierownik projektu: prof. dr hab. Maciej Figiel*

## Zakład Struktury i Funkcji RNA

**Kierownik Zakładu: dr hab. Katarzyna Pachulska-Wieczorek, prof. ICHB PAN**  
(0,55 STATUT/0,45 GRANTY)<sup>40</sup>

### Skład osobowy<sup>41</sup>

Pracownicy naukowcy:

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

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

dr Paweł Śledziński (1 GRANTY)

Pracownicy techniczni:

dr Angelika Andrzejewska-Romanowska (0,4 STATUT/0,6 GRANTY)

Doktoranci:

mgr Ewa Tykwińska (stypendium NCN)

### Temat statutowy Zakładu

Badania zależności między strukturą RNA i jego funkcją w procesach komórkowych oraz replikacji wirusów (K)

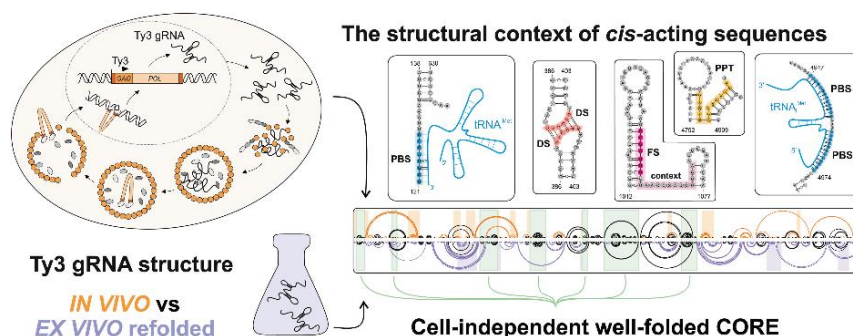
### Opis prowadzonej działalności naukowej finansowanej z subwencji i projektów

#### Cel badań

Zrozumienie zależności między strukturą RNA i jego funkcją w procesach komórkowych oraz replikacji wirusów.

#### Opis zrealizowanych prac

Stosując najnowsze metody chemicznego mapowania RNA, w połączeniu z metodą NGS, analizowano właściwości strukturalne RNA. Badania prowadzono w skali transkryptomowej dla drożdżowych mRNA oraz indywidualnych ludzkich RNA komórkowych oraz genomowych RNA retroelementów. Zastosowanie metody SHAPE-MaP do badań transkryptomowych stanowi istotne osiągnięcie, gdyż dotychczas wykorzystywano ją do analizy indywidualnych RNA oraz małego transkryptomu *E. coli*. Uzyskane dane SHAPE zostaną użyte do przewidywania modeli struktury drugorzędowej setek transkryptów *S. cerevisiae* i utworzenia bazy strukturalnej drożdżowych mRNA. Rozpoczęto prace nad ustaleniem korelacji pomiędzy strukturą mRNA, a efektywnością ich translacji i funkcją komórkową. Ukończono badania nad ustaleniem struktury drugorzędowej gRNA retrotranspozonu Ty3 (rycina poniżej) w żywych komórkach z zastosowaniem metody SHAPE-MaP (publikacja 1.). W ramach międzynarodowego konsorcjum Yscript kontynuowano prace nad opracowaniem pierwszej metody bioprodukcji mRNA dla celów terapeutycznych. Wyselekcjonowano aptamery RNA (HT-SELEX) wiążące z wysokim powinowactwem białko Gag Ty1. Na podstawie testów aktywności *in vitro* wytypowano aptamery do badań *in vivo*.



<sup>40</sup> W nawiasach podano źródło finansowania pracowników.

<sup>41</sup> Stan na 31.12.2024 r.

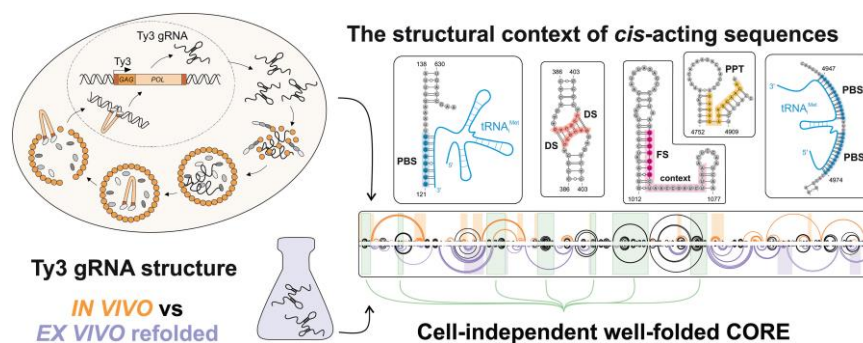
## The description of research activity funded by the statutory subsidy and grants

### Research goals

Understanding the relationship between RNA structure and its function in cellular processes and virus replication.

### Description of the accomplished works

Using the latest chemical RNA mapping methods combined with NGS, structural properties of RNA were analysed. Studies were conducted on a transcriptome scale for yeast mRNAs and individual human RNAs, and genomic RNAs of retroelements. The application of the SHAPE-MaP method to transcriptome studies is a significant achievement, as it has previously been used to analyze individual RNAs and the small transcriptome of *E. coli*. The obtained SHAPE data will be used to predict secondary structure models of hundreds of *S. cerevisiae* transcripts, and to create a structural database of yeast mRNAs. Work has begun on establishing correlations between mRNA structure and their translation efficiency and cellular function. Studies on determining the secondary structure of the Ty3 retrotransposon gRNA (figure below) in living cells, using the SHAPE-MaP method have been completed (publication 1). Within the international Yscript consortium, work continued on developing the first method of mRNA bioproduction for therapeutic purposes. RNA aptamers binding the Gag Ty1 protein with high affinity were selected (HT-SELEX). Based on *in vitro* activity tests, aptamers were selected for *in vivo* studies.



## Publikacje

1. **A. Andrzejewska-Romanowska, J. Gumna, E. Tykwinska, K. Pachulska-Wieczorek**  
Mapping the structural landscape of the yeast Ty3 retrotransposon RNA genome  
*NUCLEIC ACIDS RESEARCH* 2024, 52, 9821-9837
2. **P. Sledzinski, M. Nowaczyk, M.I. Smielowska, M. Olejniczak**  
CRISPR/Cas9-induced double-strand breaks in the huntingtin locus lead to CAG repeat contraction through DNA end resection and homology-mediated repair  
*BMC BIOLOGY* 2024, 22, 282

## Projekty realizowane w Zakładzie w 2024 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: dr inż. Angelika Andrzejewska-Romanowska*

## **Zakład Badań Strukturalnych RNA**

*(Zakład powołano 01.01.2024 r.)*

**Kierownik Zakładu: dr hab. Agnieszka Kiliszek (0,75 STATUT/0,25 GRANTY)<sup>42</sup>**

### **Skład osobowy<sup>43</sup>**

Pracownicy naukowcy:

prof. dr hab. Wojciech Rypniewski (0,9 STATUT/0,1 GRANTY)

Pracownicy techniczni

mgr Martyna Mateja-Pluta (0,85 STATUT/0,15 GRANTY)

Doktoranci:

mgr Faizan Faizan (stypendium NCN)

## **Temat statutowy Zakładu**

Badania zależności między strukturą i funkcją biomolekuł (N)

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

#### *Cel badań*

Analiza strukturalna cząsteczek RNA związanych z chorobami neurodegeneracyjnymi: stwardnieniem zanikowym bocznym (ALS) oraz otępieniem czołowo-skroniowym (FTD).

#### *Opis zrealizowanych prac*

Zaprojektowano szereg cząsteczek RNA, które następnie były ewaluowane metodami biofizycznymi, takimi jak dichroizm kołowy, elektroforeza natywna, topnienie UV oraz różnicowa kalorymetria skaningowa. Na podstawie uzyskanych wyników weryfikowano topologię RNA, homogeniczność preparatu oraz stabilność cząsteczek RNA. Wybrane cząsteczki krystalizowano. Część uzyskanych wyników opublikowano w czasopiśmie w Nucleic Acids Research (publikacja 1.).

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

#### *Research goals*

Studying RNA molecules associated with the development of neurodegenerative diseases, amyotrophic lateral sclerosis (ALS) and frontotemporal dementia (FTD).

### **Description of the accomplished works**

The scope of ongoing work included the design of a number of RNA molecules, which were evaluated by biophysical methods such as circular dichroism, native polyacrylamide gel electrophoresis, UV melting and differential scanning calorimetry. Based on these results, the topology of the RNA, the homogeneity of the sample, and the stability of the RNA molecules were verified. The selected molecules were then crystallized. Part of the obtained results was published in Nucleic Acids Research (publication 1).

<sup>42</sup> W nawiasach podano źródło finansowania pracowników.

<sup>43</sup> Stan na 31.12.2024 r.

## Publikacje

---

1. **L. Blaszczyk, M. Ryczek, B. Das, M. Mateja-Pluta, M. Bejger, J. Sliwiak, K. Nakatani, A. Kiliszek**  
Antisense RNA C9orf72 hexanucleotide repeat associated with amyotrophic lateral sclerosis and frontotemporal dementia forms a triplex-like structure and binds small synthetic ligand  
*NUCLEIC ACIDS RESEARCH* 2024, 52, 6707-6717
2. **W. Rypniewski**  
Superbiałka jak „superbakterie”?  
*FORUM AKADEMICKIE* 2024, 7-8, 40-43

## Projekty realizowane w Zakładzie w 2024 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. 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*
5. 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 Biologii Komórek Nerwowych

---

**Kierownik Zakładu: dr Paweł Świtoński (1 GRANTY)<sup>44</sup>**

### Skład osobowy<sup>45</sup>

Doktoranci:

mgr Grażyna Adamek (stypendium NCN)

### Temat statutowy Zakładu

---

Badania mechanizmów odpowiedzialnych za selektywną dysfunkcję neuronów w chorobach neurodegeneracyjnych (N)

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

*Cel badań*

Celem badań było zgłębienie procesów neurodegeneracyjnych, które odpowiadają za selektywną wrażliwość komórek Purkiniego (PC) w ataksji rdzeniowo-mózdkowej typu 7 (SCA7), na poziomie transkryptomycznym i epigenetycznym.

---

<sup>44</sup> W nawiasach podano źródło finansowania pracowników.

<sup>45</sup> Stan na 31.12.2024 r.

### *Opis zrealizowanych prac*

W badaniach wykorzystano stworzone w ramach zakładu dane z sekwencjonowania pojedynczych komórek, uzyskanych od myszy SCA7 i WT. Analiza danych wskazała na globalne obniżenie ekspresji genów w komórkach PC, pochodzących od zwierząt SCA7. Dodatkowo wzmożona degeneracja komórek PC z podtypu Zebrin-II wyłoniła się jako kluczowy aspekt degeneracji komórek PC. Zaobserwowana kompletna utrata paskowania Zebrin-II w momencie wystąpienia objawów ruchowych u myszy z SCA7, odnotowana została również u zwierząt SCA1, SCA2 i SCA3. Przeanalizowano również dane z sekwencjonowania pojedynczych komórek od pacjentów SCA7. Brak detekcji komórek PC spowodowany był niską kompatybilnością metody izolacji jąder z platformą sekwencjonowania, niemniej jednak utrata tożsamości Zebrin-II obecna była w interneuronach warstwy molekularnej. Równolegle w badaniach nad selektywną degeneracją zastosowano autorski protokół izolacji jąder PC. Wyizolowane jądra PC z myszy SCA7 i WT użyto do analizy metodą Cut&Tag modyfikacji H2B120Kub, uznawanej za stymulator elongacji transkrypcji. Zaobserwowany poziom zmian modyfikacji H2B120Kub nie tłumaczył wykrytych wcześniej globalnych zmian ekspresji genów. Zaplanowano więc analizę dynamiki polimerazy II i przeprowadzono pilotażowy eksperyment Cut&Tag, upoważniający przeprowadzenie analiz na większą skalę. Równolegle opracowano metodę izolacji histonów z jąder komórek PC, która będzie miała zastosowanie w planowanej analizie proteomicznej modyfikacji potranslacyjnych histonów.

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

#### *Research goals*

The aim of the study was to explore the neurodegenerative processes responsible for the selective vulnerability of Purkinje cells (PC) in spinocerebellar ataxia type 7 (SCA7), on the transcriptomic and epigenetic level

#### **Description of the accomplished works**

In the studies, single-cell sequencing data from SCA7 and wild-type (WT) mice were utilized. The data analysis revealed a global reduction in gene expression in PCs from SCA7 animals. Additionally, increased degeneration of the Zebrin-II subtype of PCs emerged as a key feature of PC degeneration. Complete loss of Zebrin-II striping, observed at the onset of motor symptoms in SCA7 mice, was also apparent in animals with SCA1, SCA2 and SCA3. Single-cell sequencing data from SCA7 patients were also analyzed. Although Purkinje cells were not detected due to the low compatibility of the nuclear isolation method with the sequencing platform, loss of Zebrin-II identity was evident in molecular layer interneurons. In parallel, an original PC nuclei isolation protocol was used in the selective degeneration studies. PC nuclei purified from SCA7 and WT mice were subjected to Cut&Tag analysis targeting the H2B120Kub modification, recognized as a stimulator of transcription elongation. The observed changes in H2B120Kub levels did not appear to explain the previously identified global shifts in gene expression. Consequently, an analysis of RNA polymerase II dynamics was planned, and a pilot Cut&Tag experiment was conducted, providing the basis for scaling up the analysis. Simultaneously, a method for isolating histones from PC nuclei was developed, which will be employed in a planned proteomic analysis of histone post-translational modifications.

### **Publikacje**

---

1. L.C. Bartelt, **M. Fakhri**, **G. Adamek**, **M. Trybus**, **A. Samelak-Czajka**, **P. Jackowiak**, **A. Fiszer**, C.B. Lowe, A.R. La Spada, **P.M. Switonski**  
Antibody-assisted selective isolation of Purkinje cell nuclei from mouse cerebellar tissue  
*CELL REPORTS METHODS* 2024, 4, 100816
2. L.C. Bartelt, **P.M. Switonski**, **G. Adamek**, F. Longo, J. Carvalho, L.A. Duvick, A.I. Jarrah, H.S. Mccloughlin, D.R. Scoles, S.M. Pulst, H.T. Orr, C. Hull, C.B. Lowe, A.R. La Spada

Dysregulation of zebrin-II cell subtypes in the cerebellum is a shared feature across polyglutamine ataxia mouse models and patients  
*SCIENCE TRANSLATIONAL MEDICINE* 2024, 16, 5449

3. **M. Wozna-Wysocka, M. Jazurek-Ciesiolka, L. Przybyl, D. Wronka, J.O. Misiorek, J. Suszynska-Zajczyk, G. Figura, A. Ciesiolka, P. Sobieszczanska, A. Zeller, M. Niemira, P.M. Switonski, A. Fiszer**  
Insights into RNA-mediated pathology in new mouse models of Huntington's disease  
*FASEB JOURNAL* 2024, 38, e70182

### Projekty realizowane w Zakładzie w 2024 r.

---

1. Zgłębienie procesów neurodegeneracyjnych z wykorzystaniem bezpośredniego profilowania selektywnie wrażliwych neuronów; (SONATA)

*Kierownik projektu: dr Paweł Świtoński*

2. Multiomiczna charakterystyka procesów neurodegeneracji w Zebrin-II pozytywnych i Zebrin-II negatywnych komórkach Purkinjego; (PRELUDIUM)

*Kierownik projektu: mgr Grażyna Adamek*

### Zakład Biologii Obliczeniowej Niekodującego RNA

---

**Kierownik Zakładu: dr hab. Barbara Uszczyńska-Ratajczak, prof. ICHB PAN (1 GRANTY)<sup>46</sup>**

#### Skład osobowy<sup>47</sup>

Pracownicy naukowcy:

dr Sasti Das (1 GRANTY)

dr Tomasz Mądry (1 GRANTY)

Pracownicy techniczni:

inż. Marta Blangiewicz (1 STATUT)

Doktoranci:

mgr inż. Monika Kwiatkowska (1 GRANTY)

#### Temat statutowy Zakładu

---

Zastosowanie metod obliczeniowych do identyfikacji genów niekodujących białek w genomach kręgowców (K)

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

##### *Cel badań*

Postęp w adnotacji genomu: integracyjne podejścia projektu GENCODE

##### *Opis zrealizowanych prac*

Badania Zakładu Biologii Obliczeniowej Niekodującego RNA koncentrują się na tworzeniu kompleksowych adnotacji genów referencyjnych dla genomów człowieka, myszy i ryby danio przegwanego. Misja ta pozostaje dynamiczna, ponieważ postępy w technologii i metodologii umożliwiają coraz bardziej szczegółowe katalogowanie genomów. W szczególności sekwencjonowanie transkryptomu metodą długich odczytów pozwoliło na odkrycie licznych wcześniej brakujących transkryptów i znaczną poprawę istniejących modeli, prowadząc do istotnego rozszerzenia i przeorganizowania katalogów długich niekodujących RNA będących w dyspozycji Zakładu. Dodatkowo dane pochodzące z nowoczesnych eksperymentów proteomicznych i Ribo-seq są

---

<sup>46</sup> W nawiasach podano źródło finansowania pracowników.

<sup>47</sup> Stan na 31.12.2024 r.

integrowane aby wzbogacić adnotacje sekwencji tłumaczeniowych. Dopasowania między genomami, wzbogacone o sekwencjonowanie dodatkowych gatunków, dostarczają cennych informacji funkcjonalnych. Te różnorodne metody zintegrowane są w jednolitym procesie adnotacji – TAGENE. Zdając sobie sprawę z wyzwań związanych z nawigowaniem po złożonych zasobach, projekt GENCODE opracował przyjazne dla użytkownika zestawy genów, takie jak MANE Select i GENCODE Primary. Zasoby Zakładu Biologii Obliczeniowej Niekodującego RNA są dostępne bezpłatnie na stronie [www.gencodegenes.org](http://www.gencodegenes.org) oraz przez przeglądarki genomowe Ensembl i UCSC.

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

### *Research goals*

Advancing genome annotation: integrative approaches from the GENCODE Project

### *Description of the accomplished works*

Research at the Department of Computational Biology of Non-coding RNA is devoted to producing comprehensive reference gene annotations for human, mouse, and zebrafish genomes. This mission remains dynamic as advancements in technology and methodology enable increasingly granular genome cataloguing. Long-read transcriptome sequencing, in particular, has uncovered numerous previously missing transcripts and significantly refined existing models, leading to a dramatic expansion and reconfiguration of long non-coding RNA catalogues at the disposal of the Department. Additionally, data from cutting-edge proteomics and Ribo-seq experiments are integrated to enhance annotations of translated sequences. Multi-genome alignments, enriched by the sequencing of additional species, further provide valuable functional insights. These diverse methodologies are combined into an integrated annotation workflow – TAGENE.

Recognizing the challenges of navigating complex resources, the GENCODE project has developed user-friendly filtered genesets, such as MANE Select and GENCODE Primary. The resources of the Department of Computational Biology of Non-coding RNA are freely accessible at [www.gencodegenes.org](http://www.gencodegenes.org) and via the Ensembl and UCSC genome browsers.

## Publikacje

---

S. Carbonell-Sala, T. Perteghella, J. Lagarde, H. Nishiyori, E. Palumbo, C. Arnan, H. Takahashi, P. Carninci, **B. Uszczynska-Ratajczak**, R. Guigo  
CapTrap-seq: a platform-agnostic and quantitative approach for high-fidelity full-length RNA sequencing  
*NATURE COMMUNICATIONS* 2024, 15, 5278

### Prace przyjęte do druku:

J.M. Mudge, S. Carbonell\_Sala, M. Diekhans, J.G. Martinez, T. Hunt, I. Jungreis, J.E. Loveland, C. Arnan, I. Barnes, R. Bennet, ..., **B. Uszczynska-Ratajczak**, ..., A. Frankish  
GENCODE 2025: reference gene annotation for human and mouse  
*NUCLEIC ACIDS RESEARCH*, DOI: 10.1093/nar/gkae1078

## Projekty realizowane w Zakładzie w 2024 r.

---

1. 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*
2. Gra w ogony: Zrozumienie roli przetwarzania 3'-końca długich niekodujących RNA podczas rozwoju danio przegowanego; (PRELUDIUM)  
*Kierownik projektu: mgr inż. Monika Kwiatkowska*



## Zakład Biologii Strukturalnej Organizmów Prokariotycznych

---

**Kierownik Zakładu:** dr hab. Krzysztof Brzeziński, prof. ICHB PAN (1 GRANTY)<sup>48</sup>

### Skład osobowy<sup>49</sup>

Pracownicy naukowci:

dr Magdalena Bejger (1 STATUT)

dr Piotr Małecki (1 GRANTY)

Doktoranci:

mgr Katarzyna Woźniak (stypendium NCN)

mgr Paulina Borysiuk (stypendium NCN)

### Temat statutowy Zakładu

---

Badania strukturalne makromolekuł oraz małowcząsteczkowych związków bioaktywnych (K)

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

##### *Cel badań*

Celem były badania strukturalne reduktazy metylenotetrahydrofolianu (metF) z *Pseudomonas aeruginosa*

##### *Opis zrealizowanych prac*

Opracowano warunki krystalizacji metF. W oparciu o uzyskane monokryształy zmierzono rentgenowskie dane dyfrakcyjne, które posłużyły do rozwiązania struktury krystalicznej metF w kompleksie z kofaktorem FAD. Badania biochemiczne oraz analiza strukturalna oparta na wysokorozdzielczej mikroskopii krioelektronowej wykazały, że białko metF z *Pseudomonas aeruginosa* jest aktywne jako homodimer, w przeciwieństwie do enzymu pochodzącego z innych bakterii, które tworzą homotetramer. Analiza strukturalna modeli krystalograficznych wskazała różnice w obecności poszczególnych reszt aminokwasowych na powierzchni białka metF z *P. aeruginosa* i pozostałych bakterii, co przyczynia się do występowania odmiennych stanów oligomerycznych enzymu.

Wyniki przedstawiono w manuskrypcie publikacji przygotowywanym do wysłania:

**Wozniak, K., Malecki P.H., Borek, D. and Brzezinski, K.** Structural insights into methylenetetrahydrofolate reductase (metF) from *Pseudomonas aeruginosa*.

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

##### *Research goals*

The aim of the research was structural study of methylenetetrahydrofolate reductase (metF) from *Pseudomonas aeruginosa*.

##### *Description of the accomplished works*

Crystallization conditions of the metF enzyme were developed. Based on the obtained single crystals, X-ray diffraction data were measured. Based on them, a crystal structure of the MetF in complex with the FAD cofactor was solved. Biochemical studies and structural analysis based on high-resolution cryo-electron microscopy showed that MetF from *Pseudomonas aeruginosa* is active as a homodimer, unlike the enzyme from other bacteria, which forms a homotetramer. Structural analysis of crystallographic models indicated differences in the presence of individual amino acid residues on the protein surface in MetF from *P. aeruginosa* and other bacteria, which contribute to the occurrence of different oligomeric states of the enzyme.

Results presented in a publication (being prepared to be sent to the editor):

---

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

<sup>49</sup> Stan na 31.12.2024 r.

**Wozniak, K., Malecki P.H., Borek, D. and Brzezinski, K.** Structural insights into methylenetetrahydrofolate reductase (metF) from *Pseudomonas aeruginosa*.

## Publikacje

---

1. A. Hryniewiecka, J. Breczko, 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* 2024, 5, 1065-1077
2. **M. Gawel, P.H. Malecki, J. Sliwiak, M. Stepniewska, B. Imiolczyk, J. Czyrko-Horczak, D. Jakubczyk, L. Marczak**, M.E. Plonska-Brzezinska, **K. Brzezinski**  
A closer look at molecular mechanisms underlying inhibition of S-adenosyl-l-homocysteine hydrolase by transition metal cations  
*CHEMICAL COMMUNICATIONS* 2024, 60, 11504-11507

## Projekty realizowane w Zakładzie w 2024 r.

---

1. Hamowanie aktywności hydrolazy S-adenozyl-L-homocysteiny z *Pseudomonas aeruginosa* poprzez wpływ na dynamikę enzymu; (SONATA BIS)<sup>50</sup>  
Kierownik projektu: dr hab. Krzysztof Brzeziński
2. Bazujące na podstawie informacji strukturalnej opracowanie inhibitorów demetylaz histonów dla terapii przeciwnowotworowej; (SONATA)  
Kierownik projektu: dr Piotr Małecki

## Zakład Biomolekularnego NMR

---

(Zakład Wiodący pod kierownictwem prof. dr hab. Zofii Gdaniec działał do 31.01.2024 r. Z dniem 01.02.2024 r. powołano nowy zakład pod tą samą nazwą w kategorii Zakład Młodego Lidera, pod kierownictwem dr. Witolda Andrałowicza)

**Kierownik Zakładu: dr Witold Andrałójć** (0,8 STATUT/0,2 GRANTY)<sup>51</sup>

### Skład osobowy<sup>52</sup>

Pracownicy naukowci:

- prof. dr hab. Zofia Gdaniec (0,2 STATUT)
- dr Dorota Gudanis-Sobocińska (1 STATUT)

Doktoranci:

- mgr Aleksandra Cioch-Biniaś (stypendium ICHB PAN)
- mgr Aleksandra Pawłowicz (stypendium NCN)
- mgr Mikołaj Podlewski (stypendium NCN)
- mgr Ewa Połomska (stypendium NCN)
- mgr Amadeusz Woś (stypendium ICHB PAN)

### Pracownia NMR

Kierownik: dr Karol Pasternak (0,8 STATUT/0,2 GRANTY)

Pracownicy badawczo-techniczni:

- dr Daniel Baranowski (1 STATUT)

---

<sup>50</sup> Projekt realizowany w ICHB od 1.10.2020 r.

<sup>51</sup> W nawiasach podano źródło finansowania pracowników.

<sup>52</sup> Stan na 31.12.2024 r.

Pracownicy techniczni:

dr Karolina Zielińska (0,8 STATUT/0,2 GRANTY)

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

## Temat statutowy Zakładu

---

Badania struktury i dynamiki kwasów nukleinowych metodami biomolekularnego NMR (N)

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

#### *Cel badań*

Zrozumienie wpływu modyfikacji chemicznych na strukturę kwasów nukleinowych i ich oddziaływanie z jonami metali.

#### *Opis zrealizowanych prac*

Centralnymi obiektami badań były układy DNA i RNA zawierające modyfikowane jednostki nukleotydowe. Badano zarówno wpływ naturalnie występujących modyfikacji RNA, jak i modyfikacji syntetycznych wprowadzanych do DNA w celu poprawy siły i specyficzności jego oddziaływań z jonami metali. W ramach pierwszego z tych wątków badano wpływ 5-formylcytozyny i 1-metyloguanozyny na struktury przestrzenne zawierających je cząsteczek RNA – pętli antykodonowych tRNA oraz modeli elementów helikalnych tworzących się w strukturach drugorzędowych mRNA. W ramach drugiego wątku zaprojektowano i przebadano pod kątem aktywności katalitycznej serię modyfikowanych chemicznie wariantów DNAzemu 8-17 w poszukiwaniu układu aktywnego katalitycznie w obecności niższych stężeń jonów dwuwartościowych. Podstawą projektowania modyfikowanych wariantów DNAzemu była opublikowana w Nature Communications struktura przestrzenna tego układu (publikacja 2.). Równolegle podjęto się optymalizacji miejsca wiązania jonów lantanowca tworzonego przez niesparowania guanozyna-guanozyna w DNA, poprzez mutacje sąsiednich par zasad oraz wprowadzenie reszty modyfikowanej – 8-bromoguanozyny. Zmiany te pozwoliły na ograniczenie zmienności konformacyjnej obecnej w tym układzie oraz poprawę stałej wiązania jonu metalu.

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

#### *Research goals*

Understanding the impact of chemical modifications on nucleic acid structure and interactions with metal ions

#### Description of the accomplished works

The Department's research was focused around DNA and RNA systems containing modified nucleotides. These included both naturally occurring RNA modifications, as well as synthetic DNA modifications introduced to improve the strength and specificity of metal ion binding. Among the first group, the influence of 5-formylcytosine and 1-methylguanosine on the structures of RNAs bearing them was investigated – anticodon loops of tRNAs and helical elements forming in mRNAs. Within the second group, a series of chemically modified variants of the 8-17 DNAzyme, in search for systems more active at low divalent metal ion concentrations, were designed and tested for catalytic activity. The design of the modified DNAzymes was informed by the 3D structure of this system, published in Nature Communications (publication 2). In parallel, an optimization of a lanthanide ion binding site formed by guanosine-guanosine mismatches in a DNA helix was attempted through mutation of nearby base pairs and introduction of an 8-bromoguanosine modification. These changes led to an improved lanthanide binding constant while also abolishing conformational exchange occurring in the original system.

## Publikacje

---

1. J.M. Gonzalez-Delgado, P.M. Thompson, **W. Andralojc, Z. Gdaniec**, R.A. Ghiladi, S. Franzen  
Comparison of the Backbone Dynamics of Dehaloperoxidase-Hemoglobin Isoenzymes  
*JOURNAL OF PHYSICAL CHEMISTRY B* 2024, 128, 3383-3397
2. **J. Wieruszewska, A. Pawłowicz, E. Polomska, K. Pasternak, Z. Gdaniec, W. Andralojc**  
The 8-17 DNAzyme can operate in a single active structure regardless of metal ion cofactor  
*NATURE COMMUNICATIONS* 2024, 15, 4218
3. I. Bak-Sypien, T. Pawlak, A. Wroblewska, R. Dolot, **A. Pawłowicz**, M. Szczesio, E. Wielgus,  
S. Kazmierski, M. Gorecki, R. Pawłowska, A. Chworos, M.J. Potrzebowski  
Influence of heterochirality on the structure, dynamics, biological properties of cyclic(PFPF)  
tetrapeptides obtained by solvent-free ball mill mechanosynthesis  
*SCIENTIFIC REPORTS* 2024, 14, 12825
4. K. Sutor-Swiezy, R. Gorska, A. Kumorkiewicz-Jamro, E. Dziedzic, M. Bieniasz, P. Mielczarek,  
L. Popena, **K. Pasternak**, M. Tyszka-Czochara, M. Baj-Krzyworzeka, M. Stafanska,  
P. Blyszczuk, S. Wybraniec  
*Basella alba* L. (Malabar Spinach) as an Abundant Source of Betacyanins: Identification,  
Stability, and Bioactivity Studies on Natural and Processed Fruit Pigments  
*JOURNAL OF AGRICULTURAL AND FOOD CHEMISTRY* 2024, 6, 2943-2962
5. K. Stachowiak, M. Zabiszak, J. Grajewski, **A. Teubert**, A. Bajek, R. Jastrzab  
Thermodynamic Studies of Complexes in Cu(II)/Uridine-5'-Diphosphoglucuronic Acid System  
*MOLECULES* 2024, 29, 3695
6. **W. Witek, W. Ragin, H.L. Tran, E. Polomska, M. Podlewski, A. Pawłowicz, A. Cioch-Binas,  
A. Wos, W. Andralojc, M. Szachniuk, M. Ruszkowski**  
Postępy biologii strukturalnej – jak zobaczyć cząsteczki życia?  
*POSTĘPY BIOCHEMII* 2024, 70, 128-138

### Przyjęte do druku

1. **A. Jarmolowicz, N. Dutta, W. Andralojc, J. Sarzynska, G. Framski, D. Baranowski,  
J. Boryski**, A. Lahiri, **Z. Gdaniec, E. Kierzek, R. Kierzek**  
The oligonucleotides containing N7-regioisomer of guanosine. Influence on thermodynamic  
properties and structure of RNA duplexes  
RNA, DOI: 10.1261/rna.080106.124).
2. I. Yildirim, **W. Andralojc**, A. Taghavi, **D. Baranowski, Z. Gdaniec, R. Kierzek, E. Kierzek**  
Experimental and computational investigations of RNA duplexes containing N7-  
regioisomers of adenosine and LNA-adenosine  
NUCLEIC ACIDS RESEARCH, DOI: 10.1093/nar/gkae1222

## Projekty realizowane w Zakładzie i Pracowni w 2024 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 choro-  
bach 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 Chorób Rzadkich

---

**Kierownik Zakładu: dr hab. Marzena Wojciechowska, prof. ICHB PAN (0,8 STATUT/0,2 GRANTY)<sup>53</sup>**

### Skład osobowy<sup>54</sup>

Doktoranci:

mgr Emilia Mroczo (stypendium ICHB PAN)

mgr Arvind Srinivasan (stypendium ICHB PAN)

### Temat statutowy Zakładu

---

Poszukiwanie nowych biomarkerów i podejść terapeutycznych w chorobach rzadkich człowieka (K)

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

##### *Cel badań*

Charakterystyka mechanizmów patogenezы oraz poszukiwanie nowych rozwiązań terapeutycznych w dystrofiach mięśniowych typu pierwszego i drugiego jak również innych chorobach rzadkich człowieka, w których podłożem genetycznym są mutacje sekwencji mikrosatelitarnych.

##### *Opis zrealizowanych prac*

Działalność naukowa 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 (i) przeanalizowano koliste RNA u pacjentów DM2 i DM1 i znaleziono ich dysregulacje. Wyniki tych prac znajdują się w recenzji. W ramach (ii) walidowano związki chemiczne o potencjale terapeutycznym, które zostały wyselekcjonowane w wysokoprzepustowych testach przesiewowych. We współpracy z brytyjskim partnerem prowadzono eksperymenty do manuskryptu zatytułowanego „Regulation of Toxic RNA Foci and Mutant DMPK Transcripts: Role of MBNL Proteins and RNA Decay Pathways”, który znajduje się obecnie w recenzji. W ramach (iii) przeprowadzono analizy bioinformatyczne retencji intronów w tkankach od pacjentów z DM1 i DM2 oraz przygotowywano manuskrypt publikacji.

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

##### *Research goals*

The characterization of 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 expansions of microsatellites.

---

<sup>53</sup> W nawiasach podano źródło finansowania pracowników.

<sup>54</sup> Stan na 31.12.2024 r.

### *Description of the accomplished works*

The scientific activity 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). In the framework of (i), circular RNAs were analyzed in the tissues of DM2 and DM1 patients, and their dysregulation was found. The results of these studies are currently under review. In (ii), chemical compounds with therapeutic potential selected in high-throughput screening were validated. In collaboration with a British partner, experiments were conducted for a manuscript entitled “Regulation of Toxic RNA Foci and Mutant DMPK Transcripts: Role of MBNL Proteins and RNA Decay Pathways”, which is currently under review. In (iii), bioinformatics analyses of intron retention were performed in tissues from DM1 and DM2 patients, and a manuscript for publication was being prepared.

### **Projekty realizowane w Zakładzie w 2024 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 Genetyki Nowotworów**

---

*(Zakład powołano 01.01.2024 r.)*

**Kierownik Zakładu: dr Katarzyna Klonowska (0,9 STATUT/0,1 GRANTY)<sup>55</sup>**

#### **Skład osobowy<sup>56</sup>**

Doktoranci:

mgr Marcin Drzewiecki (stypendium NCN)

#### **Temat statutowy Zakładu**

---

Analiza genomowa w celu rozpoznania patogenezы chorób człowieka o podłożu genetycznym (N)

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

*Cel badań*

Rozpoznanie podłoża genetycznego zespołów dziedzicznych związanych z inaktywacją genów supresorowych.

*Opis zrealizowanych prac*

Badania prowadzone w zakładzie koncentrowały się na zgłębianiu podłoża genetycznego zespołów dziedzicznych, predysponujących do występowania nowotworów związanych z inaktywacją genów supresorowych. Jednym z obszarów badawczych była charakterystyka spektrum

---

<sup>55</sup> W nawiasach podano źródło finansowania pracowników.

<sup>56</sup> Stan na 31.12.2024 r.

mutacji somatycznych w guzach skóry u pacjentów ze stwardnieniem guzowatym (ang. *Tuberous Sclerosis Complex*, TSC). Z zastosowaniem ultraczułej metody *Multiplex High-sensitivity PCR assay* (MHPA), przeprowadzono część analiz *TSC1*-MHPA umożliwiającą kompleksową charakterystykę somatycznych mutacji poliklonalnych *TSC1* w skórze u pacjentów z TSC. Dodatkowo przeprowadzono całogenomowe profilowanie mutacji somatycznych (ang. *whole genome sequencing*, WGS) w naczyniakowłókniakach oraz włókniakach okołopaznokciowych u pacjentów z TSC. Analiza WGS pozwoliła zdefiniować sygnatury substytucji pojedynczych (ang. *single nucleotide variants*, SNV) oraz podwójnych (ang. *dinucleotide variants*, DNV) nukleotydów, a także doprowadziła do identyfikacji powtarzalnych mutacji w genach, które mogą pełnić ważną rolę w patogenezie guzów skóry w TSC. Dodatkowo, w ramach odrębnego projektu, przeprowadzono część analiz danych sekwencjonowania nowej generacji (ang. *Next Generation Sequencing*, NGS) w celu identyfikacji genów/mutacji modyfikujących fenotyp pacjentów z TSC. Projekty realizowane są w międzynarodowej współpracy, w tym z Dr. Davidem Kwiatkowskim z Harvard Medical School w Bostonie.

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

#### *Research goals*

Genetics underlying hereditary syndromes associated with the inactivation of tumor suppressor genes.

#### *Description of the accomplished works*

Research carried out in the department focused on exploring the genetic basis of hereditary syndromes predisposing to tumors associated with the inactivation of tumor suppressor genes. One of the research areas was the characterization of the spectrum of somatic mutations in skin tumors in patients with tuberous sclerosis complex (TSC). Using the ultrasensitive Multiplex High-sensitivity PCR assay (MHPA) method, part of the *TSC1*-MHPA analyses were performed, enabling a comprehensive characterization of somatic polyclonal *TSC1* mutations in the skin of TSC patients. Additionally, whole genome sequencing (WGS) was performed in angiofibromas and periungual fibromas in TSC patients. WGS analysis enabled defining single nucleotide (SNV) and double nucleotide (DNV) substitution signatures and led to the identification of recurrent mutations in genes that may play a key role in the pathogenesis of skin tumors in TSC. Additionally, in the framework of a separate project, part of NGS analyses were performed to identify genes/mutations that modify the phenotype of patients with TSC. The projects are carried out in international collaboration, including collaboration with Dr. David Kwiatkowski from Harvard Medical School in Boston.

### **Publikacje**

---

J. Perla-Kajan, K. Lowczynowska, A. Szychulska, J. Pas  
25 lat pasji: Historia Koła Naukowego Studentów Biotechnologii „Operon” („Wspomnienia byłych członków Koła”: **P. Zmora**, F. Porzucek, N. Ryczek, M. Drobną-Sledzinska, **M. Drzewiecki**, M. Durbacz, A. Stanko, K. Buszka)  
*POSTĘPY BIOCHEMII* 2024, 70, 530-533

### **Projekty realizowane w Zakładzie w 2024 r.**

---

Ultraczułe profilowanie mutacji napędzających nowotworzenie w dziedzicznych zespołach związanych z inaktywacją genów supresorowych; (OPUS)  
*Kierownik projektu: dr Katarzyna Klonowska*

## Zakład Genomiki Roślin

---

**Kierownik Zakładu: dr hab. Agnieszka Żmieńko, prof. ICHB PAN (0,9 STATUT/0,1 GRANTY)<sup>57</sup>**

### Skład osobowy<sup>58</sup>

Pracownicy naukowci:

dr Maja Szymańska-Lejman (1 GRANTY)

Pracownicy techniczni:

dr hab. Aleksandra Świercz (0,5 STATUT)

Doktoranci:

mgr inż. Anastasiia Satyr (0,8 STATUT/0,2 GRANTY)

mgr Paulina Poniatowska-Rynkiewicz (stypendium NCN)

### Temat statutowy Zakładu

---

Identyfikacja i badanie roli wariantów strukturalnych w modelowych genomach roślinnych (K)

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

##### *Cel badań*

Scharakteryzowanie struktury i aktywności genomów, ze szczególnym uwzględnieniem modelowych gatunków roślinnych oraz obszarów genomu bogatych w powtórzenia, elementy mobilne i niekodujące RNA.

##### *Opis zrealizowanych prac*

Zoptymalizowano procedurę sekwencjonowania i pozyskano długie odczyty sekwencji genomowych rośliny *Medicago truncatula*. Dokonano asemblacji *de novo* genomów trzech ekotypów, uzyskując znacząco dłuższe genomy od sekwencji referencyjnej. Opracowano potok bioinformatycznej identyfikacji mobilnych elementów genetycznych i dokonano ich adnotacji w jednym ekotypie. W przyszłości prace te umożliwią kompleksową analizę zmienności genetycznej i identyfikację nowych wariantów strukturalnych u *M. truncatula*.

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

##### *Research goals*

Characterization of the genomes' structure and activity, with particular focus on the model plant species and the genomic regions rich in repeated elements, transposable elements and non-coding RNAs

##### *Description of the accomplished works*

The sequencing procedure was optimized and long genomic sequencing reads of *Medicago truncatula* plants were obtained. The *de novo* assembly of the genomes of three ecotypes was performed, resulting in significantly longer genomes compared to the reference sequence. A bioinformatic pipeline for the identification of mobile genetic elements was developed and their annotation was made in one ecotype. In the future, this work will enable a comprehensive analysis of genetic variability and identification of new structural variants in *M. truncatula*.

### Publikacje

---

L. Stachowiak, W. Kraczkowska, A. Swiercz, P.P. Jagodzinski

Circulating non-coding RNA in type 1 diabetes mellitus as a source of potential biomarkers – an emerging role of sex difference

*BIOCHEMICAL AND BIOPHYSICAL RESEARCH COMMUNICATIONS* 2024, 736, 150482

---

<sup>57</sup> W nawiasach podano źródło finansowania pracowników.

<sup>40</sup> Stan na 31.12.2024 r.



## Projekty realizowane w Zakładzie w 2024 r.

---

1. 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

2. Badanie zachowawczości układu hotspotów crossing-over i regulacja ich aktywności w regionach przycentromerowych; (SONATINA)

Kierownik projektu: dr Maja Szymańska-Lejman

3. Podłoże genetyczne odporności wybranych ekotypów rośliny modelowej *A. thaliana* na fitopatogen *Pectobacterium carotovorum*; (PRELUDIUM)

Kierownik projektu: mgr inż. Anastasiia Satyr

## Zakład Niekodujących RNA

---

**Kierownik Zakładu: dr Monika Piwecka (0,9 STATUT/0,1 GRANTY)<sup>59</sup>**

**Skład osobowy<sup>60</sup>**

Pracownicy naukowci:

dr Ewelina Kałużna (1 GRANTY)

dr Weronika Wendlandt-Stanek (1 STATUT)

Pracownicy techniczni:

mgr Michał Smuszkiewicz (1 GRANTY)

Doktoranci:

mgr inż. Marta Sztachera (1 STATUT)

mgr inż. Julian Zacharjusz (stypendium NCN)

Magistranci:

mgr Natasza Michalska (stypendium NCN)

## Temat statutowy Zakładu

---

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

### 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*

Sfinalizowano badania prowadzone z zastosowaniem metody XRNAX (ang. protein-crosslinked RNA extraction) do analizy oddziaływań RNA-białko w mózgu myszy pozbawionym osłonek mielinowych (szczep *Mbp<sup>-/-</sup>*). Uzyskane wyniki badań proteomicznych, intaraktomicznych i walidacji białek PCBP1 oraz MBNL1 posłużyły do przygotowania manuskryptu publikacji, która ukazała się online w grudniu 2024 w Cell Reports (publikacja 2, przyjęta do druku). Ponadto prowadzono badania związane z rolą circRNA w regulacji białek synaptycznych w neuronach korowych, wykonano eksperymenty typu circRNA pull-down wg opracowanego w naszym zespole protokołu i analizy proteomiczne białek związanych do circRNA, przeprowadzono analizy ekspresji miRNA i lncRNA w przysadce mózgowej myszy w różnych stadiach rozwoju postnatal-

---

<sup>59</sup> W nawiasach podano źródło finansowania pracowników.

<sup>60</sup> Stan na 31.12.2024 r.

nego oraz w wymiarze przestrzennym, analizy miR-eCLIP w linii komórkowej TaT1, a także przestrzenne pomiary transkryptomyczne w przysadce mózgowej myszy z zastosowaniem nowatorskiej metody Open-ST.

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

### *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 accomplished works*

In the previous reporting year, the studies conducted with the use of XRNAX method (protein-crosslinked RNA extraction), to analyze RNA-protein interactions in the brain of mice deprived of myelin sheaths (Mbp<sup>-/-</sup> strain), were finalized. The results of proteomic, interactomic and validation studies of PCBP1 and MBNL1 proteins were included in the manuscript of a publication, which appeared online in December 2024 in Cell Reports (publication 2, accepted for publication). In addition, studies related to the role of circRNA in the regulation of synaptic proteins in cortical neurons were performed; circRNA pull-down experiments according to a protocol developed by our team, proteomic analyses of proteins bound to circRNA, analyses of miRNA and lncRNA expression profiles in the mouse pituitary gland at different stages of postnatal development and in the spatial dimension; miR-eCLIP analyses in the TaT1 cell line, as well as spatial transcriptomic measurements in the mouse pituitary gland using the innovative Open-ST method.

## **Publikacje**

---

1. F. Scoyni, V. Sitnikova, L. Giudice, P. Korhonen, D.M. Trevisan, A.H. de sande, M. Gomez-Budia, R. Giniatullina, I.F. Ugidos, H. Dhungana, C. Pistono, N. Korvenlaita, N.-N. Valimaki, S.M. Kangas, A.E. Hiltunen, E. Gribchenko, M.U. Kaikkonen-Maatta, J. Koistinaho, S.Yla-Herttuala, R. Hinttala, M.T. Veno, J. Su, M. Stoffel, A. Schaefer, N. Rajewsky, J. Kjems, M.P. LaPierre, **M. Piwecka**, J. Jolkkonen, R. Giniatullin, T.B. Hansen, T. Malm  
ciRS-7 and miR-7 regulate ischemia-induced neuronal death via glutamatergic signalling  
*CELL REPORTS* 2024, 43, 113862
2. **J. Zacharjusz, M. Sztachera, M. Smuszkiewicz, M. Piwecka**  
Micromanaging the neuroendocrine system – A review on miR-7 and the other physiologically relevant miRNAs in the hypothalamic–pituitary axis  
*FEBS LETTERS* 2024, 598, 1557-1575
3. C.A. Cerda-Jara, S.J. Kim, G. Thomas, Z. Farsi, G. Zolotarov, G. Dube, A. Deter, E. Bahry, E. Georgii, A. Woehler, **M. Piwecka**, N. Rajewsky  
miR-7 controls glutamatergic transmission and neuronal connectivity in a Cdr1as-dependent manner  
*EMBO REPORTS* 2024, 25, 3008-3039

### Prace przyjęte do druku:

1. O. Wawrzyniak, **D. Wawrzyniak, M. Smuszkiewicz, P. Glodowicz**, A. Gotz-Wieckowska, **K. Rolle**  
Exploring microRNA signatures in pediatric non-infectious uveitis: meta-analysis and molecular profiling of patient samples  
*JOURNAL OF APPLIED GENETICS* 2024, DOI: 10.1007/s13353-024-00922-8
2. **M. Sztachera, W. Wendlandt-Stanek**, R.A. Serwa, L. Staszek, **M. Smuszkiewicz, D. Wronka, M. Piwecka**  
Interrogation of RNA-bound proteome with XRNAX illuminates molecular alterations in the mouse brain affected with dysmyelination  
*CELL REPORTS*, DOI: 10.1016/j.celrep.2024.115095

## Projekty realizowane w Zakładzie w 2024 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*

## Zakład Wirusologii Molekularnej

---

**Kierownik Zakładu: dr Paweł Zmora (1 STATUT)<sup>61</sup>**

**Skład osobowy<sup>62</sup>**

Pracownicy techniczni:

dr Dagny Lorent (1 GRANTY)

mgr Monika Gazecka (1 GRANTY)

Doktoranci:

mgr inż. Rafał Nowak (1 GRANTY)

**Pracownia Diagnostyki Molekularnej WGW ICHB PAN**

Kierownik: dr Elżbieta Lenartowicz Onyekaa (1 STATUT)

### Temat statutowy Zakładu

---

Oddziaływania pomiędzy patogenem a komórką gospodarza (K)

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

*Cel badań*

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

*Opis zrealizowanych prac*

Wiedza na temat oddziaływań pomiędzy wirusem, a komórką gospodarza stanowi klucz do opracowywania nowych skutecznych strategii przeciwwirusowych, zwłaszcza przeciwko nowo pojawiającym się wirusom. Badania prowadzone w Zakładzie skupiają się głównie na identyfikacji nowych czynników komórkowych biorących udział w procesie wnikania wirusów do wnętrza komórki oraz poszukiwaniu ich specyficznych inhibitorów. W ramach zrealizowanych prac wykazano, że receptor nabłonkowego czynnika wzrostu (ang. *epidermal growth factor*, EGFR) jest kluczowy dla procesu wnikania koronawirusów pandemicznych, a inhibitor EGFR erlotynib wykazuje silne właściwości przeciwwirusowe (publikacja 5.). Dodatkowo wykorzystano innowacyjną i dotąd nieopisaną w literaturze, metodę inhibicji wnikania wirusów poprzez zastosowanie antysensownych oligonukleotydów specyficznych dla struktury drugorzędowej mRNA TMPRSS2 (publikacja 4.). Wykazano również, iż miano przeciwciał przeciwko SARS-CoV-2, hamujących wnikanie wirusa do komórki jest najwyższe po przyjęciu 4 rekomendowanych dawek (publikacja

---

<sup>61</sup> W nawiasach podano źródło finansowania pracowników.

<sup>62</sup> Stan na 31.12.2024 r.

1.). Ponadto, wraz ze współautorami, opublikowano w Scientific Reports pracę opisującą pandemię COVID-19 w Polsce na podstawie danych epidemiologicznych i genomicznych (publikacja 2.).

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

### Research goals

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

### Description of the accomplished works

Knowledge of the interactions between the virus and the host cell is key for developing new, effective antiviral strategies, especially against emerging viruses. Research conducted at the Department of Molecular Virology focuses mainly on identifying new cellular factors involved in the process of virus penetration into the cell, and searching for their specific inhibitors. As part of the work carried out, we have shown that the epidermal growth factor receptor (EGFR) is crucial for the process of pandemic coronavirus penetration, and the EGFR inhibitor, i.e. erlotinib, has strong antiviral properties (publication 5). Additionally, we used innovative, and previously undescribed in the literature, methods of inhibiting virus entry by using antisense oligonucleotides, specific for the secondary structure of *TMPRSS2* mRNA (publication 4). We also showed that the titer of antibodies against SARS-CoV-2, inhibiting virus entry into the cell, is the highest after taking 4 recommended doses (publication 1). In addition, we published the article describing the COVID-19 pandemic in Poland based on epidemiological and genomic data (publication 2).

## Publikacje

---

1. **D. Lorent, R. Nowak, M. Figlerowicz, L. Handschuh, P. Zmora**  
Anti-SARS-CoV-2 Antibodies Level and COVID-19 Vaccine Boosters among Healthcare Workers with the Highest SARS-CoV-2 Infection Risk-Follow Up Study  
*VACCINES* 2024, 12, 475
2. **B. Mirska, M. Zenczak, K. Nowis, I. Stolarek, J. Podkowinski, M. Rakoczy, M. Marcinkowska-Swojak, N. Koralewska, P. Zmora, E. Lenartowicz Onyeka, M. Osuch, K. Lasinska, J. Kuczma-Napierala, M. Jaworska, L. Madej, M. Ciechomska, A. Jamsheer, K. Kurowski, M. Figlerowicz, L. Handschuh**  
The landscape of the COVID-19 pandemic in Poland emerging from epidemiological and genomic data  
*SCIENTIFIC REPORTS* 2024, 14, 14416
3. J. Skiba, M. Hirschfeld, H. Lang, D. Trzybinski, K. Wozniak, **M. Gazecka, P. Zmora**, K. Kowalski  
Click-ferrocenyl nucleotides-synthesis, electrochemistry, and antiproliferative activity studies  
*JOURNAL OF ORGANOMETALLIC CHEMISTRY* 2024, 1016, 123242
4. **R. Nowak, M. Gazecka**, M. Hoffmann, **R. Kierzek**, S. Pohlmann, **P. Zmora**  
*TMPRSS2*-specific antisense oligonucleotides inhibit host cell entry of emerging viruses  
*VIROLOGY* 2024, 600, 110218
5. P. Bieganski, **M. Gazecka, R. Nowak**, A. Gorski, N. Dutkiewicz, D.F. Kawano, **P. Zmora**, K. Kowalski  
Organometallic-Erlotinib Conjugates Active against Lung Cancer Cells and as Emerging Virus Entry Inhibitors  
*ORGANOMETALLICS* 2024, 43, 2505-2519
6. J. Perla-Kajan, K. Lowczynowska, A. Szychulska, J. Pas  
25 lat pasji: Historia Koła Naukowego Studentów Biotechnologii „Operon” („Wspomnienia byłych członków Koła”: **P. Zmora**, F. Porzucek, N. Ryczek, M. Drobna-Sledzinska, **M. Drzewiecki**, M. Durbacz, A. Stanko, K. Buszka)  
*POSTĘPY BIOCHEMII* 2024, 70, 530-533

## Projekty realizowane w Zakładzie w 2024 r.

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

Kierownik projektu: dr Paweł Zmora

## Zakład Biologii Medycznej

**Kierownik Zakładu: prof. dr hab. Mirosława Naskręt-Barciszewska** (0,2 STATUT/0,3 GRANTY)<sup>63</sup>

**Skład osobowy**<sup>64</sup>

Pracownicy techniczni:

Iwona Gawrońska (0,6 STATUT/0,15 GRANTY)

### Temat statutowy Zakładu

Wykorzystanie zmodyfikowanych nukleotydów RNA i DNA w diagnostyce medycznej i biotechnologii (K)

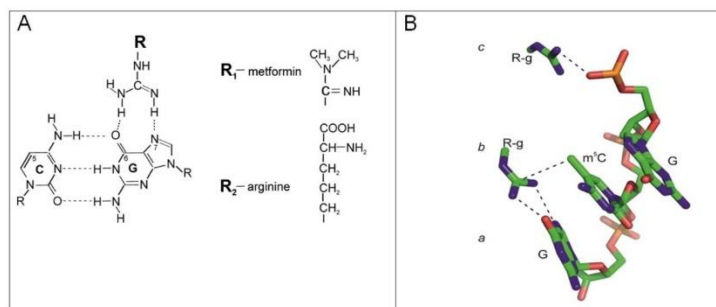
### Opis prowadzonej działalności naukowej finansowanej z subwencji i projektów

*Cel badań*

1. Identyfikacja zmodyfikowanych składników DNA w brodawkach łubinu.
2. Poszukiwanie nowych zastosowań dla leków, które mają już ustalony profil bezpieczeństwa.

*Opis zrealizowanych prac*

1. N6-furfurylokinetyna, „klasyczna” cytokinina, wtórny produkt uszkodzenia DNA w brodawkach łubinu, podobnie jak N4-furfurylocytozyna powstają jako konsekwencja stresu oksydacyjnego, wywołanego przez bakterie *Rhizobium lupini*. Po naprawie DNA kinetyna jest wykorzystywana do stymulacji wzrostu komórek roślinnych. Furfural, reaktywny związek karbonylowy, reaguje nie tylko z adenozyną, ale również z cytydyną w DNA. Identyfikacja i analiza ilościowa markera stresu oksydacyjnego 8-oxo-G, potwierdza intensywne procesy redoks zachodzące podczas brodawkowania. Wyniki sugerują, że produkty metabolizmu kwasów nukleinowych są efektywnie wykorzystywane przez rośliny do promowania wzrostu (publikacja w przygotowaniu).
2. Do analizy wpływu leków na nowotworowe linie komórkowe wykorzystano marker epigenetyczny 5-metylocytozynę i marker stresu oksydacyjnego 8-okso-dG. Analizując żywotność komórek, wykazano, że metformina (MF) i arginina (Arg) zmniejszają cytotoksyczność temozolomidu (TMZ). Zmiany zawartości metylacji DNA (m5C) sugerują potencjalny efekt terapeutyczny MF i Arg w leczeniu raka. Znaleźiono epigenetyczny mechanizm działania MF i Arg na komórki glejaka, który wyjaśnia wszystkie obserwacje komórkowe (publikacja 1.).



<sup>63</sup> W nawiasach podano źródło finansowania pracowników.

<sup>64</sup> Stan na 31.12.2024 r.

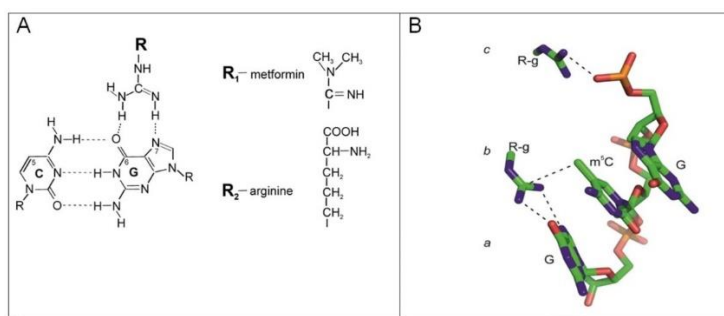
## The description of research activity funded by the statutory subsidy and grants

### Research goals

1. Identification of modified RNA and DNA components in lupine nodules
2. Finding new uses for drugs that already have an established safety profile.

### Description of the accomplished works

1. N6-furfuryl-kinetin, a „classical” cytokinin, is a secondary product of DNA damage in lupin nodules. The same concerns N4-furfurylcytosine. Their presence is a consequence of oxidative stress induced by Rhizobium lupine bacteria. After DNA repair, kinetin is used to stimulate plant cell growth. Furfural, a reactive carbonyl compound, reacts not only with adenosine but also with cytidine in DNA. Identification of the oxidative stress marker, 8-oxo-G, confirms the intensive redox processes occurring during nodulation. The results suggest that plants effectively use products of nucleic acid metabolism to promote growth (publication in preparation).
2. To analyze the effect of drugs on cancer cell lines, epigenetic markers 5-methylcytosine and oxidative stress marker 8-oxo-dG were used. Cell viability analysis has shown that metformin (MF) and arginine (Arg) reduce the cytotoxicity of temozolomide (TMZ). Changes in DNA methylation content (m5C) suggest a potential therapeutic effect of MF and Arg in cancer treatment. An epigenetic mechanism of MF and Arg action was found, influencing the glioma cells, which explains all cellular observations (publication 1).



## Publikacje

1. A.M. Barciszewska, **A. Belter**, **J.F. Barciszewski**, I. Gawronska, M. Giel-Pietraszuk, **M.Z. Naskret-Barciszewska**  
Mechanistic Insights on Metformin and Arginine Implementation as Repurposed Drugs in Glioblastoma Treatment  
*INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES* 2024, 25, 9460
2. J.P.R. Martins, M.K. Wawrzyniak, E.M. Kalemba, J.M. Ley-Lopez, M.M. Mendes, **M.Z. Naskret-Barciszewska**, **J. Barciszewski**, P. Chmielarz  
Differential morphophysiological and epigenetic responses during in vitro multiplication of *Quercus robur* depending on donor age and plant growth regulators  
*PLANT CELL, TISSUE AND ORGAN CULTURE* 2024, 159, 62

## Projekty realizowane w Zakładzie w 2024 r.

Wykorzystanie związków małocząsteczkowych w epigenetycznej terapii złośliwych glejaków mózgu; (OPUS)

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

## Zakład Chemii i Biologii Strukturalnej Kwasów Nukleinowych

---

**Kierownik Zakładu: prof. dr hab. Ryszard Kierzek (0,4 STATUT/0,1 GRANTY)<sup>65</sup>**

### **Skład osobowy<sup>66</sup>**

Pracownicy naukowcy:

dr Dagmara Baraniak (1 STATUT)  
dr Agnieszka Ruszkowska (1 STATUT)  
dr Marta Rachwałak (1 GRANTY)

Doktoranci:

mgr inż. Tomasz Modrzyński (1 STATUT)  
mgr Adrian Guirao Jimenez (stypendium NCN)

Magistranci:

Maria Ciechanowska (stypendium NCN)  
mgr Maria Nalewaj (stypendium NCN)

### **Temat statutowy Zakładu**

---

Termodynamika modyfikowanych kwasów nukleinowych (K)

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

##### *Cel badań*

Przeprowadzenie badań określających parametry termodynamiczne modelu najbliższego sąsiedztwa dla RNA, w celu umożliwienia przewidywania struktur natywnych RNA zawierających pseudourydynę lub N1-metylopseudourydynę.

##### *Opis zrealizowanych prac*

W roku 2024 dokończono badania na modelowych RNA zawierających pseudourydynę oraz przeprowadzono podobne badania na modelowych RNA posiadających N1-metylopseudourydynę. Aby określić parametry termodynamiczne RNA dla modelu najbliższego sąsiedztwa konieczna była chemiczna synteza, oczyszczanie i rozdział około 150 modelowych RNA oligonukleotydów, tworzących następujące motywy strukturalne RNA: dupleksy, niesparowane końce, terminalne i wewnętrzne niesparowania, pętle dwustronne, wyrzuszenia jednostronne, spinki. Określono trwałość termodynamiczną wszystkich modelowych RNA posiadających wymienione motywy strukturalne RNA, co pozwoliło obliczyć parametry termodynamiczne dla modelu najbliższego sąsiedztwa. Parametry te zostały już częściowo wprowadzone do programu komputerowego RNAstructure, który służy przewidywaniu struktur drugorzędowych RNA niosących oba wymienione modyfikowane nukleotydy. Publikacje dotyczące badań właściwości termodynamicznych RNA zawierających pseudourydynę oraz N1-metylopseudourydynę zostaną przygotowane w roku 2025.

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

##### *Research goals*

Conducting studies to determine the thermodynamic parameters of the nearest neighbour model for RNA, in order to enable prediction of the native structures of RNA containing pseudouridine or N1-methylpseudouridine.

#### **Description of the accomplished works**

In 2024, studies on model RNAs containing pseudouridine were completed and similar studies were carried out on model RNAs containing N1-methylpseudouridine. In order to determine the

---

<sup>65</sup> W nawiasach podano źródło finansowania pracowników.

<sup>66</sup> Stan na 31.12.2024 r.

thermodynamic parameters of RNA for the nearest neighbour model, it was necessary to chemically synthesize, purify and separate about 150 RNA oligonucleotides forming the following RNA structural motifs: duplexes, unpaired ends, terminals and internal mismatches, double-sided loops, single-sided bulges, hairpins. The thermodynamic stability of all model RNAs containing the mentioned RNA structural motifs was determined, which allowed the calculation of the thermodynamic parameters for the nearest neighbour model. These parameters have already been partially entered into the RNAstructure computer program, which is used to predict the secondary structures of RNAs carrying both of the above-mentioned modified nucleotides. Publications on this research topic, concerning the thermodynamic properties of RNA containing pseudouridine and N1-methylpseudouridine will be prepared in 2025.

## Publikacje

---

1. **N. Koralewska**, E. Corradi, **M.C. Milewski**, L. Masante, **A. Szczepanska**, **R. Kierzek**, **M. Figlerowicz**, M-L. Baudet, **A. Kurzynska-Kokorniak**  
Short 2'-O-methyl/LNA oligomers as highly-selective inhibitors of miRNA production *in vitro* and *in vivo*  
*NUCLEIC ACIDS RESEARCH* 2024, 52, 5804-5924
2. **A. Baliga-Gil**, **M. Soszynska-Jozwiak**, **A. Ruszkowska**, **I. Szczesniak**, **R. Kierzek**, **M. Ciechanowska**, **M. Trybus**, **P. Jackowiak**, J.M. Peterson, W.N. Moss, **E. Kierzek**  
Targeting sgRNA N secondary structure as a way of inhibiting SARS-CoV-2 replication  
*ANTIVIRAL RESEARCH* 2024, 228, 105946
3. **R. Nowak**, **M. Gazecka**, M. Hoffmann, **R. Kierzek**, S. Pohlmann, **P. Zmora**  
TMPRSS2-specific antisense oligonucleotides inhibit host cell entry of emerging viruses  
*VIROLOGY* 2024, 600, 110218

### Prace przyjęte do druku:

1. **A. Jarmolowicz**, **N. Dutta**, **W. Andralojc**, **J. Sarzynska**, **G. Framski**, **D. Baranowski**, **J. Boryski**, A. Lahiri, **Z. Gdaniec**, **E. Kierzek**, **R. Kierzek**  
The oligonucleotides containing N7-regioisomer of guanosine. Influence on thermodynamic properties and structure of RNA duplexes  
RNA, DOI: 10.1261/rna.080106.124).
2. I. Yildirim, **W. Andralojc**, A. Taghavi, **D. Baranowski**, **Z. Gdaniec**, **R. Kierzek**, **E. Kierzek**  
Experimental and computational investigations of RNA duplexes containing N7-regioisomers of adenosine and LNA-adenosine  
*NUCLEIC ACIDS RESEARCH*, DOI: 10.1093/nar/gkae1222

## Projekty realizowane w Zakładzie w 2024 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. 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*
3. Azydofosforany jako chemiczny marker w biokoniugacji kwasów nukleinowych; (MINIATURA 7)  
*Kierownik projektu: dr Marta Rachwałak*
4. 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*



## Zespół Biogospodarki i Zrównoważonego Rozwoju

---

**Kierownik Zespołu: dr Ewa Woźniak-Gientka (1 STATUT)<sup>67</sup>**

**Skład osobowy<sup>68</sup>**

Osoby afiliowane przy zespole:

prof. dr hab. Tomasz Twardowski

### Temat statutowy Zespołu

---

Biogospodarka i biotechnologia – aspekty ekonomiczne, społeczne i prawne (K)

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

##### *Cel badań*

Określenie stanu biogospodarki i biotechnologii w Polsce, ze szczególnym uwzględnieniem poziomu regionalnego województwa wielkopolskiego. Analiza czynników rozwoju biogospodarki i biotechnologii (w ramach projektu Miniatura).

##### *Opis zrealizowanych prac*

1. Przeprowadzono spotkania i wywiady z przedstawicielami Departamentów Urzędu Marszałkowskiego Województwa Wielkopolskiego (UMWW), w celu uzyskania informacji o działaniach podejmowanych w kierunku rozwoju biogospodarki w regionie.
2. Dokonano analizy dokumentów strategicznych (strategie, programy, plany) powstałych w województwie wielkopolskim, celem określenia działań odnoszących się do rozwoju biogospodarki w regionie.
3. W celu określenia stanu biogospodarki w województwie wielkopolskim, poddano analizie wskaźniki ekonomiczne i środowiskowe związane z biogospodarką. Przygotowano artykuł przedstawiający wyniki badań (jeszcze nieopublikowany).

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

##### *Research goals*

Determination of the state of bioeconomy and biotechnology in Poland, with particular emphasis on the regional level: the Wielkopolska voivodeship, and analysis of the factors for development of bioeconomy and biotechnology (as part of the Miniatura project).

##### *Description of the accomplished works*

1. Meetings and interviews were conducted with representatives of the Departments of the Marshal's Office of the Wielkopolska Region to obtain information about activities undertaken to promote the development of the bioeconomy in the region.
2. Strategic documents (strategies, programs, plans) developed in the Wielkopolska Region were analyzed to identify actions related to the development of the bioeconomy in the region.
3. To assess the state of the bioeconomy in the Wielkopolska Region, economic and environmental indicators related to bioeconomy were analyzed.

A research article presenting the findings was prepared (not yet published)

### Publikacje

---

1. A. Ricroch, D. Ericsson, D. Miladinovic, J. Sweet, K. van Laere, **E. Woźniak-Gientka**  
Prospects for plant genome editing [w:] A roadmap for plant genome editing (red. A. Ricroch, D. Ericsson, D. Miladinovic, J. Sweet, K. van Laere, **E. Woźniak-Gientka**)  
*SPRINGER* 2024, 557-561

---

<sup>67</sup> W nawiasach podano źródło finansowania pracowników.

<sup>68</sup> Stan na 14.11.2023 r.

2. A. Ricroch, D. Ericsson, D. Miladinovic, J. Sweet, K. van Laere, **E. Wozniak-Gientka** (red.)  
A roadmap for plant genome editing  
*SPRINGER* 2024, 1-561
3. **T. Twardowski**  
Editorial  
*EFB BIOECONOMY JOURNAL* 2024, 4, 100066

### Projekty realizowane w Zespole w 2024 r.

---

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

## Centrum Biologii Chemicznej ERIC

---

### Pracownia Testów i Obrazowania Molekularnego

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

Pracownicy naukowci:

dr hab. Jacek Ł. Kolanowski (0,1 GRANTY)

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

Pracownicy techniczni:

dr hab Joanna Kosman (0,5 GRANTY)

dr Yevhenii Sheremet (1 GRANTY)

dr Krzysztof Żukowski (0,25 STATUT/0,75 GRANTY)

mgr Mykyta Bobylyov (1 GRANTY)

mgr Francesca Canyelles i Font (0,5 STATUT/0,5 GRANTY)

mgr Oleksandra Fedchenko (1 GRANTY)

mgr Natalia Karczewska (0,25 STATUT/0,75 GRANTY)

mgr Borys Olifirov (1 GRANTY)

mgr Monika Pyc (0,25 STATUT/0,75 GRANTY)

mgr Adrian Rüfli (0,75 GRANTY)

### Temat statutowy Pracowni

---

Opracowywanie narzędzi molekularnych do pomiaru parametrów biochemicznych w modelach biologicznych (N)

*Temat dodatkowy:* Rozwój metodologii syntezy bloków budulcowych i projektowania farmakoforów dla związków biologicznie czynnych (N)

### Publikacje

---

1. A. Esme, **D. Kwiatek**, Z. Hnatejko  
Solvent effects on spectroscopic, electronic, and topological analyses, Hirshfeld surface, ADME, and molecular docking studies on antiviral pyridine carboxamide derivatives  
*JOURNAL OF MOLECULAR LIQUIDS* 2024, 396, 123940
2. **A. Wychowaniec**, **F. Canyelles i Font**, **M.A. Khan**, **M. Gladysz**, **D. Kwiatek**, **J.L. Kolanowski**  
Wieloanalitowe, małowzrostkowe sondy luminescencyjne do symultanicznego wykrywania kilku celów molekularnych w modelach komórkowych  
*POSTĘPY BIOCHEMII* 2024, 70, 150-172
3. M. Szymczak, M. Runowski, **D. Kwiatek**, S. Sobczak, P. Wozny, M. Kubicki, G. Dutkiewicz, A. Katrusiak, L. Marciniakl

Multimodal luminescence manometers based on a novel organic complex material

– Eu(bpyO<sub>2</sub>)<sub>4</sub>(PF<sub>6</sub>)<sub>3</sub>

*JOURNAL OF MATERIALS CHEMISTRY C* 2024, 12, 18435-18445

4. **F.C. Font, K. Zukowski, M.A. Khan, D. Kwiatek, J.L. Kolanowski**  
Interference of metal ions on the bioluminescent signal of firefly, Renilla, and NanoLuc luciferases in high-throughput screening assays  
*FRONTIERS IN CHEMISTRY* 2024, 12, 1436389
5. A. Gluszynska, **J. Kosman**, S.S. Chuah, M. Hoffmann, S. Haider  
Carbazole Derivatives Binding to Bcl-2 Promoter Sequence G-quadruplex  
*PHARMACEUTICALS* 2024, 17, 912
6. J. Nowak-Karnowska, A. Gluszynska, **J. Kosman**, A. Dembska  
Fluorescence Turn-Off Ligand for Parallel G-Quadruplexes  
*MOLECULES* 2024, 29, 3907
7. **N. Karczewska, M. Pyc, K. Zukowski, J. Kosman, D. Kwiatek, J.L. Kolanowski**  
Rola i wykorzystanie badań wysokoprzepustowych w poszukiwaniu związków chemicznych o działaniu terapeutycznym  
*POSTĘPY BIOCHEMII* 2024, 70, 230-245
8. **A. Rufli**  
Czy można obejść prawa fizyki? O metodach super-rozdzielczej mikroskopii fluorescencyjnej  
*POSTĘPY BIOCHEMII* 2024, 70, 139-149

Prace przyjęte do druku:

Y.S.L. Choo, **J.L. Kolanowski**, J.V. Milic, F.M. Fung

The Retrosynthesis Mindset: A Problem-Solving Tool

SYNLETT, DOI: 10.1055/s-0043-1775406

**Projekty realizowane w Pracowni w 2024 r.**

---

1. Niskocząsteczkowe narzędzia do badania lokalnego mikrośrodowiska białek; (OPUS)  
*Kierownik projektu: dr hab. Jacek Ł. Kolanowski*
2. Agregaty toksycznego białka poliglicynowego: w centrum zainteresowania. Zrozumienie procesów formowania i degradacji; (SONATINA)  
*Kierownik projektu: dr Magdalena Derbis*
3. 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*
4. 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*
5. 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*
6. „POL-OPENSREEN 2.0 – Utrzymanie, Rozwój i Udostępnianie Polskiej Platformy Infrastruktury Skринingowej dla Chemii Biologicznej w Kontekście Uczestnictwa w Konsorcjum na Rzecz Infrastruktury Badawczej EU-OPENSREEN ERIC” realizowany w ramach programu Wsparcie

udziału polskich zespołów naukowych w międzynarodowych projektach infrastruktury badawczej – projekt realizowany w konsorcjum „POL-OPENSREEN 2.0”; lider projektu: Instytut Biologii Medycznej PAN, Łódź (kierownik projektu: prof. dr hab. Zbigniew Leśnikowski)

*Kierownik zadań z ramienia ICHB PAN: dr Dorota Kwiatek*

7. IMProving User experience, Long-term sustainability and Services of EU-OPENSREEN; (HORIZON EUROPE) – 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 hab Jacek Ł. Kolanowski*

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

9. 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*

### **Pracownia Chemii Medycznej**

Kierownik: dr Dorota Jakubczyk (0,8 STATUT/0,2 GRANTY)

Pracownicy naukowci:

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

dr Leszek Błaszczak (1 GRANTY)

Pracownicy badawczo-techniczni:

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

### **Temat statutowy Pracowni**

Projektowanie oraz otrzymywanie związków chemicznych o potencjalnych właściwościach biologicznych (N)

### **Publikacje**

1. **M. Gawel, P.H. Malecki, J. Sliwiak, M. Stepniewska, B. Imiolczyk, J. Czyrko-Horczak, D. Jakubczyk, L. Marczak, M.E. Plonska-Brzezinska, K. Brzezinski**  
A closer look at molecular mechanisms underlying inhibition of S-adenosyl-l-homocysteine hydrolase by transition metal cations  
*CHEMICAL COMMUNICATIONS* 2024, 60, 11504-11507
2. E. Toton, 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 AND MEDICINAL CHEMISTRY LETTERS* 2024, 100, 129628
3. **L. Błaszczak, M. Ryczek, B. Das, M. Mateja-Pluta, M. Bejger, J. Sliwiak, K. Nakatani, A. Kiliszek**  
Antisense RNA C9orf72 hexanucleotide repeat associated with amyotrophic lateral sclerosis and frontotemporal dementia forms a triplex-like structure and binds small synthetic ligand  
*NUCLEIC ACIDS RESEARCH* 2024, 52, 6707-6717
4. **P. Michalowski, A. Bigos, D. Jakubczyk**  
Postępy w rozwoju narzędzi biologii syntetycznej do bioprodukcji analogów produktów naturalnych  
*POSTĘPY BIOCHEMII* 2024, 70, 246-256

Przyjęte do druku:

**A. Jarmolowicz, N. Dutta, W. Andralojc, J. Sarzynska, G. Framski, D. Baranowski,  
J. Boryski, A. Lahiri, Z. Gdaniec, E. Kierzek, R. Kierzek**

The oligonucleotides containing N7-regioisomer of guanosine. Influence on thermodynamic properties and structure of RNA duplexes

RNA, DOI: 10.1261/rna.080106.124).

## Projekty realizowane w Instytucie w 2024 roku

Lp.	Tytuł projektu, nr umowy	Kierownik projektu	Okres realizacji (rok) od-do	Przyznane środki
<b>PROJEKTY NARODOWEGO CENTRUM NAUKI</b>				
<b>Projekty MAESTRO</b>				
1.	Analiza somatycznych mutacji w genach miRNA i w genach biogenezy miRNA w celu identyfikacji nowych celów terapii i biomarkerów chorób nowotworowych; 2016/22/A/NZ2/00184	prof. dr hab. P. Kozłowski	2017-2024	3 419 300
<b>OPUS</b>				
2.	Badanie enzymów chitynolitycznych zmierzające do skonstruowania sztucznego chitynosomu; 2017/27/B/NZ1/02201	prof. dr hab. W. Rypniewski	2018-2024	1 513 600
3.	Niskocząsteczkowe narzędzia do badania lokalnego mikrośrodowiska białek; 2018/29/B/ST4/01498	dr hab. J.Ł. Kolanowski	2019-2025	1 396 100
4.	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
5.	Parametry termodynamiczne i reguły fałdowania się RNA w warunkach komórkowych ( <i>in vivo-like</i> ). Przewidywania fałdowania się RNA dla lepszego poznania ich struktury i funkcji w komórkach ssaczy; 2019/33/B/ST4/01422	prof. dr hab. R. Kierzek	2020-2025	1 812 200
6.	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	2020-2025	1 089 500
7.	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
8.	Kompleksowa analiza transkryptomu <i>Schmidtea mediterranea</i> – identyfikacja niekodujących RNA zaangażowanych w rozwój linii komórkowych podczas regeneracji; 2019/35/B/NZ2/02658	dr hab. P. Jackowiak	2020-2025	2 071 200

9.	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	2020–2025	2 229 840
10.	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)	2020–2026	1 788 600 1 246 200 <sup>69</sup>
11.	Komórkowo-specyficzna ekspresja niekodujących RNA w przysadce mózgowej i ich rola w regulacji ekspresji genów; 2020/37/B/NZ3/03633	dr M. Piwecka	2021–2026	2 520 300
12.	Wykorzystanie związków małowcząsteczkowych w epigenetycznej terapii złośliwych glejaków mózgu; 2020/37/B/NZ5/03249	prof. dr hab. M. Naskręt- -Barciszewska	2021–2025	973 200
13.	Oligonukleotydy tworzące trypleksy jako nowe narzędzia do rozplatania struktury G-kwadrupeksu oraz selektywnej inhibicji transkrypcji onkogenu c-Myc; 2020/37/B/NZ7/02008	prof. dr hab. A. Pasternak	2021–2026	1 843 200
14.	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
15.	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
16.	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
17.	Molekularne podstawy modyfikacji i aktywacji glukozynolanów w odporności roślin Brassicaceae na infekcję; 2020/39/B/NZ2/03426	prof. dr hab. P. Bednarek	2021–2025	2 089 528

<sup>69</sup> Wartość realizowanych zadań przez ICHB PAN.

18.	Udział struktury RNA wirusa grypy typu A w regulację jego replikacji. Wysokoprzepustowa analiza ligandów niskocząsteczkowych nakierowana na inhibicje replikacji wirusa grypy; 2020/39/B/NZ1/03054	prof. dr hab. E. Kierzek	2021–2025	2 452 810
19.	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
20.	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
21.	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	2021–2026	1 905 400
22.	Enzymy szlaku biosyntezy L-metioniny jako nowe cele molekularne dla chemoterapii przeciwgrzybowej; 2020/39/B/NZ7/01519 Zadania ICHB PAN: 1. Analiza strukturalna oczyszczonych białek; 2. Modelowanie molekularne i badania strukturalne oddziaływań białek z ligandami; <sup>70</sup> – 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)	2021–2026	1 677 700 133 200 <sup>71</sup>
23.	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;	dr Ł. Marczak (kierownik zadań z ramienia ICHB PAN) dr A. Szuba (kierownik projektu – ID PAN)	2021–2026	2 620 051 345 797 <sup>73</sup>

<sup>70</sup> Zadanie 1. i 2. realizowane wspólnie z Politechniką Gdańską.

<sup>71</sup> Wartość realizowanych zadań przez ICHB PAN.

<sup>73</sup> Wartość realizowanych zadań przez ICHB PAN.



	3. Analizy statystyczne i bioinformatyczne, integracja danych; <sup>72</sup> – projekt realizowany w konsorcjum (lider – Instytut Dendrologii PAN w Kórniku)			
24.	Mikrobiom powietrza – charakterystyka mikroorganizmów bytujących w pyłe zawieszonym w powietrzu obszaru miejskiego i ich wpływ na zdrowie człowieka; 2021/41/B/NZ9/03765 Zadania ICHB PAN: 1. Izolacja DNA z filtrów powietrza, przygotowanie bibliotek i sekwencjonowanie WGS; 2. Analiza składu populacji bakteryjnej w metagenomie PM1 i PM2.5 (dane z sekwencjonowania WGS, analiza metagenomiczna); 3. Identyfikacja i analiza bakterii patogennych, czynników wirulencji i czynników związanych z antybiotykoopornością bakterii; 4. Analiza korelacji składu mikrobiomu powietrza z parametrami fizyko-chemicznymi PM1 i PM2.5; 5. Podsumowanie i interpretacja wyników badań; <sup>74</sup> – projekt realizowany w konsorcjum (lider – ICHB PAN)	dr hab. A. Philips	2021–2025	3 048 170 1 873 310 <sup>75</sup>
25.	Antywirusowe strategie nakierowane na RNA: Peptydowe kwasy nukleinowe (PNA) tworzące trypleksy oraz ich koniugaty z niskocząsteczkowymi ligandami specyficzne do konserwatywnych motywów strukturalnych RNA wirusa grypy typu A oraz SARS-CoV-2; 2021/41/B/NZ1/03819	prof. dr hab. E. Kierzek	2022–2026	2 331 650
26.	Aptamer wiążący trombinę o zwiększonej różnorodności chemicznej jako potencjalny lek przeciwzakrzepowy i chemioterapeutyk; 2021/41/B/NZ7/03910	dr W. Kotkowiak	2022–2025	1 397 500
27.	Badanie nowej strategii terapeutycznej zmierzającej do obniżenia zmutowanego białka w SCA3/MJD; 2021/41/B/NZ2/03881	prof. dr hab. M. Figiel	2022–2027	2 424 140
28.	Bliskie spotkania trzeciego stopnia: co dzieje się kiedy rybonukleaza Dicer napotyka w komórce RNA i DNA przyjmujące struktury G-kwadrupeksów; 2021/41/B/NZ2/03781	dr hab. A. Kurzyńska-Kokorniak	2022–2027	2 158 840

<sup>72</sup> Zadanie 1. i 3. realizowane wspólnie z Instytutem Dendrologii PAN w Kórniku.

<sup>74</sup> Zadanie 4. i 5. realizowane wspólnie z Instytutem Podstaw Inżynierii Środowiska PAN.

<sup>75</sup> Wartość realizowanych zadań przez ICHB PAN.

29.	<p>Egzosomy jako potencjalny biomarker dla monitorowania i prognozowania odrzucania nerki przeszczepionej; 2021/43/B/NZ7/02221</p> <p>Zadania ICHB PAN:</p> <ol style="list-style-type: none"> <li>1. Profilowanie proteomu biopsji nerki pacjentów z histopatologicznymi objawami odrzucenia oraz pacjentów bez cech odrzucenia (efekt długoterminowy) – retrospektywna analiza techniką LC-MS w celu identyfikacji białek tkankowych związanych z ostrym odrzuceniem (AR);</li> <li>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);</li> <li>3. Ilościowa ocena receptorów HLA i innych białek immunomodulujących w egzosomach pacjentów KTx o różnym statusie klinicznym – walidacja kandydatów na biomarkery;</li> <li>4. Integracyjna analiza systemowa danych molekularnych (proteomika), immunologicznych i klinicznych w celu identyfikacji mechanizmów immunologicznych pośredniczonych przez egzosomy zaangażowane w ostre odrzucenie (AR);<sup>76</sup> – projekt realizowany w konsorcjum (lider – Gdański Uniwersytet Medyczny)</li> </ol>	<p>dr hab. inż. A. Wojakowska (kierownik zadań z ramienia ICHB PAN)</p> <p>dr hab. J. Gołębowska (kierownik projektu – Gdański Uniwersytet Medyczny)</p>	2022–2026	3 826 344 760 940 <sup>77</sup>
30.	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
31.	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
32.	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
33.	Poszukiwanie inhibitorów ludzkiej reduktazy $\delta$ 1-pyrrolino-5-karboksyłanu (PYCR1) jako cząsteczek wiodących w rozwoju nowych leków antynowotworowych; 2021/43/B/NZ7/01611	dr hab. M. Ruszkowski	2022–2026	2 340 692 2 052 772 <sup>78</sup>

<sup>76</sup> Zadanie 3 i 4 realizowane wspólnie z Gdańskim Uniwersytetem Medycznym oraz Narodowym Instytutem Onkologii im. Marii Skłodowskiej-Curie.

<sup>77</sup> Wartość realizowanych zadań przez ICHB PAN.

<sup>78</sup> Wartość realizowanych zadań przez ICHB PAN.

	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; 6. Projektowanie nowych związków; 7. Badania inhibicji <i>in vitro</i> ; 8. Eksperymenty <i>in cellulo</i> ; – projekt realizowany w konsorcjum (lider – ICHB PAN)			
34.	Poszukiwanie nowych celów terapeutycznych w chorobach poliglutaminowych; 2021/43/B/NZ2/01615	prof. dr hab. M. Olejniczak	2022–2026	2 375 000
35.	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 <sup>79</sup>
36.	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
37.	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

<sup>79</sup> Wartość realizowanych zadań przez ICHB PAN.

38.	Opis kluczowych mechanizmów koordynacji i priorytyzacji odpowiedzi jęczmienia na jednoczesne stresy biotyczne i abiotyczne – podejście multiomiczne; 2022/45/B/NZ9/03572	dr A. Piasecka	2023–2027	1 854 644
39.	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
40.	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
41.	W poszukiwaniu aberracji metylacji DNA związanych z podatnością na raka jajnika; 2023/51/B/NZ5/02936	dr M. Suszyńska	2024–2028	2 396 280
42.	Antysensowe oligonukleotydy jako narzędzia specyficznie wiążące wirusowe G-kwadrupleksy oraz ich eksperymentalna weryfikacja; 2023/49/B/ST4/03763	dr M. Szabat	2024–2028	1 591 879
43.	Ultraczułe profilowanie mutacji napędzających nowotworzenie w dziedzicznych zespołach związanych z inaktywacją genów supresorowych; 2023/49/B/NZ5/03438	dr K. Klonowska	2024–2028	2 254 500
<b>Projekty OPUS + LAP</b>				
44.	U zarania państwowości środkowoeuropejskich na przykładzie Czech i Polski. Dynastie – elity – społeczeństwa (koniec IX–XI wiek); 2023/51/I/NZ8/02946 Zadania ICHB PAN: 1. Selekcja materiałów kostnych do analiz izotopowych i genomicznych (NGS); 2. Opis i interpretacja wyników analiz genetycznych, genomicznych i antropologicznych w świetle źródeł pisanych i archeologicznych. Upowszechnienie wyników badań; – projekt realizowany w konsorcjum (lider – ICHB PAN)	prof. dr hab. M. Figlerowicz	2024–2027	2 840 703 1 964 442 <sup>80</sup>
<b>Projekty SONATA</b>				
45.	Badania strukturalne DNAzymów 8-17 i I-R2 metodami NMR; 2018/31/D/ST4/01467	dr W. Andrałojć	2019–2024	744 000

<sup>80</sup> Wartość realizowanych zadań przez ICHB PAN.

46.	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
47.	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	2020–2025	1 086 720
48.	Strategia przeciwnowotworowa bazująca na indukowaniu kwadrupleksów. Właściwości strukturalne i biologiczne kompleksów ligand-RNA/mRNA; 2020/39/D/ST4/03177	dr D. Gudanis-Sobocińska	2021–2025	1 174 250
49.	Długie niekodujące RNA – nowy cel terapii antygrypowej; 2020/39/D/NZ6/03267	dr M. Soszyńska-Jóźwiak	2021–2025	1 535 980
50.	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
51.	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
52.	Zgłębienie procesów neurodegeneracyjnych z wykorzystaniem bezpośredniego profilowania selektywnie wrażliwych neuronów; 2021/43/D/NZ3/03006	dr P. Świtoński	2022–2025	1 470 600
53.	Zgłębienie podstaw transportu fenylopropanoidów w modelowej roślinie bobowatej <i>Medicago truncatula</i> ; 2023/51/D/NZ9/00883	Dr W. Biała-Leonhard	2024–2027	1 313 330
<b>Projekty SONATA BIS</b>				
54.	Opracowanie metodologii umożliwiającej stabilizację RNA w formie spinki do badań krystalograficznych; 2017/26/E/NZ1/00950	dr hab. A. Kiliszek	2018–2025	2 250 340
55.	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
56.	Implikacje funkcjonalne cyrkularnych (kolistych) RNA w neuronach i mózgu; 2018/30/E/NZ3/00624	dr M. Piwecka	2019–2025	3 257 380

57.	Hamowanie aktywności hydrolazy S-adenozyl-L-homocysteiny z <i>Pseudomonas aeruginosa</i> poprzez wpływ na dynamikę enzymu; 2018/30/E/NZ1/00729	dr hab. K. Brzeziński	2019–2025 <sup>81</sup>	3 181 200
58.	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
59.	Projektowanie i rozwój inhibitorów hydroksymetylotransferazy serynowej-2 (SHMT2) blokujących wzrost nowotworu; 2023/50/E/NZ7/00501	dr hab. M. Ruszkowski	2024–2029	4 098 956
<b>Projekty SONATINA</b>				
60.	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; <sup>82</sup> 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 <sup>83</sup>
61.	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
62.	Zagadkowa struktura ludzkich czynników transkrypcyjnych GRHL regulujących procesy nowotworzenia; 2022/44/C/NZ1/00085	dr M. Małecka	2022–2025	988 878

<sup>81</sup> Realizacja w ICHB PAN od 1.10.2020 r.

<sup>82</sup> Zadanie realizowane wspólnie z Uniwersytetem im. Adama Mickiewicza w Poznaniu.

<sup>83</sup> Wartość realizowanych zadań przez ICHB PAN.

63.	Badanie zachowawczości układu hotspotów crossing-over i regulacja ich aktywności w regionach przycentromerowych; 2024/52/C/NZ2/00197	dr M. Szymańska-Lejman	2024–2027	992 507
<b>Projekty BEETHOVEN LIFE</b>				
64.	Molekularne podstawy aktywacji wirusów grypy przez transbłonowe proteazy serynowe typu II; 2018/31/F/NZ1/03891	dr P. Zmora	2020–2024	1 506 900
<b>Projekty PRELUDIUM</b>				
65.	Nowe bispecyficzne koniugaty G-kwadrupleksów jako potencjalne leki przeciwnowotworowe; 2019/35/N/NZ7/02777	dr C. Roxo	2020–2024	210 000
66.	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
67.	Badanie mechanizmów naprawy DNA w modelu DRPLA z wykorzystaniem systemu CRISPR-Cas; 2021/41/N/NZ2/03047	dr M. Dąbrowska	2022–2024	69 928
68.	Badanie struktury genomowego RNA Ty3 podczas retrotranspozycji w drożdżach; 2021/41/N/NZ3/04060	mgr inż. A. Andrzejewska-Romanowska	2022–2025	209 657
69.	Komórkowa sieć oddziaływań pomiędzy RNA i domeną helikazową rybonukleazy Dicer człowieka; 2021/41/N/NZ2/03849	dr K. Ciechanowska	2022–2024	139 690
70.	Wykorzystanie sztucznych miRNA w terapii choroby Huntingtona; 2021/41/N/NZ1/03860	dr inż. A. Kotowska-Zimmer	2022–2025	69 964
71.	Mikroskopowa identyfikacja białek zaangażowanych w naprawę DNA w regionach powtórzeń CAG; 2022/45/N/NZ3/01283	mgr inż. M. Nowaczyk	2023–2025	69 998
72.	Gra w ogony: Zrozumienie roli przetwarzania 3'-końca długich niekodujących RNA podczas rozwoju danio pręgowanego; 2022/45/N/NZ2/03622	mgr inż. M. Kwiatkowska	2023–2025	139 930
73.	Podłoże genetyczne odporności wybranych ekotypów rośliny modelowej <i>A. thaliana</i> na fitopatogen <i>Pectobacterium carotovorum</i> ; 2023/49/N/NZ2/02102	mgr inż. A. Satyr	2024–2025	69 540
74.	Multiomiczna charakterystyka procesów neurodegeneracji w Zebrin-II pozytywnych i Zebrin-II negatywnych komórkach Purkiniego; 2023/49/N/NZ3/01108	mgr G. Adamek	2024–2027	210 000

<b>PRELUDIUM BIS</b>				
75.	Allelo-selektywna terapia dla chorób poliglutaminowych z wykorzystaniem technologii interferencji RNA; 2019/35/O/NZ1/03535	prof. dr hab. M. Olejniczak	2020–2024	532 800
76.	Niekonwencjonalny 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
77.	Rola transpozonów i epigenetycznej regulacji ekspresji genów w procesie wykształcania brodawek korzeniowych u <i>Medicago truncatula</i> ; 2021/43/O/NZ2/01626	dr hab. A. Żmieńko	2022–2026	678 880
<b>Projekty MINIATURA</b>				
78.	Biodrukowane organoidy nowotworowe utworzone z komórek pacjenta do predykcyjnych badań toksykologicznych i opracowywania nowych leków; 2022/06/X/NZ7/01747	dr D. Wawrzyniak	2022–2025	47 149
79.	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
80.	Uwarunkowania rozwoju biogospodarki z perspektywy regionalnej; 2023/07/X/HS4/00406	dr E. Woźniak- -Gientka	2023–2026	9 900
81.	Badanie nowych funkcji niekonwencjonalnej miozyny działającej w mózgu ssaków; 2023/07/X/NZ2/01222	dr W. Wendlandt- -Stanek	2023–2025	49 984
82.	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	2023–2025	49 995
83.	Azydofosforany jako chemiczny marker w biokoniugacji kwasów nukleinowych; 2023/07/X/ST5/01635	dr M. Rachwałak	2023–2025	49 500
84.	Testowanie strategii terapeutycznej przywracającej ekspresję genu SMN1 w ludzkich neuronach ruchowych; 2024/08/X/NZ3/01130	dr M. Surdyka	2024–2025	49 720
85.	Identyfikacja gatunkowa zwierzęcych szczątków kostnych ze stanowisk archeologicznych za pomocą spektrometrii mas; 2024/08/X/NZ2/01452	dr A. Strugała	2024–2025	49 605



86.	Otrzymanie dwóch wariantów rybonukleazy Dicer organizmu modelowego <i>Xenopus laevis</i> - przygotowanie do badań aktywności biochemicznych i analiz strukturalnych; 2024/08/X/NZ1/00899	dr A. Szczepańska	2024–2025	49 785
87.	Termodynamiczna identyfikacja oraz charakterystyka struktur G-kwadupleksu obecnych w pre-mRNA protoonkogenu RON; 2024/08/X/ST4/00521	dr N. Bartyś	2024–2025	47 850
88.	Źródła energii w organoidach glejaka: Mapowanie lokalizacji i aktywności mitochondriów w zróżnicowanych warunkach tlenowych; 2024/08/X/NZ5/01467	dr K. Kuczyński	2024–2025	49 845
89.	Charakterystyka fenotypu organoidów serca uzyskanych z materiału pobranego od pacjentów jako modelu arytmogennej kardiomiopatii prawej komory serca; 2024/08/X/NZ3/01338	dr J. Lewandowski	2024–2025	49 995
<b>PROJEKTY PAN</b>				
90.	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
91.	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
<b>NORWESKI MECHANIZM FINANSOWY NA LATA 2014–2021</b>				
<b>Projekty GRIEG</b>				
92.	Granice życia: różnorodność, strategie adaptacyjne oraz potencjał biotechnologiczny drobnoustrojów żyjących w głębinach morskich Arktyki; 2019/34/H/NZ2/00584. Zadania ICHB PAN <sup>84</sup> : 1. Klonowanie genów i nadprodukcja białek; 2. Charakterystyka enzymatyczna białek; 3. Analiza strukturalna białek;	prof. dr hab. W. Rypniewski (kierownik zadań z ramienia ICHB PAN); prof. dr hab. T. Kaczorowski	2021–2024	6 389 850 850 500 <sup>85</sup>

<sup>84</sup> Zadania realizowane wspólnie z Uniwersytetem Gdańskim.

<sup>85</sup> Wartość zadań realizowanych przez ICHB PAN.

	- projekt realizowany w konsorcjum (lider – Uniwersytet Gdański)	(kierownik projektu, Uniwersytet Gdański)		
<b>JPND Call 2022 (EU Joint Programme – Neurodegenerative Disease Research)</b>				
93.	Mechanizmy molekularne terapeutycznych podejść żywieniowych w neurodegeneracji; 2022/04/Y/NZ2/00119	prof. dr hab. M. Figiel	2023–2027	1 147 408,00
94.	Wykorzystanie mikroRNA i informatycznych narzędzi dla diagnozy i leczenia choroby Alzheimera i demencji; 2023/05/Y/NZ3/00160	dr hab. A. Fiszer	2024–2027	1 054 400
<b>PROGRAMY MINISTRA NAUKI I SZKOLNICTWA WYŻSZEGO</b>				
<b>Program Perły Nauki</b>				
95.	Znaczenie polimorfizmu długości ciągów CAG w patogenezie chorób nowotworowych; PN/01/0083/2022	mgr M. Śmiełowska	2023–2025	239 965
<b>Program Doskonała Nauka</b>				
96.	Międzynarodowa konferencja “Understand and describe life” – 35-lecie istnienia Instytutu Chemii Bioorganicznej PAN	prof. dr hab. M. Figlerowicz	2023–2024	260 700
<b>Program Wsparcie udziału polskich zespołów naukowych w międzynarodowych projektach infrastruktury badawczej</b>				
97.	POL-OPENSREEN 2.0 – Utrzymanie, Rozwój i Udostępnianie Polskiej Platformy Infrastruktury Skriningowej dla Chemii Biologicznej w Kontekście Uczestnictwa w Konsorcjum na Rzecz Infrastruktury Badawczej EU-OPENSREEN ERIC. Zadania ICHB PAN: 1. Utrzymanie funkcjonalności infrastruktury badawczej wytworzonej w ramach realizacji projektu POL-OPENSREEN w latach 2018–2023; Promocja oraz działania mające na celu zaangażowanie i rozwój kompetencji polskiego środowiska naukowego w zakresie budowy i użytkowania infrastruktury badawczej POLOPENSREEN. – projekt realizowany w konsorcjum POL-OPENSREEN (lider – Instytut Biologii Medycznej PAN)	dr Dorota Kwiatek (kierownik zadań z ramienia ICHB PAN); prof. dr hab. Z. Leśnikowski (kierownik projektu, IBM PAN)	2024–2028	15 350 692,03 4 318 250 <sup>86</sup>

<sup>86</sup> Wartość zadań realizowanych przez ICHB PAN.

<b>PROJEKTY NARODOWEGO CENTRUM BADAŃ I ROZWOJU</b>				
<b>Program LIDER</b>				
98.	Platforma obliczeniowa do optymalizacji ścieżek rozwojowych komórek w celu uzyskania populacji jednorodnych: LIDER13/0221/2022	dr I. Stolarek	2023–2026	1 500 000
<b>EuroHPC Joint Undertaking</b>				
99.	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)	prof. dr hab. M. Figiel (kierownik zadań z ramienia ICHB PAN); dr hab. inż. A. Oleksiak (kierownik zadań z ramienia PCSS); prof. J. Carretero (kierownik projektu, UC3M)	2021–2024	7 968 786,25 EUR 275 250 EUR <sup>87</sup> 1 169 041,80 <sup>88</sup>
<b>PROGRAM FUNDUSZE EUROPEJSKIE DLA NOWOCZESNEJ GOSPODARKI 2021–2027 (FENG)</b>				
<b>Priorytet II. Środowisko przyjazne innowacjom</b>				
<b>Działanie 2.2. FIRST TEAM</b>				
100.	Algorytm do personalizacji leczenia raka jajnika na podstawie przestrzennego modelu transkryptomicznego tkanki guza o rozdzielczości jednokomórkowej; FENG.02.02-IP.05-0361/23	dr M. Zaborowski	2024–2028	3 999 442
<b>PROJEKTY ZAGRANICZNE</b>				
101.	Yeast cell factory for mRNA bioproduction – YSCRIPT; 964976;	dr hab. K. Pachulska-	2022–2025	3 073 138,75 EUR 273 310 EUR <sup>89</sup>

<sup>87</sup> Wartość zadań realizowanych przez Instytut i PCSS dofinansowanych z Komisji Europejskiej.

<sup>88</sup> Wartość zadań realizowanych przez Instytut i PCSS dofinansowanych z NCBR.

<sup>89</sup> Wartość zadań realizowanych przez ICHB PAN.

	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)	-Wieczorek (kierownik zadań ramienia ICHB PAN); prof. Chantel Pichon (kierownik projektu, CNRS)		
102.	Integrated Services for Infectious Disease Outbreak Research – ISIDORE; 101046133 Zadania ICHB PAN: WP 10 – Provision of services for diagnostic & therapeutic development; – projekt realizowany w konsorcjum (lider – European Research Infrastructure on Highly Pathogenic Agents)	dr hab. J.Ł. Kolanowski	2022–2025	20 998 624 EUR 8 740 EUR <sup>90</sup>
103.	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 <sup>91</sup>
104.	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 <sup>92</sup>
105.	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.	dr hab. J.Ł. Kolanowski	2023–2026	2 744 654,75 EUR 655 625 EUR <sup>93</sup>

<sup>90</sup> Wartość zadań realizowanych przez ICHB PAN.

<sup>91</sup> Wartość zadań realizowanych przez ICHB PAN.

<sup>92</sup> Wartość zadań realizowanych przez ICHB PAN.

<sup>93</sup> Wartość zadań realizowanych przez ICHB PAN.

	- projekt realizowany w konsorcjum (lider – Laboratorio Iberico Internacional de Nanotecnologia LIN)			
106.	IMProving User experience, Long-term sustainability and Services of EU-OPENSREEN; 101132028 Zadania ICHB PAN: WP1 – Long-term sustainability & access procedures, WP2 – Creating a repository of community compounds, Engagement of public-private initiatives, WP8 – Engagement of public-private initiatives; - projekt realizowany w konsorcjum (lider – European Infrastructure of Open Screening Platforms for Chemical Biology European Research Infrastructure Consortium (EU-OPENSREEN ERIC) (EU-OS)	dr hab. J.Ł. Kolanowski	2024–2027	3 999 985 EUR 92 875 EUR <sup>94</sup>
107.	Assessing efficacy and safety of genome EDITing approaches for Sickle Cell Disease - Hop-on Facility; 101158500 Zadania ICHB PAN: WP3 – Establishment of safe and effective genome editing approaches for SCD; - projekt realizowany w konsorcjum (lider – Imagine Institut des Maladies Genetiques Necker E FR)	prof. dr hab. M. Olejniczak	2022–2027 <sup>95</sup>	6 001 250 EUR 487 500 EUR <sup>96</sup>
108.	Genome of Europe; 101168231 Zadania ICHB PAN: WP5 - Data collection - projekt realizowany w konsorcjum (lider – Erasmus Universitair Medisch Centrum Rotterdam (Erasmus MC)	dr hab. L. Handschuh	2024–2028	20 000 000 EUR 14 999.80 EUR <sup>97</sup>
<b>AGENCJA BADAŃ MEDYCZNYCH</b>				
109.	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;	prof. dr hab. M. Figlerowicz (kierownik B+R);	2021–2027	93 852 588,56 35 207 716,16 <sup>98</sup>

<sup>94</sup> Wartość zadań realizowanych przez ICHB PAN.

<sup>95</sup> Realizacja w ICHB PAN od 01.03.2024 r.

<sup>96</sup> Wartość zadań realizowanych przez ICHB PAN.

<sup>97</sup> Wartość zadań realizowanych przez ICHB PAN.

<sup>98</sup> Wartość dofinansowania zadań realizowanych przez Instytut i PCSS.

	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.)	mgr Katarzyna Rusin (zarządzanie projektem, POLFA S.A.)		
<b>Sieć Badawcza Łukasiewicz – PORT Polski Ośrodek Rozwoju Technologii</b>				
110.	Technologia ukierunkowanej analizy pojedynczych komórek na potrzeby diagnostyki nowotworów – wstęp do rozwoju komórkowej medycyny interceptywnej – Wirtualny Instytut Badawczy (WIB); UoF/02-WIB-3/2023-004	prof. dr hab. M. Figlerowicz	2024–2029	40 216 289,50

## Projekty realizowane w PCSS w 2024 roku

Lp.	Tytuł projektu, nr umowy	Kierownik projektu	Okres realizacji (rok) od–do	Przyznane środki
<b>PROJEKTY NARODOWEGO CENTRUM BADAŃ I ROZWOJU</b>				
1.	Adaptacyjne wielopoziomowe inteligentne zarządzanie danymi dla systemów eksaskalowych – ADMIRE; EuroHPCU/ADMIRE/03/2021	dr hab. inż. A. Oleksiak (kierownik projektu z ramienia PCSS) dr hab. M. Figiel (kierownik zadań z ramienia ICHB PAN)	2021–2024	1 169 041,80 <sup>99</sup>

<sup>99</sup> Wartość realizowanych zadań przez Instytut i PCSS dofinansowanych z NCBR.

2.	Safe-Home – Safe-Home – Inteligentny monitoring bezpieczeństwa i stanu zdrowia osób starszych w środowisku domowym	mgr inż. M. Kosiedowski	2021–2024	498 286,77 zł
3.	QATM – Zastosowania technologii kwantowych w zarządzaniu ruchem lotniczym SZ RP	dr hab. inż. K. Kurowski	2021–2024	4 078 750,00 zł
4.	MEDICS – System Zarządzania Informacją Medyczną oraz Wspomagania Procesu Ewakuacji Medycznej Na Polu Walki	mgr inż. G. Frankowski	2021–2024	4 898 875,00 zł
5.	AI-NET-PROTECT – Providing Resilient & Secure Networks [Operating on Trusted Equipment] to Critical Infrastructures	mgr inż. B. Belter	2022–2024	350 625,00 zł
6.	EMMA44 – Pozyskanie informacji z mediów elektronicznych z wykorzystaniem metod sztucznej inteligencji i uczenia maszynowego	dr inż. E. Kuśmerek	2022–2025	7 754 381,25 zł
7.	Współfinansowanie krajowe projektu eFlows4Hpc – Enabling Dynamic and Intelligent Workflows in the Future EuroHPC Ecosystem	dr inż. N. Meyer	2021–2024	235 719,60 zł
8.	Współfinansowanie krajowe projektu TEXTAROSSA – Towards Extreme Scale Technologies and Accelerators for Eurohpc hw/Sw Supercomputing Applications for Exascale	dr hab. inż. A. Oleksiak	2021–2024	1 514 763,88 zł
9.	SusPot – Transparency and Sustainability in the Potato Processing Chain from F2F through Innovative Data Sharing	dr R. Palma de Leon	2023–2026	938 500,00 zł
10.	SD-APQ – Opracowanie, implementacja i ocena bezpieczeństwa algorytmów postkwantowych pk. APQ	mgr inż. P. Rydlichowski	2022–2024	581 175,00 zł
11.	Współfinansowanie krajowe do projektu HIDALGO2 – HPC and Big Data Technologies for Global Challenges	dr inż. N. Meyer	2023–2026	2 361 503,03 zł
<b>PROGRAMY MINISTRA EDUKACJI I NAUKI/ MINISTRA NAUKI I SZKOLNICTWA WYŻSZEGO</b>				
12.	Współfinansowanie krajowe do projektu PIONIER-Q – PIONIER-Q Polish Quantum Communication Infrastructure	mgr inż. A. Binczewski	2022–2025	1 323 268,00 €
13.	Współfinansowanie krajowe do projektu GN5-1	mgr inż. A. Binczewski	2023–2024	2 971 005,00 zł

14.	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. N. Meyer	2024	360 341,10 zł
15.	Współfinansowanie krajowe do projektu SEQRET – Secure and Industrialized Quantum Key Distribution for European Telecom Networks	mgr inż. P. Rydlichowski	2023–2025	482 921,00 zł
16.	Współfinansowanie krajowe do projektu 5G-TACTIC- 5G Trusted And seCure network servICes	mgr inż. B. Belter	2023–2026	461 619,00 zł
<b>PROGRAMY POLSKIEJ AGENCJI ROZWOJU PRZEDSIĘBIORCZOŚCI</b>				
17.	Współfinansowanie krajowe do projektu CyberSec – National Center for Secure Digital Transformation	dr inż. N. Meyer	2023–2026	1 999 507,94 zł
18.	Współfinansowanie krajowe do projektu HPC4Poland EDIH – HPC4Poland European Digital Innovation Hub	dr inż. C. Mazurek	2024-2027	1 196 252,89 zł
<b>FUNDACJA ROZWOJU SYSTEMU EDUKACJI</b>				
19.	Up2DigiSchool – Up2DigiSchool – A Viable Pedagogical Approach for Digital School Education based on the Experience of Up2U	mgr inż. T. Piontek	2022–2025	71 050,00 €
20.	AI-ENTR4YOUTH – Blending AI and Entrepreneurship Education for Youth	mgr inż. T. Piontek	2023–2025	91 412,00 €
21.	SOULSS – Scaffolding Online University Learning: Support Systems	mgr inż. T. Piontek	2022–2025	80 000,00 €
22.	GenAI	mgr inż. T. Piontek	2024–2025	60 000,00 €
23.	EmpowerHer: Empowering Breast Cancer Survivors through Exercise and Social Support	mgr inż. J. Pukacki	2024–2027	57 520,00 €
<b>MINISTERSTWO CYFRYZACJI</b>				
24.	Współfinansowanie krajowe do projektu PIONIER-Q – PIONIER-Q Polish Quantum Communication Infrastructure	mgr inż. A. Binczewski	2023–2025	6 194 007,59 zł



<b>AGENCJA BADAŃ MEDYCZNYCH</b>				
25.	RCMC – Uniwersyteckie Centrum Medycyny Cyfrowej i Medycyny Precyzyjnej o specjalizacji w Kompleksowym Fenotypowaniu Chorób Cywilizacyjnych	mgr inż. J. Pukacki	2023–2027	4 725 000,00 €
<b>PROJEKTY ZAGRANICZNE</b>				
26.	STARGATE – Resilient Farming by Adaptive Microclimate Management	dr R. Palma de Leon	2019–2024	180 500,00 €
27.	EUHubs4Data – European Federation of Data Driven Innovation Hubs	dr inż. N. Meyer	2020–2024	200 500,00 €
28.	Change2Twin – Create and Harvest Offerings to Support Manufacturing SMEs to become Digital Twin Champions	dr inż. C. Mazurek	2020–2024	388 100,00 €
29.	illuMINEation – Bright concepts for a Safe and Sustainable Digital Mining Future	dr inż. N. Meyer	2020–2024	321 500,00 €
30.	REnergetic – Community-empowered Sustainable Multi-Vector Energy Islands	dr hab. inż. A. Oleksiak	2020–2024	821 500,00 €
31.	eFlows4Hpc – Enabling Dynamic and Intelligent Workflows in the Future EuroHPCecosystem	dr inż. N. Meyer	2021–2024	55 500,00 €
32.	ADMIRE – Adaptive Multi-tier Intelligent Data Manager for Exascale	dr hab. inż. A. Oleksiak (kierownik projektu z ramienia PCSS) dr hab. M. Figiel (kierownik zadań z ramienia ICHB)	2021–2024	7 968 786,25 EUR 275 250 EUR <sup>100</sup>
33.	EOSC FUTURE – EOSC FUTURE	mgr inż. R. Tuminauskas	2021–2024	1 024 312,50 €
34.	SLICES-SC – Scientific Large-Scale Infrastructure for Computing/Communication Experimental Studies – Starting Community	mgr inż. B. Belter	2021–2024	303 750,00 €
35.	TEXTAROSSA – Towards Extreme Scale Technologies and Accelerators for Eurohpc hw/Sw Supercomputing Applications for Exascale	dr hab. inż. A. Oleksiak	2021–2024	152 850,00 €

<sup>100</sup> Wartość realizowanych zadań przez Instytut i PCSS dofinansowanych z Komisji Europejskiej.

36.	ILIAD – Integrated Digital Framework for Comprehensive Maritime Data and Information Services	dr R. Palma de Leon	2022–2025	329 000,00 €
37.	AI4EOSC – Artificial Intelligence for the European Open Science Cloud	dr inż. N. Meyer	2022–2025	366 500,00 €
38.	Skills4EOSC – Skills for the European Open Science Commons: Creating a Training Ecosystem for Open and FAIR Science	mgr inż. R. Tuminauskas	2022–2025	206 000,00 €
39.	interTwin – An interdisciplinary Digital Twin Engine for Science	dr inż. N. Meyer	2022–2025	88 375,00 €
40.	AD4GD – All Data 4 Green Deal – An Integrated, FAIR Approach for the Common European Data Space	dr R. Palma de Leon	2022–2025	438 500,00 €
41.	NIGHT4FUTURE – The Future of Earth is Possible Through Collaboration between Scientists from Different Fields	mgr inż. D. Niemir	2022–2024	29 500,00 €
42.	SLICES-PP – Scientific Large-scale Infrastructure for Computing/Communication Experimental Studies – Preparatory Phase	mgr inż. B. Belter	2022–2025	295 000,00 €
43.	SoBigData RI PPP – Sobigdata RI Preparatory Phase Project	mgr inż. B. Belter	2022–2025	25 000,00 €
44.	ICOS – Towards a Functional Continuum Operating System	dr inż. N. Meyer	2022–2025	396 000,00 €
45.	AgriDataSpace – Building a European Framework for the Secure and Trusted Data Space for Agriculture	dr R. Palma de Leon	2022–2024	89 647,81 €
46.	CyberSec – National Center for Secure Digital Transformation	dr inż. N. Meyer	2023–2026	524 993,73 €
47.	HPC4Poland EDIH – HPC4Poland European Digital Innovation Hub	dr inż. C. Mazurek	2024–2027	362 939,19 €
48.	ScaleAgData	dr inż. M. Płóciennik	2023–2026	150 750,00 €
49.	PIONIER-Q – PIONIER-Q Polish Quantum Communication Infrastructure	mgr inż. A. Binczewski	2023–2025	2 646 534,25 €
50.	SEQRET – Secure and Industrialized Quantum Key Distribution for European Telecom Networks	mgr inż. P. Rydlichowski	2023–2025	124 922,50 €
51.	DATAMITE – DATA Monetization, Interoperability, Trading & Exchange	dr inż. N. Meyer	2023–2025	532 750,00 €
52.	GN5-1	mgr inż. A. Binczewski	2023–2024	2 951 880,00 €
53.	HIDALGO2 – HPC and Big Data Technologies for Global Challenges	dr inż. N. Meyer	2023–2026	517 125,00 €

54.	agrifoodTEF – Test and Experiment Facilities for the Agri-Food Domain	dr inż. N. Meyer	2023–2027	2 244 860,00 €
55.	EuroCC 2 – National Competence Centres in the Framework of EuroHPC Phase 2	mgr inż. T. Piontek	2023–2025	306 148,40 €
56.	SUBMERSE – Submarine Cables for Research and Exploration	mgr inż. A. Binczewski	2023–2026	441 000,00 €
57.	5G-TACTIC – 5G Trusted and Secure Network Services	mgr inż. B. Belter	2023–2026	119 412,00 €
58.	EUROfusion 2024 – Implementation of Activities Described in the Roadmap to Fusion during Horizon Europe through a Joint Programme of the Members of the EUROfusion Consortium	dr inż. N. Meyer	2024	437 855,00 €
59.	Superheroes4Science II – Superheroes4Science II	mgr inż. D. Niemir	2023–2025	11 552,94 €
60.	OSTrails – Open Science Plan-Track-Assess Pathways	dr R. Palma de Leon	2024–2027	153 125,00 €
61.	GreenDIGIT – Greener Future Digital Research Infrastructures	mgr inż. B. Belter	2024–2027	265 000,00 €
62.	ATRIUM – Advancing FronTier Research In the Arts and hUMANities	mgr inż. T. Parkoła	2024–2027	308 685,00 €
63.	OPENAgri – Democratising digital farming through tailored open source and open hardware solutions	dr inż. M. Płóciennik	2024–2026	167 000,00 €
64.	PoliRuralPLUS – Fostering Sustainable, Balanced, Equitable, Place-based and Inclusive Development of Rural-Urban Communities' Using Specific Spatial Enhanced Attractiveness Mapping ToolBox	dr R. Palma de Leon	2024–2026	278 750,00 €
65.	HEATWISE – Holistic Energy management And Thermal Waste Integrated System for Energy optimization	dr hab. inż. A. Oleksiak	2024–2026	312 750,00 €
66.	EoCoE-III – Fostering the European Energy Transition with Exascale	dr inż. N. Meyer	2024–2026	123 750,00 €
67.	ECHOES – European Cloud for Heritage OpEn Science	mgr inż. T. Parkoła	2024–2029	1 385 625,00 €
68.	SUSTAINIGHT – Scientists from various fields work together for the sustainable development of our planet	mgr inż. D. Niemir	2024–2026	41 300,00 €
69.	HERIFORGE – Cultural heritage and immersive technologies for innovation forge	mgr inż. T. Parkoła	2024–2027	1 062 500,00 €

**PROGRAM OPERACYJNY: FUNDUSZE EUROPEJSKIE DLA NOWOCZESNEJ GOSPODARKI 2021-2027 (FENG)**

70.	ŚWIATOWID – Krajowa infrastruktura badawcza do rozwoju systemów GNSS/ADS-B ze szczególnym uwzględnieniem automatycznej detekcji zagrożeń ŚWIATOWID	mgr inż. A. Binczewski	2024-2029	72 121 622,30 zł
71.	Q-Chronos – System mobilnych sensorów kwantowych z zegarami optycznymi zintegrowanych w sieciach telekomunikacyjnych Q-ChronoS	mgr inż. W. Bogacki	2024-2029	49 501 019,43 zł

**KRAJOWY PLAN ODBUDOWY**

72.	DARIAH-PL (KPO) – Cyfrowa Infrastruktura Badawcza dla Humanistyki i Nauk o Sztuce DARIAH-PL	mgr inż. T. Parkoła	2024-2025	11 492 788,79 zł
73.	PL5G2 – Krajowe laboratorium sieci i usług 5G wraz z otoczeniem	mgr inż. B. Belter	2024-2025	15 071 666,00 zł

**NARODOWE CENTRUM NAUKI**

74.	WEAVE – Algorytmy i rozwiązania sprzętowe dla synchronizacji i dystrybucji optycznych	dr inż. K. Turza	2023-2026	331 840,00 zł
-----	---	------------------	-----------	---------------

**FUNDUSZE EUROPEJSKIE DLA WIELKOPOLSKI NA LATA 2021-2027**

75.	SKSnet – Rozwój e-usług na rzecz podnoszenia sprawności fizycznej, świadomości zdrowotnej oraz odporności na stres wśród	mgr inż. M. Kosiedowski	2023-2025	2 388 384,59 zł
-----	--	----------------------------	-----------	-----------------

## Współpraca naukowa z partnerami krajowymi

---

- 1. Badania strukturalne enzymów biosyntezy L-metioniny**  
Dr hab. Agnieszka Kiliszek, prof. dr hab. Wojciech Rypniewski; Zakład Badań Strukturalnych RNA  
Dr hab. Iwona Gabriel; Politechnika Gdańska
- 2. Badania strukturalne białek ekstremofilnych**  
Prof. dr hab. Wojciech Rypniewski; Zakład Badań Strukturalnych RNA  
Prof. dr hab. Tadeusz Kaczorowski; Uniwersytet Gdański  
Prof. dr hab. Łukasz Dziewit; Uniwersytet Warszawski
- 3. Związki małowcząsteczkowe zawierające klastry boru**  
Prof. dr hab. Wojciech Rypniewski; Zakład Badań Strukturalnych RNA  
Dr hab. Agnieszka Olejniczak; Instytut Biologii Medycznej PAN, Łódź
- 4. Badanie aktywności rybonukleazy Dicer w kontekście infekcji herpeswirusowej**  
Dr hab. Anna Kurzyńska-Kokorniak; Zakład Biochemii Rybonukleoprotein  
Dr Weronika Hoffmann, dr hab. Andrea Lipińska, prof. dr hab. Krystyna Bieńkowska-Szewczyk; Międzyuczelniany Wydział Biotechnologii Uniwersytetu Gdańskiego i Gdańskiego Uniwersytetu Medycznego
- 5. Badanie potencjału krótkich niekodujących bakteryjnych RNA do przyjmowania struktur G-kwadrupleksu**  
Dr inż. Agnieszka Szczepańska, dr hab. Anna Kurzyńska-Kokorniak; Zakład Biochemii Rybonukleoprotein  
Dr Dorota Gudanis-Sobocińska; Zakład Biomolekularnego NMR  
Dr Karolina Zielińska; Pracownia NMR  
Natalia Lewandowska, dr Sylwia Bloch, dr hab. Bożena Nejman-Faleńczyk, prof. dr hab. Grzegorz Węgrzyn; Uniwersytet Gdański
- 6. Zastosowanie sztucznej inteligencji do poszukiwania fenotypów jądrowych w SCA7**  
Dr Paweł M. Świtoński, Grażyna Adamek; Zakład Biologii Komórek Nerwowych  
Grzegorz Bartyzel; Akademia Górniczo-Hutnicza im. Stanisława Staszica w Krakowie
- 7. Analiza częstości występowania SCA27B w populacji polskiej**  
Dr Paweł M. Świtoński, Grażyna Adamek; Zakład Biologii Komórek Nerwowych  
Dr. Julia Misiorek; Zakład Neuroonkologii Molekularnej  
Dr n. med. Magdalena Badura-Stronka, Dr. Adam Hirschfeld; Diagnostyka GENESIS Sp. z o.o., Poznań
- 8. Ewaluacja jakości przewidywania zgłoszeń w konkursie CASP-RNA (CASP15) w zakresie występowania w nich węzłów oraz splątań elementów strukturalnych**  
Dr hab. inż. Maciej Antczak, prof. dr hab. inż. Marta Szachniuk; Zakład Bioinformatyki Strukturalnej  
Dr hab. inż. Tomasz Żok; Politechnika Poznańska  
Bartosz Greń, prof. dr hab. Joanna Sułkowska; Uniwersytet Warszawski
- 9. Opracowanie ustandaryzowanych zbiorów danych testowych dla problemu projektowania RNA w oparciu o bazy danych RNAsolo i Rfam**  
Dr hab. inż. Agnieszka Rybarczyk; Zakład Bioinformatyki Strukturalnej  
Jan Badura, dr hab. inż. Tomasz Żok; Politechnika Poznańska
- 10. Modelowanie jednego z głównych szlaków sygnałowych odpowiedzialnych za przerzutowanie komórek czerniaka**  
Dr hab. inż. Agnieszka Rybarczyk; Zakład Bioinformatyki Strukturalnej  
Prof. dr hab. inż. Piotr Formanowicz; Politechnika Poznańska

- Prof. dr hab. n. med. Andrzej Mackiewicz, prof. dr hab. n. med. Dorota Formanowicz;  
Uniwersytet Medyczny im. Karola Marcinkowskiego w Poznaniu
11. **Analiza właściwości fizycznych kolagenu przy użyciu mikroskopu sił atomowych**  
Dr inż. Marcin Radom; Zakład Bioinformatyki Strukturalnej  
Prof. dr hab. n. med. Dorota Formanowicz, Łukasz Gutowski; Uniwersytet Medyczny im. Karola Marcinkowskiego w Poznaniu
  12. **Wpływ długoterminowego przechowywania nasion drzew liściastych na kiełkowanie**  
Prof. dr hab. Mirosława Z. Naskręt-Barciszewska; Zakład Biologii Medycznej  
Prof. dr hab. Paweł Chmielarz; Instytut Dendrologii PAN, Kórnik
  13. **Identyfikacja czynników molekularnych związanych z różnicowaniem komórek przewodzących floemu *Populus trichocarpa***  
Dr hab. Paulina Jackowiak, dr Anna Samelak-Czajka, dr inż. Małgorzata Marszałek-Zeńczak, Magdalena Trybus; Pracownia Analiz Pojedynczych Komórek  
Dr hab. Agnieszka Bagniewska-Zadworna; Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu
  14. **Analiza ekspresji genów markerowych starzenia *Hordeum vulgare***  
Dr hab. Paulina Jackowiak, dr Anna Samelak-Czajka; Pracownia Analiz Pojedynczych Komórek  
Dr hab. Ewa Sobieszczuk-Nowicka; Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu
  15. **Identyfikacja komórek nowotworowych w płynie otrzewnowym chorych na raka jajnika**  
Prof. dr hab. Marek Figlerowicz, 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
  16. **Mapowanie 5-metylocytozyny i 5-hydroksymetylocytozyny w genomie za pomocą NGS**  
Prof. dr hab. Marek Figlerowicz, dr Lucyna Budźko, dr Ireneusz Stolarek, Jarosław Sikora, Karolina Hoffa-Sobiech; Zakład Biologii Molekularnej i Systemowej  
Dr Bartosz Wojtaś; Instytut Biologii Doświadczalnej im. M. Nenckiego PAN, Warszawa
  17. **Charakterystyka aktywności białek SNAD**  
Prof. dr hab. Marek Figlerowicz, dr Lucyna Budźko, Karolina Hoffa-Sobiech; Zakład Biologii Molekularnej i Systemowej  
Prof. dr hab. Andrzej Ciereszko; Instytut Rozrodu Zwierząt i Badań Żywności PAN, Olsztyn
  18. **Charakterystyka aktywności mutantów białka APOBEC3A wobec niekanonicznych substratów DNA i RNA**  
Prof. dr hab. Marek Figlerowicz, dr Lucyna Budźko, Jarosław Sikora, Karolina Hoffa-Sobiech; Zakład Biologii Molekularnej i Systemowej  
Dr hab. Daniel Gackowski; Uniwersytet im. Mikołaja Kopernika w Toruniu  
Collegium Medicum im. Ludwika Rydygiera w Bydgoszczy
  19. **Wykształcenie organoidów 3D dla testów lekooporności**  
Prof. dr. hab. Marek Figlerowicz, dr Mikołaj Zaborowski, Łukasz Ciecierski, dr inż. Marcin Jukiewicz; Zakład Biologii Molekularnej i Systemowej  
Dr Jarosław Lewandowski; Pracownia Hodowli Komórkowych i Tkankowych  
Cezary Kliczewski; MedicoFarma Biotech S.A., Poznań
  20. **Algorytm do personalizacji leczenia raka jajnika na podstawie przestrzennego modelu transkryptomycznego tkanki guza o rozdzielczości jednokomórkowej**  
Prof. dr. hab. Marek Figlerowicz, dr Mikołaj Zaborowski, Łukasz Ciecierski, dr inż. Marcin Jukiewicz; Zakład Biologii Molekularnej i Systemowej  
Dr Jarosław Lewandowski; Pracownia Hodowli Komórkowych i Tkankowych  
Prof. dr hab. n. med. Ewa Nowak-Markwitz; Ginekologiczno-Położniczy Szpital Kliniczny Uniwersytetu Medycznego im. Karola Marcinkowskiego w Poznaniu
  21. **Identyfikacja obszarów nowotworowych w tkance raka jajnika**  
Prof. dr. hab. Marek Figlerowicz, dr Mikołaj Zaborowski, Łukasz Ciecierski, dr inż. Marcin Jukiewicz; Zakład Biologii Molekularnej i Systemowej  
Dr Jarosław Lewandowski; Pracownia Hodowli Komórkowych i Tkankowych

- Dr Piotr Jasiński; Ginekologiczno-Położniczy Szpital Kliniczny Uniwersytetu Medycznego im. Karola Marcinkowskiego w Poznaniu
22. **Mechanizmy inwazyjności pierwotnych ognisk nowotworowych raka jajnika – model *in vitro***  
Prof. dr. hab. Marek Figlerowicz, dr Mikołaj Zaborowski, Łukasz Ciecierski; Zakład Biologii Molekularnej i Systemowej  
Dr hab. Paulina Jackowiak, dr Anna Samelak-Czajka; Pracownia Analiz Pojedynczej Komórki  
Prof. dr hab. Anna Jankowska; Uniwersytet Medyczny im. Karola Marcinkowskiego w Poznaniu
23. **Analiza profilu wybranych neuroprzekaźników wyplawka *Schmidtea mediterranea***  
Prof. dr. hab. Marek Figlerowicz, Marcin Osuch; Zakład Biologii Molekularnej i Systemowej  
Dr Natalia Koralewska; Pracownia Hodowli Komórkowych i Tkankowych  
Dr hab. Daniel Gackowski; Uniwersytet Mikołaja Kopernika w Toruniu  
Collegium Medicum im. Ludwika Rydygiera w Bydgoszczy
24. **Sekwencjonowanie bibliotek DamID i CUT&Tag**  
Dr hab. Luiza Handschuh, dr inż. Małgorzata Marcinkowska-Swojak; Pracownia Genomiki  
Dr hab. Michał Gdula; Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu
25. **Sekwencjonowanie bibliotek egzomowych i amplikonowych**  
Dr hab. Luiza Handschuh, dr inż. Małgorzata Marcinkowska-Swojak, Magdalena Rakoczy; Pracownia Genomiki  
Dr hab. Agnieszka Paziewska, dr Paweł Gaj; Warsaw Genomics S.A., Warszawa
26. **Sekwencjonowanie bibliotek kopalnego DNA**  
Dr hab. Luiza Handschuh, dr inż. Małgorzata Marcinkowska-Swojak; Pracownia Genomiki  
Dr Mateusz Baca; Centrum Nowych Technologii Uniwersytetu Warszawskiego  
Dr Aleksandra Żeromska; Uniwersytet Wrocławski
27. **Analiza genomów pacjentów hematologicznych z wykorzystaniem technologii NGS**  
Dr hab. Luiza Handschuh, dr inż. Małgorzata Marcinkowska-Swojak, Magdalena Rakoczy; Pracownia Genomiki  
Prof. dr hab. n. med. Krzysztof Lewandowski; Uniwersytet Medyczny im. Karola Marcinkowskiego w Poznaniu
28. **Sekwencjonowanie bibliotek genomowych roślin z rodziny *Anthriscus***  
Dr hab. Luiza Handschuh, dr inż. Małgorzata Marcinkowska-Swojak; Pracownia Genomiki  
Dr Paulina Trzeciak, dr Marcin Piwczyński; Uniwersytet Mikołaja Kopernika w Toruniu
29. **Sekwencjonowanie bibliotek QuantSeq 3' mRNA-Seq**  
Dr hab. Luiza Handschuh, dr inż. Małgorzata Marcinkowska-Swojak; Pracownia Genomiki  
Dr hab. Kinga Kamieniarz-Gdula, dr Agata Stępień; Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu
30. **Badanie wpływu RBMXL3 na retrotranspozycję LINE-1**  
Dr hab. Zbigniew Warkocki; Zakład Biologii Molekularnej i Systemowej  
Dr hab. Natalia Rozwadowska; Instytut Genetyki Człowieka PAN, Poznań
31. **Badanie wpływu FUS na retrotranspozycję LINE-1**  
Dr hab. Zbigniew Warkocki; Zakład Biologii Molekularnej i Systemowej  
Dr hab. Dorota Raczyńska; Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu
32. **Analiza genomów kopalnych sprzed ok. 1000 lat**  
Prof. dr hab. Marek Figlerowicz; Zakład Biologii Molekularnej i Systemowej  
Dr Małgorzata Marcinkowska-Swojak; Pracownia Genomiki  
Prof. dr hab. Marzena Szmyt; Muzeum Archeologiczne w Poznaniu  
Dr Paweł Sankiewicz; Muzeum Pierwszych Piastów na Lednicy, Dziekanowice  
Prof. dr hab. Józef Dobosz; Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu

33. **Danio pręgowany – hodowla ryb**  
Monika Kwiatkowska; Zakład Biologii Obliczeniowej Niekodującego RNA  
Dr Joanna Dodzian, dr Magdalena Góra; Międzynarodowy Instytut Biologii Molekularnej i Komórkowej w Warszawie
34. **Funkcjonalna charakterystyka lncRNA w genomie danio pręgowanego**  
Monika Kwiatkowska; Zakład Biologii Obliczeniowej Niekodującego RNA  
Prof. dr hab. Jacek Kuźnicki; Międzynarodowy Instytut Biologii Molekularnej i Komórkowej w Warszawie
35. **Badania strukturalne z wykorzystaniem mikroskopii krioelektronowej**  
Dr hab. Miłosz Ruszkowski; Zakład Biologii Strukturalnej Eukariontów  
Dr Michał Rawski, Grzegorz Ważny, dr Paulina Indyka; Narodowe Centrum Promieniowania Synchrotronowego SOLARIS, Uniwersytet Jagielloński, Kraków
36. **Badania funkcjonalne wysokospecyficznych asparaginaz klasy I przy użyciu mikrokalorymetrii**  
Dr Joanna Śliwiak; Pracownia Inżynierii Białek  
Dr hab. Joanna Loch; Uniwersytet Jagielloński, Kraków
37. **Badania koewolucji gospodarz-pasożyt na podstawie analizy poziomu przeciwciał anty-OspC u nornicy rudej**  
Dr hab. Anna Urbanowicz; Pracownia Inżynierii Białek  
Prof. dr hab. Jacek Radwan; Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu
38. **Aspekty topologiczne krystalografii**  
Prof. dr hab. Mariusz Jaskólski; Zakład Biologii Strukturalnej Eukariontów  
Dr Bartosz Naskręcki; Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu
39. **L-Asparaginazy przeciwbiałaczkowe**  
Prof. dr hab. Mariusz Jaskólski, dr Paulina Worsztynowicz, Kinga Pokrywka; Zakład Biologii Strukturalnej Eukariontów  
Dr hab. Joanna Loch, dr hab. Marcin Surmiak; Uniwersytet Jagielloński, Kraków  
Prof. dr hab. n. med. Krzysztof Lewandowski; Uniwersytet Medyczny im. Karola Marcinkowskiego w Poznaniu
40. **Pochodne tiazolonu jako potencjalne leki**  
Prof. Mariusz Jaskólski; Zakład Biologii Strukturalnej Eukariontów  
Prof. dr hab. Andrzej Gzella; Uniwersytet Medyczny im. Karola Marcinkowskiego w Poznaniu  
Dr hab. Andrzej Łapiński; Instytut Fizyki Molekularnej PAN, Poznań  
Andriy Pyrih; Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu
41. **Strukturalne aspekty przemian fotochemicznych białek**  
Dr inż. Marta Grzechowiak, prof. dr hab. Mariusz Jaskólski; Zakład Biologii Strukturalnej Eukariontów  
Prof. dr hab. Bronisław Marciniak; Centrum Zaawansowanych Technologii Uniwersytetu im. Adama Mickiewicza w Poznaniu  
Dr hab. Marta Ignasiak, dr hab. Tomasz Pędziński; Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu
42. **Endonukleazy z rodziny BslI**  
Dr hab. Mirosław Gilski; Zakład Biologii Strukturalnej Eukariontów  
Prof. dr hab. Matthias Bochtler; Międzynarodowy Instytut Biologii Molekularnej i Komórkowej w Warszawie
43. **Synteza inhibitorów SAHazy z *Pseudomonas aeruginosa***  
Dr hab. Krzysztof Brzeziński; Zakład Biologii Strukturalnej Organizmów Prokariotycznych  
Prof. dr hab. Marta Płońska-Brzezińska; Uniwersytet Medyczny w Białymstoku



44. **Analiza wpływu modyfikacji  $^5\text{C}$  w pozycji 34 oraz mutacji A37→G37 na strukturę pętli antykodonowej ludzkiego mitochondrialnego tRNA<sup>Met</sup> (hmt-tRNA<sup>Met</sup>)**  
Mikołaj Podlewski, dr Witold Andrałojć; Zakład Biomolekularnego NMR  
Dr Karolina Zielińska, dr Karol Pasternak; Pracownia NMR  
Dr hab. inż. Grażyna Leszczyńska; Politechnika Łódzka
45. **Analiza wpływu długości pętli zbudowanych z reszt tymidyny na strukturę dwupłaszczyznowych G-kwadrupleksów**  
Amadeusz Woś, dr Witold Andrałojć, dr Dorota Gudanis-Sobocińska,  
prof. dr hab. Zofia Gdaniec; Zakład Biomolekularnego NMR  
Dr Karol Pasternak; Pracownia NMR  
Dr hab. inż. Jacek Czub; Politechnika Gdańska
46. **Określenie mechanizmu syntezy żywicy benzoksazynowej z wykorzystaniem ligniny**  
Dr Daniel Baranowski; Pracownia NMR  
Dr hab. Beata Strzemiecka; Politechnika Poznańska
47. **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  
Prof. dr hab. Maciej Figiel; Zakład Proteomiki Biomedycznej  
Dr hab. Agnieszka Fiszer; Zakład Biotechnologii Medycznej  
Dr hab. Luiza Handschuh; Pracownia Genomiki  
Prof. 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
48. **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, Anna Zeller; Laboratorium Genomiki i Analiz Epigenetycznych,  
Centrum Badań Klinicznych, Uniwersytet Medyczny w Białymstoku
49. **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; Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu
50. **Badania wchłaniania i retencji komórkowej nanocząsteczek**  
Dr hab. Agata Tyczewska, dr hab. Kamilla Grzywacz; Pracownia Modelowych Organizmów Bezkręgowych  
Dr Patrick Perrigue, Kaja Jaskot; Centrum NanoBioMedyczne Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu
51. **Badania przesiewowe leków o niskiej masie cząsteczkowej przy użyciu *Caenorhabditis elegans***  
Dr hab. Agata Tyczewska, dr hab. Kamilla Grzywacz; Pracownia Modelowych Organizmów Bezkręgowych  
Prof. dr hab. n. farm. Judyta Cielecka-Piontek, dr hab. Elżbieta Studzińska-Sroka; Uniwersytet Medyczny im. Karola Marcinkowskiego w Poznaniu
52. **Pomiar przewodnictwa w pojedynczych kwasach nukleinowych**  
Dr hab. Marcin K. Chmielewski; Zakład Chemii Biopolimerów

- Prof. dr hab. Maciej Wiesner; Centrum NanoBioMedyczne Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu  
Andrzej Sierakowski; Sieć Badawcza Łukasiewicz – Instytut Mikroelektroniki i Fotoniki, Warszawa  
Adrian Drzazga; Tespol Sp. z o.o., Wrocław
53. **Analiza SEM podłoży z kwasami nukleinowymi oraz badanie ich przewodnictwa**  
Dr hab. Marcin K. Chmielewski, dr Stanisław Trzciniński, dr Jolanta Brzezińska; Zakład Chemii Biopolimerów  
Dr hab. Piotr Krawczyk, prof. dr hab. Grzegorz Lota; Politechnika Poznańska
54. **Badanie oddziaływań pronukleotydów z błonami fosfolipidowymi**  
Dr Joanna Romanowska, prof. dr hab. Adam Kraszewski, dr hab. Michał Sobkowski; Zakład Chemii Komponentów Kwasów Nukleinowych  
Dr Monika Rojewska, prof. dr hab. Krystyna Prochaska; Politechnika Poznańska
55. **Identyfikacja czynników transkrypcyjnych u grochu**  
Dr Praveen Awasthi; Zakład Fizjologii Molekularnej Roślin  
Dr Magdalena Gawłowska, prof. dr hab. Wojciech K. Świącicki; Instytut Genetyki Roślin PAN, Poznań
56. **Modelowanie domen transbłonowych białek ABC**  
Dr inż. Wanda Biała-Leonhard, prof. dr hab. Michał Jasiński; Zakład Fizjologii Molekularnej Roślin  
Dr hab. Jan Brezovsky; Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu
57. **Analiza poziomu metylacji w obszarach promotorowych 9 genów związanych z predyspozycją do raka jajnika**  
Prof. dr hab. Piotr Kozłowski, dr Malwina Suszyńska; Zakład Genetyki Molekularnej  
Prof. dr hab. Paweł P. Jagodziński, prof. dr hab. Adrianna Mostowska; Uniwersytet Medyczny im. Karola Marcinkowskiego w Poznaniu
58. **Analiza WES poszerzona o regiony 5' i 3' UTR w próbkach jasnokomórkowego raka nerki (ccRCC)**  
Prof. dr hab. Piotr Kozłowski, Władysław Węgorek; Zakład Genetyki Molekularnej  
Dr n. med. Konstantin Maksin; Centrum Medyczne HCP w Poznaniu
59. **Identyfikacja i analiza różnicowej ekspresji miRNA w modelach z niedoborem MBNL i w czasie rozwoju**  
Dr Arkadiusz Kajdasz; Pracownia Bioinformatyki  
Prof. dr hab. Krzysztof Sobczak; Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu
60. **Niedobór *Stim2* u danio przegowanego wywołuje fenotyp podobny do jaskry. Analiza sekwencjonowania RNA z pojedynczej komórki (ang. *single-cell RNA-Seq*) neuronalnej z mózgow larw 5 dni po zapłodnieniu**  
Dr Arkadiusz Kajdasz; Pracownia Bioinformatyki  
Prof. dr hab. Jacek Kuźnicki; Międzynarodowy Instytut Biologii Molekularnej i Komórkowej w Warszawie
61. **Transkryptom oocytów i blastomerów przedimplantacyjnych zarodków świni w kontekście procesu starzenia**  
Dr Arkadiusz Kajdasz; Pracownia Bioinformatyki  
Dr hab. inż. Piotr Pawlak; Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu
62. **Identyfikacja markerów genetycznych i epigenetycznych związanych z wnętrstwem psów**  
Dr Arkadiusz Kajdasz; Pracownia Bioinformatyki  
Prof. dr hab. Marek Świtoński; Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu
63. **Poznanie podłoża molekularnego zmienności antygenów erytrocytarnych koni z wykorzystaniem metod serologicznych i genetycznych**  
Dr Arkadiusz Kajdasz; Pracownia Bioinformatyki  
Dr hab. Jakub Cieślak; Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu

64. **Poszukiwanie genetycznego podłoża zmienności cech o złożonym uwarunkowaniu u koni z wykorzystaniem nowoczesnych metod genomiki strukturalnej i funkcjonalnej. Charakterystyka genomiczna składu mleka kłaczy należących do wybranych ras koni**  
Dr Arkadiusz Kajdasz; Pracownia Bioinformatyki  
Dr hab. Jakub Cieślak; Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu
65. **Mechanizmy zaburzeń wczesnego rozwoju zarodka w hiperhomocysteinemii**  
Dr Arkadiusz Kajdasz; Pracownia Bioinformatyki  
Dr inż. Joanna Suszyńska-Zajczyk; Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu
66. **Mikrobiom dróg rodnych suk**  
Dr Arkadiusz Kajdasz; Pracownia Bioinformatyki  
Dr hab. inż. Piotr Pawlak, dr n. wet. Natalia Sowińska; Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu
67. **Mikrobiom zwacza pod wpływem dodatków w żywieniu krów**  
Dr Arkadiusz Kajdasz; Pracownia Bioinformatyki  
Prof. dr hab. Adam Cieślak, dr hab. inż. Piotr Pawlak; Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu
68. **Mikrobiom podłoża w przebiegu odchowu kurcząt**  
Dr Arkadiusz Kajdasz; Pracownia Bioinformatyki  
dr n. wet. Przemysław Racewicz, dr hab. inż. Piotr Pawlak; Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu
69. **Wykorzystanie związków małowcząsteczkowych w epigenetycznej terapii złośliwych glejaków mózgu**  
Dr Agnieszka Belter; Zakład Inżynierii Genomowej  
Dr hab. n. med. Anna Maria Barciszewska; Uniwersytecki Szpital Kliniczny im. Heliodora Święcickiego Uniwersytetu Medycznego im. Karola Marcinkowskiego w Poznaniu
70. **Wykorzystanie techniki pomiaru prądu do analizy transportu ładunku w jednoniciowym DNA**  
Dr Agnieszka Belter; Zakład Inżynierii Genomowej  
Dr hab. Maciej Wiesner; Centrum NanoBioMedyczne Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu
71. **Analiza właściwości biologicznych pochodnych taksanów w komórkach nowotworowych MCF7**  
Dr Marta Orlicka-Płocka, dr Dorota Gurda-Woźna, dr Agnieszka Fedoruk-Wyszomirska, prof. dr hab. Eliza Wyszko; Pracownia Analiz Struktur Subkomórkowych  
Dr hab. Agnieszka B. Olejniczak; Instytut Biologii Medycznej PAN, Łódź
72. **Badania wpływu G-kwadrupleksowych nanoklastrów srebra na żywotność komórek raka piersi**  
Dr Agnieszka Fedoruk-Wyszomirska, prof. dr hab. Eliza Wyszko; Pracownia Analiz Struktur Subkomórkowych  
Dr hab. Anna Dembska; Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu
73. **Identyfikacja genetycznych podstaw odporności wybranych ekotypów *Arabidopsis* na *Pectobacterium crotovorum***  
Dr hab. Agnieszka Żmieńko, Anastasiia Satyr; Zakład Genomiki Roślin  
Dr hab. Aleksandra Obrępańska-Stęplowska, dr hab. Krzysztof Krawczyk; Instytut Ochrony Roślin – Państwowy Instytut Badawczy w Poznaniu
74. **Ciałka retikulum endoplazmatycznego i metabolizm glukozyolanów w *Arabidopsis thaliana***  
Prof. dr hab. Paweł Bednarek, dr Anna Piasecka; Zakład Metabolomiki Funkcjonalnej Roślin  
Dr Kenji Yamada, dr Piotr Rozpądek; Małopolskie Centrum Biotechnologii Uniwersytetu Jagiellońskiego, Kraków
75. **Rola metabolitów wtórnych w oddziaływaniach *A. thaliana* z mikroorganizmami endofitycznymi**  
Prof. dr hab. Paweł Bednarek, dr Anna Piasecka; Zakład Metabolomiki Funkcjonalnej Roślin

- Dr Mariola Piślewska-Bednarek; Pracownia Hodowli Roślin  
Dr Kenji Yamada, dr Piotr Rozpądek; Małopolskie Centrum Biotechnologii Uniwersytetu Jagiellońskiego, Kraków
76. **Rola metabolizmu tryptofanu w stanie spoczynku nasion**  
Prof. dr hab. Paweł Bednarek; Zakład Metabolomiki Funkcjonalnej Roślin  
Dr Mariola Piślewska-Bednarek; Pracownia Hodowli Roślin  
Dr hab. Szymon Świeżewski, dr Ruslan Yatusевич; Instytut Biochemii i Biofizyki PAN, Warszawa
77. **Analiza tworzenia się mieszańców somatycznych u gatunków *Fagopyrum***  
Dr Anna Piasecka, mgr inż. Mikołaj Małecki; Zakład Metabolomiki Funkcjonalnej Roślin  
Dr hab. Alexander Betekhtin; Uniwersytet Śląski, Katowice
78. **Okrzemki epifityczne porastające makroglony słodkowodne jako źródło krzemu przyswajalnego dla roślin**  
Dr Anna Piasecka; Zakład Metabolomiki Funkcjonalnej Roślin  
Dr Katarzyna Pokajewicz; Uniwersytet Opolski  
Dr hab. Beata Messyasz; Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu
79. **Reakcje roślin leśnych na wzrost temperatury powietrza na przykładzie gajowca żółtego**  
Dr Anna Piasecka; Zakład Metabolomiki Funkcjonalnej Roślin  
Dr Łukasz Marczak; Pracownia Spektrometrii Mas  
Dr hab. Tomasz Durak; Uniwersytet Rzeszowski
80. **Wykorzystanie metody *XRNAX* do identyfikacji interaktomu RNA: białko w mózgu myszy pozbawionym osłonek mielinowych**  
Dr Monika Piwecka, mgr inż. Marta Sztachera, dr Weronika Wendlandt-Stanek; Zakład Niekodujących RNA  
Dorota Wronka; Pracownia Modelowych Organizmów Ssaczych  
Dr Remigiusz Serwa; Międzynarodowy Instytut Mechanizmów i Maszyn Molekularnych PAN, Warszawa  
Dr Luiza Stanaszek; Instytut Medycyny Doświadczalnej i Klinicznej im. Mirosława Mossakowskiego PAN, Warszawa
81. **Analiza niekodujących RNA w gruczolakach przysadki mózgowej**  
Dr Monika Piwecka, dr Ewelina Kałużna, mgr Michał Smuszkiewicz; Zakład Niekodujących RNA  
Dr n. med. Norbert Wąsik, prof. dr hab. n. med. Włodzimierz Liebert; Uniwersytet Medyczny im. Karola Marcinkowskiego w Poznaniu
82. **Identyfikacja i analiza bioinformatyczna profilu lncRNA z danych RNA-seq w przysadce mózgowej myszy**  
Dr Monika Piwecka, mgr inż. Julian Zacharjasz; Zakład Niekodujących RNA  
Dr hab. Michał Szcześniak; Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu
83. **Identyfikacja i analiza bioinformatyczna profilu lncRNA z danych sekwencjonowania metodą długich odczytów (Nanopore) w przysadce mózgowej myszy**  
Dr Monika Piwecka, mgr inż. Julian Zacharjasz; Zakład Niekodujących RNA  
Dr Bartosz Tarkowski, prof. dr hab. Andrzej Dziembowski; Międzynarodowy Instytut Biologii Molekularnej i Komórkowej w Warszawie
84. **Identyfikacja kolistych RNA (*circRNA*) i ich związek z komórkami macierzystymi nowotworu**  
Dr hab. Katarzyna Rolle, dr Julia Misiorek, dr Dariusz Wawrzyniak, dr Żaneta Zarębska, dr Julia Latowska-Łysiak, dr Adriana Grabowska; Zakład Neuroonkologii Molekularnej  
Dr Konrad Kuczyński; Pracownia Modelowych Organizmów Ssaczych  
Dr Sławomir Smół, dr Rafał Piestrzeniewicz, dr Tomasz Blok; Wielospecjalistyczny Szpital Miejski im. J. Strusia z Zakładem Opiekuńczo-Lecznicy, Poznań

- Dr hab. Anna Maria Barciszewska; Uniwersytet Medyczny im. Karola Marcinkowskiego w Poznaniu
85. **Identyfikacja niekodujących RNA związanych z chorobami narządu wzroku**  
Dr hab. Katarzyna Rolle, dr Dariusz Wawrzyniak, dr Żaneta Zarębska; Zakład Neuroonkologii Molekularnej  
Dr hab. Anna Gotz-Więckowska, lek. med. Olga Wawrzyniak, dr hab. Iwona Rospond-Kubiak, dr Wojciech Adamski; Uniwersytet Medyczny im. Karola Marcinkowskiego w Poznaniu
86. **Wykorzystanie nanocząstek magnetycznych jako nowych nośników w terapii przeciwnowotworowej**  
Dr hab. Katarzyna Rolle, prof. dr hab. Jan Barciszewski; Zakład Neuroonkologii Molekularnej  
Dr Konrad Kuczyński; Pracownia Modelowych Organizmów Ssaczych  
Dr hab. Radosław Mrówczyński, dr Bartosz Grześkowiak; Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu
87. **Wykorzystanie nanocząstek lipidowych jako nośników dla terapeutycznych kwasów nukleinowych**  
Dr hab. Katarzyna Rolle, dr Dariusz Wawrzyniak; Zakład Neuroonkologii Molekularnej  
Dr hab. Paulina Skupin-Mrugalska; Uniwersytet Medyczny im. Karola Marcinkowskiego w Poznaniu
88. **Wykorzystanie ukierunkowanych nanocząstek lipidowych jako nośników dla terapeutycznych kwasów nukleinowych**  
Dr hab. Katarzyna Rolle, dr Dariusz Wawrzyniak, dr Julia Misiorek; Zakład Neuroonkologii Molekularnej  
Dr Łukasz Przybył; Pracownia Modelowych Organizmów Ssaczych  
Dr Dominik Lipka; SyVento Biotech sp. z o.o., Skawina
89. **Badania aktywności biologicznej nowych fluorowanych  $\alpha$ -aminofosfonianów**  
Dr hab. Katarzyna Rolle, dr Dariusz Wawrzyniak; Zakład Neuroonkologii Molekularnej  
Dr hab. Donata Pluskota-Karwatka, Karolina Ciesielska; Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu
90. **Ocena potencjału terapeutycznego wybiórczych inhibitorów cyklooksygenazy-2 w glejaku wielopostaciowym**  
Dr Łukasz Przybył, Dorota Wronka, Anna Karlik; Pracownia Modelowych Organizmów Ssaczych  
Prof. dr hab. Violetta Krajka-Kuźniak; Uniwersytet Medyczny im. Karola Marcinkowskiego w Poznaniu
91. **Ocena autofagii na poziomie białkowym w wątrobie królików zarażonych wirusem gorączki krwotocznej**  
Dr Łukasz Przybył, Dorota Wronka, Anna Karlik; Pracownia Modelowych Organizmów Ssaczych  
Dr hab. Paulina Niedźwiedzka-Rystwej; Uniwersytet Szczeciński
92. **Rola białka STAT1 w odpowiedzi transkrypcyjnej komórek mięśni gładkich naczyń krwionośnych oraz makrofagach odzwierciedlająca początek oraz rozwój choroby miażdżycowej**  
Dr Łukasz Przybył, Dorota Wronka, Anna Karlik; Pracownia Modelowych Organizmów Ssaczych  
Prof. dr hab. Johannes Bluysen; Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu
93. **Żywnościowe źródła salicylanów w zaburzeniach angiogenezy łożyska w preeklampsji**  
Dr Łukasz Przybył, Dorota Wronka, Anna Karlik; Pracownia Modelowych Organizmów Ssaczych  
Prof. dr hab. Joanna Suliburska; Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu

94. **Ocena skuteczności systemów separacyjnych opartych o mikrofluidykę w modelach alg oraz komórek zwierzęcych**  
Dr Łukasz Przybył, Dorota Wronka, Anna Karlik; Pracownia Modelowych Organizmów Ssaczych  
Paweł Rusinow; uFraction8 Sp. z o.o., Poznań
95. **Badania kluczowych mechanizmów nabytej oporności na inhibitory proteasomów w szpiczaku mnogim**  
Dr hab. Magdalena Łuczak; Zakład Proteomiki Biomedycznej  
Dr hab. Dominik Dytfeld; Uniwersytet Medyczny im. Karola Marcinkowskiego w Poznaniu
96. **Badania molekularnych mechanizmów rozwoju miażdżycy w przewlekłej chorobie nerek**  
Dr hab. Magdalena Łuczak, dr inż. Marta Nolka-Szaszner, Raneet Sen; Zakład Proteomiki Biomedycznej  
Prof. dr hab. Dorota Formanowicz, prof. dr hab. Bartłomiej Perek; Uniwersytet Medyczny im. Karola Marcinkowskiego w Poznaniu
97. **Proteomiczne i metabolomiczne profile raka jajnika w kontekście badania poprawy rokowania pacjentek**  
Dr hab. Magdalena Łuczak, dr inż. Marta Nolka-Szaszner; Zakład Proteomiki Biomedycznej  
Dr Mikołaj Zaborowski; Uniwersytet Medyczny im. Karola Marcinkowskiego w Poznaniu
98. **Proteomiczne i metabolomiczne sygnatury raka jelita grubego w odpowiedzi na leczenie**  
Dr hab. Anna Wojakowska, dr Łukasz Marczak, dr Aleksander Strugała; Pracownia Spektrometrii Mas  
Prof. dr hab. Monika Pietrowska, dr hab. Marcin Zeman, dr Ewa Zembala-Nożyńska; Narodowy Instytut Onkologii im. Marii Skłodowskiej-Curie – Państwowy Instytut Badawczy, Oddział w Gliwicach  
Dr Mykola Chekan; Akademia Śląska, Katowice  
Prof. dr hab. Piotr Widłak; Gdański Uniwersytet Medyczny
99. **Egzosomy jako potencjalny biomarker dla monitorowania i prognozowania odrzucania nerki przeszczepionej**  
Dr hab. Anna Wojakowska, dr Łukasz Marczak, Daniel Fochtman; Pracownia Spektrometrii Mas  
Dr hab. Justyna Gołębiewska; Gdański Uniwersytet Medyczny  
Prof. dr hab. Monika Pietrowska; Narodowy Instytut Onkologii im. Marii Skłodowskiej-Curie – Państwowy Instytut Badawczy, Oddział w Gliwicach
100. **Zróżnicowana plastyczność ośrodkowego układu nerwowego po udarze niedokrwionym mózgu – badania multiomiczne**  
Dr hab. Anna Wojakowska, dr Łukasz Marczak, Daniel Fochtman; Pracownia Spektrometrii Mas  
Dr Anna Gójska-Grymajło; Gdański Uniwersytet Medyczny
101. **Badanie roli jasmonianów w odpowiedzi na stres suszy i niedobór składników odżywczych u jęczmienia**  
Dr hab. Anna Wojakowska, dr Łukasz Marczak, Daniel Fochtman; Pracownia Spektrometrii Mas  
Dr Marzena Kurowska; Uniwersytet Śląski, Katowice
102. **Analiza struktury RNA w komórce i jej kompartmentach w skali transkryptomowej w *S. cerevisiae***  
Dr hab. Katarzyna Pachulska-Wieczorek, dr Angelika Andrzejewska-Romanowska, dr Julita Gumna, dr Paweł Śledziński, Ewa Tykwińska; Zakład Struktury i Funkcji RNA  
Dr hab. Tomasz Żok; Politechnika Poznańska
103. **Oznaczenie poziomu przeciwciał przeciwko SARS-CoV-2 po przyjęciu dwóch dawek przypominających szczepionki oraz odsetek osób zaszczepionych dwoma dawkami przypominającymi wśród personelu medycznego**  
Dr Dagny Lorent, Rafał Nowak, dr Paweł Zmora; Zakład Wirusologii Molekularnej

dr hab. Luiza Handschuh; Pracownia Genomiki

Prof. dr hab. Magdalena Figlerowicz; Uniwersytet Medyczny im. Karola Marcinkowskiego w Poznaniu

**104. Identyfikacja koniugatu erlotynibu ze związkami organometallicznymi jako nowego inhibitora wnikania nowo pojawiających się wirusów**

Monika Gazecka, Rafał Nowak, dr Paweł Zmora; Zakład Wirusologii Molekularnej

Przemysław Biegański, prof. dr hab. Konrad Kowalski; Uniwersytet Łódzki

Dr Aleksander Górski, Natalia Dutkiewicz; Instytut Chemii Fizycznej PAN, Warszawa

**105. Badania aktywności antyproliferacyjnej nowych cząsteczek składających się z ferrocenyli oraz nukleotydu**

Monika Gazecka, dr Paweł Zmora; Zakład Wirusologii Molekularnej

Joanna Skiba, prof. dr hab. Konrad Kowalski; Uniwersytet Łódzki, Łódź

Dr Damian Trzybiński, dr Krzysztof Woźniak; Centrum Badań Biologicznych oraz Chemicznych Uniwersytetu Warszawskiego

## Współpraca naukowa z partnerami zagranicznymi

---

**1. Badania strukturalne kompleksów RNA z syntetycznymi ligandami**

Dr hab. Agnieszka Kiliszek, Martyna Mateja-Pluta; Zakład Badań Strukturalnych RNA

Prof. Kazuhiko Nakatani; Osaka University, Osaka, Japonia

**2. Badania strukturalne kompleksów RNA-białko istotnych w rozwoju patogenezy ALS/FTD**

Dr hab. Agnieszka Kiliszek; Zakład Badań Strukturalnych RNA

Prof. Boris Rogelj; Jozef Stefan Institute, Lublana, Słowenia

**3. Badania strukturalne białek hipertermofilnych**

Prof. dr hab. Wojciech Rypniewski; Zakład Badań Strukturalnych RNA

Prof. Ida Steen; University of Bergen, Bergen, Norwegia

**4. Analiza krystalograficzna kompleksów RNA-PNA**

Dr hab. Agnieszka Kiliszek; Zakład Badań Strukturalnych RNA

Firma OliPass; Giheung Yongin, Gyeonggi, Korea Południowa

**5. Analiza strukturalna endonukleazy z ligandami nukleotydowymi**

Dr hab. Agnieszka Kiliszek, Faizan Faizan; Zakład Badań Strukturalnych RNA

Frank Hernandez; Linköping University, Linköping, Szwecja

**6. 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

Dr. Eloina Corradi, Linda Masante, Prof. Marie-Laure Baudet; University of Trento, Trento, Włochy

**7. Analiza transkryptomyczna myszy SCA7 metodą sekwencjonowania pojedynczych komórek**

Dr Paweł M. Świtoński, Grażyna Adamek; Zakład Biologii Komórek Nerwowych

Luke Bartelt; Duke University, Durham, Stany Zjednoczone

Prof. Albert La Spada; University of California Irvine, Irvine, Stany Zjednoczone

- 8. Stworzenie i optymalizacja protokołu izolacji jąder komórek Purkinjego z mózdzku myszy**  
Dr Paweł M. Świtoński; Zakład Biologii Komórek Nerwowych  
Luke Bartelt; Duke University, Durham, Stany Zjednoczone  
Prof. Albert La Spada; University of California in Irvine, Irvine, Stany Zjednoczone
- 9. Modelowanie i ewaluacja struktur 3D RNA w V rundzie konkursu RNA-Puzzles**  
Dr hab. inż. Maciej Antczak, dr Mariusz Popena, dr Joanna Sarzyńska,  
prof. dr hab. inż. Marta Szachniuk; Zakład Bioinformatyki Strukturalnej  
Dr. Zhichao Miao; European Molecular Biology Laboratory-European Bioinformatics  
Institute (EMBL-EBI), Cambridge, Wielka Brytania  
Prof. Eric Westhof; University of Strasbourg, Strasbourg, Francja
- 10. Identyfikacja oraz selektywne usuwanie splątania 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
- 11. Zaawansowane algorytmy wspomagające predykcję wysokiej jakości modeli 3D RNA**  
Dr hab. inż. Maciej Antczak, dr hab. inż. Agnieszka Rybarczyk, dr Joanna Sarzyńska,  
prof. dr hab. inż. Marta Szachniuk; Zakład Bioinformatyki Strukturalnej  
Prof. Bohdan Schneider, dr. Jirí Cerný, dr. Lada Biedermannová, Paulína Božíková, Jakub  
Svoboda; Institute of Biotechnology of the Czech Academy of Sciences, Vestec, Czechy
- 12. Opracowanie nowej metody przewidywania struktur 3D RNA na podstawie przewidzianych wartości kątów torsyjnych**  
Dr hab. inż. Maciej Antczak, prof. dr hab. inż. Marta Szachniuk; Zakład Bioinformatyki  
Strukturalnej  
Clement Bernard, dr. Guillaume Postic, prof. Fariza Tahí; Université Paris-Saclay, Gif-sur-  
Yvette, Francja
- 13. Sieci grafowe w modelowaniu komputerowym struktury 3D RNA ukierunkowanej na moduły niekanoniczne**  
Dr hab. inż. Maciej Antczak, prof. dr hab. inż. Marta Szachniuk; Zakład Bioinformatyki  
Strukturalnej  
Dr. Craig Zirbel; Bowling Green State University, Bowling Green, Stany Zjednoczone
- 14. Analiza strukturalnych i termodynamicznych konsekwencji parowania zasad zawierających pseudourydynę i N1-metylopseudourydynę w dwuniciowych RNA**  
Dr Joanna Szarzyńska; Zakład Bioinformatyki Strukturalnej  
Prof. Ansuman Lahiri, Nivedita Dutta; University of Calcutta, Kalkuta, Indie
- 15. Modelowanie struktur 3D RNA w CASP16**  
Dr hab. inż. Maciej Antczak, dr Joanna Szarzyńska, dr Mariusz Popena,  
prof. dr hab. inż. Marta Szachniuk; Zakład Bioinformatyki Strukturalnej  
Dr Łukasz Popena; Centrum NanoBioMedyczne Uniwersytet im. Adama Mickiewicza  
w Poznaniu  
Dr hab. inż. Tomasz Żok; Politechnika Poznańska  
Nivedita Dutta; University of Calcutta, Kalkuta, Indie
- 16. Synteza oligonukleotydów wykorzystywanych do nowej strategii terapeutycznej TOUCAN**  
Prof. dr hab. Anna Pasternak, dr Natalia Bartyś; Zakład Bioinżynierii Kwasów  
Nukleinowych  
Dr Frank Hernandez; Linköping University, Linköping, Szwecja  
Tecnun. School of Engineering University of Navarra, San Sebastian, Hiszpania



- 17. Algorytm do personalizacji leczenia raka jajnika na podstawie przestrzennego modelu transkryptomycznego tkanki guza o rozdzielczości jednokomórkowej**  
Prof. dr. hab. Marek Figlerowicz, dr Mikołaj Zaborowski, Łukasz Ciecierski,  
dr inż. Marcin Jukiewicz; Zakład Biologii Molekularnej i Systemowej  
Dr Jarosław Lewandowski; Pracownia Hodowli Komórkowych i Tkankowych  
Dr Marcin Iwanicki; Stevens Institute of Technology, Hoboken, Stany Zjednoczone
- 18. Genome of Europe (GoE)**  
Dr hab. Luiza Handschuh; Pracownia Genomiki  
Lider konsorcjum Genome of Europe – Erasmus University Medical Center, Rotterdam,  
Holandia
- 19. Analiza genomów kopalnych sprzed ok. 1000 lat**  
Prof. dr hab. Marek Figlerowicz; Zakład Biologii Molekularnej i Systemowej  
Dr Małgorzata Marcinkowska-Swojak; Pracownia Genomiki  
Dr. Jan Frolík; Institute of Archeology of the Czech Academy of Sciences, Praga, Czechy
- 20. Analiza zachowawczości ewolucyjnej lncRNA**  
Dr hab. Barbara Uszczyńska-Ratajczak; Zakład Biologii Obliczeniowej Niekodującego RNA  
Prof. Rory Johnson; University College Dublin, Dublin, Irlandia
- 21. Optymalizacja protokołu Cap-Trap-CLS**  
Dr hab. Barbara Uszczyńska-Ratajczak, Monika Kwiatkowska; Zakład Biologii Obliczenio-  
wej Niekodującego RNA  
Prof. Roderic Guigó Serra, Dr. Silvia Carbonell-Sala; Center for Genomic Regulation, Bar-  
celona, Hiszpania
- 22. Charakterystyka funkcjonalna białek śliny u kleszcza miękkiego *Ornithodoros moubata* i ich rola w przenoszeniu patogennych krętek**  
Dr hab. Anna Urbanowicz, dr Joanna Śliwiak, Martyna Kordyś; Pracownia Inżynierii Białek  
Dr. Ryan Rego, Libor Hejduk; Institute of Parasitology in the Biology Centre of the Czech  
Academy of Sciences, Czeskie Budziejowice, Czechy
- 23. Badanie oddziaływań międzycząsteczkowych fibryny z fragmentami fibrynogenu: dimerem D i fragmentem D**  
Dr hab. Anna Urbanowicz; Pracownia Inżynierii Białek  
Dr. Volodymyr Chernyshenko, Kateryna Baidakova; Palladin Institute of Biochemistry  
of National Academy of Sciences of Ukraine, Kijów, Ukraina
- 24. Badanie samoorganizacji cząstek wirusopodobnych przy użyciu fotometrii masowej**  
Dr Joanna Śliwiak, dr hab. Anna Urbanowicz, Martyna Kordyś; Pracownia Inżynierii Białek  
Dr. Stephan Niebling; Sample Preparation and Characterization Facility, European Mole-  
cular Biology Laboratory (EMBL), Hamburg, Niemcy
- 25. Aspekty topologiczne krystalografii**  
Prof. dr hab. Mariusz Jaskólski; Zakład Biologii Strukturalnej Eukariontów  
Dr. hab. inż. Zbigniew Dauter; National Cancer Institute, Lemont, Stany Zjednoczone
- 26. Pochodne tiazolonu jako potencjalne leki**  
Prof. dr hab. Mariusz Jaskólski; Zakład Biologii Strukturalnej Eukariontów  
Prof. Roman Lesyk; Lwowski Uniwersytet Medyczny, Lwów, Ukraina
- 27. Walidacja struktur w PDB**  
Prof. dr hab. Mariusz Jaskólski, dr hab. Mirosław Gilski; Zakład Biologii Strukturalnej  
Eukariontów  
Dr. Alexander Wlodawer, Dr. hab. Zbigniew Dauter; National Cancer Institute, Lemont,  
Stany Zjednoczone  
Prof. Wlodek Minor; University of Virginia, Charlottesville, Stany Zjednoczone
- 28. Endonukleazy z rodziny BisI**  
Dr hab. Mirosław Gilski; Zakład Biologii Strukturalnej Eukariontów  
Dr. Shuang-yong Xu; Firma New England Biolabs (NEB), Ipswich, Stany Zjednoczone

- 29. Wysokoprępowe 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
- 30. Analiza funkcji ciągów CAG w genie *ATN1* związanym z chorobą DRPLA**  
Dr hab. Agnieszka Fiszer, Weronika Pawlik, dr Magdalena Jazurek-Ciesiołka; Zakład Biotechnologii Medycznej  
Dr. Grzegorz Kudła, Nabid Bhuiyan; University of Edinburgh, Edynburg, Wielka Brytania
- 31. Identyfikacja i walidacja nowych celów terapeutycznych – genów biorących udział w procesie neurodegeneracji w chorobie Alzheimera**  
Dr hab. Agnieszka Fiszer, dr Natalia Ziojła; Zakład Biotechnologii Medycznej  
Dr. Katarzyna Goljanek-Whysall, Dr. Leo Quinlan; University of Galway, Galway, Irlandia
- 32. Badania oddziaływań N7-adenozyny i LNA-N7-adenozyny w dupleksach RNA metodami dynamiki molekularnej**  
Prof. dr hab. Ryszard Kierzek; Zakład Chemii i Biologii Strukturalnej Kwasów Nukleinowych  
Prof. Ilyas Yildirim; Florida Atlantic University, Boca Raton, Stany Zjednoczone
- 33. Badania oddziaływań N7-guanozyny w dupleksach RNA metodami dynamiki molekularnej**  
Prof. dr hab. Ryszard Kierzek; Zakład Chemii i Biologii Strukturalnej Kwasów Nukleinowych  
Prof. Ansuman Lahiri; University of Calcutta, Kalkuta, Indie
- 34. Określenie parametrów termodynamicznych najbliższego sąsiedztwa dla RNA zawierających pseudourydynę oraz N1-metylopseudourydynę**  
Prof. dr hab. Ryszard Kierzek, dr Marta Rachwałak; Zakład Chemii i Biologii Strukturalnej Kwasów Nukleinowych  
Prof. David H. Mathews; University of Rochester, Rochester, Stany Zjednoczone
- 35. Selektywna stabilizacja G-kwadrupleksów DNA**  
Dr Justyna Gołębowska, dr hab. Marcin K. Chmielewski; Zakład Chemii Biopolimerów  
Dr. Erik Chorell; Umeå University, Umeå, Szwecja
- 36. Badania 5'-( $\alpha$ -P-tio)-trifosforanów deoksynukleozydów**  
Dr Joanna Romanowska, dr hab. Michał Sobkowski; Zakład Chemii Komponentów Kwasów Nukleinowych  
Dr. Cosimo Ducani; Firma Moligo Technologies AB, Solna, Szwecja
- 37. Badania nad P-selenowymi analogami nukleotydów**  
Dr Joanna Romanowska, dr hab. Michał Sobkowski; Zakład Chemii Komponentów Kwasów Nukleinowych  
Dr. Frank Sicheri, Dr. Salima Daou, Dr. Jonah Beenstock; Lunenfeld-Tanenbaum Research Institute, Toronto, Kanada
- 38. Rola białek MBNL oraz ścieżek rozpadu RNA w dystrofii miotonicznej typu 1**  
Dr. hab. Marzena Wojciechowska; Zakład Chorób Rzadkich  
Prof. David Brook; University of Nottingham, Nottingham, Wielka Brytania
- 39. Pozyskanie materiału biologicznego do badań molekularnych dysfunkcji mięśniowych u pacjentów**  
Dr. hab. Marzena Wojciechowska; Zakład Chorób Rzadkich  
Dr. Saam Sedehzadeh; Nottingham University Hospitals NHS, Nottingham, Wielka Brytania
- 40. Określenie roli aminokwasów w selektywności transportera AtABCG36**  
Prof. dr hab. Michał Jasiński; Zakład Fizjologii Molekularnej Roślin  
Dr. Markus Geisler; University of Fribourg, Fryburg, Szwajcaria

- 41. Identyfikacja białek ABCB w *Bacillariophyta***  
Dr Joanna Banasiak, prof. dr hab. Michał Jasiński; Zakład Fizjologii Molekularnej Roślin  
Dr. Markus Geisler; University of Fribourg, Fryburg, Szwajcaria
- 42. Przygotowanie wniosku międzynarodowego MAPS**  
Prof. dr hab. Michał Jasiński; Zakład Fizjologii Molekularnej Roślin  
Dr. Markus Geisler; University of Fribourg, Fryburg, Szwajcaria  
Prof. Tamás Hegedűs; Semmelweis University, Budapeszt, Węgry
- 43. Analiza funkcjonalna transportera transportera MtABCG61**  
Prof. dr hab. Michał Jasiński, dr Aleksandra Pawela, Krishanapriya Anirudhan; Zakład Fizjologii Molekularnej Roślin  
Prof. Jeremy D. Murray; John Innes Centre, Norwich, Wielka Brytania  
National Key Laboratory of Plant Molecular Genetics of Chinese Academy of Sciences, Szanghaj, Chiny
- 44. Analiza mutacji genu *MIR142* w liniach komórkowych pochodzących z nowotworów krwi**  
Prof. dr hab. Piotr Kozłowski, Władysław Węgorek; Zakład Genetyki Molekularnej  
Prof. Dr. med. Wolfram Klapper, Dr. Julia Richter; University Medical Center Schleswig-Holstein, Kilonia, Niemcy
- 45. Analiza miRNA ze szczególnym uwzględnieniem hsa-miR-142**  
Prof. dr hab. Piotr Kozłowski, Władysław Węgorek; Zakład Genetyki Molekularnej  
Maura Berkeley, Zach Herbert; Dana-Farber Cancer Institute, Boston, Stany Zjednoczone
- 46. Ultraczułe profilowanie mutacji napędzających nowotworzenie w dziedzicznych zespołach związanych z inaktywacją genów supresorowych**  
Prof. dr hab. Piotr Kozłowski; Zakład Genetyki Molekularnej  
Marcin Drzewiecki, dr Katarzyna Klonowska; Zakład Genetyki Nowotworów  
Dr. David J. Kwiatkowski; Brigham and Women's Hospital and Harvard Medical School, Boston, Stany Zjednoczone  
Dr Emily Chu; Hospital of the University of Pennsylvania, Filadelfia, Stany Zjednoczone  
Prof. Neil Rajan; Newcastle University, Newcastle upon Tyne, Wielka Brytania  
Prof. Kuniaki Seyama; Juntendo University, Tokio, Japonia
- 47. Całogenomowe profilowanie mutacji somatycznych w naczyniakowłókniakach (ang. *facial angiofibroma*, FAF) oraz włókniakach okołopaznokciowych (ang. *ungual fibroma*, UF) u pacjentów z TSC**  
Prof. dr hab. Piotr Kozłowski; Zakład Genetyki Molekularnej  
Dr Katarzyna Klonowska; Zakład Genetyki Nowotworów  
Dr. David J. Kwiatkowski; Brigham and Women's Hospital and Harvard Medical School, Boston, Stany Zjednoczone
- 48. Realizacja zadania w ramach projektu ISIDORE realizowanego przez Konsorcjum EU Openscreen**  
Prof. dr hab. Elżbieta Kierzek, 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, Brunszwik, Niemcy
- 49. Badania termodynamiczne i strukturalne modyfikowanych RNA oraz badania wirusa grypy**  
Prof. dr hab. Elżbieta Kierzek; Zakład Genomiki Strukturalnej RNA  
Prof. dr hab. Ryszard Kierzek; Zakład Chemii i Biologii Strukturalnej Kwasów Nukleinowych  
Prof. David H. Mathews; University of Rochester, Rochester, Stany Zjednoczone
- 50. 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
- 51. Ocena skuteczności i bezpieczeństwa metod edycji genomu w niedokrwistości sierpowatokrwinkowej**  
Prof. dr hab. Marta Olejniczak, Anna Misiukiewicz, dr Yauhen Bandaruk; Zakład Inżynierii Genomowej  
Lider Konsorcjum EDITSCD; Imagine Institut, Paryż, Francja
- 52. Badania chorób poliglutaminowych z wykorzystaniem technologii interferencji RNA**  
Marianna Pewińska-Kołodziejczak, prof. dr hab. Marta Olejniczak; Zakład Inżynierii Genomowej  
Prof. Luis Pereira de Almeida, Kevin Leandro; Centre for Neuroscience and Cell Biology, Coimbra, Portugalia
- 53. Poszukiwanie genów/mutacji modyfikujących fenotyp pacjentów ze stwardnieniem guzowatym**  
Marcin Drzewiecki, dr Katarzyna Klonowska; Zakład Genetyki Nowotworów  
Prof. dr hab. n. med. Sergiusz Józwiak, prof. dr hab. n. med. Katarzyna Kotulska-Józwiak; Instytut „Pomnik-Centrum Zdrowia Dziecka”, Warszawa  
Dr David J. Kwiatkowski; Brigham and Women’s Hospital and Harvard Medical School, Boston, Stany Zjednoczone
- 54. Identyfikacja i adnotacja elementów mobilnych w asemblacjach *de novo* genomu *Medicago truncatula***  
Dr hab. Agnieszka Żmieńko, Paulina Poniatowska-Rynkiewicz; Zakład Genomiki Roślin  
Prof. Wojciech Makałowski, Matías Rodríguez; University of Münster, Münster, Niemcy
- 55. Rola kumaryn w oddziaływaniach z endofitycznymi bakteriami i tolerancji na niedobór jonów żelaza w *Arabidopsis thaliana***  
Prof. Paweł Bednarek, dr Anna Piasecka; Zakład Metabolomiki Funkcjonalnej Roślin  
Prof. Paul Schulze-Lefert; Max Planck Institute for Plant Breeding Research, Kolonia, Niemcy
- 56. Udział pochodnych tryptofanu w indukowanej wzorcami molekularnymi odporności na nekrotroficznego grzyba *Botrytis cinerea***  
Prof. Paweł Bednarek, dr Anna Piasecka; Zakład Metabolomiki Funkcjonalnej Roślin  
Dr Mariola Piślewska-Bednarek; Pracownia Hodowli Roślin  
Dr. Simone Ferrari; Sapienza University of Rome, Rzym, Włochy
- 57. Utrata szlaku biosyntezy tiaminy u biotroficznych patogenów grzybowych z rzędu mączniakowców (*Erysiphales*)**  
Prof. Paweł Bednarek; Zakład Metabolomiki Funkcjonalnej Roślin  
Dr Mariola Piślewska-Bednarek; Pracownia Hodowli Roślin  
Prof. Ralph Panstruga; RWTH Aachen University, Akwizgran, Niemcy
- 58. Opracowanie metod do tworzenia różnicowych sieci neuronowych dla danych wielkoskalowych z wieloczynnikowych eksperymentów na przykładzie danych metabolomicznych**  
Dr Anna Piasecka, mgr inż. Mikołaj Małecki; Zakład Metabolomiki Funkcjonalnej Roślin  
Dr hab. Aneta Sawikowska; Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu  
Prof. Carel F.W. Peeters, Dr. Jasper Engel; Wageningen University & Research Centre, Droevendaalsesteeg, Holandia
- 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. Open-ST w przysadce mózgowej myszy**  
Dr Monika Piwecka, dr Ewelina Kałużna; Zakład Niekodujących RNA  
Prof. Nikolaus Rajewsky, Dr. Nikos Karaiskos, Marie Schott; Max Delbrück Center for Molecular Medicine in the Helmholtz Association, Berlin, Niemcy
- 61. Badanie funkcji circRNA *Cdr1as* i mikroRNA *miR-7* w kontekście procesów zapalnych w mózgu i udaru niedokrwienne**  
Dr Monika Piwecka; Zakład Niekodujących RNA  
Prof. Tarja Malm, Flavia Scoyni; University of Eastern Finland, Kuopio, Finlandia
- 62. Analiza mutacji insercyjnej na chromosomie X związanej z deregulacją *CDR1as* u pacjentów z dystrofią siatkówki**  
Dr Monika Piwecka; Zakład Niekodujących RNA  
Prof. Alison J. Hardcastle, Dr. Jessica Gardener; University College London, Londyn, Wielka Brytania
- 63. Rola białka wiążącego RNA *Staufen 2* w regulacji neurogenezy**  
Dr Monika Piwecka; Zakład Niekodujących RNA  
Dr. Mireya Plass, Dr. Sandra Maria Fernandez-Moya; Bellvitge Institute for Biomedical Research (IDIBELL), Barcelona, Hiszpania
- 64. Badania wstępne i złożenie wniosku grantowego OPUS LAP na analizy dotyczące regulacji ekspresji genów przez circRNA i miRNA w osi podwzgórze-przysadka mózgowa**  
Dr Monika Piwecka; Zakład Niekodujących RNA  
Dr. Fanny Langlet; University of Lausanne, Lozanna, Szwajcaria
- 65. Analiza transkryptomu podwzgórze myszy z delecją locus *Cdr1as* w różnych punktach zegara okołodobowego**  
Dr Monika Piwecka; Zakład Niekodujących RNA  
Dr. Andranik Ivanov; Charité Medical University, Berlin, Niemcy  
Dr. Rosa Chiara Paolicelli, Dr. Anne-Claire Compagnon; University of Lausanne, Lozanna, Szwajcaria
- 66. Badanie funkcji kolistych RNA (circRNA) w guzach mózgu oraz w komórkach macierzystych nowotworu**  
Dr hab. Katarzyna Rolle, dr Julia Misiorek, dr 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
- 67. Opracowanie i charakterystyka nowego modelu badawczego guzów mózgu**  
Dr hab. Katarzyna Rolle, dr Żaneta Zarębska, dr Julia Misiorek; Zakład Neuroonkologii Molekularnej  
Dr Konrad Kuczyński; Pracownia Modelowych Organizmów Ssaczych  
Dr. Agnieszka Rybak-Wolf; Berlin Institute for Medical Systems Biology, Max Delbrück Center for Molecular Medicine in the Helmholtz Association, Berlin, Niemcy
- 68. Określenie profilu zmian ekspresji genów zaangażowanych w procesy inwazji w oparciu o wykorzystanie hybrydowego modelu glejaka**  
Dr hab. Katarzyna Rolle, dr Julia Misiorek, dr Julia Latowska-Łysiak, dr Adriana Grabowska; Zakład Neuroonkologii Molekularnej  
Dr Konrad Kuczyński; Pracownia Modelowych Organizmów Ssaczych  
Prof. Stefania Bortoluzzi; University of Padua, Padwa, Włochy
- 69. Wpływ preparatu synbiotycznego na rozwój hipercholesterolemii w mysim modelu ApoE-KO**  
Dr Łukasz Przybył, Dorota Wronka, Anna Karlik; Pracownia Modelowych Organizmów Ssaczych

Dr hab. Lajos Marko, Prof. Dr. hab. Sofia Forslund-Startceva; Experimental and Clinical Research Center, Berlin, Niemcy

**70. Wpływ zmian dietetycznych na wczesne fazy choroby Alzheimerera**

Dr Łukasz Przybył, Dorota Wronka, Anna Karlik; Pracownia Modelowych Organizmów Ssaczych

Dr hab. Julian Hellmann-Regen, Dr. Martin Weygandt, Prof. Dr. hab. Sofia Forslund-Startceva; Experimental and Clinical Research Center, Berlin, Niemcy

**71. Proteomiczne i metabolomiczne sygnatury raka jelita grubego w odpowiedzi na leczenie**

Dr hab. Anna Wojakowska, dr Łukasz Marczak, dr Aleksander Strugała; Pracownia Spektrometrii Mas

Dr. Krzysztof Polański; Wellcome Sanger Institute, Wellcome Genome Campus, Hinxton, Wielka Brytania

**72. Wpływ krótkołańcuchowych kwasów tłuszczowych na neutrofile w raku głowy i szyi**

Dr hab. Anna Wojakowska, dr Łukasz Marczak, dr Aleksander Strugała; Pracownia Spektrometrii Mas

Prof. dr Jadwiga Jabłońska; Essen University Hospital, Essen, Niemcy

**73. Wykrywanie MMP11 we krwi jako markera progresji raka prostaty regulowanego przez mechanizm sygnalizacyjny ALDH1A1-TGF-β1**

Dr hab. Anna Wojakowska, dr Łukasz Marczak, dr Aleksander Strugała; Pracownia Spektrometrii Mas

Prof. Anna Dubrovskaja; Faculty of Medicine and University Hospital Carl Gustav Carus, Technische Universität Dresden, Helmholtz-Zentrum Dresden-Rossendorf, Institute of Radiooncology - OncoRay, German Cancer Research Center (DKFZ), Heidelberg, Niemcy

**74. Mechanizmy molekularne terapeutycznych podejść żywieniowych w neurodegeneracji**

Prof. dr hab. Maciej Figiel; Zakład Proteomiki Biomedycznej

Dr. Thorsten Schmidt; Institute of Medical Genetics and Applied Genomics, University of Tübingen, Tybinga, Niemcy

Prof. Luis Pereira de Almeida, Prof. Dr. Cláudia Cavadas; University of Coimbra, Coimbra, Portugalia

Prof. Pınar Erkekoğlu; Hacettepe University, Ankara, Turcja

**75. Badania choroby Huntingtona na modelach mysich**

Prof. dr hab. Maciej Figiel; Zakład Proteomiki Biomedycznej

Prof. Michael Hayden, Dr. Nicholas S Caron; University of British Columbia, Vancouver, Kanada

**76. Badania terapii ukierunkowanej na CAG testowane w biallelicznych modelach myszy polyQ**

Prof. dr hab. Maciej Figiel; Zakład Proteomiki Biomedycznej

Dr. Nicholas S Caron, Prof. Michael R Hayden; University of British Columbia, Vancouver, Kanada

Prof. Hoa Huu Phuc Nguyen; Ruhr University Bochum, Bochum, Niemcy

Prof. Yvon Trottier; Institute of Genetics and Molecular and Cellular Biology University of Strasbourg, Illkirch, Francja

**77. Współpraca przy realizacji projektu pt. „Yeast cell factory for mRNA Bioproduction” (Yscript)**

Dr hab. Katarzyna Pachulska-Wieczorek, dr Julita Gumna, dr Małgorzata Zawadzka, dr Angelika Andrzejewska-Romanowska; Zakład Struktury i Funkcji RNA

Dr Leszek Błaszczyk; Zakład Struktury i Funkcji Biomolekuł

Konsorcjum Yscript, lider Prof. Chantal Pichon, French National Centre for Scientific Research, Orlean, Francja

**78. Analiza struktury RNA w komórce i jej kompartmentach w skali transkryptomowej w *S. cerevisiae***

Dr hab. Katarzyna Pachulska-Wieczorek, dr Julita Gumna, dr Angelika Andrzejewska-Romanowska, dr Paweł Śledziński, Ewa Tykwińska; Zakład Struktury i Funkcji RNA  
Prof. David J. Garfinkel; University of Georgia, Athens, Stany Zjednoczone

**79. Molekularne podstawy aktywacji wirusów grypy przez transbłonowe proteazy serynowe typu II**

Rafał Nowak, dr Paweł Zmora; Zakład Wirusologii Molekularnej  
Prof. dr hab. Ryszard Kierzek; Zakład Chemii i Biologii Strukturalnej Kwasów Nukleinowych  
Prof. Stefan Pöhlmann, Dr. Markus Hoffmann; Leibniz Institute for Primate Research in German Primate Center, Getynga, Niemcy

**80. Przygotowanie ankiety dotyczącej postrzegania technologii edycji genomu roślin**

Dr Ewa Woźniak-Gientka; Zespół Biogospodarki i Zrównoważonego Rozwoju  
Dr. Goetz Hensel; Heinrich Heine University, Düsseldorf, Niemcy  
Dr. Tobias Brugmann; Institute of Forest Genetics, Thünen Institute, Grosshansdorf, Niemcy

**81. Współpraca w ramach COST Action. Spotkania online członków projektu i ustalanie zadań**

Dr Ewa Woźniak-Gientka; Zespół Biogospodarki i Zrównoważonego Rozwoju  
Dr. Olesea Plotnic; Action Chair, Association Henri Capitant of Legal Culture, Kiszyniów, Mołdawia

**82. Współpraca w ramach składania międzynarodowego wniosku COST**

Dr Ewa Woźniak-Gientka; Zespół Biogospodarki i Zrównoważonego Rozwoju  
Dr. Filippo Biscarini; Institute of Biology and Biotechnology in Agriculture of National Research Council, Mediolan, Włochy

## Spis publikacji

\* wg Komunikatu Ministra Edukacji i Nauki z dnia 05 stycznia 2024 r. w sprawie wykazu czasopism naukowych i recenzowanych materiałów z konferencji międzynarodowych wraz z przypisaną liczbą punktów

### 1.A. Recenzowane artykuły z listy MNiSW indeksowane w Journal Citation Reports

L.p.	Nazwa czasopisma	Autor/Autorzy	Tytuł, rok, tom, strony/nr artykułu	5-letni IF	Punkty MNiSW	Q
1	ACTA BIOCHIMICA POLONICA	J.I. Loch, A. Sciuk, M. Kilichowska, I. Pierog, W. Lukaszczyk, K. Zimowska, <b>M. Jaskolski</b>	Probing the enzymatic activity and maturation process of the EcAIII Ntn-amidohydrolase using local random mutagenesis, 2024, 71, 12299	1,80	70	Q4
2	ACTA CRYSTALLOGRAPHICA SECTION D: STRUCTURAL BIOLOGY	A. Włodawer, Z. Dauter, J. Lubkowski, J.I. Loch, <b>M. Gilski, M. Jaskolski</b>	Towards a dependable data set of structures for L-asparaginase research, 2024, 80, 506-527	5,20	100	Q1
3	ANALYTICAL AND BIOANALYTICAL CHEMISTRY	<b>M. Dekaliuk</b> , Z. Farka, N. Hildebrandt	The pros and cons of nucleic acid-amplified immune-assays – a comparative study on the quantitation of prostate-specific antigen with and without rolling circle amplification, 2024, 416, 7285-7294	3,80	70	Q1
4	ANIMALS	R. Kamieniarz, M. Szymanski, <b>M. Wozna-Wysocka</b> , B.M. Jaskowski, M.K. Dyderski, E. Pers-Kamczyc, M. Skorupski	Roe Deer Reproduction in Western Poland: The Late Autumn Rut Phenomenon, 2024, 14, 3078	3,00	100	Q1
5	ANTIVIRAL RESEARCH	<b>A. Baliga-Gil, M. Soszynska-Jozwiak, A. Ruszkowska, I. Szczesniak, R. Kierzek, M. Ciechanowska, M. Trybus, P. Jackowiak</b> , J.M. Peterson, W.N. Moss, <b>E. Kierzek</b>	Targeting sgRNA N secondary structure as a way of inhibiting SARS-CoV-2 replication, 2024, 228, 105946	5,00	140	Q1



6	APPLIED SCIENCES (SWITZERLAND)	<b>T. Pecyna</b> , R. Rozycki	Improving Quantum Optimization Algorithms by Constraint Relaxation, 2024, 14, 8099	2,70	100	Q1
7	APPLIED SCIENCES-BASEL	<b>A. Rybarczyk</b> , D. Formanowicz, P. Formanowicz	The Role of Macrophage Dynamics in Atherosclerosis Analyzed Using a Petri Net-Based Model, 2014, 14, 3219	2,70	100	Q1
8	ARTIFICIAL INTELLIGENCE REVIEW	M. Budnik, J. Wawrzyniak, L. Grala, M. Kadzinski, <b>N. Szostak</b>	Deep dive into RNA: a systematic literature review on RNA structure prediction using machine learning methods, 2024, 57, 254	11,70	140	Q1
9	BIOCHEMICAL AND BIOPHYSICAL RESEARCH COMMUNICATIONS	L. Stachowiak, W. Kraczkowska, <b>A. Swiercz</b> , P.P. Jagodzinski	Circulating non-coding RNA in type 1 diabetes mellitus as a source of potential biomarkers – An emerging role of sex difference, 2024, 736, 150482	2,70	100	Q3
10	BIOORGANIC AND MEDICINAL CHEMISTRY LETTERS	E. Toton, N. Lisiak, A. Romaniuk-Drapala, <b>G. Framski</b> , <b>E. Wyszko</b> , <b>T. Ostrowski</b>	Cytotoxic effects of kinetin riboside and its selected analogues on cancer cell lines, 2024, 100, 129628	2,40	70	Q2
11	BMC BIOLOGY	<b>P. Sledzinski</b> , <b>M. Nowaczyk</b> , <b>M.I. Smielowska</b> , <b>M. Olejniczak</b>	CRISPR/Cas9-induced double-strand breaks in the huntingtin locus lead to CAG repeat contraction through DNA end resection and homology-mediated repair, 2024, 22, 282	5,40	140	Q1
12	BMC BIOLOGY	<b>K. Ciechanowska</b> , <b>A. Szczepanska</b> , <b>K. Szpotkowski</b> , <b>K. Wojcik</b> , <b>A. Urbanowicz</b> , <b>A. Kurzynska-Kokorniak</b>	The human Dicer helicase domain is capable of ATP hydrolysis and single-stranded nucleic acid binding, 2024, 22, 287	5,40	140	Q1
13	BMC PLANT BIOLOGY	T. Krepski, <b>A. Piasecka</b> , M. Swiecicka, M. Kancorzewska, <b>A. Sawikowska</b> , M. Dmochowska-Boguta, M. Rakoczy-Trojanowska, M. Matuszkiewicz	Leaf rust ( <i>Puccinia recondita</i> f. sp. <i>secalis</i> ) triggers substantial changes in rye ( <i>Secale cereale</i> L.) at the transcriptome and metabolome levels, 2024, 24, 107	5,20	140	Q1

14	CANCER IMMUNOLOGY RESEARCH	<b>N. Szostak, L. Handschuh, A. Samelak-Czajka, K. Tomela,</b> B. Pietrzak, <b>M. Schmidt,</b> L. Galus, J. Mackiewicz, <b>P. Kozlowski,</b> A. Mackiewicz, <b>A. Philips</b>	Gut Mycobiota Dysbiosis Is Associated with Melanoma and Response to Anti-PD-1 Therapy, 2024, 12, 427-439	10,10	200	Q1
15	CELL REPORTS	F. Scoyni, V. Sitnikova, L. Giudice, P. Korhonen, D.M. Trevisan, A.H. de sande, M. Gomez-Budia, R. Giniatullina, I.F. Ugidos, H. Dhungana, C. Pistono, N. Korvenlaita, N.-N. Valimaki, S.M. Kangas, A.E. Hiltunen, E. Gribchenko, M.U. Kaikkonen-Maatta, J. Koistinaho, S.Yla-Herttuala, R. Hinttala, M.T. Veno, J. Su, M. Stoffel, A. Schaefer, N. Rajewsky, J. Kjems, M.P. LaPierre, <b>M. Piwecka,</b> J. Jolkkonen, R. Giniatullin, T.B. Hansen, T. Malm	ciRS-7 and miR-7 regulate ischemia-induced neuronal death via glutamatergic signalling, 2024, 43, 113862	8,50	200	Q1
16	CELL REPORTS METHODS	L.C. Bartelt, <b>M. Fakhri, G. Adamek, M. Trybus, A. Samelak-Czajka, P. Jackowiak, A. Fiszer,</b> C.B. Lowe, A.R. La Spada, <b>P.M. Switonski</b>	Antibody-assisted selective isolation of Purkinje cell nuclei from mouse cerebellar tissue, 2024, 4, 100816	4,30	20	Q1
17	CELL REPORTS PHYSICAL SCIENCE	S. Mkrtchyan, <b>M. Jakubczyk,</b> S. Sarfaraz, K. Ayub, V.B. Purohit, O. Shalimov, V. Iaroshenko	One-step Ru-catalyzed conversion of phenolic OH groups to trifluoromethyl under mechanochemical conditions, 2024, 5, 102062	8,40	20	Q1
18	CELLS	U. Kazimierzczak, A. Przybyla, <b>M. Smielowska,</b> T. Kolenda, A. Mackiewicz	Targeting the Hippo Pathway in Cutaneous Melanoma, 2024, 13, 1062	6,00	140	Q2

19	CHEMICAL COMMUNICATIONS	<b>M. Gawel, P.H. Malecki, J. Sliwiak, M. Stepniewska, B. Imiolczyk, J. Czyrko-Horczaq, D. Jakubczyk, L. Marczak, M.E. Plonska-Brzezinska, K. Brzezinski</b>	A closer look at molecular mechanisms underlying inhibition of S-adenosyl-l-homocysteine hydrolase by transition metal cations, 2024, 60, 11504-11507	4,40	200	Q2
20	CHEMICAL ENGINEERING JOURNAL	A.A. Mieloch, A.M. Mleczko, <b>A. Samelak-Czajka, P. Jackowiak, J.D. Rybka</b>	Biomimetic virus-like particles with magnetic core. From bioactivity to an immunodiagnostic tool, 2024, 485, 149714	13,20	200	Q1
21	CHEMICAL SCIENCE	S. Mkrtchyan, <b>M. Jakubczyk, S. Sarfaraz, K. Ayub, V.O. Iaroshenko</b>	Ru-catalyzed activation of free phenols in a one-step Suzuki-Miyaura cross-coupling under mechanochemical conditions, 2024, 15, 14798-14805	8,00	200	Q1
22	CHEMISTRY – A EUROPEAN JOURNAL	<b>S. Trzcinski, J. Brzezinska, K. Waligorski, J. Strzelec, K. Kolet, O. Kolacki, M.K. Chmielewski</b>	Hybrid Supports for Oligonucleotide Synthesis: Controlled Pore Glass Derivatives with Branched Amine-Ended Polyether or Polyimine, 2024, e202403086	4,10	140	Q2
23	CLUSTER COMPUTING- THE JOURNAL OF NETWORKS SOFTWARE TOOLS AND APPLICATIONS	A. Cabrera, F. Almeida, D. Castellanos-Nieves, <b>A. Oleksiak, V. Blanco</b>	Energy efficient power cap configurations through Pareto front analysis and machine learning categorization, 2024, 27, 3433-3449	2,20	70	Q1
24	COMPUTERS AND ELECTRONICS IN AGRICULTURE	D. Urdu, A.J. Berre, H.Sundmaeker, S.Rilling, I. Roussaki, A. Marguglio, K. Doolin, P. Zaborowski, R. Atkinson, <b>R. Palma, M. Faraldi, S. Wolfert</b>	Aligning interoperability architectures for digital agri-food platforms, 2024, 224, 109194	8,40	100	Q1
25	CONCURRENCY AND COMPUTATION: PRACTICE AND EXPERIENCE	K. Halbiniak, <b>N. Meyer, K. Rojek</b>	Single- and multi-GPU computing on NVIDIA- and AMD-based server platforms for solidification modeling application, 2024, 36(9)	1,50	100	Q2

26	CRITICAL REVIEWS IN FOOD SCIENCE AND NUTRITION	T.J. Ashaolu, M. Zarei, <b>H. Agrawal</b> , M.S. Kharazmi, S.M. Jafari	A critical review on immunomodulatory peptides from plant sources; action mechanisms and recent advances, 2024, 64, 7220-7236	10,30	200	Q1
27	DEVELOPMENTAL BIOLOGY	P. Pawlak, P. Lipinska, E. Sell-Kubiak, <b>A. Kajdasz</b> , N. Derebecka, E. Warzych	Energy metabolism disorders during in vitro maturation of bovine cumulus-oocyte complexes interfere with blastocyst quality and metabolism, 2024, 509, 51-58	2,60	100	Q2
28	EMBO REPORTS	C.A. Cerda-Jara, S.J. Kim, G. Thomas, Z. Farsi, G. Zolotarov, G. Dube, A. Deter, E. Bahry, E. Georgii, A. Woehler, <b>M. Piwecka</b> , N. Rajewsky	miR-7 controls glutamatergic transmission and neuronal connectivity in a Cdr1as-dependent manner, 2024, 25, 3008-3039	8,30	140	Q1
29	ENTROPY	J. Synak, <b>A. Rybarczyk</b> , M. Kasprzak, <b>J. Blazewicz</b>	RNA World with Inhibitors, 2024, 26, 1012	2,20	100	Q2
30	ENTROPY	M. Brauer, R.J. Vicente, J.S. Buruaga, R.B. Mendez, R.-P. Braun, M. Geitz, <b>P. Rydlichowski</b> , H.H. Brunner, F. Fung, M. Peev, A. Pastor, D.R. Lopez, V. Martin, J.P. Brito	Linking QKD Testbeds across Europe, 2024, 26, 123	2,20	100	Q2
31	EUROPEAN HEART JOURNAL CARDIOVASCULAR IMAGING	J. Geers, A. Balfour, P. Molek, P. Barron, S. Botezatu, S.S. Joshi, A. White, <b>M. Buchwald</b> , R. Everett, J. Mccarley, D. Cusack, A.G. Japp, P.H. Gibson, C.C.E. Lang, C. Stirrat, N.R. Grubb, R. Bing, N.L. Cruden, M.A. Denvir, H.S. Aboumarie, B. Cosyns, D.E. Newby, M.R. Dweck	Systematic hand-held echocardiography in patients hospitalized with acute coronary syndrome, 2024, 25, 1441-1450	6,60	140	Q1
32	EUROPEAN JOURNAL OF CELL BIOLOGY	<b>M. Kazimierczyk</b> , <b>A. Fedoruk-Wyszomirska</b> , <b>D. Gurda-Wozna</b> , <b>E. Wyszko</b> , <b>A. Swiatkowska</b> , <b>J. Wrzesinski</b>	The expression profiles of piRNAs and their interacting Piwi proteins in cellular model of renal development: Focus on Piwil1 in mitosis, 2024, 103, 151444	5,40	100	Q2

33	EUROPEAN JOURNAL OF MEDICINAL CHEMISTRY	<b>P.H. Malecki</b> , G.M. Fassauer, N. Ruger, L. Schulig, A. Link, O. Krylova, U. Heinemann, M.S. Weiss	Structure-based mapping of the histone-binding pocket of KDM4D using functionalized tetrazole and pyridine core compounds, 2024, 276, 116642	6,10	140	Q1
34	FASEB JOURNAL	<b>M. Wozna-Wysocka</b> , <b>M. Jazurek-Ciesiolka</b> , <b>L. Przybyl</b> , <b>D. Wronka</b> , <b>J.O. Misiorek</b> , <b>J. Suszynska-Zajczyk</b> , <b>G. Figura</b> , <b>A. Ciesiolka</b> , <b>P. Sobieszczanska</b> , A. Zeller, <b>M. Niemira</b> , <b>P.M. Switonski</b> , <b>A. Fiszer</b>	Insights into RNA-mediated pathology in new mouse models of Huntington's disease, 2024, 38, e70182	4,70	140	Q1
35	FEBS LETTERS	<b>J. Zacharjusz</b> , <b>M. Sztachera</b> , <b>M. Smuszkiewicz</b> , <b>M. Piwecka</b>	Micromanaging the neuroendocrine system – a review on miR-7 and the other physiologically relevant miRNAs in the hypothalamic–pituitary axis, 2024, 598, 1557-1575	3,80	100	Q2
36	FOOD HYDROCOLLOIDS	J. Czubinski, M. Kubickova, <b>K. Szpotkowski</b> , J. Komarek	pH-Dependent oligomerization of gamma-conglutin: A key element to understand its molecular mechanism of action, 2024, 147, Part A:109386	11,30	140	Q1
37	FREE RADICAL BIOLOGY AND MEDICINE	K.J. Frackowiak, M.T. Ignasiak, <b>M. Grzechowiak</b> , E. Fuentes-Lemus, L.F. Gamon, T. Pedzinski, P.M. Hagglund, <b>M. Jaskolski</b> , M.J. Davies, B. Marciniak	Dual behavior of histidine during sensitized photo-oxidation of model compounds and proteins, 2024, 224, 393-404	7,90	140	Q1
38	FRONTIERS IN CHEMISTRY	<b>J. Sliwiak</b> , <b>P. Wrosztynowicz</b> , <b>K. Pokrywka</b> , J.I. Loch, <b>M. Grzechowiak</b> , <b>M. Jaskolski</b>	Biochemical characterization of L-asparaginase isoforms from <i>Rhizobium etli</i> -the boosting effect of zinc, 2024, 12, 1373312	4,80	100	Q2
39	FRONTIERS IN CHEMISTRY	<b>K. Pokrywka</b> , <b>M. Grzechowiak</b> , <b>J. Sliwiak</b> , <b>P. Wrosztynowicz</b> , J.I. Loch, <b>M. Ruszkowski</b> , <b>M. Gilski</b> , <b>M. Jaskolski</b>	Probing the active site of Class 3 L-asparaginase by mutagenesis. I. Tinkering with the zinc coordination site of ReAV, 2024, 12, 1381032	4,80	100	Q2

40	FRONTIERS IN CHEMISTRY	<b>F.C. Font, K. Zukowski, M.A. Khan, D. Kwiatek, J.L. Kolanowski</b>	Interference of metal ions on the bioluminescent signal of firefly, <i>Renilla</i> , and NanoLuc luciferases in high-throughput screening assays, 2024, 12, 1436389	4,80	100	Q2
41	FRONTIERS IN IMMUNOLOGY	A.M. Majewska, M.A. Dietrich, <b>L. Budzko</b> , M. Adamek, <b>M. Figlerowicz</b> , A. Ciereszko	Secreted novel AID/APOBEC-like deaminase 1 (SNAD1) – a new important player in fish immunology, 2024, 15, 1340273	6,80	140	Q1
42	FRONTIERS IN MOLECULAR BIOSCIENCES	<b>J. Watral</b> , D. Formanowicz, B. Perek, K. Kostka-Jeziorny, A. Podkowinska, A. Tykarski, <b>M. Luczak</b>	Comprehensive proteomics of monocytes indicates oxidative imbalance functionally related to inflammatory response in chronic kidney disease-related atherosclerosis, 2024, 11, 1229648	4,40	140	Q2
43	FRONTIERS IN ONCOLOGY	<b>A. Wojakowska, L. Marczak</b> , M. Zeman, M. Chekan, E. Zembala- -Nozynska, K. Polanski, <b>A. Strugala</b> , P. Widlak, M. Pietrowska	Proteomic and metabolomic signatures of rectal tumor discriminate patients with different responses to preoperative radiotherapy, 2024, 14, 1323961	4,00	100	Q2
44	FRONTIERS IN PLANT SCIENCE	<b>W. Witek, J. Sliwiak</b> , M. Rawski, <b>M. Ruszkowski</b>	Targeting imidazole-glycerol phosphate dehydratase in plants: novel approach for structural and functional studies, and inhibitor blueprinting, 2024, 15, 1343980	5,30	100	Q1
45	FRONTIERS IN PLANT SCIENCE	H. Fuchs, A.M. Staszak, P.A. Vargas, M. Sahrawy, A.J. Serrato, M.K. Dyderski, E.A. Klupczynska, <b>P. Glodowicz, K. Rolle</b> , E. Ratajczak	Redox dynamics in seeds of <i>Acer</i> spp: unraveling adaptation strategies of different seed categories, 2024, 15, 1430695	5,30	100	Q1
46	FUTURE GENERATION COMPUTER SYSTEMS	Y. Alexeev, M. Amsler, M. Antonio Barroca, S. Bassini, T. Battelle, D. Camps, D. Casanova, Y.J. Choi, F.T. Chong, Ch. Chung, Ch. Codella, A. D. Corcoles, J.Cruise, A.Di Meglio, I. Duran, T. Eckl, S. Economou, S. Eidenbenz, B. Elmegreen, C. Fare, I. Faro, C. Sanz Fernandez, R. Neumann Barros Ferreira, K. Fuji, B. Fuller,	Quantum-centric supercomputing for materials science: A perspective on challenges and future directions, 2024, 160, 666-710	5,90	140	Q1

		<p>L. Gagliardi, G. Galli, J.R. Glick, I. Gobbi,  P. Gokhale, S.de la Puente Gonzalez,  J. Greiner, B. Gropp, M. Grossi, E. Gull,  B. Healy, M.R. Hermes, B. Huang,  T.S. Humble, N. Ito, A.F. Izmaylov,  A. Javadi-Abhari, D. Jennewein, S. Jha,  L. Jiang, B. Jones, W. A. de Jong,  P. Jurcevic, W. Kirby, S. Kister,  M. Kitagawa, J. Klassen, K. Klymko,  K.Koh, M. Kondo, D.M. Kurkcuoglu,  <b>K. Kurowski</b>, T. Laino, R. Landfield,  M. Leininger, V. Leyton-Ortega, A. Li,  M. Lin, J.Liu, N. Lorente, A. Luckow,  S. Martiel, F. Martin-Fernandez,  M. Martonosi, C. Marvinney,  A. Castaneda Medina, D. Merten,  A. Mezzacapo, K. Michielsen, A. Mitra,  T. Mittal, K. Moon, J. Moore,  S. Mostame, M.Motta, YH. Na, Y. Nam,  P. Narang, YY. Ohnishi, D. Ottaviani,  M. Otten, S. Pakin, VR. Pascuzzi,  E. Pednault, <b>T. Piontek</b>, J.Pitera,  P. Rall, GS. Ravi, N. Robertson,  MAC. Rossi, <b>P. Rydlichowski</b>,  H. Ryu, G. Samsonidze, M. Sato,  N. Saurabh, V. Sharma, K. Sharma,  S. Shin, G. Slessman, M. Steiner,  I. Sitdikov, IS. Suh, ED. Switzer, W. Tang,  J. Thompson, S. Todo, MC. Tran,  D. Trenev, Ch.Trott, HH.Tseng,  NM. Tubman, E. Tureci, DG. Valinas,  S. Vallecorsa, Ch.Weaver, <b>K. Wojcie-  chowski</b>, X. Wu, S. Yoo, N. Yoshioka,  VWZ. Yu, S. Yunoki. S. Zhuk, D. Zubarev</p>				
--	--	---	--	--	--	--

47	GLOBAL CHANGE BIOLOGY	<b>N. Makowska-Zawierucha</b> , A. Trzebny, K. Zawierucha, V. Manthapuri, J.A. Bradley, A. Pruden	Arctic plasmidome analysis reveals distinct relationships among associated antimicrobial resistance genes and virulence genes along anthropogenic gradients, 2024, 30, e17293	13,00	200	Q1
48	IEEE ACCESS	<b>M. Wolski</b> , A. Klorek, A. Kobusinska	Alleviating Cold Start in the EOSC Recommendations: Extended Page RankAlgorithm, 2024, 12, 120498-120511	3,70	100	Q2
49	IEEE TRANSACTIONS ON COMPUTATIONAL SOCIAL SYSTEMS	D. Groen, N. Papadopoulou, P. Anastasiadis, <b>M. Lawenda</b> , L. Szustak, S. Gogolenko, H. Arabnejad, A. Jahani	Large-Scale Parallelization of Human Migration Simulation, 2024, 11, 2135-2146	4,60	100	Q1
50	INTERNATIONAL JOURNAL OF APPLIED MATHEMATICS AND COMPUTER SCIENCE	<b>P. Wojciechowski</b> , M. Kasprzak	Assignment of Tasks to Machines Under Data Replication with a Tie to Steiner Systems, 2024, 34, 263-275	1,40	100	Q3
51	INTERNATIONAL JOURNAL OF BIOLOGICAL MACROMOLECULES	<b>P.J. Pietras, A. Wasilewska-Burczyk, K. Peplowska, L. Marczak, A. Tyczewska, K. Grzywacz</b>	Dynamic protein composition of <i>Saccharomyces cerevisiae</i> ribosomes in response to multiple stress conditions reflects alterations in translation activity, 2024, 268, 132004	7,70	100	Q1
52	INTERNATIONAL JOURNAL OF BIOLOGICAL MACROMOLECULES	<b>M. Grzechowiak, J. Sliwiak</b> , A. Link, <b>M. Ruszkowski</b>	Legume-type glutamate dehydrogenase: Structure, activity, and inhibition studies, 2024, 2024, 278, 134648	7,70	100	Q1
53	INTERNATIONAL JOURNAL OF ELECTRONICS AND TELECOMMUNICATIONS	<b>M. Dabrowski, J. Skorupa, W. Raszewski, M. Glowiak</b>	Ambisonics' setup quality assessment through measurements and computations based on ITD and ILD functions using subbands and a Gammatone Filter Bank, 2024, 70, 307-313	0,50	70	Q4



54	INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES	M. Wojtkowska, <b>N. Karczewska</b> , K. Pacewicz, A. Pacak, P. Kopec, J. Florczak-Wyspianska, K. Poplawska-Domaszewicz, T. Malkiewicz, B. Sokol	Quantification of Circulating Cell-Free DNA in Idiopathic Parkinson's Disease Patients, 2024, 25, 2818	5,60	140	Q1
55	INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES	A-M. Barciszewska, <b>A. Belter, J.F. Barciszewski, I. Gawronska, M. Giel-Pietraszuk, M.Z. Naskret-Barciszewska</b>	Mechanistic Insights on Metformin and Arginine Implementation as Repurposed Drugs in Glioblastoma Treatment, 2024, 25, 9460	5,60	140	Q1
56	INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES	A. Niewiadomska-Cimicka, L. Fievet, <b>M. Surdyka, E. Jesion</b> , C. Keime, E. Singer, A. Eisenmann, <b>Z. Kalinowska-Poska</b> , H.H.P. Nguyen, <b>A. Fiszer, M. Figiel</b> , Y. Trottier	AAV-Mediated CAG-Targeting Selectively Reduces Polyglutamine-Expanded Protein and Attenuates Disease Phenotypes in a Spinocerebellar Ataxia Mouse Model, 2024, 25, 4354	5,60	140	Q1
57	INTERNATIONAL UNION OF CRYSTALLOGRAPHY JOURNALS	J.C.-H. Chen, <b>M. Gilski</b> , C. Chang, D. Borek, G. Rosenbaum, A. Lavens, Z. Otwinowski, M. Kubicki, Z. Dauter, <b>M. Jaskolski, A. Joachimiak</b>	Solvent organization in the ultrahigh-resolution crystal structure of crambin at room temperature, 2024, 11, 649-663	3,30	140	Q1
58	INTERNATIONAL UNION OF CRYSTALLOGRAPHY JOURNALS	A. Wlodawer, Z. Dauter, P. Rubach, W. Minor, J.I. Loch, D. Brzezinski, <b>M. Gilski, M. Jaskolski</b>	Waterless structures in the Protein Data Bank, 2024, 11, 966-967	3,30	140	Q1
59	JOURNAL OF AGRICULTURAL AND FOOD CHEMISTRY	K. Sutor-Swiezy, R. Gorska, A. Kumorkiewicz-Jamro, E. Dziedzic, M. Bieniasz, P. Mielczarek, L. Popena, <b>K. Pasternak</b> , M. Tyszka-Czochara, M. Baj-Krzyworzeka, M. Stafanska, P. Blyszczuk, S. Wybraniec	<i>Basella alba</i> L. (Malabar Spinach) as an Abundant Source of Betacyanins: Identification, Stability, and Bioactivity Studies on Natural and Processed Fruit Pigments, 2024, 6, 2943-2962	6,00	140	Q1
60	JOURNAL OF APPLIED GENETICS	<b>M. Kazimierska</b> , A. Lesniewska, A. Bakker, A. Diepstra, M.E. Kasprzyk, M. Podralskam 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, 2024, 65, 95-101	2,40	140	Q3

61	JOURNAL OF APPLIED GENETICS	<b>I. Aygun, J. Barciszewski</b>	The forerunners and successful partnerships behind the BioNTech mRNA vaccine, 2024, 65, 47-55	2,40	140	Q3
62	JOURNAL OF BIOMEDICAL INFORMATICS	<b>M. Radom, A. Rybarczyk,</b> I. Piekarczyk, P. Formanowicz	Algorithms for evaluation of minimal cut sets, 2024, 159, 104740	7,40	100	Q2
63	JOURNAL OF EXTRACELLULAR VESICLES	<b>D. Fochtman, L. Marczak,</b> M. Pietrowska, <b>A. Wojakowska</b>	Challenges of MS-based small extracellular vesicles proteomics, 2024, 13, e70020	19,60	200	Q1
64	JOURNAL OF MATERIALS CHEMISTRY C	M. Szymczak, M. Runowski, <b>D. Kwiatek,</b> S. Sobczak, P. Woźny, M. Kubicki, G. Dutkiewicz, A. Katrusiak, L. Marciniak	Multimodal luminescence manometers based on a novel organic complex material – Eu(bpyO2)4(PF6)3, 2024, 12, 18435-18445	6,00	140	Q1
65	JOURNAL OF MOLECULAR CELL BIOLOGY	<b>P. Glodowicz,</b> K. Kuczynski, R. Val, A. Dietrich, <b>K. Rolle</b>	Mitochondrial transport of catalytic RNAs and targeting of the organellar transcriptome in human cells, 2023, 15, mjad051 ( <i>nie wykazano w sprawozdaniu za 2023 r.</i> )	6,10	140	Q2
66	JOURNAL OF MOLECULAR LIQUIDS	A. Esme, <b>D. Kwiatek,</b> Z. Hnatejko	Solvent effects on spectroscopic, electronic, and topological analyses, Hirshfeld surface, ADME, and molecular docking studies on antiviral pyridine carboxamide derivatives, 2024, 396, 123940	5,20	100	Q1
67	JOURNAL OF MOLECULAR STRUCTURE	A. Pyrih, A. Lapinski, S. Zieba, A. Mizera, R. Lesyk, A.K. Gzela, <b>M. Jaskolski</b>	Proton tautomerism and stereoisomerism in isomeric 4-(metoxyphenyl)amino-1,3-thiazol-2(5H)-one derivatives: Synthesis, crystal structure and spectroscopic studies, 2024, 1295, 136748	3,50	100	Q2
68	JOURNAL OF ORGANIC CHEMISTRY	<b>J. Golebiewska,</b> <b>M. Sobkowski, J. Stawinski</b>	Synthesis of Nucleoside Selenophosphoramidates via H-Phosphonate Intermediates, 2024, 89, 12032-12043	3,20	140	Q1
69	JOURNAL OF ORGANOMETALLIC CHEMISTRY	J. Skiba, M. Hirschfeld, H. Lang, D. Trzybinski, K. Wozniak, <b>M. Gazecka, P. Zmora,</b> K. Kowalski	Click-ferrocenyl nucleotides-synthesis, electrochemistry, and antiproliferative activity studies, 2024, 1016, 123242	1,80	70	Q2

70	JOURNAL OF PHYSICAL CHEMISTRY	J.M. Gonzalez-Delgado, P.M. Thompson, <b>W. Andralojc</b> , <b>Z. Gdaniec</b> , R.A. Ghiladi, S. Franzen	Comparison of the Backbone Dynamics of Dehaloperoxidase-Hemoglobin Isoenzymes, B 2024, 128, 3383-3397	4,17	100	Q1
71	LIFE-BASEL	H. Jakubowski, <b>M. Sikora</b> , E. Bretes, J. Perla-Kajan, O. Utyro, I. Wojtasz, R. Kazimierski, M. Frankowski, A. Ziola-Frankowska	Association of Metallic and Nonmetallic Elements with Fibrin Clot Properties and Ischemic Stroke, 2024, 14, 634	3,10	70	Q1
72	MACROMOLECULAR BIOSCIENCE	M. Kordys, <b>A. Urbanowicz</b>	3D Puzzle at the Nanoscale-How do RNA Viruses Self-Assemble their Capsids into Perfectly Ordered Structures, 2024, 24, 2400088	5,00	100	Q2
73	MATERIALS ADVANCES	A. Hryniewiecka, J. Brezko, G. Siemaszko, <b>K. Brzezinski</b> , A. Ilnicka, A. Terzyk, M.E. Plonska-Brzezinska	Rational design of carbon nanocomposites with hierarchical porosity: a strategy to improve capacitive energy storage performance, 2024, 5, 1065-1077	5,10	20	Q2
74	MOLECULAR ECOLOGY	J. Rozanska-Wrobel, M. Migalska, <b>A. Urbanowicz</b> , M. Grzybek, R.O.M. Rego, A. Bajer, D. Dwuznik-Szarek, M. Alsarraf, J. Behnke-Borowczyk, J.M. Behnke, J. Radwan	Interplay between vertebrate adaptive immunity and bacterial infectivity genes: Bank vole MHC versus Borrelia afzelii OspC, 2024, 33	5,4	140	Q1
75	MOLECULES	A. Sciuk, K. Wator, I. Staron, <b>P. Worsztynowicz</b> , <b>K. Pokrywka</b> , <b>J. Sliwiak</b> , M. Kilichowska, K. Pietruszewska, Z. Mazurek, A. Skalniak, K. Lewandowski, <b>M. Jaskolski</b> , J. Loch, M. Surmiak	Substrate Affinity Is Not Crucial for Therapeutic L-Asparaginases: Antileukemic Activity of Novel Bacterial Enzymes, 20214, 29, 2272	4,60	140	Q2
76	MOLECULES	K. Stachowiak, M. Zabiszak, J. Grajewski, <b>A. Teubert</b> , A. Bajek, R. Jastrzab	Thermodynamic Studies of Complexes in Cu(II)/Uridine-5'-Diphosphoglucuronic Acid System, 2024, 29, 3695	4,60	140	Q2

77	MOLECULES	J. Nowak-Karnowska, A. Gluszynska, <b>J. Kosman</b> , A. Dembska	Fluorescence Turn-Off Ligand for Parallel G-Quadruplexes, 2024, 29, 3907	4,60	140	Q2
78	MOLECULES	M. Rojewska, <b>J. Romanowska</b> , <b>A. Kraszewski</b> , <b>M. Sobkowski</b> , K. Prochaska	The Interactions of Anti-HIV Pronucleotides with a Model Phospholipid Membrane, 2024, 29, 5787	4,60	140	Q2
79	NANOTECHNOLOGY REVIEWS	K. Zebrowska, M. Grabowska, E. Coy, <b>K. Rolle</b> , R. Mrowczynski, B.F. Grzeskowiak	<i>In vitro</i> anticancer activity of melanin-like nanoparticles for multimodal therapy of glioblastoma, 2024, 12, 20230206	6,80	70	Q1
80	NATURE COMMUNICATIONS	<b>J. Wieruszewska</b> , <b>A. Pawlowicz</b> , <b>E. Polomska</b> , <b>K. Pasternak</b> , <b>Z. Gdaniec</b> , <b>W. Andralojc</b>	The 8-17 DNAzyme can operate in a single active structure regardless of metal ion cofactor, 2024, 15, 4218	16,10	200	Q1
81	NATURE COMMUNICATIONS	S. Carbonell-Sala, T. Perteghella, J. Lagarde, H. Nishiyori, E. Palumbo, C. Arnan, H. Takahashi, P. Carninci, <b>B. Uszczynska-Ratajczak</b> , R. Guigo	CapTrap-seq: a platform-agnostic and quantitative approach for high-fidelity full-length RNA sequencing, 2024, 15, 5278	16,10	200	Q1
82	NEW PHYTOLOGIST	A.K. Basak, <b>A. Piasecka</b> , J. Hucklenbroich, G.M. Turksoy, R. Guan, P. Zhang, F. Getzke, R. Garrido-Oter, S. Hacquard, K. Strzalka, <b>P. Bednarek</b> , K. Yamada, R.T. Nakano	ER body-resident myrosinases and tryptophan specialized metabolism modulate root microbiota assembly, 2024, 241, 329-342	10,20	140	Q1
83	NUCLEIC ACIDS RESEARCH	<b>D.M. Janecki</b> , <b>R. Sen</b> , <b>N. Szostak</b> , <b>A. Kajdasz</b> , <b>M. Kordys</b> , <b>K. Plawgo</b> , <b>D. Pandakov</b> , <b>A. Philips</b> , <b>Z. Warkocki</b>	LINE-1 mRNA 3' end dynamics shape its biology and retrotransposition potential, 2024, 52, 3327-3345	16,10	200	Q1
84	NUCLEIC ACIDS RESEARCH	<b>L. Blaszczyk</b> , <b>M. Ryczek</b> , B. Das, <b>M. Mateja-Pluta</b> , <b>M. Bejger</b> , <b>J. Sliwiak</b> , K. Nakatani, <b>A. Kiliszek</b>	Antisense RNA C9orf72 hexanucleotide repeat associated with amyotrophic lateral sclerosis and frontotemporal dementia forms a triplex-like structure and binds small synthetic ligand, 2024, 52, 6707-6717	16,10	200	Q1

85	NUCLEIC ACIDS RESEARCH	<b>N. Koralewska</b> , E. Corradi, <b>M.C. Milewski</b> , L. Masante, <b>A. Szczepanska</b> , <b>R. Kierzek</b> , <b>M. Figlerowicz</b> , M-L. Baudet, <b>A. Kurzynska-Kokorniak</b>	Short 2'-O-methyl/LNA oligomers as highly-selective inhibitors of miRNA production <i>in vitro</i> and <i>in vivo</i> , 2024, 52, 5804-5924	16,10	200	Q1
86	NUCLEIC ACIDS RESEARCH	M. Zurkowski, M. Swiercz, F. Wozny, <b>M. Antczak</b> , <b>M. Szachniuk</b>	RNAhugs web server for customized 3D RNA structure alignment, 2024, 52, W348-W353	16,10	200	Q1
87	NUCLEIC ACIDS RESEARCH	<b>A. Andrzejewska-Romanowska</b> , <b>J. Gumna</b> , <b>E. Tykwinska</b> , <b>K. Pachulska-Wieczorek</b>	Mapping the structural landscape of the yeast Ty3 retrotransposon RNA genome, 2024, 52, 9821-9837	16,10	200	Q1
88	NUCLEIC ACIDS RESEARCH	K. Szafran, D. Rafalski, K. Skowronek, M. Wojciechowski, A.A. Kazrani, <b>M. Gilski</b> , S.Y. Xu, M. Bochtler	Structural analysis of the BisI family of modification dependent restriction endonucleases, 2024, 52, 9103-9118	16,10	200	Q1
89	NUCLEIC ACIDS RESEARCH	A. Piasecka, M.W. Szczesniak, M. Sekrecki, <b>A. Kajdasz</b> , L.J. Sznajder, A. Baud, K. Sobczak	MBNL splicing factors regulate the microtranscriptome of skeletal muscles, 2024, 52, 12055-12073	16,10	200	Q1
90	NUCLEIC ACIDS RESEARCH	<b>M. Suszynska</b> , <b>M. Machowska</b> , <b>E. Fraszczyk</b> , <b>M. Michalczyk</b> , <b>A. Philips</b> , <b>P. Galka-Marciniak</b> , <b>P. Kozlowski</b>	CMC: Cancer miRNA Census – a list of cancer-related miRNA genes, 2024, 52, 1628-1644	16,10	200	Q1
91	ORGANIC LETTERS	<b>D. Krygier</b> , M. Przybyla, <b>M.K. Chmielewski</b>	Microwave-Dependent Thermo-Release Approach for Oligonucleotides 5'-Phosphorylation, 2024, 26, 1134-1137	4,50	140	Q1
92	ORGANOMETALLICS	P. Bieganski, <b>M. Gazecka</b> , <b>R. Nowak</b> , A. Gorski, N. Dutkiewicz, D.F. Kawano, <b>P. Zmora</b> , K. Kowalski	Organometallic-Erlotinib Conjugates Active against Lung Cancer Cells and as Emerging Virus Entry Inhibitors, 2024, 43, 2505-2519	2,60	100	Q2
93	PATHOGENS	K. Zimmer, A.M. Chmielewska, <b>P. Jackowiak</b> , <b>M. Figlerowicz</b> , K. Bienkowska-Szewczyk	Alterations in N-glycosylation of HCV E2 Protein in Children. Patients with IFN-RBV Therapy Failure, 2024, 13, 256	3,50	100	Q2

94	PATHOGENS	K. Mazur-Milewska, <b>M. Luczak</b> , <b>J. Watral</b> , P. Malecki, A. Mania, M. Figlerowicz	The Impact of Acute EBV Infection on Changes in the Serum Proteome in Children – A Pilot Study, 2024, 13, 471	3,50	100	Q2
95	PHARMACEUTICALS	K. Kurpiejewski, K. Piecyk, M. Lukaszewicz, <b>K. Kamel</b> , K. Chmurski, S. Kmiecik, M. Jankowska-Anyszka	The Synergistic Effect of N2 and N7 Modifications on the Inhibitory Efficacy of mRNA Cap Analogues, 2024, 17,632	4,60	100	Q1
96	PHARMACEUTICALS	A. Gluszynska, <b>J. Kosman</b> , S.S. Chuah, M. Hoffmann, S. Haider	Carbazole Derivatives Binding to Bcl-2 Promoter Sequence G-quadruplex, 2024, 17, 912	4,60	100	Q1
97	PHYSICAL CHEMISTRY CHEMICAL PHYSICS	N. Dutta, <b>J. Sarzynska</b> , I. Deb, A. Lahiri	Predicting nearest neighbor free energies of modified RNA with LIE: results for pseudouridine and N1-methylpseudouridine within RNA duplexes, 2024, 26, 992-999	3,00	100	Q1
98	PLANT AND CELL PHYSIOLOGY	A. Wilkens, <b>P. Czerniawski</b> , <b>P. Bednarek</b> , M. Libik-Konieczny, K. Yamada	ATML1 Regulates the Differentiation of ER Body-Containing Large Pavement Cells in Rosette Leaves of Brassicaceae Plants, 2024, 65, 1160-1172	4,70	140	Q1
99	PLANT CELL, TISSUE AND ORGAN CULTURE	J.P.R. Martins, M.K. Wawrzyniak, E.M. Kalemba, J.M. Ley-Lopez, M.M. Mendes, <b>M.Z. Naskret-Barciszewska</b> , <b>J. Barciszewski</b> , P. Chmielarz	Differential morphophysiological and epigenetic responses during in vitro multiplication of Quercus robur depending on donor age and plant growth regulators, 2024, 159, 62	2,50	100	Q2
100	PLANT PHYSIOLOGY AND BIOCHEMISTRY	<b>W. Witek</b> , <b>B. Imiolczyk</b> , <b>M. Ruszkowski</b>	Structural, kinetic, and evolutionary peculiarities of HISN3, a plant 5'-ProFAR isomerase, 2024, 215, 109065	6,20	70	Q1
101	PLOS COMPUTATIONAL BIOLOGY	B.A. Gren, <b>M. Antczak</b> , T. Zok, J.I. Sulkowska, <b>M. Szachniuk</b>	Knotted artifacts in predicted 3D RNA, 2024, 20, e1011959	4,30	140	Q1
102	PLOS COMPUTATIONAL BIOLOGY	M. Mackowiak, B. Adamczyk, <b>M. Szachniuk</b> , T. Zok	RNAango: Analysing and comparing RNA 3D structures via torsional angles, 2024, 20, e1012500	4,30	140	Q1

103	POLSKI PRZEGLAD CHIRURGICZNY/ POLISH JOURNAL OF SURGERY	M. Borejsza-Wysocki, J. Hermann, G. Wallner, P. Richter, K. Torres, T. Skoczylas, J. Kenig, <b>P. Pawałowski</b> , W. Jozefowicz, A. Bobkiewicz, T. Banasiewicz	The usefulness and effectiveness of interactive telemedicine in surgery classes – a survey of Polish medical students, 2024, 96, 50-57	0,8	100	Q4
104	PROCEEDINGS OF THE NATIONAL ACADEMY OF SCIENCES OF THE UNITED STATES OF AMERICA	M. Stachowiak, J. Nowacka-Woszuk, A. Szabelska-Beresevicz, J. Zyprych- -Walczak, <b>P. Krzeminska</b> , O. Sosinski, T. Nowak, M. Switonski	A massive alteration of gene expression in undescended testicles of dogs and the association of <i>KAT6A</i> variants with cryptorchidism, 2024, 121, e2312724121	10,80	200	Q1
105	REPORTS OF PRACTICAL ONCOLOGY AND RADIOTHERAPY	T. Kolenda, <b>M. Smielowska</b> , J. Lipowicz, J. Ostapowicz, P. Paczesna, M.A. Rosochowicz, P. Poter, J. Kozłowska-Maslon, K. Guglas, K. Dudek, N. Grzejda, K. Regulska	The RNA world: from experimental laboratory to “in silico” approach. Part 1: User friendly RNA expression databases portals, 2024, 29, 245-257	1,40	100	Q3
106	SCIENTIFIC REPORTS	I. Bak-Sypien, T. Pawlak, A. Wroblewska, R. Dolot, <b>A. Pawłowicz</b> , M. Szczesio, E. Wielgus, S. Kazmierski, M. Gorecki, R. Pawłowska, A. Chworos, M.J. Potrzebowski	Influence of heterochirality on the structure, dynamics, biological properties of cyclic(PFPF) tetrapeptides obtained by solvent-free ball mill mechanosynthesis, 2024, 14, 12825	4,30	140	Q1
107	SCIENTIFIC REPORTS	<b>M. Sikora</b> , E. Bretes, J. Perla- -Kajan, O. Utyro, K. Borowczyk, J. Piechocka, R. Glowacki, I. Wojtasz, R. Kazmierski, H. Jakubowski	Homocysteine thiolactone and other sulfur-containing amino acid metabolites are associated with fibrin clot properties and the risk of ischemic stroke, 2024, 14, 11222	4,30	140	Q1

108	SCIENTIFIC REPORTS	<b>B. Mirska, M. Zenczak, K. Nowis, I. Stolarek, J. Podkowinski, M. Rakoczy, M. Marcinkowska-Swojak, N. Koralewska, P. Zmora, E. Lenartowicz Onyeka, M. Osuch, K. Lasinska, J. Kuczma-Napierala, M. Jaworska, L. Madej, M. Ciechomska, A. Jamsheer, K. Kurowski, M. Figlerowicz, L. Handschuh</b>	The landscape of the COVID-19 pandemic in Poland emerging from epidemiological and genomic data, 2024, 14, 14416	4,30	140	Q1
109	SCIENTIFIC REPORTS	M. Wiesner, <b>J. Barciszewski, A. Belter</b> , A. Sierakowski, A. Drzazga, <b>M.K. Chmielewski</b>	Low bias charge transport in DNA, 2024, 14, 22405	4,30	140	Q1
110	SCIENTIFIC REPORTS	S. Baranykova, R.K. Gupta, <b>A. Kajdasz</b> , I. Wasilewska, M. Macias, A. Szybinska, T. Wegierski, K.A. Nahia, S.S. Mondal, C. Winata, J. Kuznicki, L. Majewski	Loss of Stim2 in zebrafish induces glaucoma-like phenotype, 2024, 14, 24442	4,30	140	Q1
111	SCIENCE TRANSLATIONAL MEDICINE	L.C. Bartelt, <b>P.M. Switonski, G. Adamek</b> , F. Longo, J. Carvalho, L.A. Duvick, A.I. Jarrah, H.S. Mcloughlin, D.R. Scoles, S.M. Pulst, H.T. Orr, C. Hull, C.B. Lowe, A.R. La Spada	Dysregulation of zebrin-II cell subtypes in the cerebellum is a shared feature across polyglutamine ataxia mouse models and patients, 2024, 16, 5449	16,9	200	Q1
112	SEXUAL DEVELOPMENT	<b>P. Krzeminska</b>	Exploring Testicular Descent: Recent Findings and Future Prospects in Canine Cryptorchidism, 2024, Nov 6:1-13	1,90	100	Q2
113	SYLWAN	R. Kamieniarz, M. Szymanski, M.K. Dyderski, G. Gorecki, B.M. Jaskowski, M. Skorupski, J. Skubis, <b>M. Wozna-Wysocka</b> , D. Zalewski	Less and less roe deer in the forest – population and habitat reasons / Coraz mniej saren w lesie – przyczyny populacyjne i środowiskowe, 2024, 168, 408-422	0,50	70	Q4



114	VACCINES	<b>D. Lorent, R. Nowak, M. Figlerowicz, L. Handschuh, P. Zmora</b>	Anti-SARS-CoV-2 Antibodies Level and COVID-19 Vaccine Boosters among Healthcare Workers with the Highest SARS-CoV-2 Infection Risk-Follow Up Study, 2024, 12, 475	4,90	140	Q1
115	VIROLOGY	<b>R. Nowak, M. Gazecka, M. Hoffmann, R. Kierzek, S. Pohlmann, P. Zmora</b>	TMPRSS2-specific antisense oligonucleotides inhibit host cell entry of emerging viruses, 2024, 600, 110218	2,70	100	Q3

### 1.B. Recenzowane artykuły w czasopismach z listy MNiSW nieindeksowane w Journal Citation Reports

L.p.	Nazwa czasopisma	Autor/Autorzy	Tytuł, rok, tom, strony/nr artykułu	Punkty MNiSW
1	BIOTECHNOLOGIA	<b>K. Marciniak, A. Tyczewska, K. Grzywacz</b>	Genetics of antibiotic resistance in methicillin-resistant Staphylococcus aureus (MRSA), 2024, 105, 169-177	70
2	POSTĘPY BIOCHEMII	<b>L. Handschuh, M. Figlerowicz, A. Konrad, E. Koscińska</b>	Historia Instytutu Chemii Bioorganicznej Polskiej Akademii Nauk w Poznaniu, 2024, 70, 122-127	70
3	POSTĘPY BIOCHEMII	<b>M. Nolka-Szaszner, A. Strugała, L. Marczak</b>	Metody spektrometrii mas oparte o dane (DDA) oraz metody niezależne od danych (DIA) wykorzystywane w analizie materiału biologicznego / Data-driven mass spectrometry methods (DDA) and data-independent methods (DIA) used in the analysis of biological material, 2024, 70, 212-222	70
4	POSTĘPY BIOCHEMII	<b>M. Marcinkowska-Swojak, M. Rakoczy, J. Podkowinski, J. Handschuh, P. Wojciechowski, L. Handschuh</b>	Od Sangera do sekwencjonowania genomów – przegląd technologii sekwencjonowania DNA / From Sanger to genome sequencing – an overview of DNA sequencing technologies, 2024, 70, 173-189	70
5	POSTĘPY BIOCHEMII	<b>W. Witek, W. Ragin, H.L. Tran, E. Polomska, M. Podlewski, A. Pawłowicz, A. Cioch-Binas, A. Wos, W. Andralojc, M. Szachniuk, M. Ruskowski</b>	Postępy biologii strukturalnej – jak zobaczyć cząsteczki życia? / Advancements in Structural Biology – How to See Molecules of Life?, 2024, 70, 128-138	70

6	POSTĘPY BIOCHEMII	<b>N. Karczewska, M. Pyc, K. Zukowski, J. Kosman, D. Kwiatek, J.L. Kolanowski</b>	Rola i wykorzystanie badań wysokoprzepustowych w poszukiwaniu związków chemicznych o działaniu terapeutycznym / The role and application of high-throughput screening in the search for chemical compounds of therapeutic activity, 2024, 70, 230-245	70
7	POSTĘPY BIOCHEMII	<b>A. Samelak-Czajka, M. Marszałek-Zenczak, P. Jackowiak</b>	Sekwencjonowanie transkryptomu pojedynczych komórek: droga do odkrywania bioróżnorodności komórkowej / Sequencing the transcriptome of single cells: a path to discovering cellular biodiversity, 2024, 70, 190-203	70
8	POSTĘPY BIOCHEMII	<b>D. Fochtman, A. Wojakowska, L. Marczak</b>	Spektrometria mas z mobilnością jonów w badaniach multi-omicznych / Ion Mobility Mass Spectrometry in Multi-omics Studies, 2024, 70, 204-211	70
9	POSTĘPY BIOCHEMII	<b>A. Wychowaniec, F. Canyelles i Font, M.A. Khan, M. Gładysz, D. Kwiatek, J.L. Kolanowski</b>	Wieloanalitowe, małowzrostkowe sondy luminescencyjne do simultaneousnego wykrywania kilku celów molekularnych w modelach komórkowych / Multi-analyte, small-molecule luminescent probes for simultaneous detection of several molecular targets in cellular models, 2024, 70, 150-172	70
10	POSTĘPY BIOCHEMII	<b>K. Wojciechowski, K. Kurowski, C. Mazurek</b>	Symulacje chemicznych układów kwantowych z wykorzystaniem komputerów kwantowych – przegląd algorytmów i ich eksperymentalna weryfikacja, 2024, 70, 257-265	70
11	POSTĘPY BIOCHEMII	M. Pawlak, J. Walecka, <b>A. Tyczewska, K. Grzywacz</b>	Biologiczne wspomaganie leczenia ortopedycznego / Biological strategies supporting the orthopaedic treatment, 2024, 69, 310-318	70
12	POSTĘPY BIOCHEMII	<b>A. Rufli</b>	Czy można obejść prawa fizyki? O metodach super-rozdzielczej mikroskopii fluorescencyjnej / Can the laws of physics be circumvented? On methods of super-resolution fluorescence microscopy, 2024, 70, 139-149	70
13	POSTĘPY BIOCHEMII	<b>J. Sliwiak, A. Urbanowicz</b>	Mikrokalorymetria jako narzędzie w badaniach kinetyki enzymatycznej / Microcalorimetry as a tool in enzymatic kinetics research, 2024, 70, 223-229	70
14	POSTĘPY BIOCHEMII	<b>P. Michałowski, A. Bigos, D. Jakubczyk</b>	Postępy w rozwoju narzędzi biologii syntetycznej do bioprodukcji analogów produktów naturalnych / Advances in the development of synthetic biology tools for the bioproduction of natural product analogues, 2024, 70, 246-256	70

15	POSTĘPY BIOCHEMII	<b>K. Wojciechowski,</b> <b>K. Kurowski, C. Mazurek</b>	Symulacje chemicznych układów kwantowych z wykorzystaniem komputerów kwantowych – przegląd algorytmów i ich eksperymentalna weryfikacja / Chemical simulations of quantum systems using quantum computers – review of algorithms and their experimental verification, 2024, 70, 257-265	70
16	POSTĘPY BIOCHEMII	J. Rzeszowska-Wolny, <b>J. Barciszewski</b>	Wonderful World of Nucleic Acids, 2024, 70, 1-3	70
17	SECURITY AND DEFENCE QUARTERLY	<b>M.G. Twardawa,</b> M. Smolik, F. Rakowski, J. Kwiatkowski, <b>N. Meyer</b>	Estimating the vulnerability of industrial network infrastructure in Central and Eastern Europe, 2024, 47, 53-73	70

#### 1.C. Nierecenzowane artykuły konferencyjne w wydaniach specjalnych czasopism naukowych

L.p.	Nazwa czasopisma	Autor/Autorzy	Tytuł, rok, tom, strony/nr artykułu	5-letni IF	Punkty MNiSW
1	FEBS OPEN BIO	<b>K. Wozniak, A. Ruszkowska,</b> <b>E. Kierzek,</b> J. Nowak, <b>M. Antczak,</b> <b>J. Sarzynska, M. Popenda,</b> <b>M. Szachniuk,</b> S. Glatt, <b>M. Ruszkowski, K. Brzezinski</b>	Cryo-EM structure of the SAH-riboswitch involved in the virulence and survival of <i>Pseudomonas aeruginosa</i> , 2024, 14, 8-9, S2, ShT-01.1-1	2,6	70
2	FEBS OPEN BIO	<b>M. Piwecka</b>	Regulatory RNAs in the brain and neuroendocrine system, 2024, 14, 32-32, S2, S-01.5-2	2,6	70
3	FEBS OPEN BIO	<b>M. Gilski,</b> J. Loch, <b>B. Imiolczyk,</b> I. Pierog, <b>J. Barciszewski,</b> F. Marsolais, <b>M. Jaskolski</b>	Double-helical crystal packing of potassiumindependent L-asparaginase from <i>Phaseolus vulgaris</i> , 2024, 14, 95-95, P-01-005	2,6	70
4	FEBS OPEN BIO	<b>I. Szczesniak, M. Soszynska-</b> <b>-Jozwiak, E. Kierzek</b>	Structural architecture of human long noncoding RNA as a novel target for antiinfluenza drug development, 2024, 128-128, P-04-014	2,6	70

5	FEBS OPEN BIO	<b>K. Pokrywka, M. Grzechowiak, J. Sliwiak, P. Worsztynowicz, J. Loch, M. Gilski, M. Jaskolski</b>	Towards deciphering the catalytic mechanism of Rhizobium etli inducible L-asparaginase ReAV, 2024, 14, 218-218, S2, P-20-002	2,6	70
6	FEBS OPEN BIO	<b>P. Worsztynowicz, J. Sliwiak, J.I. Loch, M. Grzechowiak, K. Pokrywka, M. Jaskolski</b>	Zinc as a booster of Rhizobium asparaginases activity, 2024, 14, 2021-221, S2, P-20-010	2,6	70
7	FEBS OPEN BIO	<b>M. Jaskolski, M. Janicki, J. Loch, A. Wlodawer</b>	Variations on the theme of L-asparagine hydrolysis, 2024, 14, 235-235, S2, P-21-003	2,6	70
8	FEBS OPEN BIO	<b>P.Z. Borysiuk, P.H. Malecki</b>	Structure-based design of KDM4 protein inhibitors for a cancer therapy, 2024, 14, 267-267, S2, P-26-037	2,6	70
9	FEBS OPEN BIO	<b>W. Ragin, D. Czerwonka, M. Ruszkowski</b>	$\delta$ 1-Pyrroline-5-carboxylate reductase (PYCR1), a new target for anticancer therapeutics, 2024, 14, 267-268, S2, P-26-038	2,6	70
10	FEBS OPEN BIO	<b>M. Dekaliuk</b>	Ultra-sensitive multiplexed detection of protein cancer biomarkers with signal amplification strategy, 2024, 14, 413-413, S2, P-33-013	2,6	70
11	FEBS OPEN BIO	<b>M. Nalewaj, M. Szabat, R. Kierzek, E. Kierzek</b>	G-quadruplex structures from the influenza A virus genome and their potential function during viral replication cycle, 2024, 14, 427-427, S2, P-35-009	2,6	70
12	FEBS OPEN BIO	<b>R. Nowak, M. Hoffmann, S. Pohlmann, A. Pawelczyk, A. Jedlinska, L. Zaprutko, P. Zmora</b>	Novel inhibitors of emerging coronaviruses entry, 2024, 14, 427-427, S2, P-35-010	2,6	70
13	FEBS OPEN BIO	<b>A. Baliga-Gil, M. Soszynska-Jozwiak, A. Ruszkowska, I. Szczesniak, R. Kierzek, E. Kierzek</b>	Secondary structure of subgenomic RNA N as target for inhibition of SARS-CoV-2 replication, 2024, 14, 465-465, S2, P-35-115	2,6	70
14	FEBS OPEN BIO	<b>M. Bejger, P.H. Malecki, W. Rypniewski</b>	Playing lego with a chitinase structure, 2024, 14, 226, S2, P-20-028	2,6	70

15	FEBS OPEN BIO	<b>K. Pokrywka, M. Grzechowiak, J. Sliwiak, P. Worsztynowicz, J. Loch, M. Gilski, M. Jaskolski</b>	Towards deciphering the catalytic mechanism of Rhizobiummetli inducible L-asparaginase ReAV, 2024, 14, 218-218, S2, P-20-002	2,6	70
16	JOURNAL OF NEUROLOGY, NEUROSURGERY & PSYCHIATRY	<b>E. Kozłowska, A. Ciolak, G. Adamek, J. Szczesniak, A. Fiszer</b>	Huntingtin loss-of-function contributes to transcriptional deregulation in Huntington's disease, 2024, 95 (S1), A4		140
17	JOURNAL OF NEUROLOGY, NEUROSURGERY & PSYCHIATRY	<b>M. Wozna-Wysocka, M. Jazurek-Ciesiolka, L. Przybyl, D. Wronka, J.O. Misiorek, J. Suszynska-Zajczyk, G. Figura, A. Ciesiolka, P. Sobieszczanska, A. Zeller, M. Niemira, P.M. Switonski, A. Fiszer</b>	Mutant RNA contributes to neuropathology in new mouse models of Huntington's disease, 2024, 95 (S1) A24		140
18	NEURO-ONCOLOGY	<b>A. Barciszewska, A. Belter, J.F. Barciszewski, I. Gawronska, M. Giel-Pietraszuk, M.Z Naskret-Barciszewska</b>	Metformin Repurposing for Glioblastoma Treatment, 2024, 26, S5, P26.09.A		140

#### 1.D. Recenzowane artykuły w innych czasopismach naukowych

L.p.	Nazwa czasopisma	Autor/Autorzy	Tytuł, rok, tom, strony/nr artykułu	Punkty MNiSW
1	EFB BIOECONOMY JOURNAL	<b>T. Twardowski</b>	Editorial, 2024, 4, 100066	-
2	MOLECULAR THERAPY NUCLEIC ACIDS	<b>A. Fiszer, E. Kozłowska, M. Jazurek-Ciesiolka</b>	From design to cellular processing: Insights into sequencing of vectorized therapeutic small RNAs, 2024, 35, 102277	140

### 1.E. Recenzowane artykuły konferencyjne z listy MNiSW

L.p.	Nazwa czasopisma	Autor/Autorzy	Tytuł, rok, tom, strony/nr artykułu	Punkty MNiSW
1	ARTIFICIAL INTELLIGENCE APPLICATIONS AND INNOVATIONS. AIAI 2024 IFIP WG 12.5 INTERNATIONAL WORKSHOPS: MHDW 2024, 5G-PINE 2024, AND AI4GD 2024, CORFU, GREECE, JUNE 27-30, 2024, PROCEEDINGS	J.A. Aroca, M.J.L. Osa, U.I. Barturen, V. Siopidis, K. Votis, A. Nikolakopoulos, E. Chondrogiannis, <b>M. Plociennik</b> , J. Himanen, A. Marinakis, K. Nestorakis	Boosting Data Monetisation with DATAMITE, vol 715. Springer, Cham, 2024 33-46	20
2	ARTIFICIAL INTELLIGENCE APPLICATIONS AND INNOVATIONS. AIAI 2024 IFIP WG 12.5 INTERNATIONAL WORKSHOPS: MHDW 2024, 5G-PINE 2024, AND AI4GD 2024, CORFU, GREECE, JUNE 27-30, 2024, PROCEEDINGS	C.A. Gizelis, M. Panagiotidou, S. Petrova, D. Fuchs, M. Hofer, <b>M. Plociennik</b> , <b>A. Rausch</b> , S.C. Elvira, L.B. Blanco, G.G. Castane, V. Laehteenoja, U. Bub, P. Petrova, M. Bogdanova, E. Cauche	Data Monetization Opportunities and Challenges: The European Landscape by DATAMITE, 2024, 715, 62-79	20
3	GOOD PRACTICES AND NEW PERSPECTIVES IN INFORMATION SYSTEMS AND TECHNOLOGIES. WORLDCIST 2024. LECTURE NOTES IN NETWORKS AND SYSTEMS	<b>M. Wolski</b> , <b>J. Todek</b> , <b>M. Labedzki</b> , <b>R. Walter</b>	Open Software Catalogue – Supporting the Management of Research Software, 2024, 989. Springer, Cham., 165-171	20
4	HARNESSING OPPORTUNITIES: RESHAPING ISD IN THE POST-COVID-19 AND GENERATIVE AI ERA (ISD2024 PROCEEDINGS)	<b>M. Krystek</b> , <b>M. Basinski</b> , M. Morzy, <b>C. Mazurek</b>	Managing Data Platforms for Smart Cities Using Large Language Models, 32nd International Conference on Information Systems Development (ISD2024 Gdańsk, Poland)	140
5	IGARSS 2024-2024 IEEE INTERNATIONAL GEOSCIENCE AND REMOTE SENSING SYMPOSIUM	J. Maso, A. Brobia, M. Zamzov, I. Serall, T. Hodson, <b>R. Palma</b> , F. Noardo, L. Bastin, V. Lush	Digital Twin Ready Data Available in the Green Deal Data Space, 2024, 3589-3591	20

6	LECTURE NOTES IN COMPUTER SCIENCE (INCLUDING SUBSERIES LECTURE NOTES IN ARTIFICIAL INTELLIGENCE AND LECTURE NOTES IN BIOINFORMATICS)	<b>T. Pecyna, K. Kurowski</b> , R. Rozycki, G. Waligora, J. Weglarz	Quantum Variational Algorithms for the Aircraft Deconfliction Problem, 2024, 14837 LNCS, 307-320	140
7	PROCEEDINGS OF THE ANNUAL HAWAII INTERNATIONAL CONFERENCE ON SYSTEM SCIENCES, 57TH ANNUAL HAWAII INTERNATIONAL CONFERENCE ON SYSTEM SCIENCES, HICSS	<b>M. Buchwald, S. Kupinski, J. Nowak, M. Biadala</b> , M. Behnke	PosEmo – An automated system for measuring user interest and attitude in real time, 2024, 7710-7719	140
8	PROCEEDINGS OF THE ANNUAL HAWAII INTERNATIONAL CONFERENCE ON SYSTEM SCIENCES, 57TH ANNUAL HAWAII INTERNATIONAL CONFERENCE ON SYSTEM SCIENCES, HICSS	S. Gesing, P. Salhofer, <b>C. Mazurek</b> , C. Catlett	Introduction to the Minitrack on Smart Application Development and Data Streaming: IoT, I4.0, Smart Cities and More, 2024, 7663-7664	140

## 2.A. Rozdziały w monografiach lub podręcznikach akademickich

L.p.	Wydawca monografii	Autor/Autorzy	Tytuł rozdziału, tytuł monografii	Rok, tom, strony
1	IEEE	M. Wenning, J. Berl, T. Fehenberger, C. Mullan, H. Griefser, <b>P. Rydlichowski</b> , L. Schmalen, C. Mas-Machuca	Quantum Key Management System with Dynamic Routing for Meshed QKD Networks [w:] Optical Fiber Communication Conference in Proceedings Optical Fiber Communication Conference, OFC 2024	2024
2	IEEE	<b>M. Plociennik, R. Palma, A. Rausch</b> , J.A. Aroca, M. Zacharczuk, M.J. Lopez Osa, U.I. Barturen, V. Siopidis, K. Votis, A. Nikolakopoulos, E. Chondrogiannis, E. Karanastasis, J. Himanen, A. Marinakis, K. Nestorakis, R. Grzesiak	Architecture of the Framework Supporting Data Monetisation – Building Blocks to Foster Data Sharing in Agriculture Domain [w:] 2024 IEEE International Conference on Omni-Layer Intelligent Systems, COINS 2024	2024, 182-187

3	IEEE	A. Filgueras, G. Agosta, M. Aldinucci, C. Alvarez, P. D'Ambra, M. Bernaschi, A. Biagioni, D. Cattaneo, A. Celestini, M. Celino, C. Chiarini, F. Lo Cicero, P. Cretaro, W. Fornaciari, O. Frezza, A. Galimberti, F. Giacomini, J.M. de Haro Ruiz, F. Iannone, D. Jaschke, D. Jimenez-Gonzalez, <b>M. Kulczewski</b> , A. Leva, A. Lonardo, M. Martinelli, X. Martorell, S. Montangero, L. Morais, <b>A. Oleksiak</b> , P. Palazzari, L. Pontisso, F. Reghenzani, C. Rossi, S. Saponarat, C.S. Lodi, F. Simula, F. Terraneo, P. Vicini, M. Vidal, D. Zoni, G. Zummo	The TEXTAROSSA Project: Cool all the Way Down to the Hardware [w:] Proceedings - 2024 27th Euromicro Conference on Digital System Design, DSD 2024	2024, 526-533
4	IEEE	P. Krehlik, L. Sliwczynski, <b>K. Turza</b>	Improved Optical Clocks Comparison via Standard DWDM Optical Networks [w:] EFTF 2024 – 37th Edition of the European Frequency and Time Forum	2024, 54-55
5	IEEE	L. Sliwczynski, P. Krehlik, Lukasz Buczek, H. Schnatz, J. Kronjaeger, <b>K. Turza</b> , <b>A. Binczewski</b>	Experimental Investigation of Interoperability in Optical Frequency Transfer [w:] EFTF 2024 – 37th Edition of the European Frequency and Time Forum	2024, 51-53
6	INTERNATIONAL SOCIETY FOR PHOTOGRAMMETRY AND REMOTE SENSING	L.M. de Sousa, <b>R. Palma</b> , B. Janiak, P. van Genuchten	The template for a Semantic SensorThings API with the GloSIS use case [w:] International Archives of the Photogrammetry, Remote Sensing and Spatial Information Sciences – ISPRS Archives	2024, 48, 4/W12-2024, 29-34
7	ROUTLEDGE	<b>M. Plociennik</b> , <b>R. Palma</b>	The characteristics, architecture and stakeholders of the IoT ecosystem [w:] Internet of Things in the Food Industry Challenges and Opportunities for the Internet of Food Things	2024, chapter 1.1-13
8	ROUTLEDGE	<b>M. Plociennik</b> , <b>R. Palma</b>	The Opportunities and Threats for IoF Development [w:] Internet of Things in the Food Industry Challenges and Opportunities for the Internet of Food Things	2024, chapter 4.1-10



9	SPIE	J. Vojtech, G. Roberts, T. Novak, M. Spacek, E. Andriantsarazo, V. Smotlacha, O. Havlis, T. Horvath, R. Vohnout, M. Slapak, J. Roztocil, S. Naegele-Jackson, D. Vicinanza, H. Schnatz, J. Kronjaeger, J.O. Gaudron, <b>K. Turza</b>	GÉANT plans towards fibre infrastructure for the distribution of time and frequency throughout Europe [w:] Proceedings of SPIE – The International Society for Optical Engineering	2024, 13144, 131440N
10	SPRINGER	A. Ricroch, D. Ericsson, D, Miladinovic, J. Sweet, K. van Laere, <b>E. Wozniak-Gientka</b>	Prospects for plant genome editing [w:] A ROADMAP FOR PLANT GENOME EDITING (red. A. Ricroch, D. Ericsson, D, Miladinovic, J. Sweet, K. van Laere, E. Wozniak-Gientka)	2024, 557-561
11	WYDAWNICTWO NAUKA I INNOWACJE	<b>L. Handschuh, M. Marcinkowska-Swojak, I. Stolarek</b> , H. Kocka-Krenz, A. Michalowski, <b>M. Figlerowicz</b>	W poszukiwaniu prawdy o wędrówkach Gotów [w:] KULTURA WIELBARSKA. Procesy przemian i kontakty zewnętrzne (red. A. Michalowski, M. Piotrowska, M. Oledzki)	2024, II, 368-387
12	WYDAWNICTWO NAUKOWE UAM POZNAŃ	Z. Dauter, <b>M. Jaskolski</b>	Zastosowanie promieniowania synchrotronowego w krystalografii białek [w:] Promieniowanie synchrotronowe w fizyce i chemii ciała stałego: wybrane zagadnienia (red. B.J. Kowalski, W. Paszkowicz, E.A. Gorlich)	2024, 533-572

## 2.B. Redakcja monografii lub podręcznika akademickiego

Lp.	Wydawca monografii/podręcznika	Redaktorzy	Tytuł, rok, tom/strony
1	SPRINGER	A. Ricroch, D. Ericsson, D, Miladinovic, J. Sweet, K. van Laere, <b>E. Wozniak-Gientka</b>	A roadmap for plant genome editing, 2024, 1-561
2	SPRINGER	<b>N. Meyer</b> , A. Grocholewska-Czurylo	ICT Systems Security and Privacy Protection [w:] IFIP Advances in Information and Communication Technology; IFIPAICT, 2024, 679, 1-378

### 3. Artykuły popularnonaukowe:

1. J. Perla-Kajan, K. Lowczynowska, A. Szychulska, J. Pas  
25 lat pasji: Historia Koła Naukowego Studentów Biotechnologii „Operon” („Wspomnienia byłych członków Koła”: **P. Zmora**, F. Porzucek, N. Ryczek, M. Drobna-Sledzinska, **M. Drzewiecki**, M. Durbacz, A. Stanko, K. Buszka)  
*POSTĘPY BIOCHEMII* 2024, 70, 530-533
2. **W. Rypniewski**  
Superbiałka jak „superbakterie”?  
*FORUM AKADEMICKIE* 2024, 7-8, 40-43
3. **L. Handschuh, I. Stolarek, M. Zenczak, M. Marcinkowska-Swojak, M. Figlerowicz**  
Pokolenie 966 oczami archeogenetyki [w:] A. Stempin „Przekrój Poznania. Katalog wystawy stałej Rezerwatu Archeologicznego Genius loci” Wyd. Muzeum Archeologiczne w Poznaniu, Poznań 2024, ISBN: 978-83-60109-87-8, str. 66-74
4. **M. Figlerowicz**  
Czy chaos musi być cechą charakterystyczną każdej reformy systemu nauki w Polsce?  
*NAUKA* 2024, 3, 7-24
5. **M. Marcinkowska-Swojak, I. Stolarek, L. Handschuh, M. Figlerowicz**  
Społeczeństwo państwa Piastów – historia zapisana w DNA  
*W SIECI HISTORII* 2024, 1-2, 28
6. **M. Glowiak, P. Ostapowicz**, F. Rakowski, M. Smolik, **M. Strozyk**  
Advancing Industrial Cybersecurity: Introducing New Cybersecurity Functionalities to ICS Monitoring Tools, based on SMUAP R&D Project. 43rd IBIMA International Conference, Madrid 2024, Conference abstract.

## 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 PAN  
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 Błażewicz <i>członek rzeczywisty PAN</i>	Dr hab. Magdalena Łuczak, prof. ICHB
Dr hab. Mariola Dutkiewicz, prof. ICHB	Dr Julia Misiorek <i>przedstawiciel adiunktów</i>
Prof. dr hab. Maciej Figiel, prof. ICHB	Prof. dr hab. Marta Olejniczak
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. 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

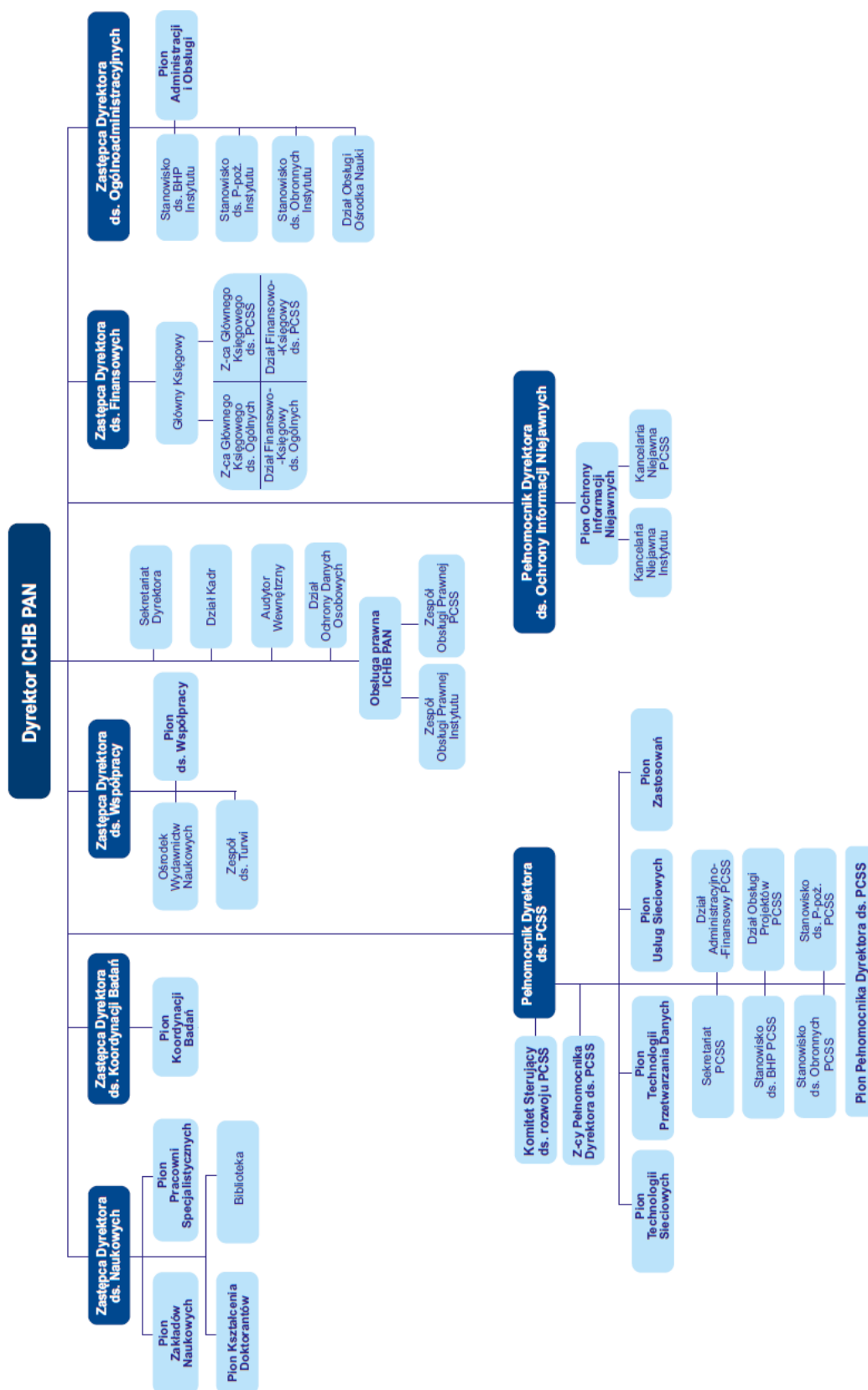
Prof. dr hab. Adam Szewczyk  
Instytut Biologii Doświadczalnej  
im. M. Nenckiego PAN, Warszawa

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 (2024)



### Załącznik 3. Struktura organizacyjna zakładów naukowych ICHB PAN (2024)

Nazwa zakładu	Kierownik	Typ Zakładu
Zakład Bioinformatyki Strukturalnej	prof. dr hab. Marta Szachniuk	ZW
Zakład Bioinżynierii Kwasów Nukleinowych	prof. dr hab. Anna Pasternak	ZW
Zakład Biologii Molekularnej i Systemowej	prof. dr hab. Marek Figlerowicz	ZW
Zakład Chemii Komponentów Kwasów Nukleinowych	prof. dr hab. Michał Sobkowski	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 Inżynierii Genomowej	prof. dr hab. Marta Olejniczak	ZW
Zakład Metabolomiki Funkcjonalnej Roślin	prof. dr hab. Paweł Bednarek	ZW
Zakład Biochemii Rybonukleoprotein	dr hab. Anna Kurzyńska-Kokorniak, prof. ICHB PAN	ZZ
Zakład Biologii Strukturalnej Eukariontów	dr hab. Miłosz Ruszkowski, prof. ICHB PAN	ZZ
Zakład Biotechnologii Medycznej	dr hab. Agnieszka Fiszer, prof. ICHB PAN	ZZ
Zakład Chemii Biopolimerów	dr hab. Marcin K. Chmielewski, prof. ICHB PAN	ZZ
Zakład Neuroonkologii Molekularnej	dr hab. Katarzyna Rolle, prof. ICHB PAN	ZZ
Zakład Proteomiki Biomedycznej	dr hab. Magdalena Łuczak, prof. ICHB PAN	ZZ
Zakład Struktury i Funkcji RNA	dr hab. Katarzyna Pachulska-Wieczorek, prof. ICHB PAN	ZZ
Zakład Badań Strukturalnych RNA	dr hab. Agnieszka Kiliszek, prof. ICHB PAN	ZML
Zakład Biologii Komórek Nerwowych	dr Paweł Świtoński	ZML
Zakład Biologii Obliczeniowej Niekodującego RNA	dr hab. Barbara Uszczyńska-Ratajczak, prof. ICHB PAN	ZML
Zakład Biologii Strukturalnej Organizmów Prokariotycznych	dr hab. Krzysztof Brzeziński, prof. ICHB PAN	ZML
Zakład Biomolekularnego NMR	dr Witold Andrałojć	ZML
Zakład Chorób Rzadkich	dr hab. Marzena Wojciechowska, prof. ICHB PAN	ZML
Zakład Genetyki Nowotworów	dr Katarzyna Klonowska	ZML
Zakład Genomiki Roślin	dr hab. Agnieszka Żmieńko, prof. ICHB PAN	ZML
Zakład Niekodujących RNA	dr Monika Piwecka	ZML
Zakład Wirusologii Molekularnej	dr Paweł Zmora	ZML
Zakład Biologii Medycznej	prof. dr hab. Mirosława Naskręt-Barciszewska	ZS
Zakład Chemii i Biologii Strukturalnej Kwasów Nukleinowych	prof. dr hab. Ryszard Kierzek	ZS

ZW – zakłady wiodące; ZZ – zakłady zaawansowane; ZML – zakłady młodych liderów;  
 ZS – zakłady senioralne

## Załącznik 4. Seminaria Instytutu Chemii Bioorganicznej PAN

Prowadzenie: dr Paweł Zmora

Data	Prezentujący	Temat
08.01.2024	dr hab. Barbara Uszczyńska-Ratajczak	Shedding the light on the dark genome in vertebrates
15.01.2024	dr inż. Jolanta Lisowiec-Wąchnicka	Foldback Triplex-Forming Oligonucleotides as novel tools for G-quadruplex unfolding
22.01.2024	mgr inż. Agnieszka Szczepańska	The complex nature of Dicer ribonucleases
29.01.2024	dr hab. Miłosz Ruszkowski	Search for Inhibitors of Human $\delta$ 1-Pyrroline-5-Carboxylate Reductase 1 (PYCR1) as Lead Molecules for the Development of Novel Anticancer Drugs
05.02.2024	dr hab. Krzysztof Brzeziński	Novel molecular targets in antibacterial drug discovery: an intriguing operon controlled by SAH-riboswitch, which encodes enzymes involved in diverse cellular processes in <i>Pseudomonas aeruginosa</i>
26.02.2024	dr Justyna Gołębiewska	Targeting individual G4 DNA structures using G4-ligand conjugated oligonucleotides
11.03.2024	dr Emilia Kozłowska	Loss of huntingtin function: an underappreciated player in Huntington's disease
18.03.2024	mgr Mateusz Nowaczyk	Unraveling multifaceted process of CAG repeat contraction following induction of DNA double-strand break with CRISPR-Cas9
08.04.2024	dr hab. Marzena Wojciechowska	Different views of circular RNA biogenesis in neuromuscular disorders
15.04.2024	dr Julia Misiorek	The fishing expedition – searching for invasion markers of glioblastoma in assembloid model
22.04.2024	mgr inż. Marta Sztachera, dr Weronika Wendlandt-Stanek	Qualitative alterations in RNA-bound proteome in the demyelinated mouse brain
06.05.2024	dr hab. Magdalena Łuczak	Comprehensive proteomics of monocytes indicates oxidative imbalance functionally related to inflammatory response in chronic kidney disease-related atherosclerosis
13.05.2024	dr Julita Gumna	HT-SELEX and its application to development of mRNA bioproduction platform
20.05.2024	mgr Anastasia Satyr, dr hab. Agnieszka Żmieńko	Still challenging: resolving structurally complex regions by assembling long DNA reads – <i>Arabidopsis</i> case study
27.05.2024	mgr Monika Gazecka	Organometallic-erlotinib conjugates as a novel emerging viruses entry inhibitors
03.06.2024	dr Paweł Świtoński	NucAI: A Deep Learning Framework for Analyzing Nuclear Phenotypes in Degenerating Neurons
17.06.2024	dr Dagmara Baraniak	Nucleoside dimers analogues with a short 1,2,3-triazole linkage: conjugation of 2'-deoxyuridine, floxuridine and thymidine provides novel tools for cancer treatment

24.06.2024	dr Katarzyna Klonowska	Ultrasensitive profiling of mutations driving tumorigenesis in hereditary syndromes associated with tumor suppressor genes inactivation
07.10.2024	dr Lucyna Budzko	Cytosine deamination: an expanding repertoire of AID/APOBEC substrates
21.10.2024	dr hab. Michał Sobkowski	Antiglioma activity of negatively charged pronucleotides
28.10.2024	dr Alessandra Diomaiuti	From Gene Editing to Plant Immunity: CRISPR/Cas9 Approach to Understand the role of Glucosinolates in Plant Defense
04.11.2024	dr Malwina Suszyńska	Cancer miRNA Census: a first list of ranked miRNA(gene)s implicated in cancer
18.11.2024	mgr Agnieszka Baliga-Gil, mgr Maria Nalewaj	Novel viral replication inhibitors towards vRNA secondary structure
25.11.2024	mgr Marianna Pewińska- -Kołodziejczak	Developing of new amiRNAs for safer gene therapy for Huntington's disease
02.12.2024	prof. dr hab. Marta Szachniuk	Topological challenges in RNA structure prediction: detection and removal of misfolds
09.12.2024	Krishnapriya Anirudhan	ABCG Transporters and phenylpropanoid distribution in <i>Medicago truncatula</i> root

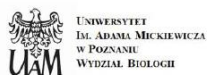


## Załącznik 5. Program RNA Salon Poznań

---

Organizacja: dr hab. Zbigniew Warkocki, prof. ICHB

Data	Prezentujący	Temat
19.01.2024	Dr Gaia di Timoteo	Role of m6A: From circRNA Metabolism in Cancer to Pathological Aggregation in ALS
10.05.2024	Prof. Frank J. Hernandez	Engineering of Oligonucleotides for Developing Diagnostic and Therapeutic Strategies
27.05.2024	Prof. Stefania Bortoluzzi	Role of circRNAs in high-risk pediatric leukemias: from software tool development to functional studies
28.06.2024	Dr Michał Malewicz	The DNA damage response in health and disease
12.09.2024	Prof. John Pezacki	From small molecules to engineered enzymes: probing virus-host interactions for antiviral pathways



RNA Salon Poznań

## Załącznik 6. Program Dzień Chorób Rzadkich



28 LUTEGO 2024

DZIEŃ CHOROÓB RZADKICH

KONFERENCJA NAUKOWA

WCZESNA DIAGNOZA




RARE DISEASE DAY®

LEKARZ- PACJENT- NAUKOWIEC

WSPÓŁPRACA W CHOROBAH RZADKICH



 [konferencjachorobyrazadkie-poznan.pl](https://konferencjachorobyrazadkie-poznan.pl)

 [kontakt@konferencjachorobyrazadkie-poznan.pl](mailto:kontakt@konferencjachorobyrazadkie-poznan.pl)



Projekt dofinansowany ze środków budżetu państwa, przyznanych przez Ministra Edukacji i Nauki w ramach Programu „Doskonała Nauka II”

## PROGRAM 28.02.2024

LEKARZ- PACJENT- NAUKOWIEC WSPÓŁPRACA W CHOROBYCH RZADKICH

[konferencjachorbyrzedkie-poznan.pl](mailto:kontakt@konferencjachorbyrzedkie-poznan.pl)

[kontakt@konferencjachorbyrzedkie-poznan.pl](mailto:kontakt@konferencjachorbyrzedkie-poznan.pl)

### OTWARCIE KONFERENCJI (9:00-9:15)

dr hab. Luiza Handschuh - ICHB PAN  
mgr Paulina Stochnialek - UMWW  
dr inż. Cezary Mazurek - PCSS

#### PANEL I - LEKARZ

Prowadząca: dr Katarzyna Klonowska

- 09:15 - 09:35 *Wczesna diagnostyka stwardnienia guzowatego jako wstęp do prewencji padaczki i jej powikłań*  
(prof. dr hab. n. med. Sergiusz Józwiak)
- 09:40 - 10:00 *Rdzeniowy Zanik Mięśni jako przykład modelowego podejścia do choroby rzadkiej*  
(dr Anna Łusakowska)
- 10:05 - 10:25 *Udar typu CADASIL, rzadki zespół neurologiczny o podłożu genetycznym* (mgr Oliwia Szymanowicz)
- 10:30 - 10:50 *Wynik badania genetycznego - jak go czytać?* (prof. dr hab. n. med. Krystian Jażdżewski)
- PRZERWA (10min)

#### PANEL II - PACJENT

Prowadząca: dr Paulina Gałka-Marciniak

- 11:00- 11:20 *Tańcząca z Huntingtonem* (mgr Marianna Ellison-Klimontowicz)
- 11:25 - 11:35 *Spektrum autyzmu, czy zespół PANDAS?* (mgr Paulina Swoboda)
- 11:40 - 12:00 *Choroby rzadkie - krok dalej* (Marcin Basiński)
- 12:05 - 12:15 *Jak sztuczna inteligencja może pomóc w diagnostyce pacjentów z chorobami rzadkimi* (dr n. med. Marek Dudziński)
- 12:20 - 12:30 *Kampania edukacyjna Genetyka Ratuje Życie - emisja materiału video*
- PREZENTACJE SPONSORÓW (12:30-13:15)

#### PANEL III - NAUKOWIEC

Prowadząca: dr hab. Marzena Wojciechowska

- 13:15- 13:25 *Zastosowanie Whole Exome Sequencing (WES) we wczesnym diagnozowaniu chorób rzadkich*  
(Altium International)
- 13:30 - 13:50 *Genetyka chorób rzadkich* (prof. dr hab. Piotr Kozłowski)
- 13:55 - 14:15 *Znaczenie diagnostyki molekularnej na przykładzie rzadkich, genetycznie uwarunkowanych niedokrwistości hemolitycznych* (dr hab. Beata Burzyńska)
- 14:20- 14:40 *Technologia jutra: potencjał badań interdyscyplinarnych dla poprawy jakości życia z chorobą rzadką*  
(mgr inż. Michał Kosiedowski)
- 14:45 - 15:05 *Autyzm w rzadkich chorobach neurologicznych* (dr Łukasz Sznajder)
- PRZERWA (10 min)

#### PANEL DYSKUSYJNY

Prowadząca: dr Anna Żimny-Zajac (Medonet)

- 15:15- 16:00 dr hab. n. med. Krzysztof Szczaluba - Centrum Doskonałości WUM ds. Chorób Rzadkich i Niezdiagnozowanych  
dr n. med. Marek Dudziński - Fundacja Saventic  
Michał Rutkowski - Stowarzyszenie Pięknie Puchnę  
Marcin Maszewski, Marcin Basiński - Fundacja Jesteśmy pod Ścianą  
prof. dr hab. n. med. Marek Niedziela - Klinika Endokrynologii i Reumatologii Dziecięcej

### ZAMKNIĘCIE KONFERENCJI (około 16:00)

Patroni i  
partnerzy:



## Załącznik 7. Program Sekwencjonowanie NGS Trzeciej Generacji PacBio: długie odczyty – większe możliwości

14 czerwca 2024

### Konferencja: Sekwencjonowanie NGS Trzeciej Generacji PacBio: długie odczyty – większe możliwości

Serdecznie zapraszamy do udziału online w hybrydowej konferencji pod tytułem: **Sekwencjonowanie NGS Trzeciej Generacji PacBio: długie odczyty – większe możliwości**, organizowanej przez TKBiotech, jej partnera PAC BIO (USA) oraz Instytut Chemii Bioorganicznej PAN.

Podczas konferencji omówione zostaną nowe trendy w diagnostyce metodą NGS i korzyści wynikające z zastosowania metody długich odczytów.

Konferencja odbędzie się 19 czerwca, a początek planowany jest na godzinę 10:00.

Aby wziąć w niej udział należy zarejestrować się pod linkiem: <https://tkbiotech.clickmeeting.com/sekwencjonowanie-ngs-trzeciej-generacji-pacbio-dlugie-odczyty-wieksze-mozliwosci/register>

Udział w konferencji jest bezpłatny, a za udział w niej otrzymują Państwo 4 punkty edukacyjne.  
Więcej informacji na stronie: <https://tiny.pl/d5z7f>

# PacBio

# TK Biotech



INSTYTUT CHEMII BIOORGANICZNEJ  
Polskiej Akademii Nauk

#### Program konferencji:

**10:00-10:15** Otwarcie i wprowadzenie

**10:15-11:10** Sekwencjonowanie Trzeciej Generacji HiFi PacBio – Prezentacja technologii sekwencjonowania długich odczytów i przykładowe zastosowania  
*Saad Patham, PacBio Sequencing Specialist*

**11:10-11:30** Platforma MOSAIC – wykorzystanie potencjału technologii multiomicznych i sztucznej inteligencji w badaniach biomedycznych  
*Natalia Koralewska, Instytut Chemii Bioorganicznej PAN*

**11:30-12:00** przerwa kawowa

**12:00-12:30** From carrot to celery: Tracing genome size evolution in the plant family Apiaceae  
*Mergi Daba Dinka, Uniwersytet Mikołaja Kopernika*

**12:30-13:00** Full-length transcriptome sequencing in vertebrate species  
*Barbara Uszczyńska-Ratajczak, Instytut Chemii Bioorganicznej PAN*

**13:00-13:30** Jeden gen – wiele transkryptów: analiza danych PacBio na przykładzie genu NPM1 i ostrej białaczki szpikowej  
*Luiza Handschuh Instytut Chemii Bioorganicznej PAN, Paweł Wojciechowski Instytut Chemii Bioorganicznej PAN, Politechnika Poznańska*

**13:30-14:00** Sekwencjonowanie transkryptomów: odkrywanie różnic między technologiami krótkich i długich odczytów  
*Ireneusz Stolarek, Instytut Chemii Bioorganicznej PAN*

**14:00-14:30** Dyskusja i podsumowanie

**11-15 marca 2024** **WSTĘP WOLNY**  
 godz. 16.00-18.00  
 Oddział PAN w Poznaniu  
 Sala Turkusowa (2. piętro)  
 Pałac Działyńskich, Stary Rynek 78/79

**Światowy  
 15. Tydzień  
 MÓZGU  
 w Poznaniu**



Organizatorzy:  
 Polska Akademia Nauk Oddział w Poznaniu  
 Instytut Genetyki Człowieka PAN  
 Instytut Chemii Bioorganicznej PAN

### PROGRAM

#### 11.03 Poniedziałek

Otwarcie i prowadzenie: prof. dr hab. Marek Świński  
 czł. rzec. PAN, prezes Oddziału PAN w Poznaniu

#### 16.00 Choroba Wilsona – czy miedź ma znaczenie dla mózgu?

Prof. dr hab. n. med. Anna Członkowska  
 czł. rzec. PAN  
 Instytut Psychiatrii i Neurologii w Warszawie

#### 17.00 Polska epidemiologia zaburzeń psychicznych

Prof. zw. dr hab. n. med. Andrzej Kiejna  
 Uniwersytet Dolnośląski, DSW we Wrocławiu

#### 12.03 Wtorek

Prowadzenie: prof. dr hab. n. med. Michał Witt  
 czł. koresp. PAU  
 dyrektor Instytutu Genetyki Człowieka PAN w Poznaniu

#### 16.00 Głęboka stymulacja mózgu – zastosowanie terapeutyczne

Prof. dr hab. n. med. Marek Harat  
 Wydział Lekarski Politechniki Bydgoskiej  
 im. J.J. Śniadeckich

#### 17.00 Choroba afektywna sezonowa: depresja zimowa

Prof. dr hab. n. med. Janusz Rybakowski  
 czł. koresp. PAN, Klinika Psychiatrii Dorosłych  
 Uniwersytetu Medycznego im. K. Marcinkowskiego  
 w Poznaniu

#### 13.03 Środa

Prowadzenie: prof. dr hab. Marek Świński  
 czł. rzec. PAN, prezes Oddziału PAN w Poznaniu

#### 16.00 Czy depresja boli?

Prof. dr hab. n. med. Jan Jaracz  
 Klinika Psychiatrii Uniwersytetu Medycznego  
 im. K. Marcinkowskiego w Poznaniu

#### 17.00 Mózg dyktatora

Prof. dr hab. n. med. Janusz Heitzman  
 Instytut Psychiatrii i Neurologii w Warszawie

#### 14.03 Czwartek

Prowadzenie: dr hab. Luiza Handschuh  
 prof. ICHB PAN, dyrektor Instytutu Chemii  
 Bioorganicznej PAN w Poznaniu

#### 16.00 Pamięć i pojemność informacyjna mózgu

Dr hab. Jan Karbowski  
 Instytut Matematyki Stosowanej i Mechaniki  
 Uniwersytetu Warszawskiego

#### 17.00 EBRAINS – cyfrowe narzędzia w badaniach mózgu

Dr inż. Cezary Mazurek  
 Poznańskie Centrum Superkomputerowo-Sieciowe  
 ICHB PAN

#### 15.03 Piątek

Prowadzenie: prof. dr hab. n. med. Janusz Rybakowski  
 czł. koresp. PAN, Uniwersytet Medyczny  
 im. K. Marcinkowskiego w Poznaniu

#### 16.00 Kiedy myśli nie pozwalają się skupić. Mózgowe podłoże błędzenia myślami

Mgr Ewa Wiatowska  
 Uniwersytet SWPS w Poznaniu

#### 17.00 Czego oczy nie widzą, tego mózgowi nie żal?

Prof. dr hab. n. med. Marzena Gajęcka  
 Instytut Genetyki Człowieka PAN w Poznaniu,  
 Uniwersytet Medyczny im. K. Marcinkowskiego  
 w Poznaniu

ODKRYWAJ Z NAMI TAJEMNICE MÓZGU!  
 ZAPRASZAMY! [poznai.pan.pl](http://poznai.pan.pl)

Organizatorzy



Partnerzy honorowi



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](mailto:Jan.Barciszewski@ibch.poznan.pl);  
tel. 61 852 85 03 w. 1132) Instytut Chemii Bioorganicznej PAN / Centrum NanoBioMedyczne UAM

4 lipca 2024 godz. 19<sup>00</sup> - prof. dr hab. Adam Łukaszewicz  
Uniwersytet Warszawski, Wydział Archeologii, Warszawa  
*Egipt podróżników: piramidy, mumie i krokodyle*

11 lipca 2024 godz. 19<sup>00</sup> - 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  
*Naprawić nienaprawialne. Jak przywrócić utracone funkcje  
neurologiczne?*

18 lipca 2024 godz. 19<sup>00</sup> - prof. dr hab. Piotr Mucha  
Uniwersytet Gdański, Wydział Chemii, Gdańsk  
*Powstanie Układu Słonecznego i życia na Ziemi*

25 lipca 2024 godz. 19<sup>00</sup> - prof. dr hab. Alicja Węgrzyn  
Uniwersytecki Ośrodek Badań Stosowanych i Międzyobszarowych,  
Centrum Terapii Fagowych, Gdańsk  
*Co wiemy a czego nie wiemy o mikrobiomie?*

1 sierpnia 2024 godz. 19<sup>00</sup> - prof. dr hab. Grzegorz Węgrzyn  
Katedra Biologii Molekularnej, Uniwersytet Gdański, Gdańsk  
*Co to jest życie?*

8 sierpnia 2024 godz. 19<sup>00</sup> - dr hab. Katarzyna Rolle, prof. ICHB PAN  
Instytut Chemii Bioorganicznej PAN, Poznań  
*Czy można skuteczniej leczyć guzy mózgu?*

15 sierpnia 2024 godz. 19<sup>00</sup> - dr inż. Cezary Mazurek  
Poznańskie Centrum Superkomputerowo-Sieciowe, Poznań  
*Cyfrowe bliźniaki: Nowa szansa na przyspieszenie odkryć  
naukowych i zrewolucjonizowanie przemysłu*

22 sierpnia 2024 godz. 19<sup>00</sup> - dr hab. Luiza Handschuh, prof. ICHB PAN  
Instytut Chemii Bioorganicznej PAN, Poznań  
*Nierówności społeczne w historii świata – zaskakujący obraz  
wylaniający się z badań DNA*

---

  
Wstęp wolny!



