



INSTYTUT CHEMII BIOORGANICZNEJ
Polskiej Akademii Nauk



SPRAWOZDANIE
z działalności w roku 2020

Poznań, luty 2021

SPRAWOZDANIE

z działalności w roku 2020

Instytut Chemii Bioorganicznej Polskiej Akademii Nauk
Ośrodek Wydawnictw Naukowych • Poznań, luty 2021

Instytut Chemii Bioorganicznej Polskiej Akademii Nauk
Sprawozdanie z działalności w roku 2020

Redakcja

**Julia Brzoska-Karwat, Michał Sobkowski,
Elżbieta Adamczyk, Kinga Barczak,
Paweł Goderski, Jarosław Gumienny,
Agnieszka Konrad, Bartosz Szubiński, Anna Szymczak**

Redakcja techniczna

Ewa Rozmiarek

Wydawca

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

Druk i oprawa

Moś i Łuczak, Poznań

SPIS TREŚCI

WSTĘP	5
INFORMACJE OGÓLNE	7
Dyrekcja	7
Uprawiane specjalności naukowe	7
Struktura organizacyjna	7
Zatrudnienie	10
Międzynarodowy Zespół Doradczy	10
Działalność publikacyjna	11
Działalność naukowa	11
ICHB PAN w walce z pandemią COVID-19	11
Projekty strategiczne	13
Dotacje, finansowanie projektów badawczych, inwestycyjnych i innych	19
Rozwój kadry naukowej	20
Kształcenie doktorantów	23
Uczestnicy innych form kształcenia	23
Wynalazki i znaki towarowe	23
Działalność wydawnicza	23
Nagrody i wyróżnienia	25
Organizacja seminariów i konferencji naukowych	27
Najważniejsze osiągnięcia	28
Pozostałe ważne wyniki	31
HR Excellence in Research	37
Działalność statutowa	38
Tematy i zadania statutowe realizowane w roku 2020	38
Badania naukowe służące rozwojowi młodych naukowców oraz uczestników studiów doktoranckich	41
Informacja o wykorzystaniu dotacji na finansowanie kosztów związanych z utrzymaniem specjalnego urządzenia badawczego (SPUB)	41
Opis działalności naukowej	42
Zakład Biochemii RNA	42
Zakład Bioinformatyki	44
Zakład Biologii Integratywnej	47
Zakład Biologii Molekularnej i Systemowej	51
Zakład Biomolekularnego NMR	56
Zakład Chemii i Biologii Strukturalnej Kwasów Nukleinowych	58
Zakład Chemii Komponentów Kwasów Nukleinowych	60
Zakład Genetyki Molekularnej	64
Zakład Krystalografii – Centrum Badań Biokrystalograficznych	68
Zakład Struktury i Funkcji Biomolekuł	73

Zakład Biochemii Rybonukleoprotein.....	75
Zakład Bioinformatyki Strukturalnej.....	76
Zakład Bioinżynierii Kwasów Nukleinowych.....	78
Zakład Biologii Rozwoju.....	79
Zakład Biotechnologii Medycznej.....	80
Zakład Chemii Biopolimerów.....	82
Zakład Fizjologii Molekularnej Roślin	84
Zakład Genomiki Strukturalnej RNA.....	85
Zakład Inżynierii Genomowej	87
Zakład Metabolizmu RNA	89
Zakład Metabolomiki Funkcjonalnej Roślin.....	90
Zakład Neurobiologii Molekularnej.....	92
Zakład Neuroonkologii Molekularnej	93
Zakład Niekodujących RNA.....	96
Zakład Proteomiki Biomedycznej	97
Zakład Sond Molekularnych i Proleków	98
Zakład Struktury i Funkcji Retrotranspozonów.....	101
Zakład Biochemii Produktów Naturalnych	103
Zakład Biologii Medycznej.....	105
Zakład Biosyntezy Białka.....	107
Zespół Transkryptomiki Funkcjonalnej.....	109
Zespół Mikrobiologii Strukturalnej	110
Zespół Biologii Obliczeniowej Niekodującego RNA.....	111
Projekty realizowane w Instytucie w 2020 roku.....	113
Współpraca naukowa z partnerami krajowymi.....	129
Współpraca naukowa z partnerami zagranicznymi.....	138
Spis publikacji.....	146
ZAŁĄCZNIKI	182
Załącznik 1. Skład Rady Naukowej kadencji 2019–2022	182
Załącznik 2. Schemat organizacyjny ICHB PAN (2020).....	184
Załącznik 3. Struktura organizacyjna zakładów naukowych ICHB PAN (2020).....	185
Załącznik 4. Seminaria Instytutu Chemii Bioorganicznej PAN.....	186
Załącznik 5. Program RNA Salon Poznań.....	188
Załącznik 6. Program 2020 International Conference on Biotechnology and Bioengineering.....	189

WSTĘP

Szanowni Państwo!

Tradycyjnie, jak każdego roku mamy przyjemność złożyć na Państwa ręce sprawozdanie z działalności Instytutu Chemii Bioorganicznej Polskiej Akademii Nauk. Wszyscy jednak wiemy, że rok 2020 był inny niż te poprzednie, był czasem wyjątkowo trudny z powodu ograniczeń spowodowanych pandemią COVID-19. Dlatego w pierwszej kolejności chcielibyśmy zwrócić uwagę na ogromne zaangażowanie pracowników i doktorantów Instytutu w walkę z tą chorobą. W ciągu kilkunastu dni od pojawienia się pierwszego przypadku COVID-19 w Polsce, w Instytucie utworzona została Wirusowa Grupa Wsparcia, która udzieliła wszechstronnej pomocy Wojewódzkiej Stacji Sanitarno-Epidemiologicznej w Poznaniu w wykonywaniu testów diagnostycznych, a zaraz potem rozpoczęła opracowywanie własnych, coraz szybszych i czulszych testów wykrywających zakażenie wirusem SARS-CoV-2. Dzięki nawiązaniu współpracy z krajowymi firmami bardzo szybko rozpoczęła się produkcja testów MediPAN na dużą skalę, uniezależniając nasz kraj od dostaw zagranicznych. Testy opracowane w ICHB PAN, są obecnie najszybsze, a równocześnie zaliczają się do najczulszych i najtańszych dostępnych na polskim rynku. Warto wspomnieć, że wszyscy członkowie WGW uhoronowani zostali nadanymi w trybie nadzwyczajnym wysokimi odznaczeniami państwowymi.

Osiągnięcia w zakresie diagnostyki COVID-19 (testy genetyczne, antygenowe i serologiczne) oraz w analizie bioinformatycznej i sekwencjonowaniu genomów SARS-CoV-2 (do końca 2020 roku w ICHB PAN przesekwencjonowano ok. 200 genomów SARS-CoV-2, tj. ponad połowę wszystkich genomów tego wirusa poznanych w Polsce) umożliwiły stworzenie przez Instytut oraz PCSS platform COVID-HUB działających w skali regionalnej, krajowej i międzynarodowej. Platformy te służą do analizy, monitorowania oraz przewidywania przebiegu i kierunków rozwoju pandemii COVID-19 w Polsce.

Ważnym elementem naszej działalności w 2020 roku był także udział w 3 dużych, prestiżowych projektach. Instytut, jako jedyny przedstawiciel Polski, wszedł w skład ogółouropejskiego konsorcjum LifeTime, które opracowało ambitny program stworzenia nowych standardów opieki zdrowotnej w Europie. Ponadto ICHB PAN wraz z Instytutem Biologii Doświadczalnej im. Marclego Nenckiego PAN rozpoczął realizację projektu NEBI, którego celem jest budowa krajowej platformy służącej szeroko rozumianemu bioobrazowaniu oraz zaawansowanym analizom uzyskiwanych tą drogą danych. Z kolei w ramach projektu POL-OPENSREEN zakończony został pierwszy etap tworzenia Centrum Wysokoprzepustowych Badań Przesiewowych, w którym są już realizowane pierwsze projekty krajowe i europejskie. Należy też przypomnieć, że przez cały ubiegły rok kontynuowane były prace związane z projektem „Genomiczna Mapa Polski”.

W 2020 r. w ICHB PAN powołane zostały 3 nowe pracownie i 2 zespoły merytoryczne, a jedna z pracowni została rozwiązana. W związku z zachodzącym nieprzerwanie rozwojem Instytutu, zwiększaniem się liczby pracowników i realizowanych projektów, coraz bardziej zaczęliśmy odczuwać ograniczenia lokalowe. Dotyczy to zarówno laboratoriów, jak i pomieszczeń biurowych. Dlatego z satysfakcją informujemy, że zakończony został pierwszy etap remontu willi przy ul. Wieniawskiego, a wkrótce rozpoczną się kolejne prace. Ponadto, głównie z powodu pandemii COVID-19, zakończył swoją działalność Zespół Pokoi Gościennych ICHB PAN. Rozpoczęta została

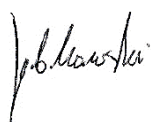
jego likwidacja. Wybrane pokoje hotelowe zostały już częściowo przekształcone w pomieszczenia biurowe. W kolejnym etapie część z nich przekształcona zostanie w laboratoria. Liczymy, że w ten sposób w perspektywie dwóch lat rozwiążemy obecne trudności lokalowe.

Środki finansowe pozyskane przez ICHB PAN z subwencji i dotacji rządowych osiągnęły wysokość 38,3 mln zł, o 1,1 mln więcej niż w roku 2019. Główne składniki tej kwoty to subwencja na utrzymanie potencjału badawczego w wysokości 23,5 mln zł (bez zmiany w stosunku do 2019 r.) oraz specjalna dotacja ministerialna na działania związane z walką z COVID-19 w wysokości 14,9 mln zł. Znacząco wzrosła kwota pozyskana z grantów NCN – wyniosła ona 20,7 mln zł, o blisko 6 mln więcej niż rok wcześniej. Bardzo wysokie było też finansowanie z projektów strukturalnych: 28,6 mln zł. Łącznie finansowanie z projektów wynosiło 50,5 mln zł. Dodatkowo, afiliowane przy ICHB PAN Poznańskie Centrum Superkomputerowo-Sieciowe pozyskało na swoją działalność z różnego typu grantów, głównie unijnych, ponad 173 mln zł. W ten sposób ICHB PAN dysponował w 2020 r. środkami finansowymi w wysokości 262 mln zł.

Rok 2020 był czasem przeprowadzenia okresowej oceny pracowników naukowych Instytutu przez komisję Rady Naukowej. Z przyjemnością informujemy, że wypadła ona bardzo dobrze – szczególnie widoczny jest stały wzrost wyników osiąganych przez młodych pracowników naukowych. Dorobek publikacyjny ICHB PAN w 2020 r. obejmuje 171 rekordów odnotowanych w serwisie Web of Science Core Collection. Po raz kolejny jest wśród nich praca opublikowana w *Nature* (IF_{5y} 46,5).

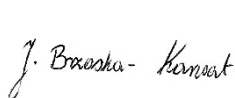
Przedstawione powyżej informacje dobitnie świadczą, że mimo trudności spowodowanych pandemią, Instytut działał w 2020 r. niezwykle prężnie i odnosił liczne sukcesy. Z tego też względu ogromne podziękowania należą się wszystkim pracownikom Instytutu, zarówno tym z pionu naukowego, jak i administracyjnego oraz obsługi. Obecny, 2021 rok zakończy 5-letni okres, który obejmie najbliższa ewaluacja polskich jednostek naukowych. Postaramy się zatem, aby jego wynik naukowy i organizacyjny był jeszcze lepszy niż ubiegłoroczny!

Z-ca Dyrektora
ICHB PAN
ds. Naukowych



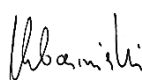
dr hab.
Michał Sobkowski

Z-ca Dyrektora
ICHB PAN
ds. Koordynacji Badań



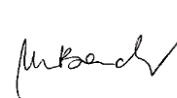
mgr
Julia Brzoska-
-Karwat

Z-ca Dyrektora
ICHB PAN
ds. Finansowych



mgr
Adam Kubasiński

Z-ca Dyrektora
ICHB PAN
ds. Ogólno-administracyjnych



mgr
Małgorzata
Radwańska-Borucka

Dyrektor
ICHB PAN



prof. dr hab.
Marek Figlerowicz

INFORMACJE OGÓLNE

Dyrekcja

Dyrektor: PROF. DR HAB. MAREK FIGLEROWICZ

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

Zastępca Dyrektora ds. Ogólnoadministracyjnych: MGR MAŁGORZATA RADWAŃSKA-BORUCKA

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

Zastępca Dyrektora ds. Finansowych: MGR ADAM KUBASIŃSKI

Uprawiane specjalności naukowe

- Chemia bioorganiczna i strukturalna kwasów nukleinowych
- Krystalografia białek, kwasów nukleinowych i związków niskocząsteczkowych
- Biologia molekularna i inżynieria genetyczna
- Biomedycyna
- Genomika
- Metabolomika i proteomika
- Bioinformatyka
- Technologie informatyczne i sieciowe

Struktura organizacyjna

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

- **Zakłady Wiodące (ZW)** – stanowiące trzon badawczy Instytutu kierowane przez doświadczonych profesorów. Maksymalna liczba etatów opłacanych ze środków statutowych w ZW wynosi 7.
- **Zakłady Młodych Liderów (ZML)** – zakłady kierowane przez młodych pracowników rozpoczynających karierę naukową (dotorzy, doktorzy habilitowani). Podlegają one okresowej ocenie, w wyniku której mogą zostać utrzymane, przekształcone w Zakład Wiodący lub rozwiązane. Maksymalna liczba etatów opłacanych ze środków statutowych w ZML wynosi 4.
- **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 2020 r.

1. Powołano Pracownię Bioinformatyki afiliowaną przy Zakładzie Genetyki Molekularnej (dr Anna Philips, 1.01.2020 r.).
2. Powołano Pracownię Modelowych Organizmów Ssaczych afiliowaną przy Zakładzie Neurobiologii Molekularnej (dr Łukasz Przybył, 18.01.2020 r.)
3. Powołano Pracownię Diagnostyki Molekularnej WGW ICHB PAN afiliowaną przy Zakładzie Biologii Molekularnej i Systemowej (mgr Katarzyna Ziółkowska, 14.04.2020 r.).
4. Rozwiązano Pracownię Syntezy Pochodnych Kwasów Nukleinowych (dr hab. Tomasz Ostrowski, prof. ICHB PAN, 30.09.2020 r.).
5. Powołano Zespół Biologii Obliczeniowej Niekodującego RNA (dr Barbara Uszczyńska-Ratajczak, 1.10.2020 r.).
6. Powołano Zespół Mikrobiologii Strukturalnej (dr hab. Krzysztof Brzeziński, 1.10.2020 r.),

W wyniku przeprowadzonych zmian na koniec 2020 r. w Instytucie działało 30 zakładów (11 ZW, 3 ZS i 16 ZML), 12 pracowni specjalistycznych oraz 3 zespoły merytoryczne.

W skład Instytutu Chemii Bioorganicznej PAN w 2020 r. wchodziły następujące jednostki organizacyjne:

I. Instytut

1. Pion Zakładów Naukowych

- Zakład Biochemii Produktów Naturalnych (prof. dr hab. Maciej Stobiecki),
- Zakład Biochemii RNA (prof. dr hab. Jerzy Ciesiołka),
- Zakład Biochemii Rybonukleoprotein (dr hab. Anna Kurzyńska-Kokorniak, prof. ICHB PAN),
- Zakład Bioinformatyki (prof. dr hab. Jacek Błazewicz),
- Zakład Bioinformatyki Strukturalnej (prof. dr hab. Marta Szachniuk),
- Zakład Bioinżynierii Kwasów Nukleinowych (dr hab. Anna Pasternak, prof. ICHB PAN),
- Zakład Biologii Integratywnej (dr hab. Rafał Ciosk, prof. ICHB PAN),
- Zakład Biologii Medycznej (prof. dr hab. Mirosława Naskręt-Barciszewska),
- Zakład Biologii Molekularnej i Systemowej (prof. dr hab. Marek Figlerowicz),
- Zakład Biomolekularnego NMR (prof. dr hab. Zofia Gdaniec),
- Zakład Biosyntezy Białka (prof. dr hab. Tomasz Twardowski),
- Zakład Chemii Biopolimerów (dr hab. Marcin K. Chmielewski, prof. ICHB PAN),
- Zakład Chemii i Biologii Strukturalnej Kwasów Nukleinowych (prof. dr hab. Ryszard Kierzek),
- Zakład Chemii Komponentów Kwasów Nukleinowych (dr hab. Michał Sobkowski, prof. ICHB PAN),
- Zakład Fizjologii Molekularnej Roślin (prof. dr hab. Michał Jasiński),
- Zakład Genetyki Molekularnej (prof. dr hab. Piotr Kozłowski),
- Zakład Genomiki Strukturalnej RNA (prof. dr hab. Elżbieta Kierzek),
- Zakład Inżynierii Genomowej (dr hab. Marta Olejniczak, prof. ICHB PAN),
- Zakład Krystalografii – Centrum Badań Biokrystalograficznych (prof. dr hab. Mariusz Jaskólski),
- Zakład Metabolizmu RNA (dr hab. Zbigniew Warkocki, prof. ICHB PAN),
- Zakład Metabolomiki Funkcjonalnej Roślin (prof. dr hab. Paweł Bednarek),
- Zakład Neurobiologii Molekularnej (dr hab. Maciej Figiel, prof. ICHB PAN),

- Zakład Neuroonkologii Molekularnej (dr hab. Katarzyna Rolle, prof. ICHB PAN),
- Zakład Proteomiki Biomedycznej (dr hab. Magdalena Łuczak, prof. ICHB PAN),
- Zakład Sond Molekularnych i Proleków (dr Jacek Kolanowski),
- Zakład Struktury i Funkcji Biomolekuł (prof. dr hab. Wojciech Rypniewski),
- Zakład Struktury i Funkcji Retrotranspozonów (dr hab. Katarzyna Pachulska-Wieczorek, prof. ICHB PAN),
- Zakład Biotechnologii Medycznej (dr hab. Agnieszka Fiszer, prof. ICHB PAN),
- Zakład Biologii Rozwoju (dr hab. Takashi Miki, prof. ICHB PAN),
- Zakład Niekodujących RNA (dr Monika Piwecka),

1. a) Zespoły

- Zespół Transkryptomiki Funkcjonalnej (dr hab. Kamilla Bąkowska-Żywicka, prof. ICHB PAN),
- Zespół Mikrobiologii Strukturalnej (dr hab. Krzysztof Brzeziński),
- Zespół Biologii Obliczeniowej Niekodującego RNA (dr Barbara Uszczyńska-Ratajczak).

2. Pion Pracowni Specjalistycznych (zgrupowanych w trzy centra)

Centrum Biologii Strukturalnej:

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

Centrum Multiomiczne:

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

Centrum Wysokoprzepustowych Badań Przesiewowych:

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

3. Studium Doktoranckie (prof. dr hab. Adam Kraszewski).

4. Poznańska Szkoła Doktorska Instytutów Polskiej Akademii Nauk

(prof. dr hab. Jerzy Boryski).

5. Pion Koordynacji Badań.

6. Pion Administracji i Obsługi.

7. Pion Ochrony Informacji Niejawnych.

8. Księgowość.

9. Inne jednostki organizacyjne i stanowiska.

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

1. Pion Technologii Sieciowych.

2. Pion Technologii Przetwarzania Danych.

3. Pion Usług Sieciowych.

4. Pion Zastosowań.

5. Inne jednostki organizacyjne i stanowiska.

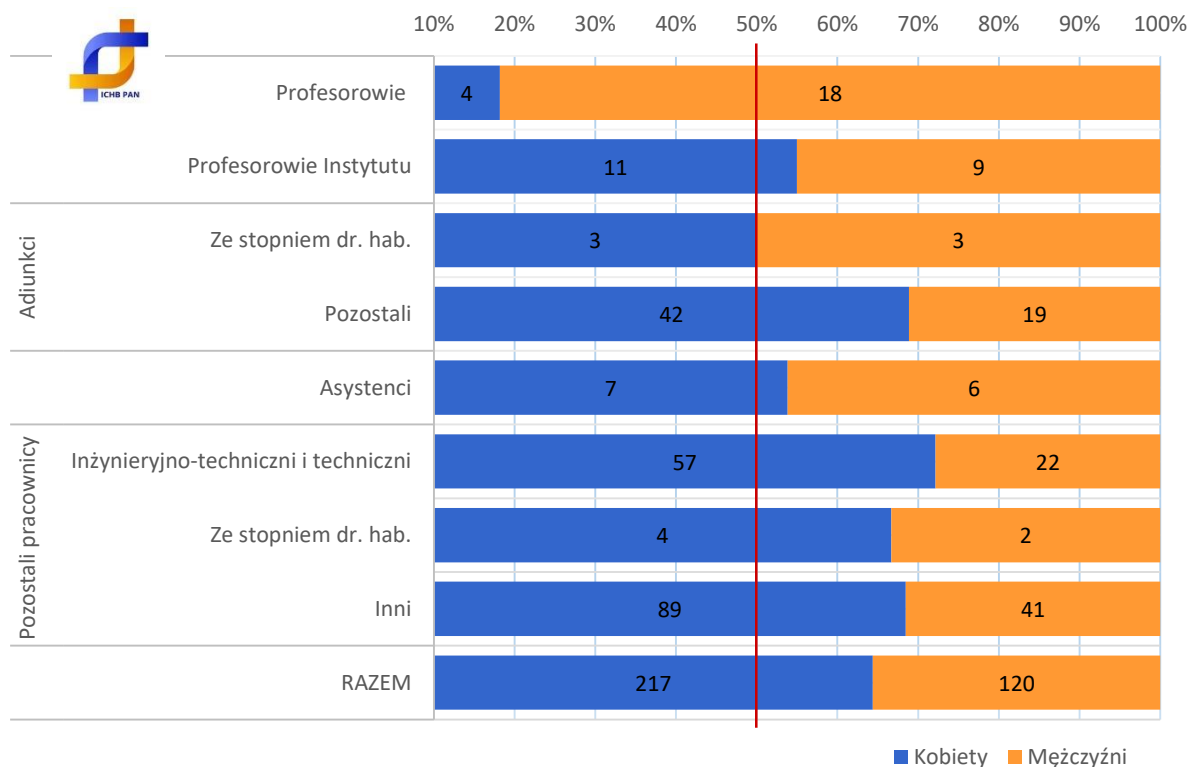
Zatrudnienie

ICHB PAN zatrudniał 708 pracowników, w tym 276 kobiet (stan na 31.12.2020 r.)

Liczba ta obejmuje: 337 pracowników zatrudnionych w Instytucie oraz 371 osób (w tym 59 kobiet) zatrudnionych w afiliowanym przy Instytucie Poznańskim Centrum Superkomputerowo-Sieciowym (PCSS).

- 22 profesorów + 1 w PCSS,
- 20 profesorów Instytutu,
- 67 adiunktów, w tym 6 ze stopniem dr hab.,
- 13 asystentów (wszyscy ze stopniem doktora),
- 215 pozostałych (w tym 85 pracowników inżynieryjno-technicznych i technicznych w Zakładach i Pracowniach, 6 z nich ze stopniem dr hab.),
- 370 pracowników w PCSS.

Zatrudnienie średnioroczne: Instytut – 290,71 etatów, PCSS – 300,62 etatów.



Rycina 1. Zatrudnienie w Instytucie Chemii Bioorganicznej Polskiej Akademii Nauk według stanowisk i płci (stan na 31.12.2020 r.)

Międzynarodowy Zespół Doradczy

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

Dino Moras, Louis Pasteur University, Strasbourg, Francja

Dieter Söll, Yale University, New Haven, Stany Zjednoczone

Douglas H. Turner, Rochester University, Rochester, Stany Zjednoczone
Eric Westhof, Louis Pasteur University, Strasbourg, Francja

Działalność publikacyjna

W 2020 r. pracownicy ICHB PAN opublikowali łącznie 180 prac naukowych, w tym:

- artykuły, rozprawy w czasopismach naukowych – 160 (w tym 148 w czasopismach recenzowanych, wyróżnionych przez *Journal Citation Reports*);
- materiały z konferencji zamieszczono w wykazie czasopism – 10;
- książki i rozdziały – 6;
- redakcja monografii lub podręcznika – 2;
- artykuły popularnonaukowe – 2.

Działalność naukowa

W roku sprawozdawczym w Instytucie realizowano:

- 37 zadań statutowych zgrupowanych w 31 działach tematycznych,
- 1 temat badań młodych naukowców finansowany w ramach działalności statutowej,
- 112 projektów finansowanych, w tym w ramach:
 - a) Narodowego Centrum Nauki (NCN) – 92
 - b) Narodowego Centrum Badań i Rozwoju (NCBR) – 1 (Program Lider – 1)
 - c) Narodowej Agencji Wymiany Akademickiej (NAWA) – 1 (Program Polskie Powroty),
 - d) Ministerstwa Edukacji i Nauki (MEiN) – 2 (POL-OPENSOURCE oraz Diamentowy Grant),
 - e) Programu Operacyjnego Inteligentny Rozwój (POIR) – 5 (1 za pośrednictwem NCBR, 2 za pośrednictwem Fundacji na rzecz Nauki Polskiej (FNP), 2 za pośrednictwem Ośrodka Przetwarzania Informacji (OPI)),
 - f) Programu Operacyjnego Wiedza Edukacja Rozwój (POWER) – 3 (2 za pośrednictwem NCBR, 1 za pośrednictwem NAWA),
 - g) Wielkopolskiego Regionalnego Programu Operacyjnego (WRPO 2014+) – 1 (1 za pośrednictwem Urzędu Marszałkowskiego Województwa Wielkopolskiego),
 - h) inicjatyw międzynarodowych – 7 (2 w ramach programu Komisji Europejskiej Horyzont 2020, 2 w ramach programu E-Rare, 1 w ramach programu CORNET, 1 za pośrednictwem European Molecular Biology Organisation (EMBO), 1 za pośrednictwem National Ataxia Foundation).

Szczegółowy wykaz projektów znajduje się na s. 113–128.

ICHB PAN w walce z pandemią COVID-19

Pierwszy przypadek COVID-19 zarejestrowano w Polsce 4 marca 2020. Od tego momentu stało się jasne, że wzrost zakażeń wirusem SARS-CoV-2 jest tylko kwestią czasu. Widząc narastające zagrożenia związane z rozwojem pandemii, już w połowie marca 2020, ICHB PAN jako pierwszy ośrodek naukowy w Polsce zainicjował akcję wsparcia Stacji Sanitarno-Epidemiologicznych odpowiedzialnych za diagnostykę zakażeń SARS-CoV-2. Korzystając ze swojej wiedzy, doświadczenia i bogatego zaplecza aparaturowego Instytutu, pracownicy i doktoranci ICHB PAN spontanicznie sformowali „Wirusową Grupę Wsparcia” (WGW), liczącą blisko 60 wolontariuszy. W pierwszych miesiącach pandemii grupa ta wykonała ponad 5700 testów genetycznych, pracując w trybie 24/7. Biorąc pod uwagę ciągłe problemy z dostawami niezbędnych odczynników oraz materiałów, część wolontariuszy z WGW podjęła prace zmierzające do stworzenia własnego testu

do diagnostyki COVID-19. Idea ta uzyskała wsparcie Wielkopolskiego Urzędu Marszałkowskiego. W rezultacie zaledwie w kilka tygodni powstał prototyp pierwszego testu o nazwie „MediPAN COVID test”. Następnie, dzięki współpracy z trzema polskimi firmami (Future Synthesis, A&A Biotechnology i Medicofarma) test uzyskał certyfikat IVD, został zwalidowany w niezależnych laboratoriach i wdrożony do produkcji. Dalszy rozwój i produkcję pierwszych 150 tys. testów sfinansowano z subwencji przyznanej przez Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego.

Inicjatorem powstania Wirusowej Grupy Wsparcia oraz koordynatorem podejmowanych przez nią akcji był prof. Marek Figlerowicz. Pracami zespołów diagnostycznych powstałych w ramach WGW kierowała dr Luiza Handschuh. Za projektowanie sond i starterów wykorzystywanych w testach odpowiadał zespół działający pod kierunkiem prof. Macieja Figla, a za ich syntezę zespół prof. Marcina Chmielewskiego. Prace związane z optymalizacją testów koordynowała prof. Agnieszka Fiszer. Za kontakty z firmami odpowiedzialna była prof. Katarzyna Rolle. Łącznie w 2020 roku opracowano 5 generacji testu diagnostycznego do wykrywania materiału genetycznego SARS-CoV-2, w tym: (i) MediPAN-2G+ FAST COVID test – obecnie najszybszy na rynku i jeden z najbardziej czułych testów genetycznych do diagnostyki COVID-19, oraz (ii) test MediPAN-2G FAST COVID-Flu, obecnie jedyny dostępny na naszym rynku test różnicujący COVID-19 i gripę. Ostatnie dwie generacje testów powstały we współpracy z nowym partnerem biznesowym – Polpharmą.

Osoby szczególnie zaangażowane w opracowanie testu zostały uhonorowane szeregiem nagród, w tym Nagrodą Zespołową Ministra Nauki i Edukacji za znaczące osiągnięcia w zakresie działalności wdrożeniowej. Ponadto Prezydent Rzeczypospolitej Polskiej przyznał wszystkim wolontariuszom z WGW wysokie odznaczenia państwowe – Krzyże Orderu Odrodzenia Polski oraz Krzyże Zasługi.

Biorąc pod uwagę zaangażowanie i doświadczenia ICHB PAN w walce z pandemią COVID-19, MNiSW powierzyło Instytutowi oraz afiliowanemu przy nim Poznańskiemu Centrum Superkomputerowo-Sieciowemu rolę krajowego węzła European COVID-19 Data Platform (<https://www.covid19dataportal.org/>), która powstała w marcu 2020 z inicjatywy Komisji Europejskiej oraz Europejskiego Instytutu Bioinformatyki (EMBL-EBI). Jako aktywny uczestnik tego przedsięwzięcia, ICHB PAN utworzył platformę COVID-19 Data Portal Poland (<https://dataportal.covidhub.psnc.pl/>), która stanowi ogólnie dostępną przestrzeń służącą gromadzeniu i analizie danych umożliwiających monitorowanie i przewidywanie kierunków rozwoju pandemii COVID-19. Dodatkowo ułatwia ona wymianę oraz przepływ informacji pomiędzy grupami badawczymi w kraju i za granicą oraz zwiększa efektywność badań naukowych dotyczących SARS-CoV-2. Na European COVID-19 Data Platform deponowane są między innymi wyniki sekwencjonowania genomów SARS-CoV-2. W ubiegłym roku ICHB PAN był głównym krajowym dostawcą tego typu danych. Z opublikowanych niedawno statystyk wynika bowiem, że pośród około 500 całogenomowych sekwencji SARS-CoV-2 zdeponowanych w międzynarodowych bazach danych przez polskie laboratoria, prawie połowa pochodziła z ICHB PAN. ICHB PAN wraz z PCSS podjął także inicjatywę stworzenia regionalnej platformy danych zwanej REGIONAL COVID-HUB, której celem jest zwiększenie poziomu dostępności i wykorzystania publicznych usług cyfrowych w walce z pandemią COVID-19 w Wielkopolsce. Projekt ten, skierowany zarówno do środowiska naukowego, medycznego, jak i do społeczeństwa, uzyskał dofinansowanie z Urzędu Marszałkowskiego Województwa Wielkopolskiego w ramach Wielkopolskiego Regionalnego Programu Operacyjnego na lata 2014–2020.

ICHB PAN od lat specjalizuje się w badaniach RNA, w tym także genomów wirusowych oraz kodowanych przez nie białek. Stąd pracownicy Instytutu zdołali pozyskać szereg projektów badawczych w ramach konkursu NCN „SZYBKA ŚCIEŻKA DOSTĘPU DO FUNDUSZY NA BADANIA NAD COVID-19”. I tak, dr Paweł Zmora rozpoczął w 2020 r. badania poziomu przeciwciał anty-SARS-CoV-2 w populacji polskiej oraz realizuje projekt pt. „TMPRSS2 – potencjalny cel dla nowych leków oraz wyznacznik przebiegu COVID 19”. Prof. dr hab. Mariusz Jaskólski zajmuje się walidacją

modeli PDB potencjalnych celów terapeutycznych dla SARS-CoV-2, natomiast prof. dr hab. Elżbieta Kierzek inhibicją replikacji SARS-CoV-2.

Projekty strategiczne

1. Genomiczna Mapa Polski

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

Nowo powstająca infrastruktura będzie składała się z:

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

GMP tworzona jest na bazie danych uzyskanych od grupy osób reprezentatywnych dla populacji zamieszkującej całą Polskę oraz dla jej wybranych podzbiorów (np. mniejszości etnicznych). GMP pozwoli precyzyjnie opisać zmienność genetyczną mieszkańców Polski i dzięki temu będzie mogła służyć jako zbiór danych referencyjnych w praktycznie wszystkich krajowych i międzynarodowych projektach badawczych w dziedzinie genomiki. Dotychczas z powodu braku takiego standardu głównym punktem odniesienia były wzorce uzyskane dla populacji ogólnoludowej lub europejskiej.

Elementami składowymi GMP będą:

- Polski Genom Referencyjny – genom referencyjny stworzony na podstawie bardzo szczegółowej analizy genomów 30 osób (10 triów w schemacie dziecko-matka-ojciec). Ich analiza będzie przeprowadzona z zastosowaniem kilku różnych, wzajemnie uzupełniających się technologii sekwencjonowania genomowego DNA,
- Mapa Zmienności Genetycznej – zbiór danych i narzędzi powstały na podstawie sekwencjonowania ok. 3 tys. genomów losowo wybranych mieszkańców z obszaru całej Polski,
- Fen-Gen – zbiór danych i narzędzi do analizy powiązań pomiędzy fenotypem a genotypem – stworzony dla ok. 1 tys. osób, od których pozyskane zostaną informacje dotyczące ich wyglądu i stanu zdrowia oraz całogenomowe sekwencje DNA,
- Et-Gen – zbiór danych i narzędzi do analizy zmienności genetycznej małych populacji (np. mniejszości etnicznych) – powstały na podstawie ok. 1 tys. sekwencji całogenomowych pochodzących od przedstawicieli około 5 mniejszości etnicznych zamieszkujących Polskę.

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

Jest to pierwszy projekt w Polsce, który zakłada sekwencjonowanie pełnych genomów na dużą skalę. Podobne projekty zrealizowano już w Islandii, Holandii, Wielkiej Brytanii, Japonii, Finlandii i Szwecji. Obecnie co najmniej 10 krajów (Wielka Brytania, Japonia, Chiny, Australia, Arabia Saudyjska, USA, Estonia, Francja, Zjednoczone Emiraty Arabskie i Turcja) mierzy się z tak ambitnym wyzwaniem, jakim jest sekwencjonowanie nawet 100 tys. genomów ich mieszkańców. Dzięki realizacji projektu Polska ma szansę dołączyć do wciąż niewielkiego grona krajów, które będą dysponowały własnymi zasobami genomicznymi. GMP będzie mogła być wykorzystywana również w badaniach ogólnoeuropejskich i ogólnoludowych.

Ze strony Instytutu projektem kieruje prof. Marek Figlerowicz, natomiast ze strony Politechniki Poznańskiej pieczę nad nim sprawuje prof. Jacek Błazewicz. Planowany termin zakończenia realizacji projektu to grudzień 2023 r.

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

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

W skład nowo powstającej platformy wejdzie:

- specjalistyczna infrastruktura służąca do bioobrazowania na wszystkich poziomach organizacji układów żywych – w jej obrębie wydzielonych zostanie szereg laboratoriów dedykowanych: (i) obrazowaniu biologicznemu i biomedycznemu za pomocą technik wysokoprzepustowych, (ii) obrazowaniu struktur i funkcji komórek i tkanek za pomocą technik wysokorozdzielczych oraz (iii) modelowaniu i wizualizacji dynamiki złożonych procesów;
- specjalistyczna infrastruktura informatyczna umożliwiająca gromadzenie, przetwarzanie i analizę danych obrazowych.

W wyniku realizacji projektu NEBI powstaną:

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

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

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

3. Centrum Wysokoprzepustowych Badań Przesiewowych ICHB PAN

Projekt realizowany jest w ramach inicjatywy POL-OPENSREEN wpisanej w 2014 roku na Mapę Drogową Polskiej Infrastruktury Badawczej. Jego celem jest stworzenie i udostępnianie zarówno środowisku naukowemu, jak i biznesowemu, w kraju i na świecie unikatowej infrastruktury i ekspertyzy w zakresie biologii chemicznej. W ramach tego przedsięwzięcia ICHB PAN tworzy najbardziej zaawansowany w Polsce system do identyfikacji biologicznie aktywnych substancji na drodze wysokoprzepustowej analizy setek tysięcy związków chemicznych (tzw. bibliotek).

W momencie przystąpienia Polski jako członka-założyciela, do sieci EU-OPENSREEN ERIC (ang. European Research Infrastructure Consortium), ICHB PAN spełnił rygorystyczne wymagania stawiane przez międzynarodowy zespół ekspertów i uzyskał status partnera (tzw. Partner Site) tego konsorcjum. W 2018 roku Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego przyznało polskim przedstawicielom w EU-OPENSREEN celową dotację finansową (lata 2018–2023) na rozbudowę i uruchomienie infrastruktury badawczej. Kierownikami przyznanego grantu z ramienia ICHB PAN są dr Jacek Kolanowski oraz prof. Marek Figlerowicz.

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

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

Oferta CWBP obejmuje:

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

Chociaż zakończenie projektu rozbudowy i dostosowywania Infrastruktury CWBP planowane jest na 2023 rok, już w 2020 roku Centrum zaczęło udostępniać swoje zasoby naukowcom i partnerom biznesowym. Jak dotąd CWBP uczestniczyło w przygotowaniu ponad 40 projektów, z czego 11 już jest w trakcie realizacji, 6 oczekuje na ocenę zewnętrzną, a 12 jest w przygotowaniu. Z tej puli 10 projektów obejmuje współpracę z partnerami biznesowymi. Uniwersalność i efektywność systemu została zaprezentowana m.in. przez jego adaptację do wysokoprzepustowej diagnostyki COVID-19 przy wykorzystaniu pierwszego polskiego testu

MediPAN. Uzyskana maksymalna przepustowość wyniosła 15 tys. próbek w ciągu doby (w całej Polsce przeprowadza się około 50 tys. testów dziennie).

4. **PRACE – LAB – projekt Polskiej Mapy Infrastruktury Badawczej**

W ramach inicjatywy „PRACE – Współpraca w zakresie zaawansowanych obliczeń w Europie”, realizowany jest projekt: „PRACE-LAB” (POIR.04.02.00-00-B001/18), współfinansowany ze środków Europejskiego Funduszu Rozwoju Regionalnego w ramach Działania 4.2 Programu Operacyjnego Inteligentny Rozwój 2014-2020. W skład konsorcjum projektowego wchodzi 8 jednostek: Instytut Chemii Bioorganicznej PAN – PCSS (lider), Akademickie Centrum Komputerowe CYFRONET AGH, Politechnika Białostocka, Politechnika Częstochowska, Politechnika Gdańska CI TASK, Politechnika Łódzka, Politechnika Świętokrzyska, Politechnika Wrocławska – WCSS.

Celem nadrzędnym projektu jest zwiększenie konkurencyjności środowiska naukowego oraz gospodarki, ze szczególnym uwzględnieniem MŚP, na rynkach międzynarodowych. Dzięki realizacji prac rozwojowych planowana jest poprawa pozycji polskiego sektora ICT poprzez wsparcie i wzmocnienie rozwoju innowacyjnych rozwiązań.

Celem bezpośrednim projektu jest budowa szeroko dostępnej infrastruktury obliczeniowej HPC (ang. High Performance Computing) złożonej z wysokowydajnych serwerów obliczeniowych, specjalizowanych jednostek przetwarzania i elastycznych systemów zarządzania danymi oraz udostępnienie jednostkom naukowym i przedsiębiorstwom w oparciu o tę infrastrukturę usług dla prac badawczo-rozwojowych i działań komercyjnych.

W ramach realizacji projektu w 2020 roku zakupiono nowy system superkomputerowy PCSS – Altair, który w listopadzie 2020 roku zajął miejsce 85. na liście TOP500 – liście najszybszych superkomputerów na świecie. Nowy superkomputer PCSS będzie stosowany do zaawansowanych obliczeń naukowych m.in. w dziedzinie chemii kwantowej, fizyki, biologii i bioinformatyki czy astronomii. W chwili obecnej jest on najszybszym superkomputerem w Polsce i stanowi pierwszy etap PRACE-LAB rozbudowy systemów HPC w Polsce. W kolejnych krokach rozbudowane zostaną ośrodki HPC w Gdańsku (CI TASK), Wrocławiu (WCSS) oraz Krakowie (ACK Cyfronet AGH) oraz ośrodki danych w Częstochowie (Politechnika Częstochowska), Kielcach (Politechnika Świętokrzyska), Białymstoku (Politechnika Białostocka) oraz Łodzi (Politechnika Łódzka)

Infrastruktura obliczeniowa w tak dużej skali, jaką udostępnia projekt PRACE-LAB wymaga kompleksowych rozwiązań, które zapewnią działanie na najwyższym poziomie niezawodności. Dlatego też projekt PRACE-LAB pracuje w ramach sześciu laboratoriów odpowiedzialnych za każdą płaszczyznę wpływającą na efektywną pracę infrastruktury:

- Laboratorium przetwarzania HPC oraz chmurowego,
- Laboratorium dostępu do infrastruktury przetwarzania,
- Laboratorium zarządzania i monitorowania usług,
- Laboratorium usług zarządzania danymi,
- Laboratorium zarządzania rozproszonymi danymi,
- Laboratorium bezpieczeństwa infrastruktury PRACE-LAB.

Polska infrastruktura PRACE jest skorelowana z długofalowym rozwojem technologii HPC w Polsce. Inicjatywa znajduje się na Polskiej Mapie Drogowej Infrastruktur Badawczej od pierwszej jej edycji (od roku 2011).

Poza głównym celem, jakim jest wsparcie polskiego środowiska, planuje się integrację z europejską infrastrukturą badawczą ESFRI (PRACE) oraz EuroHPC

Realizacja projektu: 2019–2023.

Z ramienia PCSS za prace w projekcie PRACE-LAB odpowiada dr inż. Norbert Meyer.

Więcej informacji: <http://www.prace-lab.pl/>

5. **OPENQKD – projekt H2020 w zakresie rozwoju ICT**

Projekt OPENQKD „Open European Quantum Key Distribution Testbed (ogólnoeuropejskie testy komunikacji kwantowej)”, finansowany w ramach programu Unii Europejskiej „Horyzont 2020: Industrial Leadership – ICT”, realizowany jest przez Instytut Chemii Bioorganicznej PAN Poznańskie Centrum Superkomputerowo – Sieciowe wraz z 37 jednostkami (z 13 państw) tworzącymi międzynarodowe konsorcjum naukowo-przemysłowe, koordynowane przez AIT Austrian Institute of Technology GmbH.

Projekt zajmuje się komunikacją kwantową, która ma potencjał by stać się sposobem na ochronę danych wrażliwych i infrastruktury cyfrowej Unii Europejskiej w nadchodzących latach. W związku z tym w kilku państwach członkowskich Wspólnoty powstanie infrastruktura testowa komunikacji kwantowej. Przeprowadzone badania przyczynią się do zwiększenia bezpieczeństwa krytycznych zastosowań w wielu dziedzinach – od telekomunikacji, aż po opiekę zdrowotną i dostawę energii elektrycznej. W projekcie powstanie wielodyscyplinarny zespół, w którego skład wejdą czołowi europejscy producenci sprzętu telekomunikacyjnego, użytkownicy końcowi, dostawcy infrastruktury krytycznej, operatorzy sieci, dostawcy urządzeń do dystrybucji kluczy kwantowych, eksperci zajmujący się cyberbezpieczeństwem oraz naukowcy z trzynastu państw członkowskich, których celem będzie umocnienie Europy na pozycji lidera rozwoju technologii kwantowych.

W ramach projektu powstanie otwarte stanowisko testowe QKD w celu promowania funkcjonalności sieci aplikacji wśród potencjalnych użytkowników końcowych i partnerów z sektora badań i przemysłu. Określono już ponad 40 aplikacji i schematów wykorzystania które zostaną uzupełnione otwartymi zaproszeniami do finansowania stron trzecich. Projekt OPENQKD opracuje ekosystem innowacji i szkoleń, a także pomoże w rozwoju technologii produkcji rozwiązań dla technologii i usług komunikacji kwantowej.

Ponadto powstaną środowiska i sieci testowe technologii QKD w Genewie (CH), Cambridge (Wielka Brytania), Madrycie (ES) i Poznaniu (PL). Stworzona infrastruktura pozwoli na budowę podstaw do większej, ogólnoeuropejskiej sieci komunikacji kwantowej z technologią QKD. Zostanie wdrożonych 40 systemów QKD ze znormalizowanymi interfejsami sprzętowymi i programowymi dla urządzeń sieciowych i protokołów na ponad 1000 km łączy światłowodowych, a także zostanie przetestowana kompatybilność ze schematami satelitalnymi.

Sieć OPENQKD będzie wykorzystana do zademonstrowania integracji technologii i rozwiązań kwantowych w szerokim europejskim ekosystemie, a także do rozwijania inicjatyw w zakresie standaryzacji i certyfikacji technologii obsługujących QKD. Prace w projekcie OPENQKD powinny położyć podwaliny pod rozwój ogólnoeuropejskiej, bezpiecznej kwantowo infrastruktury cyfrowej, z podstawami do kształcenia i kierowania pracownikami zorientowanymi na kwanty oraz z zaangażowanymi liderami europejskiego przemysłu.

W PCSS oraz sieci POZMAN powstanie jedno z środowisk testowych projektu OPENQKD. Ponadto PCSS pracuje nad systemem do gromadzenia danych z infrastruktury QKD, analizy i zarządzania infrastrukturą testbedów QKD.

Realizacja projektu: 2019–2022

Z ramienia PCSS za prace w projekcie OPENQKD odpowiada mgr inż. Artur Binczewski.

Więcej informacji: <https://openqkd.eu/>

6. **INSENSION – projekt H2020 w zakresie zastosowań ICT**

Projekt „INSENSION – Personalized intelligent platform enabling interaction with digital services to individuals with profound and multiple learning disabilities (zaawansowana technologia dla osób z głęboką niepełnosprawnością intelektualną”, finansowany w ramach programu Unii Europejskiej „Horyzont 2020: Industrial Leadership – ICT”, koordynowany jest przez Instytut Chemii Bioorganicznej PAN Poznańskie Centrum Superkomputerowo-Sieciowe. W skład konsorcjum, poza ICHB PAN PCSS, wchodzi: Heidelberg University of

Education, Jožef Stefan Institute, CTIC Technology Centre, Stowarzyszenie „Na Tak” oraz Harpo Sp. z o.o.

Celem projektu jest stworzenie platformy ICT, pozwalającej osobom z głęboką złożoną niepełnosprawnością intelektualną na korzystanie z aplikacji i usług cyfrowych, które mogą poprawić jakość ich życia, zwiększyć ich zdolność do samostanowienia i wzbogacić ich życie. Docelowi użytkownicy końcowi proponowanego rozwiązania są w stanie korzystać wyłącznie z niekonwencjonalnych, niesymbolicznych środków interakcji z ich otoczeniem. Dlatego też platforma ma na celu zapewnienie technologicznych środków do bezproblemowego i elastycznego rozpoznawania wysoce zindywidualizowanych, niesymbolicznych sygnałów behawioralnych osób z tego typu niepełnosprawnością. Dzięki temu możliwe będzie wykrywanie wzorców zachowań zachodzących w kontekście konkretnych sytuacji. Wzorce te przekładają się na afektywne „intencje” użytkownika końcowego (akceptacja lub dezaprobaty sytuacji dziejącej się wokół tej osoby), które mogą zostać przekazane do specjalizowanych aplikacji wspomagających potrafiących je przełożyć na akcje wykonywane w imieniu użytkownika. W ten sposób osoba z głęboką złożoną niepełnosprawnością intelektualną zyskuje możliwość wpływania na swoje otoczenie, poprzez nowe środki komunikacji z innymi ludźmi czy też możliwość bezpośredniej zmiany swojego otoczenia. Projekt wykorzystuje najnowsze osiągnięcia szeregu dyscyplin ICT, wyposażając proponowaną platformę wspomagającą w mechanizmy rozpoznawania zachowań oparte na technologiach rozpoznawania gestów, mimiki twarzy i wokalizacji oraz zaawansowane metody z obszaru sztucznej inteligencji. Platforma projektowana jest w modelu projektowania włączającego (inclusive design paradigm), w którym osoba z niepełnosprawnością oraz jej opiekunowie bezpośrednio uczestniczą w procesie badawczo-rozwojowym przez cały czas trwania projektu. Proces ten jest wspierany przez interdyscyplinarny zespół ekspertów z dziedziny ICT oraz badaczy i praktyków w zakresie badań i opieki nad osobami niepełnosprawnymi, z należyтым udziałem przedsiębiorców z branży technologii wspomagających. Rezultatem realizacji projektu INSENSION jest innowacyjny system ICT, wspomagający osoby z najgłębszą niepełnosprawnością intelektualną w interakcji z własnym otoczeniem. System, dzięki funkcjonalności interpretowania niesymbolicznych zachowań tych osób, umożliwia im inicjowanie komunikacji z opiekunami oraz wykonywanie prostych czynności, jak włączanie ulubionej muzyki czy uruchamianie urządzeń. Rozwiązanie to jest pierwszym zastosowaniem tak zaawansowanych technologii dla wsparcia osób z tego typu głęboką niepełnosprawnością.

Realizacja projektu: 2018–2021.

Z ramienia PCSS za prace w projekcie INSENSION odpowiada mgr inż. Michał Kosiedowski.

Więcej informacji: <https://www.insension.eu/>

7. VECMA – projekt H2020 w zakresie FET HPC

Projekt VECMA „Verified Exascale Computing for Multiscale Applications (zweryfikowane obliczenia exa-skalowe dla aplikacji wielkoskalowych)”, finansowany w ramach programu Unii Europejskiej „Horyzont 2020: Excellence Science – FET”, realizowany jest przez Instytut Chemii Bioorganicznej PAN Poznańskie Centrum Superkomputerowo-Sieciowe, wchodzący w skład międzynarodowego konsorcjum utworzonego przez: University College London (lider), Max Planck Institute for Plasma Physics, Brunel University London, Leibniz Supercomputing Centre, Bull SAS, Centrum Wiskunde & Informatica, CBK Sci Con Limited (SME) oraz University of Amsterdam.

Celem projektu jest stworzenie metodyki i narzędzi umożliwiających efektywne i wiarygodne wykonywanie, na obecnych komputerach dużej mocy i pojawiających się środowiskach eksaskalowych, szerokiego zestawu aplikacji wieloskalowych oraz typu „multiphysics”. Obej-

mują one zaawansowane obliczenia związane z fuzją, projektowanie nowoczesnych materiałów, prognozowanie zmian klimatycznych, analizę migracji ludności oraz odkrywanie leków i procesy podejmowania decyzji klinicznych w medycynie spersonalizowanej.

Podstawowy nacisk w projekcie położony został na zapewnienie metod oceny poprawności, precyzji i wiarygodności obliczeń. Tym samym w ramach projektu VECMA opracowywane są rozwiązania umożliwiające certyfikowanie aplikacji i ich wyników poprzez ich walidację, weryfikację i kwantyfikację niepewności za pomocą wartości błędów, tak aby można było na nich polegać w procesach decyzyjnych. Kończącym celem projektu jest wytworzenie zestawu dedykowanych narzędzi (VECMA toolkit) oraz zautomatyzowanie jak największej możliwej liczby etapów certyfikacji VVUQ poprzez opracowanie ogólnych algorytmów i podejść dla aplikacji wieloskalowych potrzebujących dużej mocy obliczeniowej. W projekcie VECMA opracowywane są procedury, wytyczne oraz rozwiązania programistyczne w formie usług, narzędzi i bibliotek programistycznych dla kwantyfikacji niepewności i analizy wrażliwości, a także zbiory metod weryfikacji i walidacji obliczeń. Opracowanie i udostępnienie tych zbiorów ma na celu systematyzację i sformalizowanie podejścia do działań związanych z weryfikacją, walidacją, oceną niepewności i analizą wrażliwości obliczeń wieloskalowych, a jednocześnie ma się wiązać z umożliwieniem efektywnego wykonywania takich działań na zasobach peta-, a docelowo exa-skali.

Tworzone w ramach projektu narzędzia zostaną udostępnione jako oprogramowanie Open Source.

PCSS jest liderem pakietu roboczego WP5 – Infrastructure. Głównymi zadaniami w ramach tego pakietu roboczego jest integracja aplikacji, narzędzi i innych komponentów programistycznych wykorzystywanych i rozwijanych w projekcie, udostępnienie spójnego sposobu dostępu do infrastruktury HPC, wytworzenie oprogramowania pozwalającego ułatwić efektywne wykonywanie obliczeń na zasobach HPC, a także przeprowadzenie badań związanych z efektywnością obliczeniową poszczególnych komponentów wchodzących w skład VECMA toolkit, mających na celu ich dalszą optymalizację.

Realizacja projektu: 2018–2021

Z ramienia PCSS za prace w projekcie VECMA odpowiada mgr inż. Tomasz Piontek.

Więcej informacji: <https://www.vecma.eu/>

Dotacje, finansowanie projektów badawczych, inwestycyjnych i innych

Subwencja MEiN – utrzymanie potencjału badawczego: 38 347 900 zł, w tym:

Subwencja podstawowa: 23 376 900 zł

Subwencja na finansowanie Poznańskiej Szkoły Doktorskiej: 95 000 zł

Zwiększenie subwencji(działania związane z walką z COVID-19): 14 876 000 zł

Dotacja MEiN – inwestycja na rozbudowę infrastruktury naukowo-badawczej: 2 409 939 zł

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

Dotacja celowa z Urzędu Marszałkowskiego Województwa Wielkopolskiego: 100 000 zł

Projekty: 50 459 920,46 zł, w tym:

Projekty MEiN: 42 770 zł

Projekty NCN: 20 669 098,24 zł

Projekty NCBR: 728 960,91 zł

Projekty NAWA: 156 550 zł

Program MEiN Premia na Horyzoncie 2: 32 716 zł

Projekty strukturalne: 28 608 731,31 zł

z tego Program Operacyjny Inteligentny Rozwój: 28 159 736,16 zł

z tego Program Operacyjny Wiedza Edukacja Rozwój: 448 995,15 zł

Projekty zagraniczne inne: 221 094 zł

Pozostałe: 37 730 zł.

Przy Instytucie od 1993 r. działa Poznańskie Centrum Superkomputerowo-Sieciowe (PCSS). Zadaniem PCSS jest umożliwienie poznańskiemu i krajowemu środowisku naukowemu korzystania z sieci POZMAN i PIONIER oraz zasobów obliczeniowych i informacyjnych utrzymywanych w Centrum, a także prowadzenie prac badawczo-rozwojowych związanych z technologiami informacyjno-komunikacyjnymi.

Wpływy z tytułu dotacji na działalność oraz finansowanie projektów badawczych i inwestycyjnych w PCSS w roku 2020 wyniosły 173 145 963,65 zł (w tym na dotacje na inwestycje 87 500 588,43 zł). PCSS posiada wyodrębnione rachunki bankowe, na których księgowane są wszystkie wpływy i wydatki związane z jego działalnością.

Szczegółowe sprawozdanie PCSS za 2020 r. stanowi osobny dokument pt. *Raport 2020. Cyfrowa nauka, gospodarka i społeczeństwo*.

Rozwój kadry naukowej

Tytuł naukowy profesora nadano: **Marcie Szachniuk, Pawłowi Bednarkowi** oraz **Michałowi Jasińskiemu**.

Stopień naukowy doktora habilitowanego uzyskali:

Zbigniew Warkocki

Tytuł ocenianego osiągnięcia: Określenie mechanizmów regulacji podaży i funkcji RNA w komórkach eukariontów przez enzymy działające na koniec 3' RNA

Nadany przez: Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu

Dyscyplina: nauki biologiczne

Data nadania: 24.01.2020 r.

Krzysztof Brzeziński

Tytuł ocenianego osiągnięcia: Charakterystyka strukturalna makromolekuł biologicznych wiążących lub zawierających *N*-glikozydowe pochodne β-D-rybofuranozy

Nadany przez: Instytut Chemii Bioorganicznej PAN

Dyscyplina: nauki chemiczne

Data nadania: 26.02.2020 r.

Bartosz Walter

Tytuł ocenianego osiągnięcia: Code smells as early predictors of source code maintainability
Detection approaches, relationships and impact on selected code properties

Nadany przez: Politechnika Poznańska

Dyscyplina: informatyka techniczna i telekomunikacja

Data nadania: 29.09.2020 r.

Stopień naukowy doktora uzyskali:

Aleksandra Pawela

Tytuł rozprawy: Rola transporterów ABCG w dystrybucji kwasu abscysynowego u *Medicago truncatula*

Promotor: prof. dr hab. Michał Jasiński
Nadany przez: Instytut Chemii Bioorganicznej PAN
Dyscyplina: nauki biologiczne
Data obrony: 22.01.2020 r.
Data nadania: 26.02.2020 r.

Marta Rachwałak

Tytuł rozprawy: Poszukiwania nowych pochodnych 5'-difosforanów nukleozydów o potencjalnej aktywności anty-HIV. Badania chemiczne i biologiczne
Promotor: prof. dr hab. Jacek Stawiński
Promotor pomocniczy: dr Joanna Romanowska
Nadany przez: Instytut Chemii Bioorganicznej PAN
Dyscyplina: nauki chemiczne
Data obrony: 28.01.2020 r.
Data nadania: 26.02.2020 r.

Olga Utyro

Tytuł rozprawy: Hiperhomocysteinemia, Dynamika Telomerów, Markery Senescencji, BLMH, GLOD4 i Choroba Alzheimer: Badania na Ludziach i Modelach Mysich
Promotor: prof. dr hab. Hieronim Jakubowski
Nadany przez: Instytut Chemii Bioorganicznej PAN
Dyscyplina: nauki chemiczne
Data obrony: 17.06.2020 r.
Data nadania: 01.07.2020 r.

Tomasz Jakubowski

Tytuł rozprawy: Boranofosfoniany – właściwości i nowe drogi syntezy
Promotor: prof. dr hab. Jacek Stawiński
Promotor pomocniczy: dr Joanna Romanowska
Nadany przez: Instytut Chemii Bioorganicznej PAN
Dyscyplina: nauki chemiczne
Data obrony: 19.06.2020 r.
Data nadania: 01.07.2020 r.

Ireneusz Stolarek

Tytuł rozprawy: Historia biologiczna populacji ludzkich zamieszkujących obszar współczesnej Polski w pierwszych wiekach naszej ery – interdyscyplinarne badania archeogenomiczne
Promotor: prof. dr hab. Marek Figlerowicz
Nadany przez: Instytut Chemii Bioorganicznej PAN
Dyscyplina: nauki biologiczne
Data obrony: 26.06.2020 r.
Data nadania: 01.07.2020 r.

Anna Maria Mleczko

Tytuł rozprawy: Krótkie niekodujące RNA (tRF i sdRNA) asocjujące z rybosomami w *Saccharomyces cerevisiae* – geneza i funkcje regulatorowe w zróżnicowanych warunkach środowiskowych
Promotor: dr hab. Kamilla Bąkowska-Żywicka, prof. ICHB PAN
Nadany przez: Instytut Chemii Bioorganicznej PAN
Dyscyplina: nauki chemiczne
Data obrony: 29.06.2020 r.
Data nadania: 01.07.2020 r.

Maria Pokornowska

Tytuł rozprawy: Aktywność ludzkiej rybonukleazy Dicer wspierająca parowanie cząsteczek kwasów nukleinowych: odkrycie, charakterystyka biochemiczna i potencjalne znaczenie biologiczne

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

Nadany przez: Instytut Chemii Bioorganicznej PAN

Dyscyplina: nauki chemiczne

Data obrony: 30.06.2020 r.

Data nadania: 01.07.2020 r.

Jacek Wróblewski

Tytuł rozprawy: Zaburzenia sygnalizacji płciowej u myszy z deficytem syntazy β -cystationiny

Promotor: prof. dr hab. Hieronim Jakubowski

Nadany przez: Instytut Chemii Bioorganicznej PAN

Dyscyplina: nauki biologiczne

Data obrony: 07.07.2020 r.

Data nadania: 17.07.2020 r.

Tomasz Czapik

Tytuł rozprawy: Badanie struktury i funkcji biologicznych zdeterminowanych konformacyjnie kwasów nukleinowych

Promotor: prof. dr hab. Ryszard Kierzek

Nadany przez: Instytut Chemii Bioorganicznej PAN

Dyscyplina: nauki chemiczne

Data obrony: 09.07.2020 r.

Data nadania: 17.07.2020 r.

Adam Minkowski

Tytuł rozprawy: Wykorzystanie technologii informacyjno-komunikacyjnych w racjonalizacji opieki długoterminowej nad osobami starszymi na podstawie badań przeprowadzonych w województwie wielkopolskim w latach 2008–2018

Promotor: dr hab. med. Andrzej Wojtyła, prof. PWSZ

Nadany przez: Instytut Medycyny Wsi im. Witolda Chodźki w Lublinie

Dyscyplina: nauki o zdrowiu

Data obrony: 19.06.2020 r.

Data nadania: 31.07.2020 r.

Joanna Szpotkowska

Tytuł rozprawy: Region terminalny 5' mRNA p53 u myszy: struktura i funkcja

Promotor: prof. dr hab. Jerzy Ciesiołka

Nadany przez: Instytut Chemii Bioorganicznej PAN

Dyscyplina: nauki chemiczne

Data obrony: 23.09.2020 r.

Data nadania: 30.09.2020 r.

Justyna Gołębowska

Tytuł rozprawy: Nukleozydo Boranofosfoniany – Badania Mechanistyczne i Syntetyczne

Promotor: prof. dr hab. Jacek Stawiński

Promotor pomocniczy: dr Joanna Romanowska

Nadany przez: Instytut Chemii Bioorganicznej PAN

Dyscyplina: nauki chemiczne

Data obrony: 29.09.2020 r.

Data nadania: 30.09.2020 r.

Aleksandra Matkowska

Tytuł rozprawy: 4-*N*-podstawione pochodne 5-azacytozyny – synteza, struktura i właściwości chemiczne

Promotor: prof. dr hab. Wojciech T. Markiewicz

Promotor pomocniczy: dr Bartosz Marciniak

Nadany przez: Instytut Chemii Bioorganicznej PAN

Dyscyplina: nauki chemiczne

Data obrony: 01.10.2020 r.

Data nadania: 05.10.2020 r.

Kształcenie doktorantów

Środowiskowe Studium Doktoranckie działające przy ICHB PAN w 2020 roku liczyło **81** słuchaczy. Spośród nich w ICHB PAN doktoraty przygotowywało **65** osób, z których **15** miało otwarte przewody doktorskie.

Od 2019 roku w Instytucie działa **Poznańska Szkoła Doktorska Instytutów Polskiej Akademii Nauk**. Współtworzą ją następujące placówki PAN: Instytut Chemii Bioorganicznej, Instytut Dendrologii, Instytut Fizyki Molekularnej, Instytut Genetyki Człowieka i Instytut Genetyki Roślin, przy czym ICHB koordynuje działalność Szkoły. Kształcenie doktorantów prowadzone jest w dyscyplinach: nauki biologiczne, chemiczne, fizyczne, medyczne oraz rolnictwo i ogrodnictwo. Nadzór nad przebiegiem kształcenia sprawuje Rada Programowa PSD IPAN, w której skład wchodzi 11 koordynatorów dyscyplin naukowych oraz ich zastępców. Funkcję kierownika pełni prof. dr hab. Jerzy Boryski (ICHB PAN), a jego zastępcami są dr hab. Mariola Dutkiewicz (ICHB PAN) i prof. dr hab. Jadwiga Jaruzelska (IGCz PAN). W roku 2020 w wyniku otwartych konkursów o zasięgu międzynarodowym przyjęto **22** osoby. Obecnie PSD IPAN liczy **24** doktorantów, przy czym zdecydowaną większość stanowią kobiety (19). Najwięcej doktorantów kształci się w ICHB PAN – **15** osób. Wśród słuchaczy jest sześćoro cudzoziemców: z Albanii, Indii, Turcji, Ukrainy (2) oraz Wietnamu.

Uczestnicy innych form kształcenia

W 2020 roku 36 studentów z wyższych uczelni, zarówno polskich, jak i zagranicznych (głównie z Uniwersytetu im. Adama Mickiewicza w Poznaniu, Politechniki Poznańskiej, Instytutu Genetyki Człowieka PAN w Poznaniu), wykonywało w laboratoriach Instytutu prace magisterskie lub odbywało praktyki, staże albo zajęcia według indywidualnego toku studiów.

Wynalazki i znaki towarowe

W 2020 r. nie dokonano zgłoszeń wynalazków, ani też nie uzyskano żadnego patentu. Nie zgłoszono nowych znaków towarowych.

Działalność wydawnicza

Działalnością wydawniczą zajmuje się Ośrodek Wydawnictw Naukowych Instytutu Chemii Bioorganicznej PAN. W 2020 r. wydawał 2 czasopisma oraz opublikował cztery książki.

Czasopisma

Kwartalnik „**BioTechnologia**” wydawany jest przez Instytut Chemii Bioorganicznej PAN i Komitet Biotechnologii PAN. Redaktorem naczelnym czasopisma jest prof. dr hab. Marek Figlerowicz, a zastępcą redaktora naczelnego – dr Agata Tyczewska. Jak co roku wydano 4 numery, a ich łączny nakład wyniósł 920 egz. (4 numery). Opublikowano 31 artykułów, w tym 28 prac badawczych.

Poruszana tematyka obejmuje nie tylko obszary biotechnologii, ale również biologii obliczeniowej oraz bionanotechnologii. „BioTechnologia” wydawana jest w języku angielskim. Czasopismo znajduje się w Wykazie czasopism naukowych i recenzowanych materiałów z konferencji międzynarodowych oraz wydawnictw monografii naukowych MEiN i ma przyznane 20 pkt. Publikowane artykuły znajdują się w internecie na zasadzie Open Access na platformie Termedii.

„**Computational Methods in Science and Technology**”, to czasopismo (kwartalnik) wydawane przez OWN i PCSS. Redaktorami są prof. dr hab. Krzysztof Witold Wojciechowski, dr Maciej Stroiński i prof. dr hab. Jan Węglarz. Artykuły dotyczą metod obliczeniowych i technologii informatycznych. Są one dostępne bezpłatnie w Internecie na zasadzie *Open Access* pod adresem <http://cmst.eu/>.

Książki

Edward O. Wilson, *O pochodzeniu kreatywności*

E.O. Wilson, amerykański biolog i zoolog jest uznawany za jednego z twórców współczesnej socjobiologii – dyscypliny naukowej, starającej się wyjaśnić zachowania społeczne przez rozpatrywanie ich w kontekście doboru naturalnego.

ISBN 978-83-7712-017-0

Jędrzej Śniadecki, *Teoria jestestw organicznych. Tom I, tom II*. Reprint

J. Śniadecki (1768–1838) był jednym z najznakomitszych przedstawicieli polskiego Oświecenia – lekarz, chemik, biolog i filozof. „Teoryja jestestw organicznych”, najsławniejsze dzieło tego uczonego, zostało wydane jako reprint wspólnie z Polską Akademią Nauk, Polskim Towarzystwem Biochemicznym oraz z Instytutem Biologii Doświadczalnej im. Marcelego Nenckiego.

ISBN 978-83-7712-025-5

Steven J. Heine, *DNA to nie przeznaczenie. Niezwykły i zupełnie błędnie rozumiany związek między tobą a twoimi genami*.

Steven J. Heine – wybitny specjalista w dziedzinie psychologii kultury jest profesorem na Uniwersytecie Kolumbii Brytyjskiej w Kanadzie. Książka stawia m.in. pytania i próbuje odpowiedzieć, w jaki sposób kultura wytworzona przez człowieka wpływa na rozumienie jego własnej biologii.

ISBN 978-83-7712-033-0

Ben Barres, *Autobiografia transpłciowego naukowca*

Autobiografia transpłciowego naukowca B. Barresa (1954–2017) amerykańskiego neurobiologa z Uniwersytetu Stanforda. Jego badania koncentrowały się na interakcji między neuronami a komórkami glejowymi w układzie nerwowym.

ISBN 978-83-7712-029-3



Nagrody i wyróżnienia

Nagrody krajowe i zagraniczne przyznane za działalność naukową:

- Krzyż Komandorski Orderu Odrodzenia Polski – za wybitne zasługi w działalności organizacyjno-badawczej na rzecz zwalczania zagrożeń biologicznych dla prof. dr. hab. Marka Figlerowicza;
- Krzyż Oficerski Orderu Odrodzenia Polski – za wybitne zasługi dla rozwoju nauki polskiej dla prof. dr. hab. Marka Figlerowicza, prof. dr. hab. Jerzego Ciesiołki;
- Krzyż Kawalerski Orderu Odrodzenia Polski – za wybitne zasługi w działalności organizacyjno-badawczej na rzecz zwalczania zagrożeń biologicznych dla dr. hab. Marcina K. Chmielewskiego, prof. ICHB PAN, dr. hab. Macieja Figła, prof. ICHB PAN, dr. hab. Agnieszki Fiszer, prof. ICHB PAN, dr. Luízy Handschuh, dr. hab. Katarzyny Rolle, prof. ICHB PAN;
- Złoty Krzyż Zasługi – za zasługi w działalności naukowo-badawczej dla dr. Pawła Stróżyckiego;
- Srebrny Krzyż Zasługi – za zasługi w działalności naukowo-badawczej dla: dr. Agnieszki Belter, dr. Wandy Białej-Leonhard, dr. Adama Ciesiołki, mgr Joanny Delimata, dr. Grzegorza Figury, Hanny Glapiak, mgr. inż. Pawła Głodowicza, mgr Adrian Grabowskiej, mgr Małgorzaty Grabowskiej, mgr. Pawła Joachmiak, mgr. Elżbiety Kopińskiej, dr. Natalii Koralewskiej, mgr. Konrada Kuczyńskiego, mgr. Julii Latowskiej, dr. Elżbiety Lenartowicz, dr. Jolanty Lisowiec-Wąchnickiej, dr. Julii Misiorek, mgr. Mateusza Nowaczyka, mgr. inż. Rafała Nowaka, mgr. Cezarego Odrzygóźdźia, mgr. Marcina Osucha, mgr. Aleksandry Paweli, dr. Agnieszki Ruszkowskiej, mgr. inż. Anny Stasińskiej, mgr. Ireneusza Stolaraka, dr. Magdaleny Surdyki, mgr. Barbary Szutkowskiej, dr. Dariusza Wawrzyniaka, mgr. Żanety Zarębskiej, dr. Pawła Zmory;
- Brązowy Krzyż Zasługi – za zasługi w działalności naukowo-badawczej dla: mgr. Natalii Bartyś, dr. Lucyny Budźko, mgr. Kingi Ciechanowskiej, mgr. Magdaleny Dąbrowskiej, mgr. inż. Karoliny Hoffy-Sobiech, mgr. Eweliny Jesion, mgr. Żanety Kalinowskiej, mgr. Martyny Kordyś, dr. Piotra Machtela, mgr. inż. Klementyny Marciniak, dr. Anny Mleczko, mgr. Pawła Pawelczaka, Magdaleny Puszczyk, mgr. Pauli Sobieszczańskiej, mgr. inż. Agnieszki Szczepańskiej, dr. Pawła Śledzińskiego, mgr. inż. Karoliny Świtońskiej, mgr. Anny Wasilewskiej, dr. Pauliny Żydowicz-Machtel;
- Nagroda Ministra Nauki i Szkolnictwa Wyższego – za znaczące osiągnięcia w zakresie działalności naukowej dla prof. dr. hab. Marka Figlerowicza;
- Stypendium Ministra Nauki i Szkolnictwa Wyższego dla wybitnych młodych naukowców przyznane dr. Jackowi Ł. Kolanowskiemu i dr. hab. Maciejowi Antczakowi;
- Nagroda Prezesa Polskiej Akademii Nauk dla osobowości z najwybitniejszymi dokonaniem naukowymi w mijającym roku. Wyróżnienie za stworzenie szkoły naukowej w zakresie badań operacyjnych i ich zastosowań w informatyce przyznane prof. dr. hab. inż. Janowi Węglarzowi;
- Nagroda Kryształowej Brukselki (Wyróżnienie w kategorii Nauka – Instytuty Naukowe PAN) dla najaktywniejszych polskich uczestników w Programie Ramowym Horyzont 2020 (lata 2014–2020) przyznana przez Krajowy Punkt Kontaktowy Programów Badawczych UE Instytutowi Chemii Bioorganicznej PAN wraz z afiliowanym Poznańskim Centrum Superkomputerowo-Sieciowym;
- Nagroda w konkursie na najlepszą pracę badawczą, opublikowaną w 2018 r., której wiodącym autorem jest doktorant (VI edycja konkursu – 2019 r.) – przyznana przez Prezesa Polskiej Akademii Nauk na wniosek Prezydium Oddziału PAN w Poznaniu: dr. Magdalena Dąbrowska;
- Stypendium dla młodych badaczy poznańskiego środowiska naukowego – za wykorzystanie systemu CRISPR-Cas do opracowania potencjalnej terapii dla chorób poliglutaminowych - przyznane przez Kapitułę Nagrody Naukowej Miasta Poznania: dr. Magdalena Dąbrowska;
- Przyznanie tytułu Honorowego Przewodniczącego Komitetu Biotechnologii Polskiej Akademii Nauk prof. dr. hab. Tomaszowi Twardowskiemu;
- Nagroda Komitetu Biotechnologii PAN im. Profesora Wacława Szybalskiego – za najlepszą pracę eksperymentalną z dziedziny biotechnologii, wykonaną w polskim laboratorium przez

młodego pracownika naukowego i opublikowaną w roku 2018 (edycję konkursu – 2019 r.) w indeksowanym czasopiśmie krajowym lub zagranicznym (M. Dabrowska, K. Czubak, W. Juzwa, W.J. Krzyzosiak, M. Olejniczak, P. Kozłowski; *qEva-CRISPR: a method for quantitative evaluation of CRISPR/Cas-mediated genome editing in target and off-target sites; Nucleic Acids Research* 2018, 46, e101) dla dr Magdaleny Dąbrowskiej i dr. Karola Czubaka;

- Wyróżnienie w konkursie AgroBioTop – za dokonania z zakresu biotechnologii, wnoszące istotny wkład w rozwój rolnictwa i agrobiotechnologii dla dr. Miłosza Ruszkowskiego;
- Nagroda im. Profesora Kazimierza Bassalika – za najlepszą pracę mikrobiologiczną opublikowaną w 2019 r. (P. Bierwagen, K. Szpotkowski, M. Jaskolski, A. Urbanowicz, *Borrelia outer surface protein C is capable of human fibrinogen binding, FEBS Journal* 2019, 286, 2415-2428) przyznana dr Paulinie Bierwagen, dr. Kamilowi Szpotkowskiego, prof. dr. hab. Mariuszowi Jaskólski, dr Annie Urbanowicz;
- Nagroda – za wyjątkową aktywność podczas IV Konferencji Doktorantów PAN, przyznana przez Radę SD PAN (organizatora konferencji) dla Anastasiji Satyr;
- Medal of Honour za wyjątkowe zaangażowanie i wsparcie społeczności GÉANT oraz Konferencji TNC przyznany przez Fundację im. Karela Vietscha dla Bartłomieja Idzikowskiego (Dział Nowych Mediów PCSS);
- Umieszczenie na okładce czasopisma *Nucleic Acids Research* artykułu: An X-ray crystal structure reveals a continuous RNA triple helix formed by eleven canonical base triples – (publikacja: A. Ruszkowska, M. Ruszkowski, J.P. Hulewicz, Z. Dauter, J.A. Brown, *Molecular structure of a U•A-U-rich RNA triple helix with 11 consecutive base triples, Nucleic Acids Research* 2020, 48, 3304-3314) dr. Miłosza Ruszkowskiego, dr Agnieszki Ruszkowskiej i współautorów;
- Wybór na prezesa *Young Academies Science Advice Structure* (YASAS) dr. Jacka Ł. Kolanowskiego;
- Nagroda Rektora Politechniki Poznańskiej – za wybitne osiągnięcia dydaktyczne w roku akademickim 2018/2019 przyznana dr. hab. Maciejowi Antczakowi;
- Nagroda Wydziału IV Nauk Technicznych Polskiej Akademii Nauk – za wybitne osiągnięcia naukowe za cykl 11 artykułów pt. Efektywne algorytmy i metody dla wyzwań bioinformatyki strukturalnej przyznane dr. hab. Maciejowi Antczakowi;
- Nagroda Rektora Politechniki Poznańskiej – za osiągnięcia naukowe przyznane prof. dr. hab. Piotrowi Formanowiczowi;
- Wyróżnienie rozprawy doktorskiej przyznane przez Radę Naukową Instytutu Chemii Bioorganicznej PAN dla:
 - dr Aleksandry Paweli („Rola transporterów ABCG w dystrybucji kwasu abscysynowego u *Medicago truncatula*”)
 - dr Marty Rachwałak („Poszukiwania nowych pochodnych 5'-difosforanów nukleozydów o potencjalnej aktywności anty-HIV. Badania chemiczne i biologiczne”)
 - dr Olgi Utyro („Hiperhomocysteinemia, Dynamika Telomerów, Markery Senescencji, BLMH, GLOD4 i Choroba Alzheimer: Badania na Ludziach i Modelach Mysich”)
 - dr. Tomasza Jakubowskiego („Boranofosfoniany – właściwości i nowe drogi syntezy”)
 - dr. Ireneusza Stolarka („Historia biologiczna populacji ludzkich zamieszkujących obszar współczesnej Polski w pierwszych wiekach naszej ery – interdyscyplinarne badania archeogenomiczne”)
 - dr Anny Mleczko („Krótkie niekodujące RNA (tRF i sdRNA) asocjujące z rybosomami w *Saccharomyces cerevisiae*–geneza i funkcje regulatorowe w zróżnicowanych warunkach środowiskowych”)
 - dr Marii Pokornowskiej („Aktywność ludzkiej rybonukleazy Dicer wspierająca parowanie cząsteczek kwasów nukleinowych: odkrycie, charakterystyka biochemiczna i potencjalne znaczenie biologiczne”)

- dr. Jacka Wróblewskiego („Zaburzenia sygnalizacji płciowej u myszy z deficytem syntazy β -cystationiny”)
- dr. Tomasza Czapika („Badanie struktury i funkcji biologicznych zdeterminowanych konformacyjnie kwasów nukleinowych”)
- dr. Joanny Szpotkowskiej („Region terminalny 5' mRNA p53 u myszy: struktura i funkcja”)
- dr. Justyny Gołębiewskiej („Nukleozydo Boranofosfoniany – Badania Mechanistyczne i Syntetyczne”)
- dr. Aleksandry Matkowskiej („4-N-podstawione pochodne 5-azacytozyny – synteza, struktura i właściwości chemiczne”)
- Nagroda Dyrektora ICHB PAN
 - za najlepszą w roku 2019 pracę eksperymentalną w obszarze informatyki/bioinformatyki dla dr. hab. Macieja Antczaka, dr. Agnieszki Rybarczyk, prof. dr. hab. Jacka Błazewicza, prof. dr. hab. Marty Szachniuk (*RNAvista: a webserver to assess RNA secondary structures with non-canonical base pairs*)
 - za najlepszą w roku 2019 pracę eksperymentalną w obszarze chemii dla dr. Weroniki Kotkowiak, dr. hab. Anny Pasternak, prof. ICHB PAN (*Improved RE31 analogues containing modified nucleic acid monomers: thermodynamic, structural and biological effects*)
 - za najlepszą w roku 2019 pracę przeglądową dla mgr. Natalii Bartyś, prof. dr. hab. Ryszarda Kierzek, dr. Jolanty Lisowiec-Wąchnickiej (*The regulation properties of RNA secondary structure in alternative splicing*)
- Nagroda Dyrektora ICHB PAN
 - za najlepszą w roku 2019 rozprawę doktorską w obszarze chemii dla dr. Agnieszki Witkowskiej („Synteza i badania fizykochemiczne pochodnych 1,2-bis(pirydylo) etylenu jako potencjalnych termowrażliwych znaczników fluorescencyjnych”)
 - za najlepszą w roku 2019 rozprawę doktorską w obszarze biochemii/biologii dla dr. Julity Piaseckiej („Inhibicja namnażania wirusa grypy typu A z zastosowaniem strategii nacelowanych na RNA”)

Nagrody i wyróżnienia przyznane za praktyczne zastosowanie wyników B+R

- Nagroda Ministra Nauki i Szkolnictwa Wyższego – za znaczące osiągnięcia w zakresie działalności wdrożeniowej dla prof. dr. hab. Marka Figlerowicza, dr. hab. Marcina K. Chmielewskiego, prof. ICHB PAN, dr. hab. Macieja Figła, prof. ICHB PAN, dr. hab. Agnieszki Fiszer, dr. Luízy Handschuh, dr. hab. Katarzyny Rolle, prof. ICHB PAN;
- Nagroda Portrety Polskiej Medycyny 2020 w kategorii Wydarzenie Rynku Zdrowia, za które uznano stworzenie przez Instytut Chemii Bioorganicznej Polskiej Akademii Nauk w Poznaniu pierwszego polskiego testu genetycznego do wykrywania koronawirusa (metodą real-time RT-PCR);
- 1 miejsce dla Instytutu Chemii Bioorganicznej PAN w konkursie Polskiego Radia „Lubię, bo polskie” w kategorii „Polski produkt innowacyjny 2020” za Test MediPAN COVID SARS – CoV-2;
- Nagroda Fundacji Instytut Rozwoju Regionalnego: Inkubator Innowacji Społecznych WINS w konkursie „Samorząd Równych Szans” na najlepsze projekty na rzecz osób z niepełnościami, które realizowane są przez polskie samorządy, w kategorii „Powiat ziemski/województwo”, dla projektu realizowanego przez Regionalny Ośrodek Polityki Społecznej w Poznaniu, Samorząd Województwa Wielkopolskiego, Miasto Poznań oraz PCSS-ICHB PAN.

Organizacja seminariów i konferencji naukowych

Instytutowe Seminaria Naukowe

Organizacja i prowadzenie: prof. dr. hab. Jerzy Boryski (program w załączeniu, s. 186–187).

Poznański Salon RNA

Spotkania dyskusyjne poświęcone naukom o życiu, organizowane cyklicznie od lutego do grudnia 2020 r. w ICHB PAN (6 spotkań), organizacja i prowadzenie: dr hab. Zbigniew Warkocki, prof. ICHB (program dostępny na stronie : <https://portal.ichb.pl/rna-salon-poznan> oraz w załączeniu, s. 188).

2020 International Conference on Biotechnology and Bioengineering – 10th ICBB

16-18.12.2020 r., konferencja międzynarodowa (online), organizatorzy: Instytut Chemii Bioorganicznej PAN, Asia-Pacific Association of Science, Engineering and Technology, Chinese Journal of Biologicals, ok. 50 uczestników, 14 referatów (program w załączeniu, s. 189–190).

Najważniejsze osiągnięcia

Odkrycie nowych struktur i właściwości kwadrupleksów RNA i DNA

W. ANDRAŁOJC, K. PASTERNAK, J. SARZYŃSKA, K. ZIELIŃSKA, R. KIERZEK, Z. GDANIEC, D. GUDANIS, D. BARANOWSKI, M. SZACHNIUK I M. POPENDA

Kwadrupleksy pełnią kluczową rolę w wielu ważnych procesach biologicznych. Struktury kwadrupleksów są bardziej różnorodne niż to pierwotnie zakładano. Przedmiotem badań było poznanie czynników wpływających na ich cechy strukturalne oraz zrozumienie zależności pomiędzy strukturą a stabilnością kwadrupleksów. Przeprowadzono również analizę struktur 3D RNA i DNA zawierających kwadrupleksy pod kątem ich klasyfikacji, opracowano nową systematykę.

Zaproponowano ponadto strategię hamowania translacji opartą na kontrolowanym tworzeniu struktur typu dupleks-kwadrupleks, co zostało przetestowane dla mRNA kodującego białko receptora naskórkowego czynnika wzrostu (EGFR). Ma to potencjalnie duże znaczenie w terapii przeciwnowotworowej, gdyż mutacje i nadekspresja białka EGFR często występują w wielu typach raka, takich jak np. rak płuc, jajnika i żołądka.

Publikacje:

1. **Topology-based classification of tetrads and quadruplex structures**
BIOINFORMATICS 2020, 36, 1129-1134;
2. **Formation of an RNA Quadruplex-Duplex Hybrid in Living Cells between mRNA of the Epidermal Growth Factor Receptor (EGFR) and a G-Rich Antisense Oligoribonucleotide**
CELLS 2020, 9, 2375;
3. **The origin of the high stability of 3'-terminal uridine tetrads: contributions of hydrogen bonding, stacking interactions, and steric factors evaluated using modified oligonucleotide analogs**
RNA 2020, 26, 2000–2016;
4. **ElTetrado: a tool for identification and classification of tetrads and quadruplexes**
BMC BIOINFORMATICS 2020, 21, 40.

Współpraca: Centrum Badań Molekularnych i Makromolekularnych PAN

Finansowanie: subwencja MNiSW; projekt NCN MINIATURA nr 2017/01/X/ST5/00589

(kierownik projektu: D. Gudanis)

Odkrycia związane z B-modyfikowanymi boranofosfonianami jako analogami nukleotydowymi drugiej generacji

J. GOŁĘBIEWSKA I J. STAWIŃSKI

Analogi nukleotydowe drugiej generacji to pochodne zawierające dodatkowe modyfikacje na heteroatomie połączonym z centrum fosforowym. W ten sposób można modulować właściwości

chemiczne i biologiczne związków fosforu jako potencjalnych terapeutów lub diagnostyków medycznych.

Celem prowadzonych badań było poznanie reaktywności grupy boranowej boranofosfonianów jako miejsca wprowadzania dodatkowych modyfikacji w formie różnych heteroaromatycznych i 3° amin. Na podstawie badań syntetycznych i mechanistycznych określono główne drogi reakcyjne boranofosfonianów z aminami w warunkach utleniających oraz otrzymano nowe, nieznane dotąd pochodne boranofosfonianów.

Publikacja:

Reaction of Boranephosphonate Diesters with Pyridines or Tertiary Amines in the Presence of Iodine: Synthetic and Mechanistic Studies
JOURNAL OF ORGANIC CHEMISTRY 2020, 85, 4312-4323

Finansowanie: Subwencja MNiSW; projekt NCN PRELUDIUM nr 2018/31/N/STP/03589 (kierownik projektu: J. Gołębiewska).

Odkrycie nowych obszarów aktywności ludzkiej rybonukleazy Dicer: aktywność wspierająca parowanie cząsteczek kwasów nukleinowych oraz aktywność DNazowa

M. POKORNOWSKA, M. WOJNICKA, A. SZCZEPAŃSKA, K. CIECHANOWSKA, M. MILEWSKI, M. FIGLEROWICZ, A. KURZYŃSKA-KOKORNIAK

W ramach prowadzonych badań zidentyfikowano nieznane dotychczas aktywności ludzkiej rybonukleazy Dicer (hDicer): (i) aktywność wspierającą parowanie cząsteczek kwasów nukleinowych oraz (ii) aktywność DNazową. W pierwszym przypadku, wykazano, że hDicer wspiera hybridyzację krótkich RNA do komplementarnych miejsc docelowych w obrębie długich RNA (np. mRNA), nawet jeśli krótkie RNA obecne są w dupleksach typu mikroRNA, a miejsca docelowe znajdują się w obrębie stabilnych struktur przyjmowanych przez dłuższe cząsteczki RNA. W drugim przypadku, badania koncentrujące się na skróconych wariantach hDicer ujawniły, iż hDicer pozbawiona domeny PAZ wykazuje aktywność DNazową wobec jednoniciowych DNA; takiej aktywności nie prezentuje natomiast hDicer typu dzikiego.

Publikacje:

- 1. The RNA-RNA base pairing potential of human Dicer and Ago2 proteins**
CELLULAR AND MOLECULAR LIFE SCIENCES 2020, 77, 3231-3244
- 2. Unknown Areas of Activity of Human Ribonuclease Dicer: A Putative Deoxyribonuclease Activity**
MOLECULES 2020, 25, 1414

Finansowanie: Subwencja MNiSW; projekt NCN SONATA BIS nr 2016/22/E/NZ1/00422 (kierownik projektu: A. Kurzyńska-Kokorniak).

Stworzenie fundamentów umożliwiających rozwój oraz praktyczne zastosowanie medycyny interceptywnej

MAREK FIGLEROWICZ, PAULINA JACKOWIAK, NATALIA KORALEWSKA

Wraz z przedstawicielami 16 innych wiodących europejskich jednostek naukowych tworzących Konsorcjum LifeTime, opracowano szczegółową strategię rozwoju badań biomedycznych i wdrożenia nowego standardu opieki zdrowotnej w Europie. Głównym celem przedstawionej strategii jest wykorzystanie w praktyce medycznej najnowszych odkryć naukowych i technologicznych umożliwiających badanie pojedynczych komórek: (masowe równoległe analizy multi-omiczne, bioobrazowanie oraz sztuczna inteligencja). Proponowane działania mają doprowadzić do stworzenia w Europie nowego typu medycyny zapobiegawczej (ang. interceptive medicine) skupionej na identyfikacji niepożądanych zmian zachodzących w pojedynczych komórkach. Początkowo

zmiany te jedynie zwiastują możliwość rozwoju choroby, jeśli jednak nie zostaną skorygowane, prowadzą do utrwalenia zaburzeń wpływających na funkcjonowanie całego organizmu.

Koordynatorami inicjatywy LifeTime są: Max-Delbrück-Centrum für Molekulare Medizin In Der Helmholtz-Gemeinschaft, Niemcy oraz Institut Curie, Francja, a jedynym przedstawicielem Polski – ICHB PAN. Lista pozostałych 14 partnerów: Institut Fuer Molekulare Biotechnologie GMBH, Austria; Centre National De La Recherche Scientifique CNRS, Francja; VIB VZW, Belgia; Friedrich Miescher Institute For Biomedical Research Fondation, Szwajcaria; Aarhus Universitet, Dania; European Molecular Biology Laboratory, Niemcy; Fundació Centre de Regulació Genòmica, Hiszpania; Idryma Iatroviologikon Ereunon Akademias Athinon, Grecja; Weizmann Institute Of Science, Izrael; Università Degli Studi Di Milano, Włochy; Koninklijke Nederlandse Akademie Van Wetenschappen – KNAW, Holandia; Universitatea De Medicina Si Farmacie Iuliu Hatieganu Cluj-Napoca, Rumunia; Karolinska Institutet, Szwecja, The Babraham Institute, Wielka Brytania

Publikacja:

LifeTime and improving European Healthcare through cell-based interceptive medicine
NATURE 2020, 587, 377–386

Finansowanie: 2020-FETFLAG-2018-2020/H2020-FETFLAG-2018-01, grant nr 820431
(koordynator projektu: Max Delbrück Center for Molecular Medicine in the Helmholtz Association)

Stworzenie mapy opisującej polimorfizm liczby kopii DNA w genomie *Arabidopsis thaliana* oraz zbadanie wpływu tego zjawiska na zmienność dawki genów kodujących białka w ujęciu populacyjnym

AGNIESZKA ŻMIEŃKO, MAŁGORZATA MARSZAŁEK-ZEŃCZAK, PAWEŁ WOJCIECHOWSKI,
ANNA SAMELAK-CZAJKA, MAGDALENA ŁUCZAK, PIOTR KOZŁOWSKI, MAREK FIGLEROWICZ

Wykorzystując dane z całogenomowego sekwencjonowania ponad 1000 ekotypów *Arabidopsis thaliana* stworzono pierwszy kompleksowy katalog opisujący polimorfizm liczby kopii DNA w genomie tej rośliny. Obejmuje on 70 tys. dużych indeli i 19 tys. wariantów CNV. Dla każdego z badanych ekotypów określono zmienność liczby kopii wszystkich genów kodujących białka, a wyniki udostępniono poprzez specjalnie zaprojektowaną stronę internetową: <http://athcnv.ibch.poznan.pl/>. Analiza uzyskanych danych pozwoliła ponadto wykryć nieudokumentowane wcześniej zależności pomiędzy polimorfizmem kopii DNA, a wzajemnym rozkładem w genomie genów kodujących białka oraz elementów mobilnych (tzw. transpozonów). Pokazano również związek pomiędzy polimorfizmem liczby kopii genów, a zmiennością na poziomie fenotypu, w odniesieniu do cech związanych z odpowiedzią na stres biotyczny.

Jednostki współpracujące: Instytut Informatyki, Wydział Informatyki i Telekomunikacji, Politechnika Poznańska

Instytut Biologii Molekularnej i Biotechnologii, Wydział Biologii, Uniwersytet im. A. Mickiewicza

Publikacja:

AthCNV: A map of DNA copy number variations in the *Arabidopsis* genome
PLANT CELL 2020, 32, 1797–1819

Finansowanie: NCN OPUS 2014/13/B/NZ2/03837
(kierownik projektu: prof. dr hab. Marek Figlerowicz),
NCN Miniatura 2017/01/X/NZ2/00144
(kierownik projektu: dr Agnieszka Żmieńko),
NCN SONATA 2017/26/D/NZ2/01079
(kierownik projektu: dr Agnieszka Żmieńko).

Pozostałe ważne wyniki

Ustalanie poziomu akceptacji różnych zastosowań biotechnologii i żywności genetycznie zmodyfikowanej

T. TWARDOWSKI, E. WOŹNIAK, A. TYCZEWSKA

W wyniku przeprowadzonej analizy ustalono, iż poziom akceptacji różnych zastosowań biotechnologii i żywności genetycznie zmodyfikowanej (GM) nie zmienił się znacząco w ciągu ostatnich 20 lat w Europie. W społeczeństwie europejskim bardziej akceptowane są zastosowania roślin GM w medycynie niż uprawy i żywność GM, które uznaje się za umiarkowanie przydatne i ryzykowne. Wyniki opublikowano w *Trends in Biotechnology*.

Odkrycie nowej postaci charakterystyki Eulera

B. NASKRĘCKI, Z. DAUTER, M. JASKÓLSKI

Odkryto nową postać charakterystyki Eulera dla wielościanów wypełniających symetrycznie przestrzeń oraz podano dowód matematyczny tego twierdzenia. Wyniki opublikowano w *Acta Crystallographica A- Foundations and Advances*.

Utworzenie serwera ze strukturami koronawirusa SARS-CoV-2

A. WŁODAWER, Z. DAUTER, I. SHABALIN, M. GILSKI, D. BRZEZIŃSKI, M. KOWIEL, W. MINOR, B. RUPP, M. JASKÓLSKI

Utworzono serwer pod adresem <https://covid-19.bioreproducibility.org/>, zawierający dokładnie sprawdzone i zwalidowane struktury makromolekularne koronawirusa SARS-CoV-2. Serwer uaktualniany jest na bieżąco. W grudniu 2020 r. zawierał ok. 1000 struktur. Wyniki opublikowano w *FEBS Journal* oraz *Protein Science*.

Przeprowadzenie kompleksowej analizy zastosowania dostępnych zasobów bioinformatycznych w badaniach kwadrupleksów RNA

J. MIŚKIEWICZ, J. SARZYŃSKA, M. SZACHNIUK

Przeprowadzono kompleksową analizę porównawczą wszystkich istniejących narzędzi oraz zasobów bioinformatycznych dostępnych online (35 zasobów), mających zastosowanie w badaniach właściwości kwadrupleksów RNA. Wyniki analizy opublikowano w *Briefings in Bioinformatics*.

Wykazanie, że komórki nowotworowe ulegają starzeniu komórkowemu

P.M. PERRIGUE, M. RAKOCZY, K.P. PAWLICKA, A. BELTER, M. GIEL-PIETRASZUK, M.Z. NASKRĘT-BARCISZEWSKA, J. BARCISZEWSKI, M. FIGLEROWICZ

W ramach badań pokazano, że starzeniu komórkowemu ulegają nie tylko komórki prawidłowe, ale również komórki nowotworowe. Dzieje się tak na przykład pod wpływem chemoterapeutyków. Wykazano, że proces ten może być indukowany w trakcie terapii przeciwnowotworowej przyczyniając się do zwiększenia jej skuteczności. Pokazano również, że proces ten może być odwracalny, tj. starzejące się komórki mogą przekształcić się w rakowe komórki macierzyste, co z kolei może skutkować nawrotem choroby. Wyniki opublikowano w *Cancers*.

Wyjaśnienie wpływu stresu chłodu na produktywność dwóch odmian soi

A. TYCZEWSKA, J. GRACZ-BERNACIAK, J. SZYMKOWIAK, J. NAWRACAŁA, T. TWARDOWSKI

W celu określenia wpływu ograniczeń środowiskowych (chłodu) na produktywność nasion soi przeprowadzono fenotypowanie i analizę ilościową miRNA w czterech odmianach soi. Wykazano, że odmiany Augusta i Fiskeby V różnie reagowały na niskie temperatury. Chociaż chłód wpłynął

na rozwój reprodukcyjny obu odmian, ostateczna produkcja nasion pozostała niezmienną. Różnicową ekspresję miR169, miR319, miR397 i miR398 w warunkach stresu zimna wykryto za pomocą ddPCR. Po przyłożeniu stresu na reprodukcyjnym etapie wzrostu roślin stwierdzono, że te miRNA miały kontrastujące profile ekspresji u Augusta i Fiskeby V. Stwierdzono występowanie ujemnej korelacji między ekspresją miR169, miR319 i miR398, a docelowymi miRNA w korzeniach obu odmian. Wyniki opublikowano w *Journal of Agronomy and Crop Science*.

Identyfikacja i charakterystyka mutacji somatycznych w genach mikroRNA w skali pan-cancer

M. URBANEK-TRZECIAK, P. GAŁKA-MARCINIAK, P. NAWROCKA, E. KOWAL, S. SZWEC, M. GIEFING, P. KOZŁOWSKI

Z wykorzystaniem danych pochodzących z dużych projektów sekwencjonowania genomów obejmujących w ponad 13 tys. próbek, pochodzących z różnych typów nowotworów, przeprowadzono pierwszą kompleksową analizę mutacji somatycznych w genach miRNA w nowotworach. Jej wynikiem było zidentyfikowanie ponad 10 tys. mutacji somatycznych w genach miRNA, zidentyfikowanie dziesiątek powtarzalnie mutowanych genów miRNA wraz z mutacjami typu „hotspot” w ponad 30% badanych próbkach nowotworowych oraz wykazanie, że występowanie niektórych mutacji koreluje z ekspresją miRNA, stopniem zaawansowania raka i przeżyciem pacjentów. Wyniki opublikowano w *EBioMedicine*.

siRNA i modyfikowane siRNA inhibujące namnażanie wirusa grypy. Wpływ modyfikacji siRNA na ich aktywność inhibitorową

J. PIASECKA, E. LENARTOWICZ, M. SOSZYŃSKA-JÓŹWIAK, B. SZUTKOWSKA, R. KIERZEK, E. KIERZEK

Zaprojektowano szereg siRNA na podstawie struktury drugorzędowej (+)RNA5 określonej w oparciu o dane eksperymentalne oraz wyniki analiz bioinformatycznych. siRNA nakierowane zostały na wybrane konserwatywne motywy strukturalne mRNA5 wirusa grypy A/California/04/2009, dla których przewidywana jest funkcjonalna rola w cyklu replikacyjnym. Zaprojektowane dupleksy spełniały kryteria sekwencyjne dla efektywnie interferujących cząsteczek w somatycznych komórkach ssaczych. Z badanej grupy 9 z 12 siRNA wykazało aktywność przeciw-wirusową. siRNA o największym potencjale inhibitorowym powodowały obniżenie miana wirusa grypy o około 85% (w teście IFA 90%). Działanie inhibitorowe było zależne od stężenia siRNA, a maksymalny efekt osiągnięto stosując bardzo niskie stężenie 8 nM. Stwierdzono, że siRNA nie wywołują efektu cytotoksycznego. W systematycznych badaniach określono wpływ różnych modyfikacji siRNA (2'F, 2'OMe, PS, DNA) na ich aktywność inhibitorową. Badania opublikowano w *Molecular Therapy – Nucleic Acids*.

Otrzymanie nowych izogenicznych modeli choroby Huntingtona z wykorzystaniem technologii CRISPR-Cas9

M. DĄBROWSKA, A. CIOŁAK, E. KOZŁOWSKA, A. FISZER, M. OLEJNICZAK

W ramach badań została wygenerowana seria homozygotycznych linii komórkowych HEK293T zawierających 41, 53 oraz 84 powtórzenia CAG w genie HTT. Scharakteryzowano je poprzez analizę transkryptu i białka HTT. Wykazano ich przydatność do testowania cząsteczek terapeutycznych oraz powstawania skróconych transkryptów HTT, co jest cechą charakterystyczną dla wielu modeli HD. Ponadto, stosując system CRISPR-Cas9, skorygowano mutację w genie HTT w komórkach iPSC, pochodzących od pacjenta i wyciszono gen HTT, zapewniając w ten sposób kompleksowy zestaw izogenicznych linii komórkowych HD do badania patogenezy HD. Wyniki opublikowano w *International Journal of Molecular Sciences*.

Ustalenie roli monooksygenazy CYP71A12 i kinazy BAK1 w odporności *Arabidopsis* na *Alternaria brassicicola*

A. KOSAKA, M. PASTORCZYK, M. PIŚLEWSKA-BEDNAREK, T. NISHIUCHI, E. ONO, H. SUEMOTO, A. ISHIKAWA, H. FRERIGMANN, M. KAITO, K. MISE, P. BEDNAREK, Y. TAKANO

Wykazano rolę monooksygenazy CYP71A12 i pochodnych kwasu indolilo-3-karboksylowego w kontroli rozprzestrzeniania się nekrotroficznego patogenu grzybowego *Alternaria brassicicola* po jego inwazji do tkanki rośliny modelowej *Arabidopsis thaliana*. Wykazano też, że podobną rolę w odporności na ten patogen pełni kinaza BAK1, która jest ko-receptorem wielu wzorców molekularnych związanych z patogenem. Uzyskane wyniki wykazały jednak, że pomimo podobnej funkcji BAK1 i CYP71A12 są związane z niezależnymi molekularnymi mechanizmami odporności na infekcję. Wyniki opublikowano w *Scientific Reports*.

Ustalenie struktury krystalograficznej chitynazy Chi40 z termofila *Streptomyces thermoviolaceus*

K. BINIEK-ANTOSIAK, M. BEJGER, W. RYPNIEWSKI

Przeprowadzono ostateczną analizę i opublikowano strukturę krystalograficzną chitynazy Chi40 z termofila *Streptomyces thermoviolaceus*. Otrzymano, oczyszczono, wykrystalizowano, wykonano pomiary krystalograficzne i rozwiązano strukturę glukozaminidazy z hipertermofilnego organizmu. Dane krystalograficzne mają rozdzielczość 2.1 Å, jakość gęstości elektronowej jest wysoka. Model strukturalny jest udokładniany. Struktura będzie punktem odniesienia do badań oddziaływania tego enzymu z ligandami, do porównań z pokrewnymi strukturami, do badań enzymatycznych i termodynamicznych zmierzających do scharakteryzowania enzymu pod kątem specyficzności substratowej, wydajności enzymatycznej i stabilności termodynamicznej. Wyniki opublikowano w *International Journal of Molecular Sciences*.

Zbadanie mechanizmu działania sztucznych miRNA, potencjalnych cząsteczek terapeutycznych dla chorób poliglutaminowych

A. CIESIOŁKA, A. STROYNOWSKA-CZERWIŃSKA, P. JOACHIMIAK, A. CIOŁAK, E. KOZŁOWSKA, M. MICHALAK, M. DĄBROWSKA, M. OLEJNICZAK, K. RACZYŃSKA, D. ZIELIŃSKA, M. WOŹNA-WYSOCKA, W. KRZYŻOSIAK, A. FISZER

Szczegółowo zbadano selektywny mechanizm wyciszania genów odpowiedzialnych za choroby poliglutaminowe przez nietypowe cząsteczki miRNA (art-miRNA). Są one atrakcyjnym narzędziem w podejściu terapeutycznym dla tych chorób, ponieważ allelo-selektywnie obniżają poziom zmutowanych białek. Wykazano, że ich działanie w ramach kompleksu RISC prowadzi do szybkiej deadenytacji celowanego transkryptu i zahamowania jego translacji. Ponadto pokazano, że na efektywność i selektywność wyciszania ma wpływ lokalizacja ciągu powtórzeń CAG w transkrypcie i specyficzny kontekst tej sekwencji. Określono także, że aktywność białka AGO2 była zbędna w analizowanym procesie wyciszania. Wykazano wysoką selektywność działania art-miRNA w obniżeniu zmutowanej huntingtyny w ludzkich progenitorach neuronalnych HD. Wyniki opublikowano w *Cellular and Molecular Life Sciences*.

Zbadanie RAN translacji zachodzącej na wydłużonych ciągach powtórzeń CAG w kontekście choroby SCA3

M. JAZUREK-CIESIOŁKA, A. CIESIOŁKA, A. KOMUR, M. URBANEK-TRZECIAK, W. KRZYŻOSIAK, A. FISZER

Analizowano niekanoniczną translację (tzw. RAN translację) zachodzącą na patologicznie wydłużonych ciągach powtórzeń CAG w genie ATXN3 odpowiedzialnym za SCA3. W liniach komórkowych, do których transfekowano odpowiednie konstrukty, wykazano obecność białka poliglutaminowego i polialaninowego tylko w przypadku powtórzeń CAG o długości patogennej. Obecność tych białek indukowała apoptozę i miała wpływ na pogorszenie integralności jądra komórkowego. Dodatkowo pokazano, że sekwencje ATXN3, otaczające region powtórzeń, mają wpływ

na inicjację i wydajność RAN translacji. Odkrycia sugerują, że kontekst sekwencji ATXN3 odgrywa ważną rolę w inicjowaniu RAN translacji w SCA3, i że powstające białka mogą powodować toksyczność komórkową, tak więc zjawisko to może mieć znaczenie w patogenezie SCA3. Wyniki opublikowano w *Journal of Molecular Biology*.

Opracowanie modelu oddziaływań pomiędzy białkami p53 i hnRNP K

A. ŚWIĄTKOWSKA, M. DUTKIEWICZ, P. MACHTEL, D. JANECKI, M. KABACIŃSKA, P. ŻYDOWICZ-MACHTEL, J. CIESIOŁKA

Zaproponowano rozbudowany model oddziaływań pomiędzy białkami p53 i hnRNP K. Już wcześniej wykazano, że p53 stymuluje ekspresję hnRNP K na poziomie transkrypcji, a obydwie białka działają jako partnerzy, aktywując geny odpowiedzi komórkowej na stres. Badania pokazały, że p53 i hnRNP K nie tylko współdziałają razem, ale również wpływają wzajemnie na swoją ekspresję na poziomie transkrypcji. Dodatkowo hnRNP K może stymulować syntezę p53 poprzez oddziaływanie z regionem terminalnym 5' mRNA p53 w określonych warunkach komórkowych. Bezpośrednia, wzajemna regulacja p53 i hnRNP K pozwala wnioskować o istotnej roli jaką białka te pełnią w odpowiedzi komórki na warunki stresowe. Wyniki opublikowano w *RNA Biology*.

Zidentyfikowanie nowych elementów strukturalnych w genomowym RNA wirusa Cocksackie B3

M. DUTKIEWICZ, J. KUCZYŃSKI, M. JARZĄB, A. STACHOWIAK, A. ŚWIĄTKOWSKA

Zidentyfikowano szereg nowych elementów strukturalnych w genomowym RNA wirusa Cocksackie B3 (CVB3). W tym celu wykorzystano procedury eksperymentalne oraz przewidywania komputerowe. Analiza filogenetyczna wykazała, że niektóre z nowo odkrytych motywów RNA są zakonserwowane nie tylko w obrębie dwudziestu genomów CVB3, ale także wśród innych rodzajów enterowirusów. Podejście oparte na chromatografii RNA, w połączeniu z analizą spektrometrii mas, ujawniło kilka ciekawych interakcji z białkami komórkowymi. Zaobserwowano również, że region końcowy 3' genomu wirusa ma tendencję do dimeryzacji zależnie od stężenia jonów magnezu oraz jest podatny na trawienie RNazą L. Procesy te mogą odgrywać ważną funkcję w cyklu życiowym wirusa CVB3 i innych enterowirusów lub w odpowiedzi przeciwwirusowej zakażonego organizmu. Wyniki opublikowano w *Viruses*.

Odkrycie udziału rybozydu kinetyn w zjawisku Crabtree i jego rola jako potencjalnego mitotoksykantu

M. ORLICKA-PŁOCKA, D. GURDA-WOŹNA, A. FEDORUK-WYSZOMIRSKA, E. WYSZKO

Odkryto, że rybozyd kinetyny w komórkach nowotworowych działa bezpośrednio na mitochondria, powodując stres energetyczny, prowadząc w konsekwencji do śmierci na drodze apoptozy. Wyniki opublikowano w *Apoptosis*.

Opisanie nowego epigenetycznego mechanizmu działania temozolomidu w leczeniu nowotworów glejowych mózgu

A. BELTER, J. BARCISZEWSKI, A.M. BARCISZEWSKA

Temozolomid (TMZ) jest lekiem z wyboru w leczeniu glejaka wielopostaciowego. Zauważono, że znaczna liczba nawrotów wykazuje oporność na ten lek. Oceniono wpływ TMZ na poziom markerów epigenetycznych (m5C oraz 8-oxo-G) w DNA komórek nowotworów glejowych. W zakresie osiągniętych terapeutycznie stężeń temozolomidu zaobserwowano całkowitą hipometylację DNA. Dłuższy czas ekspozycji sprzyjał hipometylacji DNA. Wielokrotne podawanie TMZ powoduje wzrost zawartości 5-metylocytozyny w DNA traktowanych komórek. Skutkiem tego jest wyciszenie genów, co może tłumaczyć wyższą przeżywalność pacjentów poddanych terapii z użyciem TMZ. Wyniki opublikowano w *PLoS ONE*.

Określenie ryzyka raka piersi i raka jajnika związanego z obecnością mutacji w *BARD1*

M. SUSZYŃSKA, P. KOZŁOWSKI

Wykorzystując proces metaanalizy 123 prac, łączącej wyniki od ponad 48,7 tys. pacjentów z rakiem piersi i ok. 20,8 tys. pacjentów z rakiem jajnika, opracowano katalog patogenicznych mutacji w *BARD1*, zidentyfikowanych u pacjentów z nowotworem piersi i rakiem jajnika oraz określono wpływ tych mutacji (łącznie oraz indywidualnie dla najczęstszych mutacji) na ryzyko wystąpienia nowotworów raka piersi oraz raka jajnika. Analiza wykazała, że *BARD1* jest genem umiarkowanego ryzyka raka piersi (OR = 2,90, 95% CI: 2,25-3,75, $p < 0,0001$), ale nie jest genem ryzyka raka jajnika (OR = 1,36, 95% CI: 0,87-2,11; $p = 0,1733$). Wyniki opublikowano w *Genes*.

Rozwiązanie największej struktury modulowanej kryształu białkowego

J. ŚMIETAŃSKA, J. ŚLIWIAK, M. GILSKI, Z. DAUTER, R. STRZAŁKA, J. WOLNY, M. JASKÓLSKI

Rozwiązano i udokładniono największą znaną strukturę modulowaną kryształu białkowego. W części asymetrycznej komórki elementarnej w grupie C2 znajduje się 36 kopii białka Hyp-1 (izoforma PR-10 z *H. perforatum*) w kompleksie ze 116 cząsteczkami znacznika fluorescencyjnego ANS. Wyniki opublikowano w *Acta Crystallographica Section D-Structural Biology*.

Opracowanie nowej „zielonej” metody bezpośredniej syntezy amidów z wykorzystaniem promieniowania mikrofalowego

A. ZARECKI, J.Ł. KOLANOWSKI, W.T. MARKIEWICZ

W ramach prowadzonych badań udoskonalono metodę syntezy amidów przy wykorzystaniu promieniowania mikrofalowego. W szczególności opracowano protokół bezpośredniej syntezy amidów z amin i kwasów karboksylowych bez udziału dodatkowych czynników sprzęgających. Zademonstrowano także jego przydatność na szerokiej grupie amin (m. in. alkilowych, arylowych, czy też diamin) z szeregiem podstawników (tak elektronodonorowymi, jak i elektronoakceptorowymi) i trzech modelowo wybranych kwasach karboksylowych (benzylowym, alkilowym i floretowym, jako przykładem cząsteczki bioaktywnej). Wyniki zostały opublikowane w *Molecules*.

Odkrycie zgodności większości aspektów metod artroskopii kolana stosowanych w Polsce

P. BĄKOWSKI, K. BĄKOWSKA-ŻYWICKA, T. PIONTEK

Obecnie dostępnych jest wiele metod artroskopowych naprawy łąkotki. Celem pracy było ustalenie konsensusu w leczeniu łąkotki w środowisku polskich ortopedów. Najważniejszym odkryciem tego badania była zgodność prawie wszystkich aspektów metody artroskopii kolana: znieczulenia regionalnego do artroskopii kolana, braku konieczności stosowania ortezy kolana i leków do kolana, stosowania niskocząsteczkowej heparyny w profilaktyce przeciwzakrzepowej, 1-2-dniowej hospitalizacji, rekomendowania rehabilitacji i stosowania magnetycznego rezonansu w diagnostyce uszkodzenia łąkotki. Stosowanie zaawansowanych metod leczenia łąkotki skorelowano z doświadczeniem chirurgów. Wyniki opublikowano w *BMC Musculoskeletal Disorders*.

Opracowanie protokołu efektywności leczenia choroby zwyrodnieniowej stawu kolanowego

P. BĄKOWSKI, J. KASZYŃSKI, J. WAŁECKA, K. CIEMNIEWSKA-GORZELA, K. BĄKOWSKA-ŻYWICKA, T. PIONTEK

Celem pracy było opracowanie protokołu oceny zmian funkcjonalnych i klinicznych wśród chorych z objawową chorobą zwyrodnieniową stawu kolanowego leczonych dostawowymi wstrzyknięciami autologicznej tkanki tłuszczowej lub osocza bogatopłytkowego. Przewidziano pięciokrotną ocenę: przed leczeniem oraz 1, 3, 6 i 12 miesięcy po zabiegu. Ocena składała się z ocenianych przez pacjentów miar wyników, trzech testów funkcjonalnych oraz oceny siły mięśniowej. Wyniki opublikowano w *BMC Musculoskeletal Disorders*.

Opisanie nowego mechanizmu cyrkulacji RNA zależnego od miRNA

A. BELTER, M. POPENDA, M. SAJEK, T. WOŹNIAK, M.Z. NASKRĘT-BARCISZEWSKA, M. SZACHNIUK, S. JURGA, J. BARCISZEWSKI

Zidentyfikowano 71 motywów pentanukleotydowych CUUCC rozmieszczonych regularnie w całej cząsteczce CDR1as RNA, wiążących GGAAG – region seed miR-7 RNA. Przyłączenie 71 miR-7 RNA do CDR1as RNA skutkuje zbliżaniem końców CDR1as RNA, utworzeniem wiązania fosfodiesterowego między C1 i A1299 odpowiednio na końcu 5' i 3' RNA, a w efekcie powstaniem cyrkularnej formy CDR1as. Ponadto pokazano, że zaobserwowany mechanizm nie jest unikalny dla CDR1as RNA, ale dotyczy wielu innych cyrkularnych RNA. Wyniki opublikowano w *Journal of Biomolecular Structure and Dynamics*.

Udowodnienie skuteczności oraz użyteczności lewoskrętnych katalitycznych kwasów nukleinowych (rybozymów hammerhead)

E. WYSZKO, M. POPENDA, D. GUDANIS, J. SARZYŃSKA, A. BELTER, P. PERRIGUE, P. SKOWRONEK, K. ROLLE, J. BARCISZEWSKI

Dowodniono, że lewoskrętne katalityczne kwasy nukleinowe (rybozomy hammerhead) tworzą kompleksy oraz wykazują aktywność zarówno w układach homo-, jak i heterochiralnych. Ponadto pokazano ich wyższość nad prawoskrętnymi katalitycznymi kwasami nukleinowymi, tj. większą stabilność w warunkach komorowych. Poczynione obserwacje sugerują, że L-katalityczne kwasy nukleinowe mogą być stosowane jako narzędzia terapeutyczne. Wyniki opublikowano w *Bio-science Reports*.

Identyfikacja molekularnych podstaw odpowiedzi kukurydzy na stres herbicydowy

A. TYCZEWSKA, J. GRACZ-BERNACIAK, J. SZYMKOWIAK, T. TWARDOWSKI

Do badania zmienności genetycznej kukurydzy, naturalnie tolerancyjnej lub wrażliwej na glifosat, wykorzystano dwie linie tradycyjnie hodowane w Polsce. Zidentyfikowano 11 tys. wariantów strukturalnych, 4 miliony mln SNP i ok. 800 tys. indeli różnicujących oba genomy. Analizy pozwoliły zidentyfikować 20 odmian w obrębie genu EPSPS, ale wszystkie z nich miały umiarkowany lub nieznaną wpływ na ekspresję genów. Inne geny szlaku szikimowego kodującego dwufunkcyjną dehydratazę 3-dehydrochinianową/dehydrogenazę szikimową i syntazę choryzmianową zostały zmienione przez warianty, które według przewidywań mają duży wpływ na ekspresję genów. Odkryto też warianty o dużym wpływie, zlokalizowane w obrębie genów zaangażowanych w aktywny transport glifosatu, a także toksycznych związków przez błonę komórkową. Wyniki opublikowano w *Plants*.

Określenie ryzyka raka jajnika związanego z obecnością mutacji w *BRIP1*, *RAD51C* i *RAD51D*

M. SUSZYŃSKA, M. RATAJSKA, P. KOZŁOWSKI

Wykorzystując proces metaanalizy 63 prac, łączącej wyniki od ok. 29,4 tys. pacjentów z rakiem jajnika, opracowano katalog patogenicznych mutacji w *BRIP1*, *RAD51C* oraz *RAD51D* zidentyfikowanych u tych pacjentów. Dodatkowo oszacowano ryzyko raka jajnika przypisanego mutacjom w *BRIP1*, *RAD51C* i *RAD51D*, potwierdzając, że wszystkie trzy geny są genami wysokiego ryzyka raka jajnika (OR = 4,94, 95% CI: 4,07–6,00, $p < 0,0001$; OR = 5,59, 95% CI: 4,42–7,07, $p < 0,0001$; i OR = 6,94, 95% CI: 5,10–9,44, $p < 0,0001$). W badaniu przedstawiono również po raz pierwszy analizę ryzyka specyficzną dla indywidualnych, nawracających mutacji w tych genach. Wyniki opublikowano w *Journal of Ovarian Research*.

Wykazanie, że 7-rybozyloguanina i jej analogi modyfikowane w części cukrowej są selektywnymi inhibitorami proliferacji glejaka wielopostaciowego (*Glioblastoma multiforme*)

D. WAWRZYŃIAK, G. FRAMSKI, P. JANUSZCZYK, T. OSTROWSKI, D. BARANIAK, Z. JAHNZ-WECHMANN, J. FOGT, A. MANIKOWSKI, D. BARANOWSKI, K. ROLLE, J. BORYSKI

Opracowano nowe i wydajne metody syntezy 7-regioizomerów nukleozydów guaninowych modyfikowanych w części cukrowej. Otrzymano 12 związków, które poddano badaniu aktywności antynowotworowej *in vitro*, w 5 liniach komórek nowotworowych. Stwierdzono, że szereg pochodnych tego typu charakteryzuje się umiarkowaną lub wysoką (IC₅₀ 6-52 μM) i selektywną cytotoksycznością w 2 liniach glejaka wielopostaciowego. Opisane nukleozydy prawdopodobnie mogą wnikać do komórek, a po transformacji do nukleotydów mogą być inhibitorami dehydrogenazy 5'-monofosforanu inozyny, regulującego biosyntezę nukleotydów guaniny. Ponieważ chemiczna synteza związków tego typu jest bardzo prosta, mogą być one rozważane jako potencjalne leki w terapii guzów mózgu. Wyniki opublikowano w *ChemistrySelect*.

HR Excellence in Research



HR EXCELLENCE IN RESEARCH

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

W 2020 r. wyróżnieniem HR Excellence in Research posługiwało się łącznie 565 jednostek naukowych, z czego aż 91 z Polski (dane Komisji Europejskiej, stan na 31 grudnia 2020 r.).

Działalność statutowa

Tematy i zadania statutowe realizowane w roku 2020

1. Zakład Metabolomiki Funkcjonalnej Roślin
kierownik: prof. dr hab. Paweł Bednarek
Temat: *Metabolity wtórne w regulacji odpowiedzi immunologicznej na wzorce molekularne związane z patogenem* (N)
2. Zakład Bioinformatyki
kierownik: prof. dr hab. Jacek Błazewicz
Temat: *Technologie bioinformatyczne w analizie kwasów nukleinowych i białek* (K)
Zadanie 1. *Sekwencjonowanie DNA w małej i dużej skali* (K)
Zadanie 2. *Modelowanie i analiza infekcji wirusowych za pomocą systemów wieloagentowych* (K)
3. Zakład Chemii Biopolimerów
kierownik: dr hab. Marcin K. Chmielewski
Temat: *Synteza i analityka modyfikowanych biopolimerów* (K)
4. Zakład Biochemii RNA
kierownik: prof. dr hab. Jerzy Ciesiołka
Temat: *Badania struktury i funkcji kwasów rybonukleinowych oraz białek z nimi oddziałujących* (K)
Zadanie 1. *Badanie oddziaływań regionu niekodującego 5'mRNA i ich roli w regulacji ekspresji genu białka p53* (K)
Zadanie 2. *Struktura i funkcja długich niekodujących RNA w komórkach ludzkich* (K)
5. Zakład Biologii Integratywnej
kierownik: dr hab. Rafał Ciosk
Temat: *Regulacja posttranskrypcyjna w procesach rozwojowych modelowych organizmów zwierzęcych* (K)
6. Zakład Neurobiologii Molekularnej
kierownik: dr hab. Maciej Figiel
Temat: *Definiowanie nowych mechanizmów chorób neurodegeneracyjnych z użyciem mysich i komórkowych (iPSC) modeli chorób poliQ* (K)
7. Zakład Biologii Molekularnej i Systemowej
kierownik: prof. dr hab. Marek Figlerowicz
Temat: *Poszukiwanie nowych układów modelowych znajdujących zastosowanie w biologii molekularnej i systemowej* (K)
Zadanie 1. *Genomika człowieka i jej wykorzystanie w badaniach biomedycznych* (N)
Zadanie 2. *Badania molekularne i systemowe procesu regeneracji i wymiany komórek* (N)
8. Zakład Biotechnologii Medycznej
kierownik: dr hab. Agnieszka Fiszer
Temat: *Struktura i funkcja kwasów rybonukleinowych oraz ich zastosowania terapeutyczne* (K)
9. Zakład Biomolekularnego NMR
Kierownik: prof. dr hab. Zofia Gdaniec
Temat: *Analiza struktury i dynamiki kwasów nukleinowych metodami biomolekularnego NMR* (K)

10. Zakład Fizjologii Molekularnej Roślin
kierownik: prof. dr hab. Michał Jasiński
Temat: *Badania mechanizmów selektywnego transportu molekuł sygnałowych decydujących o cechach użytkowych roślin uprawnych* (K)
11. Zakład Krystalografii – Centrum Badań Krystalograficznych
kierownik: prof. dr hab. Mariusz Jaskólski
Temat: *Badania krystalograficzne białek i kwasów nukleinowych* (K)
Zadanie 1. *Struktura enzymów hydrolitycznych i ich inhibitorów* (K)
Zadanie 2. *Struktura i funkcja biologiczna białek biorących udział w sygnalizacji hormonalnej roślin* (K)
Zadanie 3. *Struktura kwasów nukleinowych* (K)
12. Zakład Chemii i Biologii Strukturalnej Kwasów Nukleinowych
kierownik: prof. dr hab. Ryszard Kierzek
Temat: *Termodynamika modyfikowanych kwasów nukleinowych* (K)
13. Zakład Genomiki Strukturalnej RNA
kierownik: prof. dr hab. Elżbieta Kierzek
Temat: *Uniwersalne elementy strukturalne w RNA wirusów grypy* (K)
14. Zakład Sond Molekularnych i Proleków
kierownik: dr Jacek Kolanowski
Temat: *Rozwój niskocząsteczkowych narzędzi molekularnych do zastosowań w badaniach biologicznych i środowiskowych* (N)
Zadanie: *Synteza komponentów i analogów kwasów nukleinowych oraz badania ich właściwości biologicznych* (K)
15. Zakład Genetyki Molekularnej
kierownik: prof. dr hab. Piotr Kozłowski
Temat: *Opracowanie nowych metod, testów i strategii analiz genetycznych* (N)
16. Zakład Biochemii Rybonukleoprotein
kierownik: dr hab. Anna Kurzyńska-Kokorniak
Temat: *Poszukiwanie nowych układów modelowych do badania oddziaływań białko-kwas nukleinowy* (K)
17. Zakład Proteomiki Biomedycznej
kierownik: dr hab. Magdalena Łuczak
Temat: *Optymalizacja i zastosowanie przesiewowych i celowanych metod proteomicznych w badaniach biomedycznych* (N)
18. Zakład Biologii Rozwoju
kierownik: dr hab. Takashi Miki
Temat: *Mechanizmy i role degradacji RNA w rozwoju zwierząt* (N)
19. Zakład Biologii Medycznej
kierownik: prof. dr hab. Mirosława Naskręt-Barciszewska
Temat: *Wykorzystanie zmodyfikowanych nukleotydów RNA i DNA w diagnostyce medycznej i biotechnologii* (K)
20. Zakład Inżynierii Genomowej
kierownik: dr hab. Marta Olejniczak
Temat: *Rozwijanie technologii edycji genomów oraz metod oceny jej efektywności i specyficzności* (K)
21. Zakład Struktury i Funkcji Retrotranspozonów
kierownik: dr hab. Katarzyna Pachulska-Wieczorek
Temat: *Elementy strukturalne RNA i oddziaływania z białkami opiekuńczymi kluczowe dla replikacji endogennych i infekcyjnych retroelementów* (K)

22. Zakład Bioinżynierii Kwasów Nukleinowych
kierownik: dr hab. Anna Pasternak
Temat: *Badania właściwości fizykochemicznych oraz biologicznych modyfikowanych oligonukleotydów o potencjale diagnostycznym oraz terapeutycznym* (K)
23. Zakład Niekodujących RNA
kierownik: dr Monika Piwecka
Temat: *Regulacja ekspresji genów na poziomie niekodujących RNA w układzie nerwowym ssaków* (N)
24. Zakład Neuroonkologii Molekularnej
kierownik: dr hab. Katarzyna Rolle
Temat: *Rola miRNA w guzach mózgu* (K)
25. Zakład Struktury i Funkcji Biomolekuł
kierownik: prof. dr hab. Wojciech Rypniewski
Temat: *Badania zależności między strukturą i funkcją biomolekuł* (K)
26. Zakład Chemii Komponentów Kwasów Nukleinowych
kierownik: dr hab. Michał Sobkowski
Temat: *Synteza, struktura i aktywność biologiczna komponentów kwasów nukleinowych i ich analogów* (K)
Zadanie 1. *Poszukiwania nowych typów pronukleotydów terapeutycznych* (N)
Zadanie 2. *Transformacja nukleotydów dla nowych celów terapeutycznych i określenie mechanizmów leżących u podłoża ich aktywności biologicznej* (K)
27. Zakład Biochemii Produktów Naturalnych
kierownik: prof. dr hab. Maciej Stobiecki
Temat: *Wykorzystanie nowych podejść metodycznych w identyfikacji produktów naturalnych pochodzenia roślinnego technikami spektrometrii mas* (K)
28. Zakład Bioinformatyki Strukturalnej
kierownik: prof. dr hab. Marta Szachniuk
Temat: *Modele i algorytmy w bioinformatyce strukturalnej* (N)
29. Zakład Biosyntezy Białka
kierownik: prof. dr hab. Tomasz Twardowski
Temat: *Bioekonomia i biotechnologia – aspekty społeczne i prawne* (K)
30. Zakład Metabolizmu RNA
kierownik: dr hab. Zbigniew Warkocki
Temat: *Badanie roli białek wiążących RNA w metabolizmie RNA u człowieka* (N)
31. Zespół Transkryptomiki Funkcjonalnej
kierownik: dr hab. Kamilla Bąkowska-Żywicka
Temat: *Charakterystyka mechanizmów molekularnych regulacji biosyntezy białka z udziałem cząsteczek RNA* (K)
32. Zespół Mikrobiologii Strukturalnej
kierownik: dr hab. Krzysztof Brzeziński
W 2020 r. wspólna realizacja z Zakładem Krystalografii tematu: *Badania krystalograficzne białek i kwasów nukleinowych*
33. Zespół Biologii Obliczeniowej Niekodującego RNA
kierownik: dr Barbara Uszczyńska-Ratajczak
W 2020 r. wspólna realizacja z Zakładem Biologii Molekularnej i Systemowej zadania 1. *Genomika człowieka i jej wykorzystanie w badaniach biomedycznych w ramach tematu: Poszukiwanie nowych układów modelowych znajdujących zastosowanie w biologii molekularnej i systemowej*

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

Badania naukowe służące rozwojowi młodych naukowców oraz uczestników studiów doktoranckich

W 2020 r. zakończono realizację projektu: Metody cyfrowe mapowania zmienności genotypu ludzkiego na powiązane hierarchicznie cechy fenotypu twarzy (mgr inż. Piotr Szymaniak).

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

Działalność podstawową pracowni ICHB PAN w 2020 r. wsparła dotacja na finansowanie kosztów związanych z utrzymaniem specjalnego urządzenia badawczego. Były to środki w kwocie 1,13 mln zł pozostałe z dotacji przyznanej na lata 2017-2019 na działalność Europejskiego Centrum Bioinformatyki i Genomiki (ECBiG). W ramach ECBiG do niedawna działało 6 specjalistycznych pracowni ICHB PAN: Pracownia Genomiki, Pracownia Spektrometrii Mas, Pracownia Hodowli Komórkowych i Tkankowych, Pracownia Biomolekularnego NMR, Pracownia Inżynierii Białek oraz Pracownia Analiz Struktur Subkomórkowych. W roku 2020 powołano 4 nowe pracownie, które wzmocniły potencjał ECBiG pod względem aparaturowym, organizacyjnym i osobowym. Są to: Pracownia Modelowych Organizmów Zwierzęcych, Pracownia Modelowych Organizmów Ssaczych, Pracownia Bioinformatyki, Pracownia Diagnostyki Molekularnej WGW.

Dzięki dotacji w roku 2020 dokonano napraw i konserwacji sprzętu za łączną kwotę ponad 200 tys. zł. Ponad 250 tys. zł wydano na zakup materiałów eksploatacyjnych (gazy, plastiki i inne materiały zużywalne) oraz odczynników niezbędnych do przeprowadzenia rutynowych testów i konserwacji aparatury. Pokryto także koszty drobnych usług, a także częściowe koszty energii, obsługi finansowo-administracyjnej oraz koszty wynagrodzeń pracowników technicznych.

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. Trzy pracownie (Pracownia Genomiki, Pracownia Hodowli Komórkowych i Tkankowych oraz nowo powstała Pracownia Diagnostyki Molekularnej WGW) w sposób szczególny włączyły się w działania związane z sytuacją epidemiczną w Polsce, udzielając wsparcia Wojewódzkiej Stacji Sanitarno-Epidemiologicznej w Poznaniu w zakresie diagnostyki COVID-19 oraz podejmując się sekwencjonowania genomów wirusa SARS-CoV-2.

Opis działalności naukowej

Zakład Biochemii RNA

Kierownik Zakładu: prof. dr hab. Jerzy Ciesiołka (STATUT)¹

Skład osobowy²

Pracownicy naukowcy:

dr hab. Jan Wrzesiński, prof. ICHB PAN (0,875 STATUT/0,125 GRANTY)

dr Agata Świątkowska (STATUT)

dr Paulina Żydowicz-Machtel (STATUT)

dr Damian Janecki (NCN)

Pracownicy techniczni:

dr hab. Mariola Dutkiewicz (STATUT)

dr Joanna Szpotkowska (STATUT)

mgr Martyna Kabacińska (STATUT)

Doktoranci:

mgr Marek Kazimierczyk (stypendium NCN)

Działalność statutowa

Badania struktury i funkcji kwasów rybonukleinowych oraz białek z nimi oddziałujących

1. Badanie oddziaływań regionu niekodującego 5'mRNA i ich roli w regulacji ekspresji genu białka p53 (prof. dr hab. Jerzy Ciesiołka)

Cel badań

Celem badań była kompleksowa analiza regionu terminalnego 5' mRNA p53 u myszy, obejmująca zaproponowanie jego struktury przestrzennej, określenie parametrów termodynamicznych oraz identyfikację białek oddziałujących z badanym regionem mRNA.

Opis zrealizowanych prac

Regiony niekodujące 5' cząsteczek mRNA pełnią kluczową rolę w regulacji procesu inicjacji translacji. W komórkach mysich mRNA kodujący białko p53 najczęściej zawiera 122-nukleotydowy region niekodujący 5'. Analizie poddano fragment mRNA odpowiadający regionowi terminalnemu 5' oraz 9 cząsteczek RNA, które odpowiadały izolowanym elementom strukturalnym tego regionu. Długość analizowanych fragmentów RNA znajdowała się w przedziale między 35 i 323 nukleotydów. Wykorzystanie techniki małokątowego rozpraszania promieniowania rentgenowskiego (SAXS) umożliwiło zaproponowanie niskorozdzielczych struktur przestrzennych badanych fragmentów mRNA, a dzięki zastosowaniu spektrometrii dichroizmu kołowego (CD) określono ich parametry termodynamiczne (ΔG , ΔS , ΔH , temperatury topnienia). Obecnie prowadzona jest analiza otrzymanych wyników mająca na celu zaproponowanie wysokorozdzielczych modeli struktur trzeciorzędowych badanych fragmentów mRNA p53.

¹ W nawiasach podane źródło finansowania pracowników.

² Stan na 31.12.2020 r.

Równolegle rozpoczęto prace mające na celu zidentyfikowanie białek wiążących się do regionu terminalnego 5' mRNA p53. Wykazano wcześniej, że wśród transkryptów mRNA p53 u myszy najczęściej występuje transkrypt zawierający region niekodujący 5' o długości 122 nukleotydów. Natomiast najdłuższym zidentyfikowanym regionem niekodującym 5' jest region zawierający 247 nukleotydów. W badaniach użyto zatem dwa fragmenty mRNA, odpowiadające dwóm wariantom regionu niekodującego 5' o tych długościach. Aby zidentyfikować białka wiążące się do badanych regionów mRNA, fragmenty mRNA inkubowano z lizatem komórkowym otrzymanym z mysich fibroblastów (linia komórkowa NIH3T3), celem utworzenia kompleksów RNA-białko. Kompleksy izolowano metodą chromatografii powinowactwa, a następnie zastosowano technikę spektrometrii mas do identyfikacji białek wiążących się do badanych fragmentów mRNA. W przypadku regionu niekodującego 5' mRNA p53 o długości 122 nukleotydów zidentyfikowano około 60 białek, które potencjalnie mogą wpływać na regulację aktywności translacyjnej mRNA p53 w komórkach. Badania te są kontynuowane.

2. Struktura i funkcja długich niekodujących RNA w komórkach ludzkich (dr hab. Jan Wrzesiński)

Cel badań

Celem badań było poznanie zmian w profilu ekspresji niekodujących RNA podczas rozwoju nerek oraz ich oddziaływania z komponentami komórkowymi.

Opis zrealizowanych prac

Przygotowano artykuł przeglądowy podsumowujący dotychczasową wiedzę o oddziaływaniach ludzkich długich niekodujących RNA (lncRNA) z komponentami komórkowymi takimi jak miRNA, DNA, białka oraz związki niskocząsteczkowe. Podano charakterystykę takich kompleksów, metody ich detekcji oraz funkcje pełnione w komórce. Artykuł opublikowany został w czasopiśmie *International Journal of Molecular Sciences*.

W przeprowadzonych badaniach eksperymentalnych, jako modelu naśladującego rozwój nerek, użyto następujących komórek ludzkich: macierzystych, embrionalnych, komórek nerek pochodzących z dorosłego osobnika, oraz jako zaburzenie normalnego rozwoju, komórek nowotworowych nerek. Analiza bioinformatyczna wyników sekwencjonowania wykazała zmiany ekspresji wybranych lncRNA w badanych komórkach. Obserwacje te potwierdzono metodą PCR w czasie rzeczywistym. Obecnie trwa analiza mająca na celu ustalenie, jakie białka oddziałują z badanymi lncRNA. W tym celu zsyntetyzowano tio-pochodne uracylu oraz guaniny we współpracy z prof. T. Ostrowskim z ICHB PAN. Wymienione związki wprowadzono do hodowli komórkowych w celu uzyskania cząsteczek lncRNA zawierających wymienione tio-nukleotydy. Technika fotozszywania światłem UV połączona ze spektrometrią mas pozwoli zidentyfikować białka oddziałujące z wybranymi lncRNA.

Kontynuowano także badania nad funkcją innego rodzaju niekodujących RNA – piRNA w komórkach somatycznych. Jest to grupa małych RNA o długości 30-45 nukleotydów, które występują wyłącznie w kompleksach z białkami Piwi. Występują one preferencyjnie w gonadach jako „strażnik” transpozonów, a także w innych komórkach somatycznych o niepoznanej funkcji. Z uwagi na niską ekspresję piRNA w komórce, analizę skupiono na białkach Piwi z wykorzystaniem specyficznych przeciwciał. Wykazano zróżnicowaną ekspresję poszczególnych białek Piwi, przy czym, jak ustalono, białko Piwi13 jest zlokalizowane głównie w komórkach macierzystych. Wynik ten potwierdzono metodą PCR w czasie rzeczywistym. Obecnie trwają badania nad określeniem roli mało poznanego białka Piwi13 poprzez usunięcie genu tego białka i śledzenie wpływu tej zmiany na funkcjonowanie komórek macierzystych.

Publikacje

1. **A. Swiatkowska, M. Dutkiewicz, P. Machtel, D. Janecki, M. Kabacinska, P. Zydowicz-Machtel, J. Ciesiolka**
Regulation of the p53 expression profile by hnRNP K under stress conditions
RNA BIOLOGY 2020, 17, 1402-1415
2. **M. Kazimierczyk, M.K. Kasproicz, M.E. Kasprzyk, J. Wrzesinski**
Human Long Noncoding RNA Interactome: Detection, Characterization and Function
INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES 2020, 21, 1027
3. **M. Dutkiewicz, J. Kuczynski, M. Jarzab, A. Stachowiak, A. Swiatkowska**
New RNA Structural Elements Identified in the Coding Region of the Coxsackie B3 Virus Genome
VIRUSES-BASEL 2020, 12, 1232
4. **M.J. Smialek, E. Ilaslan, M.P. Sajek, A. Swiercz, D.M. Janecki, K. Kusz-Zamelczyk, T. Wozniak, M. Kotecki, L. Handschuh, M. Figlerowicz, J. Jaruzelska**
Characterization of RNP Networks of PUM1 and PUM2 Post-Transcriptional Regulators in TCam-2 Cells, a Human Male Germ Cell Model
CELLS 2020, 9, 984
5. **D.M. Janecki, E. Ilaslan, M.J. Smialek, M.P. Sajek, M. Kotecki, B. Ginter-Matuszewska, P. Krainiski, J. Jaruzelska, K. Kusz-Zamelczyk**
Human NANOS1 Represses Apoptosis by Downregulating Pro-Apoptotic Genes in the Male Germ Cell Line
INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES 2020, 21, 3009
6. **M.J. Smialek, B. Kuczynska, E. Ilaslan, D.M. Janecki, M.P. Sajek, K. Kusz-Zamelczyk, J. Jaruzelska**
Kinesin KIF18A is a novel PUM-regulated target promoting mitotic progression and survival of a human male germ cell line
JOURNAL OF CELL SCIENCE 2020, 133, jcs240986

Projekty realizowane w Zakładzie w 2020 r.

1. Wpływ niekodujących RNA na rozwój komórek nerek oraz karcinogenezę; (OPUS)
Kierownik projektu: dr hab. Jan Wrzesiński
2. Rola czynników białkowych wiążących się do regionu niekodującego 5' ludzkiego mRNA p53 w regulacji ekspresji białka p53 na poziomie translacji; (OPUS)
Kierownik projektu: prof. dr hab. Jerzy Ciesiolka
3. Struktura drugorzędowego regionu terminalnego 5' mRNA kodującego izoformy białka p53: delta133p53 i delta160p53 i jego właściwości w procesie translacji; (MINIATURA)
Kierownik projektu: dr Paulina Żydowicz-Machtel

Zakład Bioinformatyki

Kierownik Zakładu: prof. dr hab. Jacek Błazewicz (STATUT)³

Skład osobowy⁴

Pracownicy naukowcy:

prof. dr hab. Piotr Formanowicz (0,5 STATUT)
dr Karol Kamel (STATUT)
dr Maciej Antczak (0,5 STATUT)

³ W nawiasach podane źródło finansowania pracowników.

⁴ Stan na 31.12.2020 r.

Pracownicy techniczni:

dr hab. Piotr Łukasiak (0,5 STATUT)

dr hab. Agnieszka Rybarczyk (0,5 STATUT)

dr Marcin Borowski (0,5 STATUT)

Działalność statutowa

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

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

Cel badań

Opracowanie oraz implementacja równoległej wersji algorytmu asemblacji łańcuchów DNA *de novo* zapewniającej równoważenie obciążenia w ramach wysokowydajnej infrastruktury obliczeniowej.

Opis zrealizowanych prac

Ogromny rozmiar danych wejściowych powoduje, że nawet wydajne obliczeniowo algorytmy asemblacji uruchomione w wersji sekwencyjnej mogą trwać wiele godzin, a nawet dni. Opracowana w 2020 roku wstępna wersja algorytmu ALGA, rozwiązującego problem asemblacji *de novo* łańcuchów DNA, została znacznie rozszerzona. W 2020 roku przeprowadzono kompleksowe eksperymenty wydajnościowe asemblera ALGA, których celem było zidentyfikowanie wąskich gardeł. Ich optymalizacja, z wykorzystaniem mechanizmów współbieżności, pozwoli znacząco skrócić czas przetwarzania, co było szczególnie istotne w trakcie przetwarzania danych analizowanych w projekcie „Genomiczna Mapa Polski”. Najbardziej złożone obliczeniowo mechanizmy, takie jak budowa grafu, usuwanie krawędzi tranzytywnych, usuwanie równoległych ścieżek oraz usuwanie końcówek, zostały zaimplementowane w sposób równoległy zapewniając jednocześnie wysoką skalowalność. Wysoką skalowalność podczas budowy grafu uzyskano dzięki jednoczesnemu rozpatrywaniu prefikso-sufiksów o zadanej długości w ramach niezależnie przetwarzanych bloków. Następnie w procesie upraszczania grafu wykorzystano mechanizm kopiowania markerów bitowych reprezentujących usuwane krawędzie. W końcu ponownie przeprowadzono eksperymenty wydajnościowe z wykorzystaniem równoległej wersji asemblera ALGA, które potwierdziły znaczącą redukcję czasu przetwarzania, nieznaczny wzrost zużycia pamięci operacyjnej w szczególnych przypadkach, oraz umiejętność algorytmu do równoważenia obciążenia w ramach dostępnej, wysokowydajnej infrastruktury obliczeniowej. Algorytm uwzględnia teraz wszystkie aspekty przetwarzania danych rzeczywistych pochodzących z sekwencjonowania w technologii Illumina i generuje lepsze rezultaty niż wiodące algorytmy znane z literatury. Na wejściu algorytmu akceptowane są bardzo duże zbiory odczytów, nawet z zakresu całego genomu ludzkiego. Program zweryfikowany został także na genomach innych organizmów. W związku z powyższym założone cele badawcze zostały w pełni osiągnięte. Artykuł prezentujący rezultaty badań został przyjęty do druku.

2. Modelowanie i analiza infekcji wirusowych za pomocą systemów wieloagentowych (prof. dr hab. Jacek Błażewicz)

Cel badań

Opracowanie rozszerzonego modelu RP (replikaza-pasożyt) oraz wykorzystanie opracowanych symulatorów wieloagentowych do weryfikacji hipotezy RNA World.

Opis zrealizowanych prac

Prowadzone są dalsze badania nad rozszerzeniem modelu replikaza-pasożyt (system RP), tak aby możliwa była symulacja wieloagentowa populacji replikaz, pasożytów oraz syntaz nukleotydów.

Zakłada się w niej istnienie powłok lipidowych, które oddzielają od siebie poszczególne populacje łańcuchów RNA, a pojedyncza populacja symulowana jest jako idealna mieszanina. Tempo wzrostu takiej populacji zależy od dostępności nukleotydów (wydajności syntaz) oraz aktywności replikaz. Rola każdej cząsteczki rozpoznawana jest na podstawie cech określonych na poziomie jej struktury pierwszo- i drugorzędowej. Artykuł prezentujący wyniki badań jest na etapie przygotowania.

Publikacje

1. X. Chen, W. Wang, P. Xie, X. Zhang, M. Sterna, **J. Blazewicz**
Exact and Heuristic Algorithms for Scheduling on Two Identical Machines with Early Work
COMPUTERS & INDUSTRIAL ENGINEERING 2020, 144, 106449
2. X. Chen, Y. Liang, M. Sterna, W. Wang, **J. Blazewicz**
Fully polynomial time approximation scheme to maximize early work on parallel machines with common due date
EUROPEAN JOURNAL OF OPERATIONAL RESEARCH 2020, 284, 67–74
3. W. Wang, X. Chen, J. Musiał, **J. Blazewicz**
Two meta-heuristic algorithms for scheduling on unrelated machines with the late work criterion
INTERNATIONAL JOURNAL OF APPLIED MATHEMATICS AND COMPUTER SCIENCE 2020, 30, 537–584
4. J. Synak, **A. Rybarczyk, J. Blazewicz**
Multi-agent approach to sequence structure simulation in the RNA World hypothesis
PLOS ONE 2020, 15, e038253
5. D. Formanowicz, **A. Rybarczyk, M. Radom, K. Tanas, P. Formanowicz**
A Stochastic Petri Net-Based Model of the Involvement of Interleukin 18 in Atherosclerosis
INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES 2020, 21, 8574
6. D. Formanowicz, **A. Rybarczyk, M. Radom, P. Formanowicz**
A Role of Inflammation and Immunity in Essential Hypertension-Modeled and Analyzed Using Petri Nets
INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES 2020, 21, 3348
7. B. Gryszczyńska, M. Budzyn, D. Formanowicz, M. Wanic-Kossowska, **P. Formanowicz**, W. Majewski, M. Iskra, M.P. Kasprzak
Selected Atherosclerosis-Related Diseases May Differentially Affect the Relationship between Plasma Advanced Glycation End Products, Receptor sRAGE, and Uric Acid
JOURNAL OF CLINICAL MEDICINE 2020, 9, 1416
8. K. Piecyk, M. Łukaszewicz, **K. Kamel**, M. Janowska, P. Pietrow, S. Kmiecik, M. Jankowska-Anyszka
Isoxazole-containing 5' mRNA cap analogues as inhibitors of the translation initiation process
BIOORGANIC CHEMISTRY 2020, 96, 103583
9. K. Czaja, J. Kujawski, **K. Kamel**, M.K. Bernard
Selected arylsulphonyl pyrazole derivatives as potential Chk1 kinase ligands – computational investigations
JOURNAL OF MOLECULAR MODELING 2020, 26, 144
10. T. Zok, J. Badura, S. Swat, K. Figurski, **M. Popenda, M. Antczak**
New models and algorithms for RNA pseudoknot order assignment
INTERNATIONAL JOURNAL OF APPLIED MATHEMATICS AND COMPUTER SCIENCE 2020, 30, 315–324
11. M. Magnus, **M. Antczak**, T. Zok, **J. Wiedemann, P. Łukasiak**, Y. Cao, J.M. Bujnicki, E. Westhof, **M. Szachniuk**, Z. Miao
RNA-Puzzles toolkit: A computational resource of RNA 3D structure benchmark datasets,

structure manipulation, and evaluation tools
NUCLEIC ACIDS RESEARCH 2020, 48, 576–588

12. Z. Miao, **R.W. Adamiak**, **M. Antczak**, M.J. Boniecki, J.M. Bujnicki, S.J. Chen, C.Y. Cheng, Y. Cheng, F.C. Chou, R. Das, N.V. Dokholyan, F. Ding, C. Geniesse, Y. Jiang, A. Joshi, A. Krokhotin, M. Magnus, O. Mailhot, F. Major, T.H. Mann, P. Piatkowski, R. Pluta, **M. Popena**, **J. Sarzynska**, L. Sun, **M. Szachniuk**, S. Tian, J. Wang, A.M. Watkins, **J. Wiedemann**, X. Xu, J.D. Yesselman, D. Zhang, Z. Zhang, C. Zhao, P. Zhao, Y. Zhou, T. Zok, A. Zyla, A. Ren, R.T. Batey, B.L. Golden, L. Huang, D.M. Lilley, Y. Liu, D.J. Patel, E. Westhof
RNA-Puzzles Round IV: 3D structure predictions of four ribozymes and two aptamers
RNA 2020, 26, 982–995
13. K. Bachosz, J. Zdarta, **L. Marczak**, **J. Blazewicz**, T. Jesionowski
A highly effective approach to cofactor regeneration and subsequent membrane separation of bioconversion products: kinetic parameters and effect of process conditions
BIORESOURCE TECHNOLOGY REPORTS 2020, 9, 100365
14. J.F. Carrascoza Mayen, **J. Blazewicz**
Recent Results on Computational Molecular Modeling of The Origins of Life
FOUNDATIONS OF COMPUTING AND DECISION SCIENCES 2020, 45, 35–46
15. T. Villmann, M. Kaden, S. Wasik, M. Kudla, **K. Gutowska**, A. Villmann, **J. Blazewicz**
Searching for the Origins of Life - Detecting RNA Life Signatures Using Learning Vector Quantization [w:] Advances in Self-Organizing Maps, Learning Vector Quantization, Clustering and Data Visualization. WSOM 2019. Advances in Intelligent Systems and Computing (red. A. Vellido, K. Gilbert, C. Angulo, J. Martin Guerrero) 2020, 976, 324–333, *SPRINGER*
16. K. Gutowska, D. Formanowicz, **P. Formanowicz**
Systems Approach Based on Petri Nets as a Method for Modeling and Analysis of Complex Biological Systems Presented on the Example of Atherosclerosis Development Process [w:] Advanced, Contemporary Control. Advances in Intelligent Systems and Computing (red. A. Bartoszewicz, J. Kabzinski, J. Kacprzyk) 2020, 1196, 579–586, *SPRINGER*

Prace przyjęte do druku

1. M. Kudla, **K. Gutowska**, J. Synak, M. Weber, K.S. Bohnsack, **P. Lukasiak**, T. Villmann, **J. Blazewicz**, **M. Szachniuk**
Virxicon: a lexicon of viral sequences
Bioinformatics, DOI:10.1093/bioinformatics/btaa1066
2. X. Chen, S. Kovalev, M. Sterna, **J. Blazewicz**
Mirror scheduling problems with early work and late work criteria
Journal of Scheduling, DOI:10.1007/s10951-020-00636-9
3. X. Chen, S. Kovalev, Y. Liu, M. Sterna, I. Chalamon, **J. Blazewicz**
Semi-online Scheduling on Two Identical Machines with a Common Due Date to Maximize Total Early Work
Discrete Applied Mathematics, DOI:10.1016/j.dam.2020.05.023

Zakład Biologii Integratywnej

Kierownik Zakładu: dr hab. Rafał Ciosk, prof. ICHB PAN (0,2 STATUT/0,3 GRANTY)⁵

Skład osobowy⁶

Pracownicy naukowcy:

dr hab. Edyta Kościańska (0,65 STATUT/0,1 GRANTY)
dr Jarosław Lewandowski (GRANTY)

⁵ W nawiasach podane źródło finansowania pracowników.

⁶ Stan na 31.12.2020 r.

dr Agnieszka Chabowska-Kita (GRANTY)

dr Daria Sobańska (GRANTY)

Pracownicy techniczni:

dr Weronika Wendlandt-Stanek (0,8 STATUT/0,2 GRANTY)

mgr Katarzyna Solka (0,7 STATUT/0,3 GRANTY)

Doktoranci:

mgr Aneta Dyczkowska (stypendium NCN)

mgr inż. Alicja Komur (stypendium NCN)

mgr Bogna Juskowiak (stypendium FNP)

Pracownia Analiz Struktur Subkomórkowych

Kierownik: dr hab. Eliza Wyszko, prof. ICHB PAN (0,25 STATUT/0,75 GRANTY)

Pracownicy naukowci:

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

Pracownicy techniczni:

dr Agnieszka Fedoruk-Wyszomirska (0,75 STATUT/0,25 GRANTY)

dr Dorota Gurda-Woźna (0,75 STATUT/0,25 GRANTY)

Doktoranci:

mgr inż. Marta Orlicka-Płocka (STATUT)

mgr Paweł Pawelczak (stypendium NCN)

Pracownia Modelowych Organizmów Zwierzęcych

Kierownik: dr Agata Tyczewska (STATUT)

Pracownicy techniczni:

mgr inż. Karol Kołodziejczak (STATUT)

mgr inż. Natalia Barabasz (STATUT)

Działalność statutowa

Regulacja posttranskrypcyjna w procesach rozwojowych modelowych organizmów zwierzęcych (dr hab. Rafał Ciosk)

Cel badań

Posttranskrypcyjna regulacja informacyjnego RNA (mRNA) ma kluczowe znaczenie dla rozwoju i homeostazy. Większość przypadków tej regulacji obejmuje białka wiążące RNA (RBP). Celem badań było wyjaśnienie, w jaki sposób: (i) konserwatywne RBP determinują los mRNA oraz (ii) mechanizmy oparte na RBP kontrolują podstawowe procesy biologiczne, takie jak plastyczność rozwojowa lub metaboliczna.

Opis zrealizowanych prac

Regulacja stabilności mRNA jest kluczowa dla wielu procesów biologicznych. Endorybonukleaza Regnase-1 odgrywa kluczową rolę w kontroli wrodzonej odporności ssaków, a także w nowotworach, infekcjach, angiogenezie, itd. Początkowo uważano, że Regnase-1 współpracuje z innym RBP (ang. *RNA binding protein*), Roquin-1, sądząc że Roquin-1 rekrutuje Regnase-1 do określonych mRNA (model współpracujący). Jednak nowsze badania sugerują, że Roquin-1 i Regnase-1, chociaż kontrolują częściowo te same mRNA, działają poprzez różne mechanizmy (model niezależny). Według tych badań, Regnase-1 degradowe translacyjnie aktywne mRNA z pomocą Upf1 (helikaza znana ze swojej roli w rozpadzie RNA), a Roquin-1 celuje w mRNA nieaktywne translacyjnie, promując ich egzozonukleolityczną degradację przez kompleks CCR4-NOT. W modelowym organizmie *Caenorhabditis elegans* (*C. elegans*) dochodzi do ekspresji białek ortologicznych odpowiadających zarówno Regnase-1, jak i Roquin (nazwane REGE-1 i RLE-1). Dotychczas nie było

jednak wiadomo czy REGE-1 i RLE-1 są funkcjonalnie powiązane, a jeśli tak, to jakiego mechanizmu (współpracującego czy niezależnego) używają do wyciszania mRNA. Badania własne wskazują, że te same elementy mRNA są niezbędne dla jego wyciszania zarówno w nicieniu, jak i w komórkach ludzkich. Jednak, w przeciwieństwie do modelu „niezależnego”, w *C. elegans* obecność obu białek jest konieczna dla wyciszania mRNA. Ponadto REGE-1 i RLE-1 wyciszają mRNA w sposób przypominający model „współpracujący”, nie angażując CCR4-NOT oraz SMG-2/Upf1. Tak więc, pomimo zachowanego ewolucyjnie funkcjonalnego związku pomiędzy REGE-1/Regnase-1 i RLE-1/Roquin-1, wydają się istnieć istotne różnice w sposobie ich funkcjonowania. Ich zrozumienie zapewni unikalne spojrzenie na ewolucję ważnego potranskrypcyjnego mechanizmu regulacyjnego. W dalszym ciągu prowadzone będą badania w celu ustalenia, w jaki dokładnie sposób REGE-1 i RLE-1 współpracują w degradacji mRNA. Otrzymane wyniki zostaną przygotowane do publikacji w ciągu roku.

Publikacje

1. **M. Jazurek-Ciesiolka, A. Ciesiolka, A.A. Komur, M.O. Urbanek-Trzeciak, W.J. Krzyzosiak, A. Fiszer**
RAN Translation of the Expanded CAG Repeats in the SCA3 Disease Context
JOURNAL OF MOLECULAR BIOLOGY 2020, 432, 166699
2. **M. Orlicka-Plocka, D. Gurda-Wozna, A. Fedoruk-Wyszomirska, E. Wyszko**
Circumventing the Crabtree effect: forcing oxidative phosphorylation (OXPHOS) via galactose medium increases sensitivity of HepG2 cells to the purine derivative kinetin riboside
APOPTOSIS 2020, 25, 835–852
3. J. Nekvinda, D. Rozycka, S. Rykowski, **E. Wyszko, A. Fedoruk-Wyszomirska, D. Gurda, M. Orlicka-Plocka, M. Giel-Pietraszuk, A. Kiliszek, W. Rypniewski**, R. Bachorz, J. Wojcieszak, B. Gruner, A.B. Olejniczak
Synthesis of naphthalimide-carborane and metallacarborane conjugates: anticancer activity, DNA binding ability
BIOORGANIC CHEMISTRY 2020, 94, 103432
4. R. Zawirska-Wojtasiak, **A. Fedoruk-Wyszomirska**, P. Piechowska, S. Mildner-Szkudlarz, J. Bajerska, E. Wojtowicz, K. Przygonski, **D. Gurda, W. Kubicka, E. Wyszko**
β-Carbolines in Experiments on Laboratory Animals
INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES 2020, 21, 5245
5. D. Rozycka, M. Korycka-Machala, A. Zaczek, J. Dziadek, **D. Gurda, M. Orlicka-Plocka, E. Wyszko, K. Biniek-Antosiak, W. Rypniewski**, A.B. Olejniczak
Novel isoniazid-carborane hybrids active in vitro against Mycobacterium tuberculosis
PHARMACEUTICALS 2020, 13, 465
6. **D. Wawrzyniak, M. Grabowska, P. Glodowicz, K. Kuczynski, B. Kuczynska, A. Fedoruk-Wyszomirska, K. Rolle**
Down-regulation of tenascin-C inhibits breast cancer cells development by cell growth, migration, and adhesion impairment
PLOS ONE 2020, 15, e0237889
7. A. Dembska, A. Switalska, **A. Fedoruk-Wyszomirska**, B. Juskowiak
Development of fluorescence oligonucleotide probes based on cytosine- and guanine-rich sequences
SCIENTIFIC REPORTS 2020, 10, 11006
8. **P.M. Perrigue, M. Rakoczy, K.P. Pawlicka, A. Belter, M. Giel-Pietraszuk, M.Z. Naskret-Barciszewska, J. Barciszewski, M. Figlerowicz**
Cancer Stem Cell-Inducing Media Activates Senescence Reprogramming in Fibroblasts
CANCERS (BASEL) 2020, 12, 1745

9. **J. Kuczynski, T. Twardowski, J. Nawracala, J. Gracz-Bernaciak, A. Tyczewska**
Chilling stress tolerance of two soya bean cultivars: Phenotypic and molecular responses
JOURNAL OF AGRONOMY AND CROP SCIENCE 2020, 206, 759–772
10. A. Tomkowiak, T. Jedrzejewski, J. Spychala, **J. Kuczynski, M. Kwiatek, A. Tyczewska, R. Skowronska, T. Twardowski**
Analysis of miRNA expression associated with the Lr46 gene responsible for APR resistance in wheat (*Triticum aestivum* L.)
JOURNAL OF APPLIED GENETICS 2020, 61, 503–511
11. M. Mahmoud, **J. Gracz-Bernaciak, M. Zywicki, W. Karlowski, T. Twardowski, A. Tyczewska**
Identification of Structural Variants in Two Novel Genomes of Maize Inbred Lines Possibly Related to Glyphosate Tolerance
PLANTS (BASEL) 2020, 9, 523

Prace przyjęte do druku

1. **E. Wyszko, M. Popenda, D. Gudanis, J. Sarzynska, A. Belter, P. Perrigue, P. Skowronek, K. Rolle, J. Barciszewski**
The model structure of the hammerhead ribozyme formed by RNAs of reciprocal chirality
Bioscience Reports, DOI: 10.1042/BSR20203424
2. **E. Wozniak, A. Tyczewska, T. Twardowski**
A shift towards biotechnology – social perception in the EU
Trends in Biotechnology, DOI:10.1016/j.tibtech.2020.08.001
3. **E. Wozniak, A. Tyczewska, T. Twardowski**
Bioeconomy development factors in the European Union and Poland
New Biotechnology, DOI:10.1016/j.nbt.2020.07.004

Projekty realizowane w Zakładzie i Pracowniach w 2020 r.

1. TORPOR INDUKOWANY ZIMNEM: Molekularne mechanizmy ochronne i sposoby poprawy ochrony komórkowej; (MAESTRO)
Kierownik projektu: dr hab. Rafał Ciosk
2. Cytoplazmatyczne przeszkody na drodze reprogramowania przeznaczenia komórki: od indywidualnych czynników do mechanizmów molekularnych; (OPUS)
Kierownik projektu: dr hab. Rafał Ciosk
3. Degeneracja mRNA zależna od REGE-1 i RLE-1: „R2-co” model wyciszania informacyjnego RNA; (OPUS)
Kierownik projektu: dr hab. Rafał Ciosk
4. Właściwości przeciwstarzeniowe 4-N-furfurylocytozyny w zróżnicowanych wiekowo komórkach eukariotycznych, drożdżach oraz mysim modelu starzenia; (OPUS)
Kierownik projektu: dr hab. Eliza Wyszko
5. Analiza właściwości pro-regeneracyjnych i przeciwutleniających 4-N-furfurylocytozyny w modelu zwierzęcym *Schmidtea mediterranea* (Planaria); (MINIATURA)
Kierownik projektu: dr Agnieszka Fedoruk-Wyszomirska
6. Regulation of body fat: from novel mechanisms to therapeutic targets; (TEAM)
Kierownik projektu: dr hab. Rafał Ciosk, zastępca kierownika: dr hab. Takashi Miki
7. Cell fate plasticity in animal development and tissue homeostasis; (EMBO)
Kierownik projektu: dr hab. Rafał Ciosk

Zakład Biologii Molekularnej i Systemowej

Kierownik Zakładu: prof. dr hab. Marek Figlerowicz (STATUT)⁷

Skład osobowy⁸

Pracownicy naukowci:

dr hab. Paulina Jackowiak (0,07 STATUT/0,93 GRANTY)
dr Natalia Koralewska (0,4 STATUT/0,6 GRANTY)
dr Małgorzata Marcinkowska-Swojak (GRANTY)
dr Lucyna Budźko (GRANTY)
dr Ireneusz Stolarek (0,03 STATUT/0,97 GRANTY)

Pracownicy techniczni:

dr Magdalena Alejska (STATUT)
mgr Marcin Osuch (0,5 STATUT/0,5 GRANTY)
inż. Karolina Hoffa-Sobiech (GRANTY)

Doktoranci:

mgr Małgorzata Marszałek-Zeńczak (STATUT)
mgr inż. Michał Zeńczak (STATUT)
mgr Katarzyna Nowis (STATUT)
mgr inż. Cezary Odrzygóźdź (0,25 GRANTY/POWER)
mgr inż. Anastasiia Zaremba (stypendium NCN)
Annasha Dutta (stypendium NCN)

Pracownia Hodowli Komórkowych i Tkankowych

Kierownik: dr Paweł Stróżycki (0,5 STATUT/0,5 GRANTY)

Pracownicy techniczni:

dr Mariola Piślewska-Bednarek (STATUT)
Hanna Glapiak (0,25 STATUT)
Magdalena Puszczuk (0,5 STATUT/0,5 GRANTY)
lic. Łukasz Ciecierski (STATUT)

Pracownia Genomiki

Kierownik: dr Luiza Handschuh (0,2 STATUT/0,8 GRANTY)

Pracownicy naukowci:

dr Paweł Wojciechowski (0,5 GRANTY)

Pracownicy techniczni:

dr Jan Podkowiński (0,5 STATUT/0,5 GRANTY)
dr hab. Aleksandra Świercz (0,5 STATUT)
dr Agnieszka Żmieńko (0,625 STATUT/0,375 GRANTY)
dr Anna Samelak-Czajka (GRANTY)
mgr Magdalena Rakoczy (0,5 STATUT/0,5 GRANTY)
mgr inż. Aleksander Strugała (GRANTY)

Doktoranci:

mgr inż. Anastasiia Satyr (stypendium NCN)

Pracownia Diagnostyki Molekularnej

Kierownik: mgr Katarzyna Ziółkowska (0,5 STATUT)

Pracownicy naukowci:

dr Elżbieta Lenartowicz (STATUT)

⁷ W nawiasach podane źródło finansowania pracowników.

⁸ Stan na 31.12.2020 r.

Działalność statutowa

Poszukiwanie nowych układów modelowych znajdujących zastosowanie w biologii molekularnej i systemowej (prof. dr hab. Marek Figlerowicz)

1. Genomika człowieka i jej wykorzystanie w badaniach biomedycznych (prof. dr hab. Marek Figlerowicz, wspólnie z dr Barbarą Uszczyńską-Ratajczak)

Cel badań

Celem badań była kompleksowa analiza zmian zachodzących w transkryptomach linii komórek raka jajnika w trakcie nabywania lekooporności.

Opis zrealizowanych prac

Jako modelu badawczego użyto wygenerowanych w Wojskowym Instytucie Medycznym w Warszawie linii komórek raka jajnika o krzyżowej oporności na paklitaksel (PTX) i cisplatynę (CDDP). Linie te były podstawą przyznanego w roku 2019 patentu krajowego, którego współautorem jest ICHB PAN. Traktowanie komórek A2780 rosnącymi stężeniami PTX pozwoliło uzyskać linie potomne o coraz większej oporności na PTX, a zarazem coraz większej wrażliwości na CDDP. Badania transkryptomów wybranych linii przeprowadzono z wykorzystaniem sekwencjonowania nowej generacji (RNA-seq) w Pracowni Genomiki ICHB PAN. Zaobserwowano, że liczba genów o zmienionej ekspresji w stosunku do linii macierzystej rośnie wraz ze wzrostem oporności na PTX, co wskazuje na globalną zmianę transkryptomu. 160 genów, których poziom ekspresji zmieniał się najbardziej poddano bioinformatycznej analizie funkcjonalnej z zastosowaniem sieci interakcji białkowych. Zidentyfikowano czynniki o znanym związku z nowotworzeniem i lekoopornością, np. czynnik nekrozy nowotworu (TNF), kinazę PLK2 (pełniącą dwojaką rolę supresora nowotworów lub onkogenu), czy receptory epinefryny (m.in. EPHA3) biorące udział w przekazywaniu sygnałów do wnętrza komórek. W powstałych sieciach interakcji dominowały jednak białka biorące udział w rozwoju systemu nerwowego oraz tkanki łącznej, zwłaszcza w procesach osteo- i chondrogenyzy. Były to m.in. czynniki transkrypcyjne (SOX2, RUNX2) i białka macierzy zewnątrzkomórkowej (COL1A2, POSTN, MGP, CLEC11A, SPOCK2, SPOCK3). Ekspresja większości genów kodujących te białka była obniżona, co sugeruje, że może istnieć związek pomiędzy osteomimikrą, a lekoopornością w raku jajnika. Osteomimikra polega na uruchamianiu przez komórki nowotworowe ekspresji genów typowych dla osteoblastów i osteoklastów – komórek uczestniczących w tworzeniu i przemianach tkanki kostnej. Ułatwia to przetrwanie komórek nowotworowych w obcym dla nich środowisku i tworzenie przerzutów. Uzyskane wyniki sugerują, że nabyta oporność na PTX, i jednoczesna zwiększona wrażliwość na CDDP, może hamować ten proces. Wyniki opublikowano w *International Journal of Molecular Sciences* (publikacja nr 14).

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

Cel badań

Charakterystyka ścieżek transportu RNA jako elementu komunikacji międzykomórkowej podczas regeneracji i wymiany komórek u *Schmidtea mediterranea*.

Opis zrealizowanych prac

Prawidłowy przebieg regeneracji tkanek wymaga skoordynowania aktywności pojedynczych komórek oraz integracji lokalnych i systemowych sygnałów informujących o tym, jakie struktury należy odtworzyć. Podstawę organizacji tak złożonych procesów stanowi efektywna komunikacja międzykomórkowa, która może zachodzić poprzez bezpośredni kontakt komórek, np. połączeniami szczelinowymi, lub na większe odległości, np. za sprawą wydzielanych pęcherzyków błonowych. Nośnikami informacji biologicznej mogą być zarówno związki niskocząsteczkowe, jak

i makromolekuły, np. cząsteczki RNA. Działania realizowane w Zakładzie skupiały się na analizie udziału RNA w regulacji procesu regeneracji i dotyczyły: (i) charakterystyki białek błonowych zaangażowanych w import RNA do komórek; (ii) roli zewnątrzkomórkowych pęcherzyków błonowych w transporcie RNA. Badania prowadzone były w układzie modelowym jakim jest wypławkę *Schmidtea mediterranea*. W efekcie przeprowadzonych analiz bioinformatycznych, w genomie *S. mediterranea* zidentyfikowano 3 potencjalne homologi genu kodującego białko SID-1 (Sm-SID-1) zaangażowane w import RNA, m.in. u *C. elegans* i człowieka. Dokonano charakterystyki in silico struktury tych genów, ich transkryptów oraz przewidywanych produktów białkowych. Analiza sekwencji potencjalnych białek Sm-SID-1 wykazała obecność motywów strukturalnych występujących w białkach typu SID-1 w organizmach wyższych. Analiza baz danych ekspresji genów *S. mediterranea* pozwoliła przewidzieć tkankowo-specyficzny wzór akumulacji transkryptów wytypowanych genów, który następnie zweryfikowano z wykorzystaniem immunobarwienia typu WISH (ang. *whole-mount in situ hybridization*). Wykorzystując standardowy protokół indukcji RNAi poprzez iniekcję dsRNA do tkanek *S. mediterranea*, wykazano, iż zahamowanie ekspresji potencjalnych homologów SID-1 nie zaburza procesu regeneracji wypławków. Rozpoczęto również badania zmierzające do charakterystyki funkcjonalnej Sm-SID-1. Działania dotyczące charakterystyki średnio- i długodystansowego transportu biomolekuł w trakcie regeneracji *S. mediterranea* stanowiły kontynuację badań rozpoczętych w 2019 roku we współpracy z dr Pią Siljander z Uniwersytetu Helsińskiego. W efekcie tej współpracy opracowano protokoły izolacji pęcherzyków zewnątrzkomórkowych z tkanek wypławków oraz dokonano wstępnej charakterystyki morfologicznej uzyskanych preparatów. Wyniki uzyskane w 2019 i 2020 roku stanowiły podstawę wniosku grantowego złożonego w konkursie NCN SONATA 16.

Publikacje

1. **A. Zmienko, M. Marszałek-Zenczak, P. Wojciechowski, A. Samelak-Czajka, M. Luczak, P. Kozłowski, W. Karłowski, M. Figlerowicz**
AthCNV: A map of DNA copy number variations in the Arabidopsis genome
PLANT CELL 2020, 32, 1797–1819
2. V.K. Macioszek, M. Gapinska, **A. Zmienko**, M. Sobczak, A. Skoczkowski, J. Oliwa, A.K. Kononowicz
Complexity of Brassica oleracea-Alternaria brassicicola Susceptible Interaction Reveals Downregulation of Photosynthesis at Ultrastructural, Transcriptional, and Physiological Levels
CELLS 2020, 9, 2329
3. **A. Philips, K. Nowis, M. Stelmaszczuk, P. Jackowiak, J. Podkowinski, L. Handschuh, M. Figlerowicz**
Expression Landscape of circRNAs in Arabidopsis thaliana Seedlings and Adult Tissues
FRONTIERS IN PLANT SCIENCE 2020, 11, 576581
4. **A. Philips, K. Nowis, M. Stelmaszczuk, J. Podkowinski, L. Handschuh, P. Jackowiak, M. Figlerowicz**
Arabidopsis thaliana cbp80, c2h2, and flk Knockout Mutants Accumulate Increased Amounts of Circular RNAs
CELLS 2020, 9, 1937
5. N. Rajewsky, A. Almouzni, S. Gorski, S. Aerts, I. Amit, M.G. Bertero, C. Bock, A.L. Bredenoord, G. Cavalli, S. Chiocca, H. Clevers, B. de Strooper, A. Eggert, J. Ellenberg, X.M. Fernndez, **M. Figlerowicz**, S.M. Gasser, N. Hubner, J. Kjems, J.A. Knoblich, G. Krabbe, P. Lichter, S. Linarsson, J-C. Marine, J. Marioni, M.A. Marti-Renom, M.G. Netea, D. Nickel, M. Nollmann, H.R. Novak, H. Parkinson, S. Piccolo, I. Pinheiro, A. Pombo, C.Popp, W. Reik, S. Roman-Roman, P. Rosenstiel, J.L. Schulze, O. Stegle, A. Tanay, G. Testa, D. Thanos, F.J. Theis, M-E. Torres_padilla, A. Valencia, C. Vallot, A. van Oudenaarden, M. Vidal, T. Voet, **LifeTime Community** (w tym: **P. Jackowiak, N. Koralewska**)

LifeTime and improving European Healthcare through cell-based interceptive medicine
NATURE 2020, 587, 377–386

6. **A. Philips, S. Stolarek, L. Handschuh, K. Nowis**, A. Juras, D. Trzcinski, W. Nowaczewska
 A. Wrzesinska, J. Potempa, **M. Figlerowicz**
 Analysis of oral microbiome from fossil human remains revealed the significant differences
 in virulence factors of modern and ancient *Tannerella forsythia*
BMC GENOMICS 2020, 21, 402
7. M.J. Smialek, E. Ilaslan, M.P. Sajek, **A. Swiercz, D.M. Janecki**, K. Kusz-Zamelczyk, T. Wozniak,
 M. Kotecki, **L. Handschuh, M. Figlerowicz**, J. Jaruzelska
 Characterization of RNP Networks of PUM1 and PUM2 Post-Transcriptional Regulators in
 TCam-2 Cells, a Human Male Germ Cell Model
CELLS 2020, 9, 984
8. J. Szenajch, A. Szabelska-Beresewicz, **A. Swiercz**, J. Zyprych-Walczak, I. Siatkowski,
M. Goralski, A. Synowiec, **L. Handschuh**
 Transcriptome Remodeling in Gradual Development of Inverse Resistance between
 Paclitaxel and Cisplatin in Ovarian Cancer Cells
INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES 2020, 21, 9218
9. **P.M. Perrigue, M. Rakoczy, K.P. Pawlicka, A. Belter, M. Giel-Pietraszuk, M.Z. Naskret-
 Barciszewska, J. Barciszewski, M. Figlerowicz**
 Cancer Stem Cell-Inducing Media Activates Senescence Reprogramming in Fibroblasts
CANCERS (BASEL) 2020, 12, 1745
10. **M. Pokornowska, M.C. Milewski, K. Ciechanowska, A. Szczepanska, M. Wojnicka,
 Z. Radogostowicz, M. Figlerowicz, A. Kurzynska-Kokorniak**
 The RNA-RNA base pairing potential of human Dicer and Ago2 proteins
CELLULAR AND MOLECULAR LIFE SCIENCES 2020, 77, 3231–3244
11. N. Makowska, **A. Philips**, M. Dabert, **K. Nowis**, A. Trzebny, R. Koczura, J. Mokracka
 Metagenomic analysis of β -lactamase and carbapenemase genes in the wastewater
 resistome
WATER RESEARCH 2020, 170, 115277
12. **M. Pastorczyk**, A. Kosaka, **M. Pislewska-Bednarek**, G. Lopez, H. Frerigmann, **K. Kulak**,
 E. Glawischnig, A. Molina, Y. Takano, **P. Bednarek**
 The role of CYP71A12 monooxygenase in pathogen-triggered tryptophan metabolism and
 Arabidopsis immunity
NEW PHYTOLOGIST 2020, 225, 400–412
13. K. Hematy, M. Lim, C. Cherk, **M. Pislewska-Bednarek**, C. Sanchez-Rodriguez, M. Stein,
 R. Fuchs, C. Klapprodt, V. Lipka, A. Molina, E. Grill, P. Schulze-Lefert, **P. Bednarek**,
 S. Somerville
 Moonlighting Function of Phytochelatin Synthase1 in Extracellular Defense against Fungal
 Pathogens
PLANT PHYSIOLOGY 2020, 182, 1920–1932
14. K.B. Czyz, M. Ksiazkiewicz, G. Koczyk, A. Szczepaniak, **J. Podkowinski**, B. Naganowska
 A Tale of Two Families: Whole Genome and Segmental Duplications Underlie Glutamine
 Synthetase and Phosphoenolpyruvate Carboxylase Diversity in Narrow-Leafed Lupin
 (*Lupinus angustifolius* L.)
INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES 2020, 21, 2580
15. A. Martyna, M. Maslyk, M. Janeczko, E. Kochanowicz, B. Gielniewski, **A. Swiercz**,
 O.M. Demchuk, K. Kubinski
 Antifungal Agent 4-AN Changes the Genome-Wide Expression Profile, Downregulates
 Virulence-Associated Genes and Induces Necrosis in *Candida albicans* Cells
MOLECULES 2020, 25, 2928

16. V.K. Macioszek, M. Gapinska, **A. Zmienko**, M. Sobczak, A. Skoczkowski, J. Oliwa, A.K. Kononowicz
Complexity of Brassica oleracea-Alternaria brassicicola Susceptible Interaction Reveals Downregulation of Photosynthesis at Ultrastructural, Transcriptional, and Physiological Levels
CELLS 2020, 9, 2329
17. A. Jezela-Stanek, E. Ciara, D. Jurkiewicz, M. Kucharczyk, K.H. Chrzanowska, M. Krajewska-Walasek, **T. Zemojtel**
The phenotype-driven computational analysis yields clinical diagnosis for patients with atypical manifestations of known intellectual disability syndromes
MOLECULAR GENETICS & GENOMIC MEDICINE 2020, 8, e1263
18. B. Budny, K. Karmelita-Katulska, M. Stajgis, **T. Zemojtel**, M. Ruchala, K. Ziemnicka
Copy Number Variants to Combined Pituitary Hormone Deficiency
INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES 2020, 21, 5757
19. **A. Satyr, A. Zmienko**
Sekwencjonowanie nanoporowe i jego zastosowanie w biologii
POSTĘPY BIOCHEMII 2020, 66, 193–204

Prace przyjęte do druku

1. **E. Wyszko, M. Popenda, D. Gudanis, J. Sarzynska, A. Belter, P. Perrigue**, P. Skowronek, **K. Rolle, J. Barciszewski**
The model structure of the hammerhead ribozyme formed by RNAs of reciprocal chirality
Bioscience Reports, DOI: 10.1042/BSR20203424
2. **N. Makowska**, K. Bresa, R. Koczura, **A. Philips, K. Nowis**, J. Mokracka
Urban wastewater as a conduit for pathogenic Gram-positive bacteria and genes encoding resistance to β -lactams and glycopeptides
Science of the Total Environment, DOI:10.1016/j.scitotenv.2020.144176
3. A. Kosaka, **M. Pastorczyk, M. Pislewska-Bednarek**, T. Nishiuchi, E. Ono, H. Suemoto, A. Ishikawa, H. Frerigmann, M. Kaido, K. Mise, **P. Bednarek**, Y. Takano
Tryptophan-derived metabolites and BAK1 separately contribute to Arabidopsis postinvasive immunity against Alternaria brassicicola
Scientific Reports, DOI:10.1038/s41598-020-79562-x

Projekty realizowane w Zakładzie i Pracowniach w 2020 r.

1. Dynastia i społeczeństwo państwa Piastów w świetle zintegrowanych badań historycznych, antropologicznych i genomicznych; (SYMFONIA) – projekt realizowany w konsorcjum; lider projektu: ICHB PAN
Kierownik projektu: prof. dr hab. Marek Figlerowicz
2. Kompleksowa analiza transkryptomu Schmidtea mediterranea – identyfikacja niekodujących RNA zaangażowanych w rozwój linii komórkowych podczas regeneracji; (OPUS)
Kierownik projektu: dr hab. Paulina Jackowiak
3. Demetylaza histonów JMJD3 jako epigenetyczny regulator procesów senescencji oraz nowotworzenia; (SONATA)
Kierownik projektu: dr Patrick Perrigue
4. Udział polimorfizmu liczby kopii genów w naturalnym zróżnicowaniu odpowiedzi ekotypów Arabidopsis thaliana na stres biotyczny; (SONATA)
Kierownik projektu: dr Agnieszka Żmieńko
5. Polimorfizm liczby kopii genów mikroRNA w populacji naturalnych linii Arabidopsis thaliana oraz jego wpływ na potranskrypcyjną regulację ekspresji genów docelowych; (PRELUDIUM)
Kierownik projektu: dr Anna Samelak-Czajka

6. Wykorzystanie enzymów AID/APOBEC w mapowaniu modyfikacji cytozyny w kwasach nukleinowych; (LIDER)
Kierownik projektu: dr Lucyna Budzko
7. ECBiG – Europejskie Centrum Bioinformatyki i Genomiki; (POIR) – projekt realizowany w konsorcjum; lider projektu: ICHB PAN
Kierownik projektu: prof. dr hab. Marek Figlerowicz
8. NEBI – Krajowy Ośrodek Badań Obrazowych w Naukach Biologicznych i Biomedycznych; (POIR) – projekt realizowany w konsorcjum; lider projektu: Instytut Biologii Doświadczalnej im. M. Nenckiego PAN, Warszawa (kierownik projektu: prof. dr hab. Agnieszka Dobrzyń)
Kierownik zadań z ramienia ICHB PAN: prof. dr hab. Marek Figlerowicz
9. REGIONAL COVID-HUB; (WRPO 2014+)
Kierownik projektu: prof. dr hab. Marek Figlerowicz
10. Wkład krajowy na rzecz udziału we wspólnym międzynarodowym przedsięwzięciu pn. European Infrastructure of Open Screening Platforms for Chemical Biology European Research Infrastructure Consortium (EU-OPENSOURCE ERIC) – projekt realizowany w konsorcjum „POL-OPENSOURCE”; lider projektu: Instytut Biologii Medycznej PAN, Łódź (kierownik projektu: prof. dr hab. Zbigniew Leśnikowski)
Kierownik zadań z ramienia ICHB PAN: prof. dr hab. Marek Figlerowicz, zastępca kierownika: dr Jacek Kolanowski
11. Revolutionizing Healthcare by Tracking and Understanding Human Cells during Disease LifeTime; (Horyzont 2020) – projekt realizowany w konsorcjum międzynarodowym; lider projektu: Max-Delbrück-Centrum für Molekularmedizin (MDC), Niemcy
Kierownik zadań z ramienia ICHB PAN: prof. dr hab. Marek Figlerowicz

Zakład Biomolekularnego NMR

Kierownik Zakładu: prof. dr hab. Zofia Gdaniec (STATUT)⁹

Skład osobowy¹⁰

Pracownicy naukowcy:

dr Daniel Baranowski (STATUT)

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

dr Witold Andrałojć (0,8 STATUT/0,2 GRANTY)

Pracownicy techniczni:

mgr Karolina Zielińska (0,9 STATUT/0,1 GRANTY)

Pracownia NMR

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

Pracownicy techniczni:

mgr Anna Teubert (STATUT)

Działalność statutowa

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

⁹ W nawiasach podane źródło finansowania pracowników.

¹⁰ Stan na 31.12.2020 r.

Cel badań

Celem badań było zaprojektowanie, otrzymanie i przetestowanie dwusegmentowego oligonukleotydu antysensowego, którego działanie bazuje na indukowaniu G-kwadrupleksów w ściśle zdefiniowanym miejscu na matrycy mRNA.

Opis zrealizowanych prac

W transkrypcie człowieka występuje wiele sekwencji bogatych w reszty guanozyny, w których bloki guanozynowe są oddalone od siebie o wiele reszt nukleotydowych. Sekwencje takie występują np. w mRNA kodującym białko receptora naskórkowego czynnika wzrostu (EGFR). Opracowano strategię antysensową opartą na tworzeniu stabilnych struktur hybrydowych typu dupleks-kwadrupleks między dwusegmentowym oligonukleotydem RNA (Q-ASO), a fragmentem mRNA EGFR zawierającym dwa odległe od siebie bloki guanozynowe. Jeden z fragmentów dwusegmentowego oligonukleotydu Q-ASO zawiera sekwencję „nakierowującą”, która jest komplementarna do fragmentu docelowego mRNA, z kolei drugi fragment zawiera dwa czteronukleotydowe bloki guanozynowe przedzielone krótkim łącznikiem, nukleotydowym lub nienukleotydowym. Wykorzystując metody spektroskopii NMR, UV i CD oraz elektroforezy żelowej wykazano tworzenie się struktur hybrydowych typu kwadrupleks-dupleks, zawierających 28-nt ustrukturyzowaną pętlę zewnętrzną przyjmującą postać dwóch krótkich spinek. Stabilność biologiczną tych struktur zwiększono dzięki wprowadzeniu niewystępujących naturalnie modyfikacji chemicznych, takich jak nienukleotydowe łączniki lub fluorowane analogi guanozyny. Modyfikowany chemicznie Q-ASO skuteczniej obniżał poziom mRNA EGFR w porównaniu z klasycznymi antysensowymi oligonukleotydami RNA lub DNA. Oligonukleotyd Q-ASO połączony kowalencyjnie z sondą fluorescencyjną (Fl-Q-ASO) posłużył do oznaczenia poziomu endogennego mRNA EGFR metodą wizualizacji fluorescencyjnej domeny kwadrupleksowej w kompleksie Fl-Q-ASO/EGFR w komórkach nowotworowych MCF-7, HeLa i A431. Wykazano także specyficzne wiązanie Fl-Q-ASO do badanego mRNA. Wyniki badań zostały opublikowane w *Cells*.

Publikacje

1. **D. Gudanis**, D. Kaniowski, K. Kulik, **D. Baranowski**, **Z. Gdaniec**, B. Nawrot
Formation of an RNA Quadruplex-Duplex Hybrid in Living Cells between mRNA of the Epidermal Growth Factor Receptor (EGFR) and a G-Rich Antisense Oligoribonucleotide
CELLS 2020, 9, 2375
2. **W. Andralojc**, **K. Pasternak**, **J. Sarzynska**, **K. Zielinska**, **R. Kierzek**, **Z. Gdaniec**
The origin of the high stability of 3'-terminal uridine tetrads: contributions of hydrogen bonding, stacking interactions, and steric factors evaluated using modified oligonucleotide analogs
RNA 2020, 26, 2000–2016
3. T. Laskowski, **W. Andralojc**, J. Grynda, P. Gwarda, J. Mazerski, **Z. Gdaniec**
A strong preference for the TA/TA dinucleotide step discovered for an acridine-based, potent antitumor dsDNA intercalator, C-1305: NMR-driven structural and sequence-specificity studies
SCIENTIFIC REPORTS 2020, 10, 11697
4. **D. Wawrzyniak**, **G. Framski**, **P. Januszczuk**, **T. Ostrowski**, **D. Baraniak**, **Z. Jahnz-Wechmann**, **J. Fogt**, **A. Manikowski**, **D. Baranowski**, **K. Rolle**, **J. Boryski**
7-(β-D-Ribofuranosyl)guanine and its Analogues Modified in the Sugar Portion: Synthesis and Antiglioma Properties
CHEMISTRYSELECT 2020, 5, 13370–13375
5. M. Wozniak-Karczewska, **D. Baranowski**, **G. Framski**, **L. Marczak**, M. Cvancarova, P. F.-X. Corvini, L. Chrzanowski
Biodegradation of ritalinic acid by *Nocardioide* sp. – Novel imidazole-based alkaloid

metabolite as a potential marker in sewage epidemiology

JOURNAL OF HAZARDOUS MATERIALS 2020, 385, 121554

6. A. Jamrozik, M. Barczewski, **G. Framski**, **D. Baranowski**, P. Jakubowska, L. Klapiszewski, T. Jesionowski, A. Voelkel, B. Strzemieska
Synthesis and Characterization of Low-Cost Cresol-Based Benzoxazine Resins as Potential Binders in Abrasive Composites
MATERIALS 2020, 13, 2995
7. J. Piskorz, J. Długaszewska, W. Porolnik, **A. Teubert**, J. Mielcarek
Boron-dipyrromethene derivatives bearing N-alkyl phthalimide and amine substituents of potential application in the photoinactivation of bacteria
DYES AND PIGMENTS 2020, 178, 108322
8. T. Koczorowski, J. Ber, T. Sokolnicki, **A. Teubert**, W. Szczolko, T. Goslinski
Electrochemical and catalytic assessment of peripheral bromoaryl-substituted manganese and iron porphyrans
DYES AND PIGMENTS 2020, 178, 108370
9. **D. Baranowski**
Sondy fluorescencyjne typu „light up” do detekcji i bioobrazowania g-kwadrupleksów in vitro i in vivo (część 1 i 2)
WIADOMOŚCI CHEMICZNE 2020, 74, 853–901

Prace przyjęte do druku

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

The model structure of the hammerhead ribozyme formed by RNAs of reciprocal chirality
Bioscience Reports, DOI: 10.1042/BSR20203424

Projekty realizowane w Zakładzie i Pracowni w 2020 r.

1. Synteza i badania strukturalne oligonukleotydów o sekwencjach ramion antykodonów tRNA zawierających nowe modyfikowane nukleozydy: ct6A, ms2ct6A, ges2U; (OPUS) – projekt realizowany w konsorcjum; lider projektu: Politechnika Łódzka (kierownik projektu: prof. dr hab. E. Sochacka)
Kierownik zadań z ramienia ICHB PAN: prof. dr hab. Zofia Gdaniec
2. Badanie zależności pomiędzy sekwencją DNA a strukturą jako punkt wyjścia do projektowania G-kwadrupleksów o określonej topologii – zintegrowane podejście łączące symulacje molekularne i metody eksperymentalne; (OPUS) – projekt realizowany w konsorcjum; lider projektu: Politechnika Gdańska (kierownik projektu: dr hab. inż. Jacek Czub)
Kierownik zadań z ramienia ICHB PAN: prof. dr hab. Zofia Gdaniec
3. Badania strukturalne DNAzymów 8-17 i I-R2 metodami NMR; (SONATA)
Kierownik projektu: dr Witold Andrałowicz

Zakład Chemii i Biologii Strukturalnej Kwasów Nukleinowych

Kierownik Zakładu: prof. dr hab. Ryszard Kierzek (0,6 STATUT/0,4 GRANTY)¹¹

Skład osobowy¹²

Pracownicy naukowcy:

dr Marta Szabat (GRANTY)

dr Marta Soszyńska-Jóźwiak (0,6 STATUT/0,4 GRANTY)

¹¹ W nawiasach podane źródło finansowania pracowników.

¹² Stan na 31.12.2020 r.

dr Paweł Zmora (GRANTY)
dr Tomasz Czapik (STATUT)
dr Agnieszka Ruszkowska (GRANTY)

Pracownicy techniczni:

mgr inż. Grażyna Dominiak (STATUT)

Doktoranci:

mgr Dagny Lorent (stypendium NCN)
mgr inż. Rafał Nowak (stypendium NCN)
mgr Martina Prochota (stypendium NCN)
mgr Maria Tomaszewska (stypendium NCN)

Działalność statutowa

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

Cel badań

Poznanie termodynamiki i właściwości strukturalnych oligonukleotydów zawierających N7 izomery adenozyiny, guanozyiny i LNA-adenozyiny.

Opis zrealizowanych prac

Naturalne nukleozydy purynowe zawierają wiązania glikozydowe pomiędzy C1' reszty cukrowej i N9 puryny. W określonych warunkach możliwa jest synteza kinetycznie preferowanego izomeru N7 puryny. Jak dotychczas nikt nie badał wpływu zastąpienia wiązania glikozydowego C1'-N9 na C1'-N7 na trwałość termodynamiczną oraz strukturę dupleksów RNA. W tym celu podjęto takie badania i otrzymano szereg modelowych oligonukleotydów zawierających w pozycji wewnętrznej N7 izomery adenozyiny (7A), LNA-adenozyiny (7AL) oraz guanozyiny (7G). W modelowych dupleksach RNA N7 izomery (oznaczone, jako X) tworzyły następujące pary zasad: X-U, X-C, X-A i X-G. Jako dupleksy referencyjne użyto ich analogów zawierających naturalne (N9) izomery adenozyiny, LNA-adenozyiny oraz guanozyiny. Badania termodynamiczne wykazały, że trwałość termodynamiczna, w stosunku do N9 izomerów, jest bardzo zmniejszona, gdy N7 izomeryczny oligonukleotyd tworzy komplementarną parę zasad (7A-U i 7G-C), natomiast ulega ona wzmocnieniu, gdy tworzy niesparowania z A, C i G (tworzą się pary 7A-A, 7A-C, 7A-G, 7G-U, 7G-G). Badania NMR kilku RNA dupleksów wykazały schemat parowania się par zasad izomerów N7 w takim dupleksie. Publikacja dotycząca badań z udziałem 7A i 7AL jest obecnie przygotowywana.

Publikacje

1. **E. Kierzek, R. Kierzek**
Conscious uncoupling of riboswitch functions
JOURNAL OF BIOLOGICAL CHEMISTRY 2020, 295, 2568–2569
2. **J. Piasecka, E. Lenartowicz, M. Soszynska-Jozwiak, B. Szutkowska, R. Kierzek, E. Kierzek**
RNA Secondary Structure Motifs of the Influenza A Virus as Targets for siRNA-Mediated RNA Interference
MOLECULAR THERAPY-NUCLEIC ACIDS 2020, 19, 627–642
3. **M. Szabat, D. Lorent, T. Czapik, M. Tomaszewska, E. Kierzek, R. Kierzek**
RNA secondary structure as a first step for rational design of the oligonucleotides towards inhibition of influenza A virus replication
PATHOGENS 2020, 9, 925
4. **W. Andralojc, K. Pasternak, J. Sarzynska, K. Zielinska, R. Kierzek, Z. Gdaniec**
The origin of the high stability of 3'-terminal uridine tetrads: contributions of hydrogen

bonding, stacking interactions, and steric factors evaluated using modified oligonucleotide analogs

RNA 2020, 26, 2000–2016

5. L. Pielok, M. Karczewski, W. Cierach, **P. Zmora, E. Lenartowicz**, J. Stefaniak
Portal hypertension as a result of the incomplete surgically treated advanced alveolar echinococcosis: a case description
BMC GASTROENTEROLOGY 2020, 20, 176
6. **P. Zmora, E. Lenartowicz**
Diagnostyka zakażenia wirusem SARS-CoV2 – aktualny stan wiedzy oraz perspektywy rozwoju
Diagnosta Laboratoryjny, 2020, 4, 24–29, ISSN 208-1663

Projekty realizowane w Zakładzie w 2020 r.

1. Kotranskrypcyjne fałdowanie vRNA wirusa grypy w obecności antysensowych oligonukleotydów w zainfekowanych wirusem komórkach MDCK. Nowa metoda chemicznego mapowania struktury RNA w oparciu o metodę głębokiego sekwencjonowania; (OPUS)
Kierownik projektu: prof. dr hab. Ryszard Kierzek
2. Parametry termodynamiczne i reguły fałdowania się RNA w warunkach komórkowych (in vivo – like). Przewidywania fałdowania się RNA dla lepszego poznania ich struktury i funkcji w komórkach Ssaczych; (OPUS)
Kierownik projektu: prof. dr hab. Ryszard Kierzek
3. 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. Molekularne podstawy aktywacji wirusów grypy przez transbłonowe proteazy serynowe typu II; (BEETHOVEN LIFE)
Kierownik projektu: dr Paweł Zmora
5. TMPRSS2 – potencjalny cel dla nowych leków oraz wyznacznik przebiegu COVID 19; (SZYBKĄ ŚCIEŻKĄ DOSTĘPU DO FUNDUSZY NA BADANIA NAD COVID-19)
Kierownik projektu: dr Paweł Zmora

Zakład Chemii Komponentów Kwasów Nukleinowych

Kierownik Zakładu: dr hab. Michał Sobkowski, prof. ICHB PAN (STATUT)¹³

Skład osobowy¹⁴

Pracownicy naukowcy:

dr hab. Tomasz Ostrowski, prof. ICHB PAN (STATUT)
dr Dagmara Baraniak (0,8 STATUT/0,2 GRANTY)
dr Joanna Romanowska (STATUT)
dr Justyna Gołębiowska (STATUT)

Pracownicy techniczni:

dr Grzegorz Framski (STATUT)

Doktoranci:

mgr inż. Tomasz Modrzyński (stypendium NCN)

¹³ W nawiasach podane źródło finansowania pracowników.

¹⁴ Stan na 31.05.2020 r.

Afiliowani profesorowie:

prof. dr hab. Jerzy Boryski (STATUT)

prof. dr hab. Adam Kraszewski (STATUT)

prof. dr hab. Jacek Stawiński (0,2 STATUT)

Działalność statutowa

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

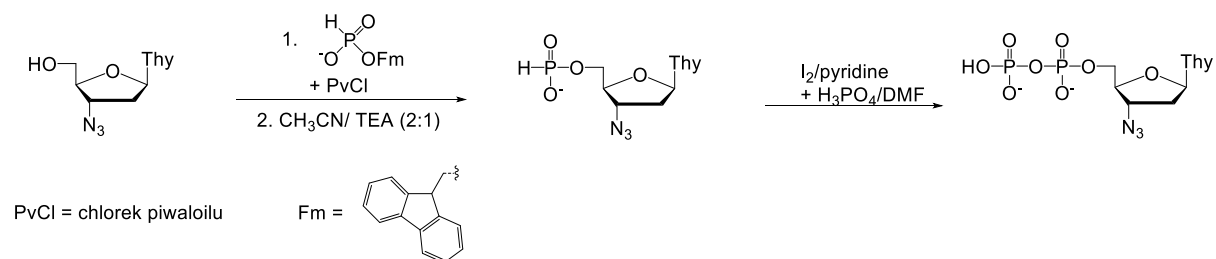
1. Poszukiwania nowych typów pronukleotydów terapeutycznych (dr hab. Michał Sobkowski)

Cel badań

Celem badań było poszukiwanie nowych analogów di-, tri-, tetra- itd. fosforanów nukleozydów, które wykazywałyby charakter pronukleotydów i umożliwiałyby wprowadzanie do komórki pochodnych nukleotydowych o charakterze terapeutycznym.

Opis zrealizowanych prac

Kontynuowane były badania nad amidofosforanowymi pochodnymi analogów nukleotydów. Otrzymane wg metody syntezy opracowanej w Zakładzie amidofosforany nukleozydów zostały modyfikowane w części fosforanowej, w której jedna z grup fosforanowych była maskowana grupą aryłową – wg założeń odpowiedzialną za korzystny profil fizykochemiczny, umożliwiającą kontrolę kinetyki transformacji do biologicznie aktywnego nukleotydu. Poszukując metod syntezy arylo nukleozydo amidofosforanodiestrów, eksplorowano podejście z wykorzystaniem metody Efimova, w której amidofosforany AZT kondensowano z odpowiednim arylolem wobec chlorku 2,4,6-triizopropylbenzenosulfonowego (TPSCI). Kondensacja amidofosforanu zarówno z fenolem, jak i z 2- oraz 3-pirydynolem przebiegała ilościowo i szybko (< 5 min., ^{31}P NMR), z utworzeniem odpowiednich amidofosforanodiestrów. Rozpoczęte zostały badania w kierunku syntezy arylo nukleozydo amidofosforanów z wykorzystaniem reakcji oksydatywnej kondensacji. W ramach prac nad nukleozydo 5'-difosforanami, potwierdzona została skuteczność opracowanej wcześniej metody syntezy i izolacji nukleozydo 5'-difosforanów posiadających wolną resztę fosforanową w pozycji α i β , w tzw. warunkach *one pot*. W tym celu modelowy nukleozydo 5'-H-fosfonian AZT został otrzymany w reakcji nukleozydu (AZT) z krystalicznym H-fosfonianem fluorenylowym, a następnie bezpośrednio poddany reakcji oksydatywnej kondensacji z kwasem fosforowym wobec jodu (Schemat 1). Oczekiwany przebieg reakcji został potwierdzony za pomocą spektroskopii ^{31}P NMR, a finalny produkt, nukleozydo 5'-difosforan, po oczyszczeniu na kolumnie chromatograficznej wypełnionej żelą krzemionkowym, został otrzymany z wydajnością >40%. Opracowana ścieżka syntetyczna została z powodzeniem zastosowana również w syntezie nukleozydo 5'-difosforanów pochodnych 5-fluorourydyny i d4T o znanych właściwościach antynowotworowych i antywirusowych. Efektem tych prac, poza łatwą dostępnością syntetyczną różnych analogów 5'-difosforanów nukleozydów, jest wydana w roku sprawozdawczym publikacja w *Synthetic Communications*.



Schemat 1. Syntezy nukleozydo 5'-difosforanów

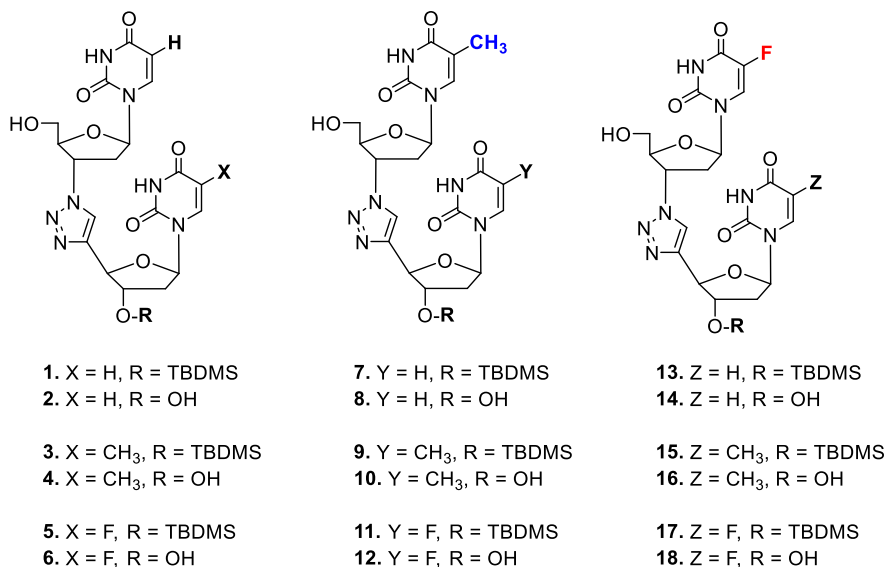
2. Transformacja nukleozydów dla nowych celów terapeutycznych i określenie mechanizmów leżących u podłoża ich aktywności biologicznej (prof. dr hab. Jerzy Boryski)

Cel badań

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

Opis zrealizowanych prac

Przeprowadzono badania aktywności antynowotworowej *in vitro* otrzymanych uprzednio 12 pochodnych 7-rybozyloguaniny modyfikowanych w części cukrowej, w 5 liniach komórek nowotworowych (T98G, U251 MG, HeLa, SKOV-3, T-47D) wobec zdrowych komórek MRC-5. W przypadku większości związków stwierdzono umiarkowaną lub wysoką (IC_{50} 6-52 μ M) i selektywną aktywność cytotoksyczną w liniach glejaka wielopostaciowego T98G oraz U251. Związki te nie wykazywały toksyczności wobec innych komórek nowotworowych i w komórkach zdrowych. Najkorzystniejsze wyniki uzyskano dla odpowiednich rybozydów, deoksyrybokleozydów, a także acyklonukleozydów 7-guaninowych. Co więcej, najbardziej aktywne związki można w prosty sposób otrzymywać z guaniny bądź guanozyny. Wyniki tych badań, wraz z częścią syntetyczną, opublikowano w *ChemistrySelect*. Równocześnie kontynuowano syntezę drugiej serii pochodnych 7-rybozyloguaniny modyfikowanych w części zasadowej, zdobywając nowe i nieoczekiwane informacje na temat różnic w reaktywności tego układu w porównaniu z układem guanozyny. Kontynuowano syntezę pochodnych analogów dimerów nukleozydów, które w swojej strukturze posiadają krótki łącznik internukleozydowy, a dokładnie 1,4-dipodstawiony pierścień 1,2,3-triazolowy (Schemat 2). Otrzymano łącznie 3 dimery (związek: **1**, **8**, **13**) wraz z ich odpowiednimi substratami nukleozydowymi (pochodne 3'-azydo- oraz 5'-alkiny nukleozydów). Prowadzono także badania dotyczące selektywności reakcji typu *click* w warunkach Meldala, tak aby możliwe było otrzymanie wyłącznie pożądanego produktu, a mianowicie pochodnej protonowej w pozycji 5 pierścienia triazolowego zamiast powstającej jako produkt uboczny – jodopochodnej. Z omawianej serii przekazano 6 dimerów nukleozydów (związki: **4**, **7**, **12**, **15**, **16**, **18**) do badań aktywności *in vitro*.



Schemat 2. Otrzymane pochodne 3'- lub 5'-O-propargilowe tymidyny i 5-fluoro-2'-deoksyurydyny

1. **A. Kraszewski, M. Sobkowski, J. Stawinski**
H-Phosphonate Chemistry in the Synthesis of Electrically Neutral and Charged Antiviral and Anticancer Pronucleotides
FRONTIERS IN CHEMISTRY 2020, 8, 585738
2. **M. Rachwalak, M. Rozniewska, J. Golebiewska, T. Jakubowski, M. Sobkowski, J. Romanowska**
A practical synthesis of nucleoside 5'-diphosphates from nucleoside 5'- H -phosphonate monoesters
SYNTHETIC COMMUNICATIONS 2020, 50, 1–9
3. **D. Wawrzyniak, G. Framski, P. Januszczczyk, T. Ostrowski, D. Baraniak, Z. Jahnz-Wechmann, J. Fogt, A. Manikowski, D. Baranowski, K. Rolle, J. Boryski**
7-(β -D-Ribofuranosyl)guanine and its Analogues Modified in the Sugar Portion: Synthesis and Antiglioma Properties
CHEMISTRYSELECT 2020, 5, 13370–13375
4. **M. Jakubowski, I. Lakomska, J. Sitkowski, M. Pokrywczynska, P. Dabrowski, G. Framski, T. Ostrowski**
Multinuclear magnetic resonance characterization and antiproliferative studies of novel dichlorido platinum(II) complexes containing kinetin riboside and 1- β -D-ribofuranosyl-4-(2-pyridyl)-1H-1,2,3-triazole
POLYHEDRON 2020, 180, 114428
5. **J. Golebiewska, J. Stawinski**
Reaction of Boranephosphonate Diesters with Pyridines or Tertiary Amines in the Presence of Iodine: Synthetic and Mechanistic Studies
JOURNAL OF ORGANIC CHEMISTRY 2020, 85, 4312-4323
6. **W. Wilms, M. Wozniak-Karczewska, M. Niemczak, P. Lisiecki, A. Zgola-Grzeskowiak, L. Lawniczak, G. Framski, J. Pernak, M. Owsianiak, C. Vogt, A. Fischer, R.D. Rogers, L. Chrzanowski**
Quantifying the mineralization of C-13-labeled cations and anions reveals differences in microbial biodegradation of herbicidal ionic liquids between water and soil
ACS SUSTAINABLE CHEMISTRY & ENGINEERING 2020, 8, 3412–3426
7. **M. Wozniak-Karczewska, D. Baranowski, G. Framski, L. Marczak, M. Cvancarova, P. F.-X. Corvini, L. Chrzanowski**
Biodegradation of ritalinic acid by *Nocardioide* sp. – Novel imidazole-based alkaloid metabolite as a potential marker in sewage epidemiology
JOURNAL OF HAZARDOUS MATERIALS 2020, 385, 121554
8. **A. Jamrozik, M. Barczewski, G. Framski, D. Baranowski, P. Jakubowska, L. Klapiszewski, T. Jesionowski, A. Voelkel, B. Strzemiecka**
Synthesis and Characterization of Low-Cost Cresol-Based Benzoxazine Resins as Potential Binders in Abrasive Composites
MATERIALS 2020, 13, 2995
9. **A. Parus, W. Wilms, V. Verkhovetska, G. Framski, M. Wozniak-Karczewska, A. Syguda, B. Strzemiecka, A. Borkowski, L. Lawniczak, L. Chrzanowski**
Transformation of herbicides into dual function quaternary tropinium salts
NEW JOURNAL OF CHEMISTRY 2020, 44, 8869–8877
10. **M. Jakubowski, I. Lakomska, J. Sitkowski, M. Pokrywczynska, P. Dabrowski, G. Framski, T. Ostrowski**
Multinuclear magnetic resonance characterization and antiproliferative studies of novel dichlorido platinum(II) complexes containing kinetin riboside and 1- β -D-ribofuranosyl-4-(2-pyridyl)-1H-1,2,3-triazole
POLYHEDRON 2020, 180, 114428

11. J. Golebiewska

Nukleozydy i oligonukleozydy boranofosfoniany - metody syntezy i wybrane właściwości biologiczne

WIADOMOŚCI CHEMICZNE 2020, 74, 7-8

Prace przyjęte do druku

1. M. Rachwałak, J. Golebiewska, T. Jakubowski, J. Stawinski

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

Synthesis, DOI: 10.1055/s-0040-1706569

Projekty realizowane w Zakładzie i Pracowni w 2020 r.

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

Kierownik projektu: dr Dagmara Baraniak

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

Kierownik projektu: mgr Justyna Gołębiewska

3. Synteza nowego typu analogów nukleotydów zawierających wiązanie P-N o potencjalnym zastosowaniu jako pronukleotydy anty-HIV; (MINIATURA)

Kierownik projektu: dr Joanna Romanowska

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

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

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

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

Zakład Genetyki Molekularnej

Kierownik Zakładu: prof. dr hab. Piotr Kozłowski (STATUT)¹⁵

Skład osobowy¹⁶

Pracownicy naukowcy:

dr hab. Marzena Wojciechowska, prof. ICHB PAN (STATUT)

dr hab. Anna Jasińska (urlop bezpłatny do 01.06.2021 r.)

dr Paulina Gałka-Marciniak (GRANTY)

dr Malwina Suszyńska (STATUT)

dr Martyna Urbanek-Trzeciak (0,5 STATUT)

Pracownicy techniczni:

mgr Katarzyna Chojnacka (STATUT)

Doktoranci:

mgr Paulina Nawrocka (stypendium NCN)

¹⁵ W nawiasach podano źródło finansowania pracowników.

¹⁶ Stan na 31.12.2020r.

Pracownia Bioinformatyki

Kierownik: dr Anna Philips (GRANTY)

Pracownicy naukowci:

dr hab. Tadeusz Kuliński, prof. ICHB PAN (STATUT)

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

dr Nicoletta Makowska (GRANTY)

dr Natalia Szóstak (0,5 STATUT/0,5 GRANTY)

Pracownicy techniczni:

dr hab. Małgorzata Oczko-Wojciechowska (0,2 GRANTY)

dr Joanna Sarzyńska (STATUT)

dr Aneta Sawikowska (0,5 STATUT)

mgr Katarzyna Tomela (0,5 GRANTY)

Działalność statutowa

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

Cel badań

Analiza zmiany liczby kopii (CNV) wybranych genów u człowieka z wykorzystaniem metody MLPA (ang. *Multiplex Ligation-dependent Probe Amplification*).

Opis zrealizowanych prac

Analiza zmiany liczby kopii (CNV) genu *BARD1* u pacjentek z rodzinnym rakiem piersi/jajnika wykazała, że weryfikacja eksperymentalna CNV wykrytych na podstawie analizy in silico danych sekwencjonowania całokosmowego (WES; ang. *whole-exome sequencing*) jest wymagana ze względu na wysoką częstotliwość fałszywie dodatnich przewidywań (publikacja: Lepkes L, *et al.*, *Cancers*, przyjęta do druku w 2021 r.)

Analiza zmiany liczby kopii genów *TSC1* i *TSC2* u niemowląt ze stwardnieniem guzowatym została przeprowadzona w ramach międzynarodowego badania prospektywnego EPISTOP, w celu kompleksowego genotypowania *TSC1* i *TSC2* i określenia korelacji zmian genetycznych z objawami klinicznymi (publikacja: Ogorek B, *et al.*, *Genetics in Medicine*)

Kontynuowano również analizę CNV genów *JAK1*, *PDL-1* oraz *PDL-2* u pacjentów z nadpłytkowością samoistną (publikacja: Lewandowski K, *et al.* *International Journal of Molecular Sciences*, w recenzji).

Publikacje

1. **M.O. Urbanek-Trzeciak, P. Galka-Marciniak, P.M. Nawrocka, E. Kowal, S. Szewc, M. Giefing, P. Kozłowski**
Pan-cancer analysis of somatic mutations in miRNA genes
EBIOMEDICINE 2020, 61, 103051
2. **M. Suszyska, P. Kozłowski**
Summary of *BARD1* Mutations and Precise Estimation of Breast and Ovarian Cancer Risks Associated with the Mutations
GENES 2020, 11, 798
3. B. Ogorek, L. Hamieh, H.M. Hulshof, K. Lasseter K. Klonowska, H. Kuijf, R. Moavero, C. Hertzberg, B. Weschke, K. Riney, M. Feucht, T. Scholl, P. Krsek, R. Nabbout, A.C. Jansen, B. Benova, E. Aronica, L. Lagae, P. Curatolo, J. Borkowska, K. Sadowski, D. Domanska-Pakiela, S. Janson, **P. Kozłowski**, M. Urbanska, J. Jaworski, S. Jozwiak, F.E. Jansen, K. Kotulska;
EPISTOP Consortium members, D.J. Kwiatkowski
TSC2 pathogenic variants are predictive of severe clinical manifestations in TSC infants:

results of the EPISTOP study
GENETICS IN MEDICINE 2020, 22, 1489–1497

4. **M. Suszynska**, M. Ratajska, **P. Kozlowski**
BRIP1, RAD51C, and RAD51D mutations are associated with high susceptibility to ovarian cancer: mutation prevalence and precise risk estimates based on a pooled analysis of ~30,000 cases
JOURNAL OF OVARIAN RESEARCH 2020, 13, 50
5. **A. Zmienko**, **M. Marszalek-Zenczak**, **P. Wojciechowski**, **A. Samelak-Czajka**, **M. Luczak**, **P. Kozlowski**, W. Karlowski, **M. Figlerowicz**
AthCNV: A map of DNA copy number variations in the Arabidopsis genome
PLANT CELL 2020, 32, 1797–1819
6. **A.J. Jasinska**
Resources for functional genomic studies of health and development in nonhuman primates
AMERICAN JOURNAL OF PHYSICAL ANTHROPOLOGY 2020, 171, 174–194
7. **A.J. Jasinska**, D. Rostamian, A.T. Davis, K. Kavanagh
Transcriptomic Analysis of Cell-free Fetal RNA in the Amniotic Fluid of Vervet Monkeys (*Chlorocebus sabaeus*)
COMPARATIVE MEDICINE 2020, 70, 67–74
8. **A.J. Jasinska**, T.S. Dong, V. Lagishetty, W. Katzka, J.P. Jacobs, C.S. Schmitt, J.D. Cramer, D. Ma, W.C. Coetzer, J.P. Grobler, T.R. Turner, N. Freimer, I. Pandrea, C. Apetrei
Shifts in microbial diversity, composition, and functionality in the gut and genital microbiome during a natural SIV infection in vervet monkeys
MICROBIOME 2020, 8, 154
9. C.A. Schmitt, C.M. Bergey, **A.J. Jasinska**, V. Ramensky, F. Burt, H. Svardal, M. Jorgensen, N.B. Freimer, J.P. Grobler, T.R. Turner
ACE2 and TMPRSS2 variation in savanna monkeys (*Chlorocebus* spp.): Potential risk for zoonotic/anthroponotic transmission of SARS-CoV-2 and a potential model for functional studies
PLOS ONE 2020, 15, e0235106
10. **A.J. Jasinska**, I. Pandrea, T. He, C. Benjamin, M. Newton, J.C. Lee, N.B. Freimer, G. Coppola, J.D. Jentsch
Immunosuppressive effect and global dysregulation of blood transcriptome in response to psychosocial stress in vervet monkeys (*Chlorocebus sabaeus*)
SCIENTIFIC REPORTS 2020, 10, 3459
11. **J.O. Misiorek**, A.M. Schreiber, **M.O. Urbanek-Trzeciak**, **M. Jazurek-Ciesiolka**, L.A. Hauser, D.R. Lynch, J.S. Napierala, **M. Napierala**
A Comprehensive Transcriptome Analysis Identifies FXN and BDNF as Novel Targets of miRNAs in Friedreich's Ataxia Patients
MOLECULAR NEUROBIOLOGY 2020, 57, 2639–2653
12. **A. Philips**, **S. Stolarek**, **L. Handschuh**, **K. Nowis**, A. Juras, D. Trzcinski, W. Nowaczewska, A. Wrzesinska, J. Potempa, **M. Figlerowicz**
Analysis of oral microbiome from fossil human remains revealed the significant differences in virulence factors of modern and ancient *Tannerella forsythia*
BMC GENOMICS 2020, 21, 402
13. **A. Philips**, **K. Nowis**, **M. Stelmaszczuk**, **J. Podkowinski**, **L. Handschuh**, **P. Jackowiak**, **M. Figlerowicz**
Arabidopsis thaliana cbp80, c2h2, and flk Knockout Mutants Accumulate Increased Amounts of Circular RNAs
CELLS 2020, 9, 1937

14. **A. Philips, K. Nowis, M. Stelmaszczuk, P. Jackowiak, J. Podkowinski, L. Handschuh, M. Figlerowicz**
Expression Landscape of circRNAs in Arabidopsis thaliana Seedlings and Adult Tissues
FRONTIERS IN PLANT SCIENCE 2020, 11, 576581
15. N. Makowska, **A. Philips, M. Dabert, K. Nowis, A. Trzebny, R. Koczura, J. Mokracka**
Metagenomic analysis of β -lactamase and carbapenemase genes in the wastewater resistome
WATER RESEARCH 2020, 170, 115277
16. **M. Popenda, J. Miskiewicz, J. Sarzynska, T. Zok, M. Szachniuk**
Topology-based classification of tetrads and quadruplex structures
BIOINFORMATICS 2020, 36, 1129–1134
17. T.P. Lehmann, J. Miskiewicz, **N. Szostak, M. Szachniuk, S. Grodecka-Gazdecka, P.P. Jagodzinski**
In vitro and in silico analysis of miR-125a with rs12976445 polymorphism in breast cancer patients
APPLIED SCIENCES-BASEL 2020, 10, 7275
18. N. Dutta N, **J. Sarzynska, A. Lahiri**
Molecular Dynamics Simulation of the Conformational Preferences of Pseudouridine Derivatives: Improving the Distribution in the Glycosidic Torsion Space
JOURNAL OF CHEMICAL INFORMATION AND MODELING 2020, 60, 4995–5002
19. A.K. Sarkar, **J. Sarzynska, A. Lahiri**
Ensemble allosteric model for the modified wobble hypothesis
JOURNAL OF PHYSICAL CHEMISTRY LETTERS 2020, 11, 6337–6343
20. Z. Miao, **R.W. Adamiak, M. Antczak, M.J. Boniecki, J.M. Bujnicki, S.J. Chen, C.Y. Cheng, Y. Cheng, F.C. Chou, R. Das, N.V. Dokholyan, F. Ding, C. Geniesse, Y. Jiang, A. Joshi, A. Krokhotin, M. Magnus, O. Mailhot, F. Major, T.H. Mann, P. Piatkowski, R. Pluta, M. Popenda, J. Sarzynska, L. Sun, M. Szachniuk, S. Tian, J. Wang, A.M. Watkins, J. Wiedemann, X. Xu, J.D. Yesselman, D. Zhang, Z. Zhang, C. Zhao, P. Zhao, Y. Zhou, T. Zok, A. Zyla, A. Ren, R.T. Batey, B.L. Golden, L. Huang, D.M. Lilley, Y. Liu, D.J. Patel, E. Westhof**
RNA-Puzzles Round IV: 3D structure predictions of four ribozymes and two aptamers
RNA 2020, 26, 982–995
21. **W. Andralojc, K. Pasternak, J. Sarzynska, K. Zielinska, R. Kierzek, Z. Gdaniec**
The origin of the high stability of 3'-terminal uridine tetrads: contributions of hydrogen bonding, stacking interactions, and steric factors evaluated using modified oligonucleotide analogs
RNA 2020, 26, 2000–2016

Prace przyjęte do druku

1. L. Lepkes, M. Kayali, B. Blumcke, J. Weber, **M. Suszynska, S. Schmidt, J. Borde, K. Klonowska, B. Wappenschmidt, J. Hauke, P. Kozlowski, R.K. Schmutzler, E. Hahnen, C. Ernst**
Performance of In Silico Prediction Tools for the Detection of Germline Copy Number Variations in Cancer Predisposition Genes in 4208 Female Index Patients with Familial Breast and Ovarian Cancer
Cancers (Basel), DOI:10.3390/cancers13010118
2. **P. Galka-Marciniak, M.O. Urbanek-Trzeciak, P.M. Nawrocka, P. Kozlowski**
A pan-cancer atlas of somatic mutations in miRNA biogenesis genes
Nucleic Acids Research, DOI:10.1093/nar/gkaa1223
3. **N. Makowska, K. Bresa, R. Koczura, A. Philips, K. Nowis, J. Mokracka**
Urban wastewater as a conduit for pathogenic Gram-positive bacteria and genes encoding resistance to β -lactams and glycopeptides
Science of the Total Environment, DOI:10.1016/j.scitotenv.2020.144176

4. **E. Wyszko, M. Popenda, D. Gudanis, J. Sarzynska, A. Belter, P. Perrigue, P. Skowronek, K. Rolle, J. Barciszewski**
The model structure of the hammerhead ribozyme formed by RNAs of reciprocal chirality
Bioscience Reports, DOI: 10.1042/BSR20203424
5. **J. Miskiewicz, J. Sarzynska, M. Szachniuk**
How bioinformatics resources work with G4 RNAs
Briefings in Bioinformatics, DOI:10.1093/bib/bbaa201

Projekty realizowane w Zakładzie w 2020 r.

1. Analiza somatycznych mutacji w genach miRNA i w genach biogenezy miRNA w celu identyfikacji nowych celów terapii i biomarkerów chorób nowotworowych; (MAESTRO)
Kierownik projektu: prof. dr hab. Piotr Kozłowski
2. Analiza roli genu BARD1, jako czynnika warunkującego genetyczną predyspozycję do raka piersi – zastosowanie unikalnej strategii, analizy asocjacji mutacji założycielskich; (OPUS)
Kierownik projektu: prof. dr hab. Piotr Kozłowski
3. Wyjaśnienie molekularnych przyczyn i skutków podwyższonego poziomu ekspresji kolistych RNA w dystrofii mięśniowej typu pierwszego (DM1); (OPUS)
Kierownik projektu: dr hab. Marzena Wojciechowska
4. Geny oporności na antybiotyki i integrony jako wskaźniki zanieczyszczenia biotycznego i obciążenia opornością ekosystemów Akryki; (SONATINA)
Kierownik projektu: dr Nicoletta Makowska
5. Ekspresja kolistych RNA w dystrofii miotonicznej typu 1 – związek z patogenezą; (PRELUDIUM)
Kierownik projektu: dr Karol Czubak
6. Mutacje punktowe genu SOD1 jako cele alleloselektywnej strategii antysensowej; (MINIATURA)
Kierownik projektu: dr Dorota Magner
7. Mapa Mikrobiomu Polski (POIR) – projekt realizowany w konsorcjum; lider projektu: ICHB PAN
Kierownik projektu: dr Anna Philips, zastępca kierownika: dr Luiza Handschuh

Zakład Krystalografii – Centrum Badań Biokrystalograficznych

Kierownik Zakładu: prof. dr hab. Mariusz Jaskólski (0,45 STATUT/0,3 GRANTY)¹⁷

Skład osobowy¹⁸

Pracownicy naukowcy:

dr hab. Dariusz Brzeziński (0,15 STATUT/0,3 GRANTY)
dr Paweł Drożdżał (STATUT)
dr Miłosz Ruszkowski (GRANTY)
dr Kamil Szpotkowski (STATUT)

Pracownicy techniczni:

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

¹⁷ W nawiasach podano źródło finansowania pracowników.

¹⁸ Stan na 31.12.2020 r.

Doktoranci:

mgr Wojciech Witek (stypendium NCN)

mgr Stanisław Wosicki (stypendium NCN)

Pracownia Inżynierii Białek

Kierownik: dr Anna Urbanowicz (STATUT)

Pracownicy naukowci:

dr Marta Grzechowiak (GRANTY)

dr Joanna Śliwiak (STATUT)

Pracownicy techniczni:

dr Jakub Barciszewski (STATUT)

mgr Alina Kasperska (STATUT)

Doktoranci:

mgr Paulina Bierwagen (STATUT)

Działalność statutowa

Badania krystalograficzne białek i kwasów nukleinowych

(prof. dr hab. Mariusz Jaskólski, wspólnie z dr. hab. Krzysztofem Brzezińskim)

1. Struktura enzymów hydrolitycznych i ich inhibitorów (prof. dr hab. Mariusz Jaskólski)

Cel badań

1. Badane są hydrolazy oraz pokrewne oksydoreduktazy modyfikujące wiązania chemiczne ważne dla procesów życiowych, patogennych i terapeutycznych oraz ich inhibitory i kompleksy.
2. Badane są oddziaływania ligandów z otoczeniem makromolekularnym motywu Rossmanna.
3. Badania dotyczą zależności strukturalnych w kryształach związków biologicznie czynnych.

Opis zrealizowanych prac

Ad. 1. Dehydrogenaza glutaminianowa (GDH) katalizuje odwracalną deaminację L-Glu w obecności kofaktora NAD(P), do 2-oksoglutaranu (2OG). Rozwiązano strukturę krystaliczną białka AtGDH1 w postaci apo i w kompleksie z NAD⁺. Pojedyncze podjednostki AtGDH1 składają się z domeny I, która bierze udział w tworzeniu heksameru i wiązaniu substratu oraz z domeny II, która wiąże koenzym. Większość podjednostek ma konformację otwartą, tworząc duży (choć zmienny) kąt pomiędzy domenami. Ponadto dostarczono silnych dowodów, że N-końcowy peptyd zawiera sekwencję kierującą białko do mitochondriów. Znalezione kilka miejsc, które mogą być podstawą do projektowania niekompetycyjnych inhibitorów. Wyniki badań przedstawiono w: M. Grzechowiak, J. Sliwiak, M. Jaskolski, M. Ruszkowski, (2020) *Structural studies of glutamate dehydrogenase (isoform 1) from Arabidopsis thaliana, an important enzyme at the branch-point between carbon and nitrogen metabolism*, *Frontiers in Plant Science*.

Ad. 2. Hydrolaza S-adenozyl-L-homocysteiny (SAHaza) katalizuje hydrolizę S-adenozyl-L-homocysteiny (SAH), inhibitora metylotransferaz. Z tego powodu SAHaza jest głównym enzymem regulującym procesy metylacyjne. Enzym ten zawiera dwie domeny oparte na strukturze typu Rossmanna. Pierwsza jest zaangażowana w wiązanie SAH, podczas gdy druga wiąże kofaktor (NAD⁺). Wykazano, że pomimo znacznego podobieństwa strukturalnego obu domen, oddziaływania ligandów z otoczeniem makromolekularnym znacznie się różnią w każdej z nich. Wyniki przedstawiono w: K. Brzezinski, (2020) *S-adenosyl-L-homocysteine hydrolase: a structural perspective on the enzyme with two Rossmann-fold domains*, *Biomolecules*.

Ad. 3. W oparciu o metody krystalografii kwantowej oraz obliczenia kwantowe wyjaśniono obecność formy keto-enolowej dibenzoilometanu w kryształ. Oddziaływania typu pi-stacking

powodują delokalizację gęstości elektronowej w układzie dialdehydu malonowego, dzięki czemu atom wodoru oddziałuje równocześnie z dwoma atomami tlenu dialdehydu. Wyniki przedstawiono w: S. Wojtulewski, M. Tomczyk, J.W. Strawa, M. Gawel, M. K. Brzezinski, (2020) *A new look at two polymorphic crystal structures of dibenzoylmethane: Relationship between the Crystal Packing and the Hydrogen Atom Position revealed by Quantum Chemistry and Quantum Crystallography Methods*, *Acta Crystallographica Section B-Structural Science Crystal Engineering and Materials*.

2. Struktura i funkcja biologiczna białek biorących udział w sygnalizacji hormonalnej roślin (prof. dr hab. Mariusz Jaskólski)

Cel badań

1. Badane są podstawy strukturalne różnorodnych procesów regulacji hormonalnej w roślinach, a zaangażowane w te procesy białka są również przedmiotem badań metodologicznych.
2. Badane są funkcje białek ze szlaku sygnalizacji cytokininowej u roślin.

Opis zrealizowanych prac

Ad. 1. Zbadano nową formę krystaliczną roślinnego białka Hyp-1 (izoforma PR-10 z *H. perforatum*) w kompleksie ze znacznikiem fluorescencyjnym ANS. Kryształ ma strukturę współmiernie modulowaną, z 9-krotną niekrystalograficzną translacją (tNCS) wzdłuż osi c. Powoduje to, że część asymetryczna komórki elementarnej w modelu z super-komórką zawiera aż 36 kopii białka, które w trzech miejscach wiążących związało 116 cząsteczek ANS. Mimo gigantycznej wielkości oraz dodatkowo skomplikowanego zbliżniaczenia tetartoedrycznego, strukturę udało się rozwiązać (metodami podstawienia cząsteczkowego, uwzględniającymi w algorytmie ML niekrystalograficzną symetrię tNCS), a następnie udokładnić z bardzo dobrymi parametrami statystycznymi. Jest to największa białkowa struktura modulowana w PDB. Struktura potwierdza sposób wiązania ANS przez białko Hyp-1. Kryształy otrzymano w obecności równomolowego stężenia ANS i melatoniny. W strukturze jest jedynie trudna w interpretacji gęstość elektronowa wskazująca na możliwość związania w jednej pozycji cząsteczki melatoniny. Melatonina niewątpliwie wpłynęła jednak na wzrost tej właśnie formy krystalicznej.

Wyniki przedstawiono w: J. Smietanska, J. Sliwiak, M. Gilski, Z. Dauter, R. Strzalka, J. Wolny, M. Jaskolski (2020) *A new modulated crystal structure of ANS complex of St John's wort Hyp-1 protein with 36 protein molecules in the asymmetric unit of the supercell*, *Acta Crystallographica D-Structural Biology*.

Ad. 2. Otrzymano struktury krystaliczne domeny przyjmującej (z ang. *receiver*) receptora cytokinin. Stanowi to pierwszy krok do poznania specyficzności oddziaływania z białkami przekąźnikowymi (HPt), występującymi na kolejnych etapach szlaku sygnałowego. Zbadane zostało również oddziaływanie wewnątrzkomórkowej części receptora z białkiem HPt. Publikacja zawierająca wyniki badań jest w trakcie przygotowania.

3. Struktura kwasów nukleinowych (prof. dr hab. Mariusz Jaskólski)

Cel badań

Badane są zależności strukturalne i stereochemiczne w strukturach kwasów nukleinowych.

Opis zrealizowanych prac

Na podstawie danych strukturalnych z *Cambridge Structural Database* opracowano bibliotekę zależnych od konformacji więzów stereochemicznych dla fragmentu glikozydowego kwasów nukleinowych. Część parametrów walencyjnych grupuje się w klastry zależne od konformacji i czynników chemicznych, część można wyrazić w postaci zależności funkcyjnej od kątów torcyjnych, a część ma wartości uniwersalne. Wyniki obecnej analizy, w połączeniu z poprzednimi wynikami dla grupy fosfodiestrowej oraz dla zasad nukleinowych, umożliwiły ukończenie prac nad publicznie dostępnym serwerem sieciowym generującym więzy dla kwasów nukleinowych

o nazwie RestraintLib. Wyniki przedstawiono w: M. Kowiel, D. Brzezinski, M. Gilski, M. Jaskolski (2020) *Conformation-dependent restraints for polynucleotides: The sugar moiety*, *Nucleic Acids Research*.

Publikacje

1. **M. Gilski**, P. Bernatowicz, A. Sakowicz, M.P. Szymanski, A. Zalewska, A. Szumna, **M. Jaskolski**
C-60 in a peptidic cage: a case of symmetry mismatch studied by crystallography and solid-state NMR
ACTA CRYSTALLOGRAPHICA B-STRUCTURAL SCIENCE CRYSTAL ENGINEERING AND MATERIALS 2020, B76, 815–824
2. K. Michalska, **M. Kowiel**, L. Bigelow, M. Endres, **M. Gilski**, **M. Jaskolski**, A. Joachimiak
3D domain swapping in the TIM barrel of the α subunit of *Streptococcus pneumoniae* tryptophan synthase
ACTA CRYSTALLOGRAPHICA D-STRUCTURAL BIOLOGY 2020, D76, 166–175
3. J. Smietanska, **J. Sliwiak**, **M. Gilski**, Z. Dauter, R. Strzalka, J. Wolny, **M. Jaskolski**
A new modulated crystal structure of ANS complex of St John's wort Hyp-1 protein with 36 protein molecules in the asymmetric unit of the supercell
ACTA CRYSTALLOGRAPHICA D-STRUCTURAL BIOLOGY 2020, D76, 653–667
4. Z. Dauter, **M. Jaskolski**
Multiplicity-weighted Euler's formula for symmetrically arranged space-filling polyhedral
ACTA CRYSTALLOGRAPHICA A- FOUNDATIONS AND ADVANCES 2020, A76, 580–583
5. **D. Brzezinski**, Z. Dauter, W. Minor, **M. Jaskolski**
On the evolution of the quality of macromolecular models in the PDB
FEBS JOURNAL 2020, 287, 2685–2698
6. A. Wlodawer, Z. Dauter, I. Shabalin, **M. Gilski**, **D. Brzezinski**, **M. Kowiel**, W. Minor, B. Rupp, **M. Jaskolski**
Ligand-centered assessment of SARS-CoV-2 drug target models in the Protein Data Bank
FEBS JOURNAL 2020, 287, 3703–3718
7. M. Chwastyk, E. Panek, J. Malinowski, **M. Jaskolski**, M. Cieplak
Properties of cavities in biological structures – a survey of the Protein Data Bank
FRONTIERS IN MOLECULAR BIOSCIENCES 2020, 7, 591381
8. **M. Grzechowiak**, **J. Sliwiak**, **M. Jaskolski**, **M. Ruszkowski**
Structural studies of glutamate dehydrogenase (isoform 1) from *Arabidopsis thaliana*, an important enzyme at the branch-point between carbon and nitrogen metabolism
FRONTIERS IN PLANT SCIENCE 2020, 11, 754
9. **J.E. Raczynska**, **B. Imiolczyk**, **M. Komorowska**, **J. Sliwiak**, J. Czyrko-Horczak, K. Brzezinski, **M. Jaskolski**
Flexible loops of New Delhi metallo- β -lactamase modulate its activity towards different substrates
INTERNATIONAL JOURNAL OF BIOLOGICAL MACROMOLECULES 2020, 158, 104–115
10. **M. Kowiel**, **D. Brzezinski**, **M. Gilski**, **M. Jaskolski**
Conformation-dependent restraints for polynucleotides: The sugar moiety
NUCLEIC ACIDS RESEARCH 2020, 48, 962–973
11. I.G. Shabalin, M.P. Czub, K.A. Majorek, **D. Brzezinski**, M. Grabowski, D.R. Cooper, M. Panasiuk, M. Chruszcz, W. Minor
Molecular determinants of vascular transport of dexamethasone in COVID-19 therapy
IUCRJ 2020, 7, 1048–1058
12. B. Sekula, **M. Ruszkowski**, Z. Dauter
S-adenosylmethionine synthases in plants: Structural characterization of type I and II isoenzymes from *Arabidopsis thaliana* and *Medicago truncatula*
INTERNATIONAL JOURNAL OF BIOLOGICAL MACROMOLECULES 2020, 151, 554–565

13. L. Nogues, A. Tramonti, S. Angelaccio, **M. Ruszkowski**, B. Sekula, R. Contestabile
Structural and kinetic properties of serine hydroxymethyltransferase from the halophytic cyanobacterium *Aphanothece halophytica* provide a rationale for salt tolerance
INTERNATIONAL JOURNAL OF BIOLOGICAL MACROMOLECULES 2020, 159, 517–529
14. S. Mao, B. Sekula, **M. Ruszkowski**, S.V. Ranganathan, P. Haruehanroengra, Y. Wu, F. Shen, J. Sheng
Base pairing, structural and functional insights into N4-methylcytidine (m4C) and N4,N4-dimethylcytidine (m42C) modified RNA
NUCLEIC ACIDS RESEARCH 2020, 48, 10087–10100
15. A. Brzechwa-Chodzimska, M. Zielinski, **M. Gilski**, J.M. Harrowfield, A. R. Stefankiewicz
Dynamer and Metallodymer Interconversion: An Alternative View to Metal Ion Complexation
INORGANIC CHEMISTRY 2020, 59, 8552–8561
16. **A. Belter, J.F. Barciszewski**, A.M. Barciszewska
Revealing the epigenetic effect of temozolomide on glioblastoma cell lines in therapeutic conditions
PLOS ONE 2020, 15, e0229534

Prace przyjęte do druku

1. A. Pyrih, **M. Jaskolski**, A.K. Gzella, R. Lesyk
Synthesis, structure and evaluation of anticancer activity of 4-amino-1,3-thiazolinone/pyrazoline hybrids
Journal of Molecular Structure, DOI: 10.1016/j.molstruc.2020.129059
2. **M. Grzechowiak**, B. Sekula, Z. Dauter, **M. Jaskolski, M. Ruszkowski**
Serendipitous crystallization of *E. coli* HP11 catalase, a sequel to “the tale usually not told”
Acta Biochimica Polonica, DOI: https://doi.org/10.18388/abp.2020_5501
3. **P. Bierwag, J. Sliwiak, M. Jaskolski, A. Urbanowicz**
Strong interactions between Salp15 homologues from the tick *I. ricinus* and distinct types of the outer surface OspC protein from *Borrelia*
Ticks and Tick-Born Diseases, DOI: 10.1016/j.ttbdis.2020.101630
4. **D. Brzezinski, M. Kowiel**, D.R. Cooper, M. Cymborowski, M. Grabowski, A. Wlodawer, Z. Dauter, I.G. Shabalin, **M. Gilski**, B. Rupp, **M. Jaskolski**, W. Minor
Covid-19.bioreproducibility.org: A web resource for SARS-CoV-2-related structural models
Protein Science, DOI: 10.1002/pro.3959
5. B. Naskrecki, Z. Dauter, **M. Jaskolski**
Arithmetic proof of multiplicity-weighted Euler’s formula for symmetrically arranged space-filling polyhedral
Acta Crystallographica A- Foundations and Advances, A76, DOI:10.1107/S2053273320016186
6. **J.F. Barciszewski, K. Szpotkowski**, J. Wisniewski, R. Kolodziejczyk, **M. Jaskolski**, D. Rakus, A. Dzugaj
Structural studies of human muscle FBPase
Acta Biochimica Polonica, DOI: https://doi.org/10.18388/abp.2020_5554
7. **J. Sadoch, M. Pyc, A. Urbanowicz**, A. Iglewski **R. Pilarski**
High-throughput evolutionary optimization of the induction medium towards recombinant protein production in BY-2 tobacco
Biotechnology and Bioengineering, DOI: 10.1002/bit.27594

Projekty realizowane w Zakładzie i Pracowni w 2020 r.

1. Trójwymiarowe Peptydowo-Organiczne Szkielety Supramolekularne; (SYMFONIA)
– projekt realizowany w konsorcjum; lider projektu: Instytut Chemii Organicznej PAN (kierownik projektu: dr hab. Agnieszka Szumna)
Kierownik zadań z ramienia ICHB PAN: prof. dr hab. Mariusz Jaskólski

2. Strukturalne badania białek kluczowych dla oddziaływań pomiędzy kleszczem, ssakiem i patogenem; (OPUS)
Kierownik projektu: prof. dr hab. Mariusz Jaskólski
3. Roślinny szlak biosyntezy histydyny: badania strukturalne i funkcjonalne jako wstęp do projektowania inhibitorów i aktywatorów; (SONATA)
Kierownik projektu: dr Miłosz Ruszkowski
4. Walidacja modeli PDB potencjalnych celów terapeutycznych dla SARS-CoV-2; (SZYBKA ŚCIEŻKA DOSTĘPU DO FUNDUSZY NA BADANIA NAD COVID-19)
Kierownik projektu: prof. dr hab. Mariusz Jaskólski
5. Zwiększenie kompetencji i przygotowanie kompleksowej oferty obsługi i wsparcia studentów i kadry międzynarodowej w ICHB PAN; (WELCOME TO POLAND)
Kierownik projektu: dr Miłosz Ruszkowski

Zakład Struktury i Funkcji Biomolekuł

Kierownik Zakładu: prof. dr hab. Wojciech Rypniewski (0,9 STATUT/0,1 GRANTY)¹⁹

Skład osobowy²⁰

Pracownicy naukowci:

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

dr Leszek Błaszczuk (STATUT)

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

Pracownicy techniczni:

mgr Katarzyna Biniak-Antosiak (0,7 STATUT/0,3 GRANTY/doktorant)

Doktoranci:

mgr Martyna Pluta (stypendium NCN)

mgr inż. Marcin Ryczek (stypendium NCN)

Działalność statutowa

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

Cel badań

Celem badań jest charakterystyka strukturalna i funkcjonalna interesujących cząsteczek biologicznych, zarówno białek, jak i cząsteczek RNA, które w swej naturze dorównują białkom złożonością, a są stosunkowo słabo poznane. Obiektami badań są cząsteczki RNA istotne dla funkcjonowania komórki i w patogenezie. Do tej pierwszej kategorii należy transkrypt kodujący białko p53, do drugiej kategorii należą oligomery występujące w patogenezie TREDs. Celem są też metody umożliwiające strukturalne ustabilizowanie oligomerów RNA, aby można je było skutecznie krystalizować i badać krystalograficznie. Jeżeli chodzi o białka, celem jest charakterystyka strukturalna enzymów chitynolitycznych i ich modyfikacja, aby testować ich właściwości i móc nadawać im nowe właściwości. Chodzi o lepsze zrozumienie termostabilności białek z organizmów termofilnych i wydajności enzymatycznej, charakterystycznej dla enzymów zimnolubnych. Badania te można scharakteryzować jako biologię syntetyczną na poziomie cząsteczkowym. Ich uzupełnieniem są badania struktury foldamerów, czyli polipeptydów zawierających modyfikowane reszty aminokwasowe, zaprojektowanych tak, aby tworzyły stabilne struktury drugo- i trzeciorzędowe.

¹⁹ W nawiasach podano źródło finansowania pracowników.

²⁰ Stan na 31.12.2020 r.

Opis zrealizowanych prac

Do największych osiągnięć należy zbadanie kolejnych struktur kompleksów syntetycznych liganów z powtórzeniami RNA, jakie występują w patogenezie TREDs. Zostaną one opisane w przyszłej publikacji. Prace metodologiczne nad chemiczną stabilizacją struktur spinkowych RNA weszły w fazę optymalizacji pod kątem wydajności syntezy, homogenności preparatu i kosztów. Te wyniki również zostaną opisane w przyszłej publikacji. Badanie transkryptu białka p53 polegało na otrzymaniu białek regulatorowych i ich wariantów sekwencyjnych i próbkowaniu przy ich pomocy struktury regionu terminalnego 5' mRNA p53. W badaniach nad białkami sukcesem była ostateczna analiza i opublikowanie struktury chitynazy Chi40 z termofila *Streptomyces thermoviolaceus* (publikacja nr 2). Innym sukcesem była krystalizacja i rozwiązanie struktury glukozaminidazy z hipertermofilnego mikroorganizmu. Udało się też sklonować geny i otrzymać kilka wariantów termofilnej chitynazy. W ramach współpracy z prof. Berlickim (Politechnika Wrocławska) przeprowadzono analizę struktury krystalograficznej „foldameru” zawierającego zmodyfikowane aminokwasy, zaprojektowanego tak, aby tworzył stabilną strukturę, sfałdowaną wg teoretycznego projektu. Opisano strukturę określoną doświadczalnie, porównano z teoretycznym przewidywaniem i przygotowano publikację. Badania nad biologicznie aktywnymi związkami zawierającymi klastry boru, prowadzone były we współpracy z prof. A.B. Olejniczak (Instytut Biologii Medycznej PAN) i zaowocowały dwiema publikacjami (publikacja nr 1 i nr 3).

Publikacje

1. J. Nekvinda, D. Rozycka, S. Rykowski, **E. Wyszko**, **A. Fedoruk-Wyszomirska**, **D. Gurda**, **M. Orlicka-Plocka**, **M. Giel-Pietraszuk**, **A. Kiliszek**, **W. Rypniewski**, R. Bachorz, J. Wojcieszak, B. Gruner, A.B. Olejniczak
Synthesis of naphthalimide-carborane and metallacarborane conjugates: anticancer activity, DNA binding ability
BIOORGANIC CHEMISTRY 2020, 94, 103432
2. P.H. Malecki, **M. Bejger**, **W. Rypniewski**, C.E. Vorgias
The crystal structure of a *Streptomyces thermoviolaceus* thermophilic chitinase known for its refolding efficiency
INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES 2020, 21, 2892
3. D. Rozycka, M. Korycka-Machala, A. Zaczek, J. Dziadek, **D. Gurda**, **M. Orlicka-Plocka**, **E. Wyszko**, **K. Biniek-Antosiak**, **W. Rypniewski**, A.B. Olejniczak
Novel isoniazid-carborane hybrids active in vitro against *Mycobacterium tuberculosis*
PHARMACEUTICALS 2020, 13, 465

Projekty realizowane w Zakładzie w 2020 r.

1. Badanie enzymów chitynolitycznych zmierzające do skonstruowania sztucznego chitynosomu; (OPUS)
Kierownik projektu: prof. dr hab. Wojciech Rypniewski
2. Opracowanie metodologii umożliwiającej stabilizację RNA w formie spinki do badań krystalograficznych; (SONATA BIS)
Kierownik projektu: dr hab. Agnieszka Kiliszek
3. W jaki sposób struktura RNA kieruje funkcją matrycowego RNA? Aspekty strukturalne i funkcjonalne kluczowe dla syntezy białka p53 – głównego regulatora podstawowych procesów w komórce; (SONATA)
Kierownik projektu: dr Leszek Błaszczyk

Zakład Biochemii Rybonukleoprotein

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

Skład osobowy²²

Doktoranci:

mgr inż. Marta Wojnicka (stypendium NCN)

mgr inż. Agnieszka Szczepańska (stypendium NCN)

mgr Kinga Ciechanowska (GRANTY/0,25 STATUT)

Działalność statutowa

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

Cel badań

Celem prowadzonych badań było opracowanie metodologii umożliwiającej wizualizację kompleksów białko-RNA, bądź białko-DNA, powstających w komórkach, w czasie rzeczywistym. W szczególności badania koncentrowały się na wizualizacji kompleksów ludzkiej rybonukleazy Dicer (hDicer) z kwasami nukleinowymi.

Opis zrealizowanych prac

W ramach realizacji zadania otrzymano szereg konstruktów (plazmidów ekspresyjnych), zawierających sekwencję cDNA hDicer (PubMed, NM_030621), do której dołączono na końcu 5' lub 3' sekwencję cDNA kodującą peptyd fluorescencyjny (białko czerwonej fluorescencji mCardinal) lub znacznik typu SNAP-tag. Uzyskane plazmidy: (i) konstrukt kodujący hDicer zaopatrzoną w znacznik mCardinal oraz (ii) konstrukt kodujący hDicer zaopatrzoną w znacznik SNAP, wprowadzono metodą transfekcji do ludzkich linii komórkowych - linii HeLa (komórek raka szyjki macicy) oraz HEK293 (embrionalnych komórek ludzkiej nerki). W ramach prowadzonych badań określono: (i) optymalne stężenia wprowadzanych plazmidów, (ii) czas od momentu transfekcji, po którym obserwowano najwydajniejszą ekspresję hDicer, (iii) wpływ wprowadzanych konstruktów na żywotność komórek. Poziom ekspresji hDicer badany był z wykorzystaniem metody Western-blot, wizualizacja produkowanej w komórkach hDicer odbywała się z wykorzystaniem technik mikroskopii fluorescencyjnej oraz konfokalnej. W dalszej perspektywie opracowywane będą metody wizualizacji komórkowych kompleksów hDicer z kwasami nukleinowymi

Publikacje

1. **M. Pokornowska, M.C. Milewski, K. Ciechanowska, A. Szczepanska, M. Wojnicka, Z. Radogostowicz, M. Figlerowicz, A. Kurzynska-Kokorniak**
The RNA-RNA base pairing potential of human Dicer and Ago2 proteins
CELLULAR AND MOLECULAR LIFE SCIENCES 2020, 77, 3231–3244
2. **M. Wojnicka, A. Szczepanska, A. Kurzynska-Kokorniak**
Unknown Areas of Activity of Human Ribonuclease Dicer: A Putative Deoxyribonuclease Activity
MOLECULES 2020, 25, 1414

Projekty realizowane w Zakładzie w 2020 r.

Niepoznane obszary aktywności ludzkiej rybonukleazy Dicer; (SONATA BIS)

Kierownik projektu: dr hab. Anna Kurzyńska-Kokorniak

²¹ W nawiasach podane źródło finansowania pracowników.

²² Stan na 31.12.2020 r.

Zakład Bioinformatyki Strukturalnej

Kierownik Zakładu: prof. dr hab. inż. Marta Szachniuk (STATUT)²³

Skład osobowy²⁴

Pracownicy naukowci:

dr inż. Marcin Radom (0,5 STATUT)

Pracownicy techniczni:

dr Mariusz Popena (STATUT)

Działalność statutowa

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

Cel badań

1. Charakterystyka kątowna struktur wieloramiennych pętli RNA.
2. Automatyczna normalizacja danych z elektroforezy kapilarnej.
3. Efektywne dopasowywanie struktur 3D RNA.
4. Poznanie możliwości istniejących narzędzi obliczeniowych w badaniu struktur kwadru-pleksów RNA.
5. Modelowanie struktur 3D RNA oraz ich ewaluacja w ramach konkursów RNA-Puzzles.
6. Automatyczne modelowanie kolistych struktur 3D RNA.
7. Badanie sekwencji wirusowych z uwzględnieniem klasyfikacji Baltimore'a i ICTV.

Opis zrealizowanych prac

Ad. 1. Opracowano algorytm wyznaczający kąty Eulera i kąty płaskie, które uzupełniają opis właściwości pętli wieloramiennych. Stworzono RNAloops – samoaktualizującą się bazę danych strukturalnych i wyszukiwarkę multipętli zidentyfikowanych w strukturach 3D RNA określonych eksperymentalnie, zdeponowanych w *Protein Data Bank*. Prace prowadzone były we współpracy z Zakładem Bioinformatyki.

Ad. 2. Opracowano i opublikowano narzędzie bioinformatyczne *RNAthor*. Szczegółowy opis realizacji tego zadania zamieszczono w sprawozdaniu Zakładu Struktury i Funkcji Retrotranspozonów.

Ad. 3. Opracowano autorski algorytm dopasowania struktur 3D RNA, który został zaimplementowany w wielozadaniowym systemie SMERFA do wyszukiwania i dopasowywania struktur RNA. Narzędzie jest obecnie testowane, a publikacja w przygotowaniu.

Ad. 4. Przeprowadzono kompleksową analizę działania wszystkich dostępnych przez internet zasobów bioinformatycznych, które mogą mieć zastosowanie w badaniach właściwości kwadru-pleksów. Wyniki badań opublikowano w czasopiśmie *Briefings in Bioinformatics*. Prace prowadzone były we współpracy z Pracownią Bioinformatyki.

Ad. 5. Wzięto udział w konkursach RNA-Puzzles (PZ29, modelowanie SARS-CoV-2). Opracowano nowy, wieloetapowy protokół analizy zbioru modeli 3D przewidzianych na podstawie tej samej sekwencji RNA, bez odniesienia do struktury referencyjnej i zastosowano go do kompleksowej analizy modeli regionów 3'UTR i 5'UTR wirusa SARS-CoV-2. Publikacja w przygotowaniu. Prace prowadzone były we współpracy z Zakładem Bioinformatyki oraz Pracownią Bioinformatyki.

Ad. 6. Opracowano protokół modelowania kolistych struktur 3D RNA z wykorzystaniem RNAComposera. Szczegółowy opis realizacji tego zadania zamieszczono w sprawozdaniu Zakładu Biologii Medycznej.

Ad. 7. Opracowano i opublikowano bazę danych *Virxicon*. Szczegółowy opis realizacji tego zadania zamieszczono w sprawozdaniu Zakładu Bioinformatyki.

²³ W nawiasach podane źródło finansowania pracowników.

²⁴ Stan na 31.12.2020 r.

1. T.P. Lehmann, J. Miskiewicz, **N. Szostak, M. Szachniuk**, S. Grodecka-Gazdecka, P.P. Jagodzinski
In vitro and in silico analysis of miR-125a with rs12976445 polymorphism in breast cancer patients
APPLIED SCIENCES-BASEL 2020, 10, 7275
2. **M. Popenda**, J. Miskiewicz, **J. Sarzynska**, T. Zok, **M. Szachniuk**
Topology-based classification of tetrads and quadruplex structures
BIOINFORMATICS 2020, 36, 1129–1134
3. T. Zok, **M. Popenda, M. Szachniuk**
ElTetrado: a tool for identification and classification of tetrads and quadruplexes
BMC BIOINFORMATICS 2020, 21, 40
4. M. Magnus, **M. Antczak**, T. Zok, **J. Wiedemann, P. Lukasiak**, Y. Cao, J.M. Bujnicki, E. Westhof, **M. Szachniuk**, Z. Miao
RNA-Puzzles toolkit: A computational resource of RNA 3D structure benchmark datasets, structure manipulation, and evaluation tools
NUCLEIC ACIDS RESEARCH 2020, 48, 576–588
5. **J. Gumna**, T. Zok, K. Figurski, **K. Pachulska-Wieczorek, M. Szachniuk**
RNathor – fast, accurate normalization, visualization and statistical analysis of RNA probing data resolved by capillary electrophoresis
PLOS ONE 2020, 15, e0239287
6. Z. Miao, **R.W. Adamiak, M. Antczak**, M.J. Boniecki, J.M. Bujnicki, S.J. Chen, C.Y. Cheng, Y. Cheng, F.C. Chou, R. Das, N.V. Dokholyan, F. Ding, C. Geniesse, Y. Jiang, A. Joshi, A. Krokhotin, M. Magnus, O. Mailhot, F. Major, T.H. Mann, P. Piatkowski, R. Pluta, **M. Popenda, J. Sarzynska**, L. Sun, **M. Szachniuk**, S. Tian, J. Wang, A.M. Watkins, **J. Wiedemann**, X. Xu, J.D. Yesselman, D. Zhang, Z. Zhang, C. Zhao, P. Zhao, Y. Zhou, T. Zok, A. Zyla, A. Ren, R.T. Batey, B.L. Golden, L. Huang, D.M. Lilley, Y. Liu, D.J. Patel, E. Westhof
RNA-Puzzles Round IV: 3D structure predictions of four ribozymes and two aptamers
RNA 2020, 26, 982–995
7. D. Formanowicz, **A. Rybarczyk, M. Radom**, K. Tanas, **P. Formanowicz**
A Stochastic Petri Net-Based Model of the Involvement of Interleukin 18 in Atherosclerosis
INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES 2020, 21, 8574
8. D. Formanowicz, **A. Rybarczyk, M. Radom, P. Formanowicz**
A Role of Inflammation and Immunity in Essential Hypertension—Modeled and Analyzed Using Petri Nets
INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES 2020, 21, 3348
9. T. Zok, J. Badura, S. Swat, K. Figurski, **M. Popenda, M. Antczak**
New models and algorithms for RNA pseudoknot order assignment
INTERNATIONAL JOURNAL OF APPLIED MATHEMATICS AND COMPUTER SCIENCE 2020, 30, 315–324

Prace przyjęte do druku

1. M. Kudla, **K. Gutowska**, J. Synak, M. Weber, K.S. Bohnsack, **P. Lukasiak**, T. Villmann, **J. Blazewicz, M. Szachniuk**
Virxicon: a lexicon of viral sequences
Bioinformatics, DOI:10.1093/bioinformatics/btaa1066
2. **A. Belter, M. Popenda**, M. Sajek, T. Wozniak, **M.Z. Naskret-Barciszewska, M. Szachniuk**, S. Jurga, **J. Barciszewski**
A new molecular mechanism of RNA circularization and the microRNA sponge formation
Journal of Biomolecular Structure and Dynamics, DOI:10.1080/07391102.2020.1844802

3. J. Miskiewicz, J. Sarzynska, M. Szachniuk
How bioinformatics resources work with G4 RNAs
Briefings in Bioinformatics, DOI:10.1093/bib/bbaa201
4. E. Wyszko, M. Popenda, D. Gudanis, J. Sarzynska, A. Belter, P. Perrigue, P. Skowronek, K. Rolle, J. Barciszewski
The model structure of the hammerhead ribozyme formed by RNAs of reciprocal chirality
Bioscience Reports, DOI: 10.1042/BSR20203424

Zakład Bioinżynierii Kwasów Nukleinowych

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

Skład osobowy²⁶

Pracownicy naukowcy:

dr Weronika Kotkowiak (GRANTY)

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

Pracownicy techniczni:

dr Zofia Jahnz-Wechmann (STATUT)

Doktoranci:

mgr Carolina Pereira Roxo (stypendium NCN)

mgr Natalia Bartyś (0,25 STATUT/POWER)

Działalność statutowa

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

Cel badań

Celem badań prowadzonych w ramach działalności statutowej Zakładu było oszacowanie użyteczności nowatorskich narzędzi terapeutycznych, opartych na strukturze oligonukleotydów, do efektywnego hamowania namnażania komórek nowotworowych.

Opis zrealizowanych prac

Nowe konstrukty podzielono na dwie grupy w zależności od budowy molekularnej.

Do pierwszej grupy zaliczono bispecyficzne oligonukleotydy złożone z dwóch domen tworzących G-kwadrupleksy. Domeny te nakierowane są na dwa odrębne cele molekularne, charakterystyczne dla rozwoju komórek nowotworowych. W ramach podjętych działań zsyntetyzowano szereg wariantów oligonukleotydowych o specyficznych sekwencjach domen, scharakteryzowano ich właściwości termodynamiczne, sposób fałdowania oraz wykonano wstępne testy potencjału przeciwnowotworowego na ludzkich nowotworowych liniach komórkowych.

Drugą grupę stanowiły oligonukleotydy tworzące trypleksy (FTFO) jako nowe narzędzia do rozplatania struktury G-kwadrupleksu oraz selektywnej inhibicji transkrypcji onkogenu c-Myc. Głównym celem tej części badań było opracowanie sekwencji oligonukleotydowych do kompleksowej charakterystyki fizykochemicznej i biologicznej nowych narzędzi oligonukleotydowych oraz zbadania ich potencjału w selektywnym rozwijaniu struktury G-kwadrupleksu, a także w represji onkogenego elementu regulatorowego, który ma kluczowe znaczenie dla przeżycia nowotworu. W wyniku realizacji powyższego nurtu badań zsyntetyzowano, oczyszczono i przebadano pulę wyjściową FTFO oraz fragment sekwencji docelowej genu c-Myc (Pu27). Wstępne badania topnienia UV, elektroforezy oraz dichroizmu kołowego wskazują, że Pu27 tworzy stabilną

²⁵ W nawiasach podane źródło finansowania pracowników.

²⁶ Stan na 31.12.2020 r.

strukturę G-kwadrupleksu i że pełnej długości, niezmodyfikowany FTFO, jest w stanie przesunąć równowagę G-kwadrupleksu w kierunku tworzenia trypleksu przy pH 5,5, ale także częściowo przy pH 7,0.

Wyniki obu nurtów badawczych stały się istotnymi elementami wniosków o przyznanie dwóch niezależnych grantów naukowych i z sukcesem otrzymały finansowanie Narodowego Centrum Nauki (OPUS, PRELUDIUM).

Publikacje

1. M.B. Danielsen, C. Lou, **J. Lisowiec-Wachnicka**, **A. Pasternak**, P.T. Jorgensen, J. Wengel
Gapmer antisense oligonucleotides containing 2',3'-dideoxy-2'-fluoro-3'-C-hydroxymethyl- β -D-lyxofuranosyl nucleotides display site-specific RNase H cleavage and induce gene silencing
CHEMISTRY - A EUROPEAN JOURNAL 2020, 26, 1368–1379
2. **D. Wawrzyniak**, **G. Framski**, **P. Januszczak**, **T. Ostrowski**, **D. Baraniak**, **Z. Jahnz-Wechmann**, **J. Fogt**, **A. Manikowski**, **D. Baranowski**, **K. Rolle**, **J. Boryski**
7-(β -D-Ribofuranosyl)guanine and its Analogues Modified in the Sugar Portion: Synthesis and Antiglioma Properties
CHEMISTRYSELECT 2020, 5, 13370–13375

Projekty realizowane w Zakładzie w 2020 r.

1. Uwarunkowania strukturalne właściwości przeciwnowotworowych oligonukleotydów bogatych w guanozynę; (OPUS)
Kierownik projektu: dr hab. Anna Pasternak
2. Dwufunkcyjne oligonukleotydy antysensowe – optymalizacja w regulacji alternatywnego splicingu w nowotworowych liniach komórkowych; (SONATA)
Kierownik projektu: dr inż. Jolanta Lisowiec-Wąchnicka
3. Nowe bispecyficzne koniugaty G-kwadrupleksów jako potencjalne leki przeciwnowotworowe; (PRELUDIUM)
Kierownik projektu: mgr Carolina Roxo

Zakład Biologii Rozwoju

Kierownik Zakładu: dr hab. Takashi Miki, prof. ICHB PAN (0,9 STATUT/0,1 GRANTY)²⁷

Skład osobowy²⁸

Doktoranci:

mgr Ilkin Aygun (stypendium NCN)

mgr Alicja Rzepczak (stypendium NCN)

Działalność statutowa

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

Cel badań

Celem prowadzonych badań było zrozumienie znaczenia degradacji RNA w rozwoju zwierząt poprzez mechanistyczną i fenotypową charakterystykę RNaz i białek wiążących RNA.

Opis zrealizowanych prac

Rozwój zwierząt to dynamiczny proces, w którym poszczególne komórki dzielą się i różnicują w odpowiednim czasie i miejscu, tworząc funkcjonalne tkanki, a jego podstawą jest ścisła kontrola

²⁷ W nawiasach podane źródło finansowania pracowników.

²⁸ Stan na 31.12.2020 r.

przestrzenno-czasowej ekspresji genów. Różne typy RNA odgrywają zasadniczą rolę we wszystkich aspektach regulacji genów, a ich poziom jest określany przez równowagę między biogenezą, a degradacją. Podczas gdy biogeneza RNA, zwłaszcza kontrola transkrypcji, została dobrze zbadana, regulacja degradacji RNA i jej wpływ na rozwój są słabo poznane. Rybonukleazy (RNazy) odgrywają główną rolę w degradacji RNA, gdzie białka wiążące RNA (ang. *RNA-binding proteins*, RBPs) często biorą udział w określaniu specyficzności celu. W badaniach użyto nicienia *Caenorhabditis elegans* jako modelu zwierzęcego, ze względu na jego szybki rozwój, prostą anatomię oraz dostępność odpowiednich technik inżynierii genetycznej. Przedmiotem badań stała się jądrowa 5'-3' egzorybonukleaza XRN2, która jest ewolucyjnie konserwatywna i niezbędna do prawidłowego rozwoju. Aby zidentyfikować jej cel, przeprowadzono *time-course RNA-sequencing* u nicieni z inaktywowanym XRN2. Po przeanalizowaniu otrzymanych danych stwierdzono, że poziomy transkryptu transpozonu TC1 wzrosły po inaktywacji XRN2 oraz, że gen *ceh-99* był celem XRN2. Wykorzystując *screening RNAi*, zidentyfikowano białko wiążące RNA PUF-9 jako syntetyczny, letalny partner XRN2. Nicienie z usuniętym PUF-9 rozwijały się bez widocznych defektów. Jednak po wyciszeniu XRN2, wykazywały one wzmocnienie fenotypu w porównaniu do zwierząt dzikiego typu. Sugeruje to, że XRN2 i PUF 9 funkcjonują na tych samych, bądź równoległych ścieżkach, które wspierają normalny rozwój. Oczekuje się, że dalsze badania pozwolą na dokładniejsze zrozumienie, w jaki sposób XRN2, samodzielnie lub we współpracy z białkami wiążącymi RNA, wspiera rozwój zwierząt.

Projekty realizowane w Zakładzie w 2020 r.

Mechanizmy i role rozwojowe terminacji transkrypcji; (OPUS)

Kierownik projektu: dr hab. Takashi Miki

Zakład Biotechnologii Medycznej

Kierownik Zakładu: dr hab. Agnieszka Fiszer, prof. ICHB PAN (STATUT) ²⁹

Skład osobowy³⁰

Pracownicy naukowcy:

- dr Adam Ciesiołka (STATUT)
- dr Grzegorz Figura (GRANTY)
- dr Magdalena Jazurek-Ciesiołka (STATUT)
- dr Emilia Kozłowska (STATUT)
- dr Paweł Świtoński (urlop bezpłatny do 30.04.2021 r.)
- dr Magdalena Woźna-Wysocka (GRANTY)

Pracownicy techniczni:

- mgr Paula Sobieszczańska (STATUT)

Doktoranci:

- mgr Agata Ciołak (stypendium NCN)
- mgr Paweł Joachimiak (STATUT)

Działalność statutowa

Struktura i funkcja kwasów rybonukleinowych oraz ich zastosowania terapeutyczne
(dr hab. Agnieszka Fiszer)

²⁹ W nawiasach podane źródło finansowania pracowników.

³⁰ Stan na 31.12.2020 r.

Cel badań

Charakterystyka nowych modeli komórkowych i zwierzęcych chorób poliglutaminowych w celu poznania nowych ścieżek patogenezы, z uwzględnieniem szlaków zależnych od RNA.

Opis zrealizowanych prac

Wykonane analizы dla niżej opisanych modeli choroby Huntingtona (HD) i ataksji rdzeniowo-mózdkowej typu 3 (SCA3) mają na celu rozróżnienie ścieżek zależnych od zmutowanego RNA od tych związanych z obecnością zarówno zmutowanego RNA, jak i białka. Mogą także posłużyć do zaproponowania nowych strategii terapeutycznych. Uzyskano grupy zwierząt dla nowych modeli mysich HD i poddawano je charakterystyce molekularnej oraz ocenie zdolności motorycznych w punktach czasowych, w wieku 4 i 8 miesięcy. Modele charakteryzowały się obecnością fragmentu zmutowanego genu *HTT* z około 100 powtórzeniami CAG (mutacja odpowiedzialna za HD) w *locus* Rosa26. Dodatkowo obecne były odpowiednie znaczniki dla precyzyjnych analiz RNA i białka transgenu. Analizowano trzy grupy zwierząt: HD/100Q (z transgenem ulegającym ekspresji na poziomie RNA i białka), HD/100CAG (gdzie powstaje tylko zmutowany transkrypt) oraz grupę kontrolną typu dzikiego. Charakterystyka zostanie sfinalizowana w następnym roku, a zidentyfikowane zaburzenia związane z HD zostaną opisane w publikacji naukowej. Przeprowadzono analizы bioinformatyczne wyników RNA-Seq z linii komórkowych SH-SY5Y uzyskanych dla modelu SCA3. W tych liniach indukowano na 72 h ekspresję transgenu *ATXN3* z około 120 powtórzeniami CAG (mutacja odpowiedzialna za SCA3), przy czym uzyskano linie z ekspresją transgenu na poziomie RNA i białka, jak i wyłącznie z ekspresją na poziomie RNA. Analizы obejmowały różne typы RNA: mRNA (z uwzględnieniem różnych wariantów splicingowych), długie niekodujące RNA oraz mikroRNA. Uzyskane wyniki będą walidowane ilościowymi metodami biologii molekularnej i posłużą do opisania ścieżek patogenezы SCA3 w publikacji naukowej.

Publikacje

1. **M. Dabrowska, A. Ciolak, E. Kozłowska, A. Fiszer, M. Olejniczak**
Generation of New Isogenic Models of Huntington's Disease Using CRISPR-Cas9 Technology
INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES 2020, 21, 1854
2. **M. Jazurek-Ciesiolka, A. Ciesiolka, A.A. Komur, M.O. Urbanek-Trzeciak, W.J. Krzyzosiak, A. Fiszer**
RAN Translation of the Expanded CAG Repeats in the SCA3 Disease Context
JOURNAL OF MOLECULAR BIOLOGY 2020, 432, 166699
3. **A. Ciolak, W.J. Krzyzosiak, E. Kozłowska, A. Fiszer**
Generation of human iPS cell line IBCHi002-A from spinocerebellar ataxia type 3/Machado-Joseph disease patient's fibroblasts
STEM CELL RESEARCH 2020, 45, 101796
4. **J.O. Misiorek, A.M. Schreiber, M.O. Urbanek-Trzeciak, M. Jazurek-Ciesiolka, L.A. Hauser, D.R. Lynch, J.S. Napierala, M. Napierala**
A Comprehensive Transcriptome Analysis Identifies FXN and BDNF as Novel Targets of miRNAs in Friedreich's Ataxia Patients
MOLECULAR NEUROBIOLOGY 2020, 57, 2639–2653
5. **C.A. Stoyas, D.D. Bushart, P.M. Switonski, J.M. Ward, A. Alaghatta, M.B. Tang, C.C. Niu, M. Wadhawa, H.R. Huang, A. Savchenko, K. Gariani, F. Xie, J.R. Delaney, T. Gaasterland, J. Auwerx, V.G. Shakkotai, A.R. La Spada**
Nicotinamide Pathway-Dependent Sirt1 Activation Restores Calcium Homeostasis to Achieve Neuroprotection in Spinocerebellar Ataxia Type 7
NEURON 2020, 105, 630–644.e9
6. **B. Nowak, A. Fiszer**
Strategie wyciszania ekspresji zmutowanego genu w terapii choroby Huntingtona
POSTĘPY BIOCHEMII 2020, 66, 1–9

Prace przyjęte do druku

1. **A. Ciesiolka, A. Stroynowska-Czerwinska, P. Joachimiak, A. Ciolak, E. Kozłowska, M. Michalak, M. Dabrowska, M. Olejniczak, K.D. Raczynska, D. Zielinska, M. Wozna-Wysocka, W.J. Krzyzosiak, A. Fiszer**
Artificial miRNAs targeting CAG repeat expansion in ORFs cause rapid deadenylation and translation inhibition of mutant transcripts
Cellular and Molecular Life Sciences, DOI: 10.1007/s00018-020-03596-7

Projekty realizowane w Zakładzie w 2020 r.

1. Identyfikacja białek wiążących się do powtórzeń CAG i badanie interakcji RNA-białko w komórkach; (OPUS)
Kierownik projektu: dr Adam Ciesiołka
2. Rola mikroRNA w regulacji metabolizmu żelaza w ataksji Friedreicha; (OPUS)
Kierownik projektu: dr hab. Marek Napierała
3. Kompleksowa analiza działania oligonukleotydów jako potencjalnych terapeutów w chorobach poliglutaminowych; (SONATA)
Kierownik projektu: dr hab. Agnieszka Fiszer
4. Translacja inicjowana na powtórzonych sekwencjach CAG w ataksji rdzeniowo-mózdkowej typu 3; (SONATA)
Kierownik projektu: dr Magdalena Jazurek-Ciesiołka
5. Profilowanie mikroRNA w komórkowych modelach choroby Huntingтона stworzonych z użyciem technologii iPSC; (PRELUDIUM)
Kierownik projektu: dr Emilia Kozłowska
6. Eksperymentalna walidacja markerów patogenezы ataksji rdzeniowo mózdkowej typu trzeciego, zidentyfikowanych za pomocą metod wysokoprzepustowych (MINIATURA)
Kierownik projektu: dr Grzegorz Figura
7. Badanie początkowych ścieżek patogenezы DRPLA w modelu ludzkich prekursorów neuronalnych; (DIAMENTOWY GRANT)
Kierownik projektu: inż. Bartosz Nowak

Zakład Chemii Biopolimerów

Kierownik Zakładu: dr hab. Marcin K. Chmielewski, prof. ICHB PAN (STATUT) ³¹

Skład osobowy³²

Pracownicy naukowcy:

dr Jolanta Brzezińska (STATUT)

Pracownicy techniczni:

mgr inż. Dominika Krygier (STATUT)

Doktoranci:

mgr Anna Stasińska (finansowanie w ramach projektu DNARepairMan, MSCA ITN)

mgr Magdalena Paluch (STATUT/POWER)

³¹ W nawiasach podane źródło finansowania pracowników.

³² Stan na 31.12.2020 r.

Działalność statutowa

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

Cel badań

Celem prowadzonych badań była chemiczna modyfikacja biopolimerów, takich jak nukleozydy, kwasy nukleinowe lub peptydy, w celu wytworzenia materiałów o nowych funkcjonalnych właściwościach.

Opis zrealizowanych prac

Prace prowadzone były w następujących trzech obszarach: a) opracowanie metody termo-zależnej fosforylacji, b) modyfikacji centrum fosforowego oligonukleotydów RNA w celu wytworzenia wiązania tiolowego, mostkującego kwasy nukleinowe z białkami (peptydami), c) otrzymanie nowych polimerów termo-responywnych. Fosforylacja nukleozydów i oligonukleotydów pozwala na ich aktywność biologiczną jednakże powstający ładunek ujemny utrudnia przenikanie przez bariery biologiczne. Umieszczenie grupy ochronnej (takich jak termolabilne grupy ochronne) w centrum fosforowym, tymczasowo likwiduje ten ładunek ujemny, co ułatwia wchłanianie biocząsteczki. Termolabilne grupy usuwane są w łagodnych warunkach co pozwala na odtworzenie centrum fosforowego. Opracowano trzy odczynniki fosforyzujące, charakteryzujące się innym czasem usuwania grupy termolabilnej. Prace będą kontynuowane w kolejnych latach.

Umieszczenie łącznika tiolowego w centrum fosforanowym umożliwia natomiast tworzenie kompleksów kwas nukleinowy - białko. Prowadzono badania nad stabilizacją RNA zawierającego łącznik tiolowy. Stabilizację RNA z łącznikiem tiolowym uzyskano poprzez wprowadzenie 2-fluororybonukleozydu (metoda *H*-fosfonianowa). Użyteczność otrzymanych oligonukleotydów RNA została zweryfikowana w testach sieciowania białka modelowego RNazą H1, do fragmentu RNA lub DNA, które są kluczowym efektem w antysensownej terapii lekowej. Biopolimery zawierające chemiczną modyfikację były analizowane za pomocą zestawu HPLC, elektroforezy kapilarnej oraz analizy rezonansu jądrowego NMR. Otrzymanie modyfikacji zostało także potwierdzone analizą masową. Wyniki zostały opublikowane w 2020 r. (publikacja nr 1) i są przedmiotem przygotowywanej rozprawy doktorskiej mgr inż. Anny Stasińskiej.

Termoresponywne polimery otrzymano wykorzystując syntetyzowane wcześniej monomery, zawierające prekursory termolabilnych grup ochronnych. W polimeryzacji wykorzystano technikę RAFT. Udowodniono, że możliwe jest usunięcie termolabilnej grupy ochronnej z otrzymanego polimeru. Do analityki modyfikowanych polimerów wykorzystano chromatografię żelową SEC/GPC (*Size Exclusion Chromatography/Gel Permeation Chromatography*) w systemie UHPLC, która pozwala na przeprowadzanie analizy masowej związków makrocząsteczkowych, takich jak białka lub polimery syntetyczne. W przypadku tych klas związków możliwe jest wyznaczenie ich mas cząsteczkowych lub rozkładu mas cząsteczkowych w obrębie sygnału detekcyjnego. Przeprowadzono kalibrację kolumny serią standardów mas cząsteczkowych, oraz wyznaczono zależność: masy cząsteczkowej od czasu retencji. W badaniach wykorzystano detektor aerozolu *Corona Veo* firmy *Thermo Scientific/Dionex*. Wyniki są przedmiotem przygotowywanej rozprawy doktorskiej mgr Magdaleny Paluch.

Publikacje

1. M. Hyjek-Składanowska, **A.R. Stasinska**, A. Napiorkowska, A. Bartłomiejczak, P.P. Seth, **M.K. Chmielewski**, M. Nowotny
Disulfide bridge cross-linking between protein and the RNA backbone as a tool to study RNase H1
BIOORGANIC & MEDICINAL CHEMISTRY 2020, 28, 115741

2. **A.R. Stasinska**, P. Putaj, **M.K. Chmielewski**
Disulfide bridge as a linker in nucleic acids' bioconjugation. Part II: a summary of practical applications
BIOORGANIC CHEMISTRY 2020, 95, 103518

Projekty realizowane w Zakładzie w 2020 r.

Funkcjonalizacja kwasów nukleinowych za pomocą termo-wrażliwych przełączników;
(MINIATURA)

Kierownik projektu: dr Jolanta Brzezińska

Zakład Fizjologii Molekularnej Roślin

Kierownik Zakładu: prof. dr hab. Michał Jasiński (0,67 STATUT/0,33 GRANTY)³³

Skład osobowy³⁴

Pracownicy naukowcy:

dr Joanna Banasiak (0,5 STATUT/0,5 GRANTY)

dr Wanda Biała-Leonhard (GRANTY)

Pracownicy techniczni:

mgr Aleksandra Paweła (0,5 STATUT/0,5 GRANTY)

Doktoranci:

mgr inż. Tomasz Jamruszka (STATUT)

mgr inż. Konrad Pakuła (STATUT/POWER)

Działalność statutowa

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

Cel badań

Celem badań jest selekcja transporterów (oraz określenie zależności pomiędzy nimi), stojących za dystrybucją produktów metabolizmu wtórnego, ze szczególnym uwzględnieniem fenylopropanoidów i ich roli w odpowiedzi na stres biotyczny czy inicjację/kontrolę oddziaływań symbiotycznych.

Opis zrealizowanych prac

Przeprowadzono kompleksowe analizy profilu ekspresji szeregu transporterów błonowych (miejsce/czas) oraz potencjalnych ich powiązań ze szlakami biosyntezy medikarpiny/dihydroksyflawonów i ich pochodnych. Wykazano zależności pomiędzy obecnością transporterów w danej tkance, a aktywnością enzymów ze szlaku biosyntezy. Uzyskane wyniki stały się podstawą do złożenia wniosku w konkursie NCN OPUS 20 i postawienia hipotezy o specjalizacji systemów transportu opartych o białka ABC u bobowatych. Identyfikacja transporterów/mechanizmów transportu stojących za dedykowaną translokacją pozwala uzupełnić wiedzę na temat przestrzenno-czasowej produkcji fenylopropanoidów w różnych warunkach, ale także ułatwia bardziej precyzyjną inżynierię metaboliczną tych związków w roślinach w celu poprawy cech agronomicznych lub wartości odżywczej.

³³ W nawiasach podane źródło finansowania pracowników.

³⁴ Stan na 31.12.2020 r.

Publikacje

1. **J. Banasiak**, L. Borghi, **N. Stec**, E. Martinoia, **M. Jasinski**
The Full-Size ABCG Transporter of *Medicago truncatula* Is Involved in Strigolactone Secretion, Affecting Arbuscular Mycorrhiza
FRONTIERS IN PLANT SCIENCE 2020, 11, 18
2. P.C. Hao, J. Xia, J. Liu, M. Di Donato, **K. Pakula**, A. Bailly, **M. Jasinski**, M. Geisler
Auxin-transporting ABC transporters are defined by a conserved D/E-P motif regulated by a prolyl isomerase
JOURNAL OF BIOLOGICAL CHEMISTRY 2020, 295, 13094–13105

Projekty realizowane w Zakładzie w 2020 r.

1. Rola transporterów błonowych w kaskadzie sygnałowej cytokinin podczas symbiozy bobowatych z bakteriami brodawkowymi; (OPUS)
Kierownik projektu: prof. dr hab. Michał Jasiński
2. Molekularne determinanty selektywnego transportu będącego udziałem roślinnych transporterów ABCG; (OPUS)
Kierownik projektu: prof. dr hab. Michał Jasiński
3. Aktywne systemy transportu jako element kontrolujący „molekularną rozmowę” między symbiontami podczas formowania mikoryzy arbuskularnej; (SONATA)
Kierownik projektu: dr Joanna Banasiak

Zakład Genomiki Strukturalnej RNA

Kierownik Zakładu: prof. dr hab. Elżbieta Kierzek (0,7 STATUT/0,3 GRANTY)³⁵

Skład osobowy³⁶

Pracownicy naukowci:

dr Julita Piasecka (0,7 STATUT/0,3 GRANTY)

Doktoranci:

mgr Barbara Szutkowska (STATUT)

mgr inż. Klaudia Wiczorek (STATUT/GRANTY)

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

Działalność statutowa

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

Cel badań

RNA wirusa grypy ulega mutacjom prowadzącym do nowych szczepów i podtypów, a także (rzadziej) możliwa jest reasortacja genomu pomiędzy różnymi podtypami wirusa. Cechy te powodują konieczność corocznego wytwarzania nowych szczepionek umożliwiających walkę z epidemiami i groźnymi pandemiemi. Ewolucyjna zmienność genomu grypy musi być jednak w granicach zachowania funkcjonalności białek oraz RNA. Celem badań jest wyszukiwanie elementów uniwersalnych w strukturze drugorzędowej wirusowego RNA, a więc o potencjalnym znaczeniu

³⁵ W nawiasach podane źródło finansowania pracowników.

³⁶ Stan na 31.12.2019 r.

funkcyjnym. W badaniach wykorzystana zostanie analiza bioinformatyczna wsparta badaniami in vitro wybranych wirusowych RNA. Znaczenie uniwersalnych elementów strukturalnych będzie ostatecznie sprawdzane poprzez nakierowywanie na nie oligonukleotydowych inhibitorów w liniach komórkowych

Opis zrealizowanych prac

Zanalizowano bioinformatycznie konserwatywność sekwencji i struktury segmentu 8 vRNA (vRNA8) szczepów typu A wirusa grypy: A/California/04/2009 (H1N1) (Cal04), A/Puerto Rico/8/1934 (H1N1) (PR8) i A/Vietnam/1203/2004 (H5N1). Poszukiwano rejonów o następujących cechach: dany fragment powinien być konserwatywny pod względem struktury drugorzędowej, zmiany sekwencji powinny zachowywać strukturę drugorzędową RNA, konserwatywny motyw powinien być trwały termodynamicznie i zawierać jednoniciowy fragment (np. pętlę spinki). Zwrócono uwagę na możliwość zaprojektowania uniwersalnych oligonukleotydów antysensowych (ASO). Zaprojektowano serię oligonukleotydów zawierających modyfikacje (LNA, 2'OMeRNA) nakierowanych na wybrane rejony. Przetestowano również kilka metod wprowadzania oligonukleotydów do komórek MDCK (w tym zastosowanie nanokoniugatów). Najlepszy ASO nacelowany na spinkę w rejonie 3' wykazał inhibicję namnażania wirusa Cal04 o 98%. Wyniki są obecnie na etapie przygotowywania publikacji.

Publikacje

1. **E. Kierzek, R. Kierzek**
Conscious uncoupling of riboswitch functions
JOURNAL OF BIOLOGICAL CHEMISTRY 2020, 295, 2568–2569
2. **J. Piasecka, E. Lenartowicz, M. Soszynska-Jozwiak, B. Szutkowska, R. Kierzek, E. Kierzek**
RNA Secondary Structure Motifs of the Influenza A Virus as Targets for siRNA-Mediated RNA Interference
MOLECULAR THERAPY-NUCLEIC ACIDS 2020, 19, 627–642
3. **J. Piasecka, A. Jarmolowicz, E. Kierzek**
Organization of the Influenza A Virus Genomic RNA in the Viral Replication Cycle–Structure, Interactions, and Implications for the Emergence of New Strains
PATHOGENS 2020, 9, 951
4. **K. Wieczorek, B. Szutkowska, E. Kierzek**
Anti-Influenza Strategies Based on Nanoparticle Applications
PATHOGENS 2020, 9, 1020
5. **M. Szabat, D. Lorent, T. Czapik, M. Tomaszewska, E. Kierzek, R. Kierzek**
RNA secondary structure as a first step for rational design of the oligonucleotides towards inhibition of influenza A virus replication
PATHOGENS 2020, 9, 925
6. L. Pielok, M. Karczewski, W. Cierach, **P. Zmora, E. Lenartowicz, J. Stefaniak**
Portal hypertension as a result of the incomplete surgically treated advanced alveolar echinococcosis: a case description
BMC GASTROENTEROLOGY 2020, 20, 176
7. P.J. McCown, **A. Ruszkowska**, C.N. Kunkler, K. Breger, J.P. Hulewicz, M.C. Wang, N.A. Springer, J.A. Brown
Naturally occurring modified ribonucleosides
WILEY INTERDISCIPLINARY REVIEWS: RNA 2020, 11, e1595
8. **P. Zmora, E. Lenartowicz**
Diagnostyka zakażenia wirusem SARS-CoV2 – aktualny stan wiedzy oraz perspektywy rozwoju
DIAGNOSTA LABORATORYJNY 2020, 4, 24–29, ISSN 2084-1663

Projekty realizowane w Zakładzie w 2020 r.

1. Struktura RNA wirusa grypy w warunkach in vivo i in vitro. Uwarunkowania strukturalne inhibicji namnażania wirusa za pomocą modyfikowanych antysensowych oligonukleotydów, siRNA oraz niskocząsteczkowych ligandów; (OPUS)
Kierownik projektu: prof. dr hab. Elżbieta Kierzek
2. Funkcja struktury drugorzędowej vRNA wirusa grypy typu A w kompleksie rybonukleoproteinowym podczas cyklu replikacyjnego wirusa; (SONATINA)
Kierownik projektu: dr Elżbieta Lenartowicz
3. Modyfikowane siRNA, rybozomy i system CRISPR/Cas jako strategie inhibicji namnażania wirusa grypy typu A. Zastosowanie i porównanie metod inhibicji nakierowanych na wirusowe RNA; (PRELUDIUM)
Kierownik projektu: dr Julita Piasecka
4. Inhibicja replikacji SARS-CoV-2 nacelowana na wirusowe RNA; (SZYBKA ŚCIEŻKA DOSTĘPU DO FUNDYSZY NA BADANIA NAD COVID-19)
Kierownik projektu: prof. dr hab. Elżbieta Kierzek

Zakład Inżynierii Genomowej

Kierownik Zakładu: dr hab. Marta Olejniczak, prof. ICHB PAN (0,8 STATUT/0,2 GRANTY)³⁸

Skład osobowy³⁹

Pracownicy naukowci:

dr Paweł Śledziński (GRANTY)

Pracownicy techniczni:

mgr Anna Misiukiewicz (0,9 STATUT/0,1 GRANTY)

mgr Teresa Dymarek-Babś (STATUT)

Doktoranci:

mgr Magdalena Dąbrowska (stypendium NCN)

mgr inż. Anna Kotowska-Zimmer (stypendium NCN)

mgr Mateusz Nowaczyk (stypendium NCN)

mgr Marianna Pewińska (stypendium NCN)

Magistranci:

Marianna Karwacka (stypendium NCN)

Działalność statutowa

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

Cel badań

Celem badań było stworzenie nowych modeli komórkowych do badania patogenezы i terapii chorób poliglutaminowych. Do ich stworzenia wykorzystano metodę CRISPR-Cas oraz protokoły generowania linii komórkowych opracowane w ramach wcześniejszych badań.

Opis zrealizowanych prac

W ramach projektu stworzono nowe modele choroby Huntingtona (HD) w komórkach HEK293, zawierające różną liczbę powtórzeń CAG. Na drodze edycji systemem CRISPR-Cas komórek iPSCs, pochodzących od pacjenta z HD stworzono izogeniczne linie komórek z nieaktywnym genem HTT

³⁸ W nawiasach podane źródło finansowania pracowników.

³⁹ Stan na 31.12.2020 r.

oraz z normalną długością powtórzeń CAG w locus HTT. Stworzono również 2 modele komórkowe HEK293 z nieaktywnym genem AGO2 oraz z modyfikacją w regionie niezbędnym do aktywności endonukleazowej białka AGO2. Nowe modele komórkowe posłużyły do testowania efektywności siRNA, celujących w gen HTT; do badania zaburzeń składania mRNA w genie HTT oraz do analizy mechanizmu wyciszania ekspresji genu HTT przez nietypowe siRNA, celujące w region powtórzeń CAG. Wyniki badań oraz wnioski opublikowano w postaci 2 publikacji naukowych (publikacja nr 2, pozycja nr 2 w sekcji „Prace przyjęte do druku”). Linie te są obecnie wykorzystywane do badania patogenezy HD w ramach badań prowadzonych w Instytucie oraz są dostępne dla środowiska naukowego.

Publikacje

1. **P. Sledzinski, M. Nowaczyk, M. Olejniczak**
Computational Tools and Resources Supporting CRISPR-Cas Experiments
CELLS 2020, 9, 1288
2. **M. Dabrowska, A. Ciolak, E. Kozłowska, A. Fiszer, M. Olejniczak**
Generation of New Isogenic Models of Huntington's Disease Using CRISPR-Cas9 Technology
INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES 2020, 21, 1854
3. **A. Kotowska-Zimmer, Y. Ostrowska, M. Olejniczak**
Universal RNAi Triggers for the Specific Inhibition of Mutant Huntingtin, Atrophin-1, Ataxin-3, and Ataxin-7 Expression
MOLECULAR THERAPY - NUCLEIC ACIDS 2020, 562–571
4. **M. Dabrowska, M. Olejniczak**
Gene Therapy for Huntington's Disease Using Targeted Endonucleases [w:] Trinucleotide Repeats. Methods in Molecular Biology (red. G.F. Richard) 2020, 2056, 269–284, *HUMANA PRESS*

Prace przyjęte do druku

1. **A. Ciesiolka, A. Stroynowska-Czerwinska, P. Joachimiak, A. Ciolak, E. Kozłowska, M. Michalak, M. Dabrowska, M. Olejniczak, K.D. Raczynska, D. Zielinska, M. Wozna-Wysocka, W.J. Krzyzosiak, A. Fiszer**
Artificial miRNAs targeting CAG repeat expansion in ORFs cause rapid deadenylation and translation inhibition of mutant transcripts
Cellular and Molecular Life Sciences, DOI: 10.1007/s00018-020-03596-7
2. **A. Kotowska-Zimmer, M. Pewinska, M. Olejniczak**
Artificial miRNAs as therapeutic tools: challenges and opportunities
WIREs RNA, DOI:10.1002/wrna.1640

Projekty realizowane w Zakładzie w 2020r.

1. Badanie mechanizmów naprawy dwuniciowych pęknięć DNA w regionach mikrosatelitar-nych z wykorzystaniem systemu CRISPR/Cas9; (OPUS)
Kierownik projektu: dr hab. Marta Olejniczak
2. Wykorzystanie narzędzi genetycznych w eksperymentalnej terapii chorób poliglutaminowych; (SONATA BIS)
Kierownik projektu: dr hab. Marta Olejniczak
3. Allelo-selektywna terapia dla chorób poliglutaminowych z wykorzystaniem technologii interferencji RNA; (PRELIDIUM BIS)
Kierownik projektu: dr hab. Marta Olejniczak
4. Wykorzystanie systemów do edycji genomu w eksperymentalnej terapii chorób poligluta-minowych; (ETIUDA)
Kierownik projektu: mgr Magdalena Dąbrowska

Zakład Metabolizmu RNA

Kierownik Zakładu: dr hab. Zbigniew Warkocki, prof. ICHB PAN (0,85 STATUT/0,15 GRANTY)⁴⁰

Skład osobowy⁴¹

Pracownicy techniczni:

mgr Martyna Kordyś (STATUT)

Doktoranci:

mgr Dmytro Pandakov (stypendium NCN)

Działalność statutowa

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

Cel badań

Zbadanie roli białek wiążących RNA na metabolizm RNA w cytoplazmie komórek ludzkich.

Opis zrealizowanych prac

Badania miały formę analizy danych literaturowych i były poświęcone wyborowi białek zaangażowanych w metabolizm RNA w komórkach ludzkich, których działanie związane jest z regulacją podaży i funkcji RNA w komórkach ludzkich. Na podstawie analiz literaturowych zaplanowano strategię utworzenia modelowych linii komórkowych, w których aktywność wybranych białek zostanie usunięta z zastosowaniem metod inżynierii genomowej CRISPR/Cas. Utworzono kilka klonalnych linii w tle genetycznym HEK293 FlpIN i PA-1 pozbawionych aktywności białka DIS3L2. Dodatkowo przeprowadzono eksperymenty polegające na obniżeniu ekspresji genów kodujących białka DCP2 i DIS3L2 za pomocą interferencji RNA. Potwierdzono możliwość obniżenia ekspresji ww. białek za pomocą RNAi. Przeprowadzone analizy oraz opracowana strategia została wykorzystana jako podstawa do badań szczegółowych.

Publikacje

1. K. W. von Rekowski, P. Konig, S. Henze, M. Schlesinger, **P. Zawierucha**, R. Januchowski, G. Bendas
Insight into Cisplatin-Resistance Signaling of W1 Ovarian Cancer Cells Emerges mTOR and HSP27 as Targets for Sensitization Strategies
INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES 2020, 21, 9240

Projekty realizowane w Zakładzie w 2020 r.

1. Określenie roli końców 5' i 3' mRNA LINE-1 w biologii tego retrotranspozonu; (OPUS)
Kierownik projektu: dr hab. Zbigniew Warkocki
2. Badanie urydlacji RNA jako mechanizmu regulacji ekspresji genów u człowieka; (SONATA)
Kierownik projektu: dr hab. Zbigniew Warkocki

⁴⁰ W nawiasach podane źródło finansowania pracowników.

⁴¹ Stan na 31.12.2020 r.

Zakład Metabolomiki Funkcjonalnej Roślin

Kierownik Zakładu: prof. dr hab. Paweł Bednarek (0,75 STATUT/0,25 GRANTY)⁴²

Skład osobowy⁴³

Pracownicy naukowcy:

dr Marta Pastorczyk-Szlenkier (STATUT)

dr Anna Piasecka (0,075 STATUT/0,925 GRANTY)

Pracownicy techniczni:

mgr inż. Sylwia Bugaj (0,875 STATUT/0,125 GRANTY)

Doktoranci:

mgr Paweł Czerniawski (STATUT)

mgr inż. Roksana Jura (stypendium NCN)

mgr inż. Serhii Kozin (stypendium NCN)

Działalność statutowa

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

Cel badań

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

Opis zrealizowanych prac

Analizowano zmiany w ekspresji genów i akumulacji fitoaleksyn podczas odpowiedzi mutantu *cyp81f2* (defekt w biosyntezie 4-metoksy glukozynolanu indolowego) na wzorzec molekularny związany z patogenem (*flg22*, fragment bakteryjnego białka flageliny). Uzyskane wyniki wykazały obniżoną (w porównaniu do roślin typu dzikiego) ekspresję genów *CYP71A12* i *CYP71A13*, które kodują monooksygenazy biorące udział w biosyntezie kwasu indolo-3-karboksylowego i kamaleksyny (fitoaleksyny). Pomimo obniżonej ekspresji tych genów nie zaobserwowano defektu w akumulacji tych metabolitów. Te obserwacje, w połączeniu z wcześniejszymi wynikami (Frerigmann *et al.*, *Molecular Plant* 2016), zasugerowały, że (i) produkty hydrolizy 4-metoksy glukozynolanu indolowego przez myrozynazę PEN2 kontrolują ekspresję genów związanych z biosyntezą kwasu indolo-3-karboksylowego i kamaleksyny, (ii) w mutancie *cyp81f2* kwas indolo-3-karboksylowy i kamaleksyna są produkowane w alternatywnym szlaku niezależnym od monooksygenaz *CYP71A12* i *CYP71A13*. Aby zweryfikować tę hipotezę, wygenerowano potrójnego mutantu *cyp81f2 cyp71a12 cyp71a13* i poczwórnego mutantu *pen2 cyp81f2 cyp71a12 cyp71a13*.

Publikacje

1. **M. Pastorczyk**, A. Kosaka, **M. Pislewska-Bednarek**, G. Lopez, H. Frerigmann, **K. Kulak**, E. Glawischnig, A. Molina, Y. Takano, **P. Bednarek**
The role of CYP71A12 monooxygenase in pathogen-triggered tryptophan metabolism and *Arabidopsis* immunity
NEW PHYTOLOGIST 2020, 225, 400–412
2. K. Hematy, M. Lim, C. Cherk, **M. Pislewska-Bednarek**, C. Sanchez-Rodriguez, M. Stein, R. Fuchs, C. Klapprodt, V. Lipka, A. Molina, E. Grill, P. Schulze-Lefert, **P. Bednarek**, S. Somerville

⁴² W nawiasach podane źródło finansowania pracowników.

⁴³ Stan na 31.12.2020 r.

Moonlighting Function of Phytochelatase1 in Extracellular Defense against Fungal Pathogens

PLANT PHYSIOLOGY 2020, 182, 1920–1932

3. **A. Piasecka**, A. Sawikowska, A. Kuczynska, P. Ogródowicz, K. Mikołajczak, P. Krajewski, P. Kachlicki
Phenolic Metabolites from Barley in Contribution to Phenome in soil Moisture Deficit
INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES 2020, 21, 6032
4. W. Buchwald, M. Szulc, J. Baraniak, N. Derebecka, M. Kania-Dobrowolska, **A. Piasecka**, A. Bogacz, M. Karasiewicz, J. Bartkowiak-Wieczorek, R. Kujawski, A. Gryszczynska, P. Kachlicki, M. Dreger, M. Ozarowski, A. Krajewska-Patan, M. Gorska-Paukszta, E. Kaminska, P.L. Mikołajczak
The Effect of Different Water Extracts from *Platycodon grandiflorum* on Selected Factors Associated with Pathogenesis of Chronic Bronchitis in Rats
MOLECULES 2020, 25, 5020
5. K. Mikołajczak, P. Ogródowicz, H. Cwiek-Kupczynska, K. Weigelt-Fischer, S.R. Mothukuri, A. Junker, T. Altmann, **K. Krystkowiak**, T. Adamski, M. Surma, A. Kuczynska, P. Krajewski
Image Phenotyping of Spring Barley (*Hordeum vulgare* L.) RIL Population Under Drought: Selection of Traits and Biological Interpretation
FRONTIERS IN PLANT SCIENCE 2020, 11, 743

Prace przyjęte do druku

1. **P. Czerniawski, A. Piasecka, P. Bednarek**
Evolutionary changes in the glucosinolate biosynthetic capacity in species representing *Capsella*, *Camelina* and *Neslia* genera
Phytochemistry, DOI:10.1016/j.phytochem.2020.112571
2. **H. Frerigmann**, M. Piotrowski, R. Lemke, **P. Bednarek**, P. Schulze-Lefert
A network of phosphate starvation and immune-related signaling and metabolic pathways controls the interaction between *Arabidopsis thaliana* and the beneficial fungus *Colletotrichum tofieldiae*
Molecular Plant-Microbe Interactions, DOI:10.1094/MPMI-08-20-0233-R
3. A. Kosaka, **M. Pastorczyk, M. Pislewska-Bednarek**, T. Nishiuchi, E. Ono, H. Suemoto, A. Ishikawa, H. Frerigmann, M. Kaido, K. Mise, **P. Bednarek**, Y. Takano
Tryptophan-derived metabolites and BAK1 separately contribute to *Arabidopsis* postinvasive immunity against *Alternaria brassicicola*
Scientific Reports, DOI:10.1038/s41598-020-79562-x

Projekty realizowane w Zakładzie w 2020 r.

1. Wpływ subko
2. mórkowej 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
3. Międzygatunkowa inżynieria szlaków metabolicznych jako narzędzie w badaniu funkcji metabolitów wtórnych w systemie immunologicznym roślin; (OPUS)
Kierownik projektu: prof. dr hab. Paweł Bednarek
4. Funkcja roślinnych metabolitów wtórnych w promocji wzrostu indukowanej przez endofity grzybowe; (HARMONIA)
Kierownik projektu: prof. dr hab. Paweł Bednarek

Zakład Neurobiologii Molekularnej

Kierownik Zakładu: dr hab. Maciej Figiel, prof. ICHB PAN (0,9 STATUT/0,1 GRANTY)⁴⁴

Skład osobowy⁴⁵

Pracownicy naukowcy:

dr Krist Bart (GRANTY)

dr Urszula Kozłowska (GRANTY)

dr Magdalena Surdyka (0,75 STATUT/0,25 GRANTY)

Doktoranci:

mgr Joanna Delimata (stypendium NCN)

mgr Ewelina Jesion (0,25 STATUT/POWER)

mgr Żaneta Kalinowska-Pośka (GRANTY)

mgr Jakub Kubiś (stypendium NCN)

mgr Piotr Piasecki (STATUT)

mgr inż. Karolina Świtońska-Kurkowska (STATUT)

mgr inż. Kalina Wiatr (STATUT)

Pracownia Modelowych Organizmów Ssaczych

Kierownik: dr Łukasz Przybył (STATUT)

Pracownicy techniczni:

inż. Dorota Wronka (0,5 STATUT/0,25 GRANTY)

Działalność statutowa

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

Cel badań

Celem badań było zrozumienie mechanizmów neurodegeneracji w różnych fazach choroby związanych z rozwojem, funkcjami fizjologicznymi i starzeniem mózgu obciążonego przez genetyczną chorobę neurodegeneracyjną. Są one odkrywane w podejściu łączącym i korelującym dane z proteomiki, transkryptomiki, behawioru, interakcji zmutowanych białek, ich lokalizacji w tkance i komórce oraz metod bioinformatycznych. Badania odbywają się na płaszczyźnie organizmu, tkanki i komórki w mysich modelach chorób poliglutaminowych (ataksja rdzeniowo mózdkowa 3 SCA3/MJD: model knock-in Ki91 i Ki150; choroba Huntingtona HD: Hu128/21), a także w komórkach iPSC od pacjentów.

Opis zrealizowanych prac

W patogenezie SCA3 zdefiniowano grupy zaburzeń w funkcjonowaniu komórki nerwowej w modelu Ki91. Odkryto, że obecność zmutowanego białka ataksyny-3 skutkuje zmienionymi poziomami bardzo wielu białek w mózgu (kora mózgowa i mózdzek) w neuronach i specyficznie w kluczowym kompartmentie neuronów w aksonach na różnych etapach rozwoju i funkcjonowania mózgu. Odkryto w proteomice, i potwierdzono na poziomie prostych testów funkcjonalnych, 4 grupy procesów molekularnych w SCA3/MJD w modelu knock-in. Są to procesy molekularne związane z (i) syntezą białek w aksonach (podniesienie poziomu białek maszyneryi translacyjnej i inkluzji w aksonach), (ii) zmienioną strukturą neuronu i aksonu (poziom fosforylowanych i niefosforylowanych neurofilamentów, poziom białek strukturalnych), (iii) zaburzonym systemem pęcherzyków (białka endosomów, lizosomów, pęcherzyków synaptycznych, białka

⁴⁴ W nawiasach podane źródło finansowania pracowników.

⁴⁵ Stan na 31.12.2020 r.

transportującą), (iv) metabolizmem energetycznym (białka mitochondrialne, deficyt energetyczny w CUN, metabolizm OXPHOS/glikoliza oraz związany z tym brak przyrostu wagi zwierząt w fazie przed- i objawowej). Zidentyfikowano kolejne markery molekularne związane z syntezą białek, transportem aksonalnym, metabolizmem energetycznym. Kontynuowana była charakterystyka partnerów białkowych zmutowanej oraz prawidłowej ataksyny-3 w tkance mózgowej Ki91.

Zmiany w populacjach komórek i w rozwoju mózgu HD są badane w ramach projektu dotyczącego zaburzeń rozwoju mózgu w chorobie Huntingtona wynikających z obniżenia całkowitego poziomu huntingtyny w HD, z użyciem iPSCs z młodzieńczej formy HD oraz fuzyjnych organoidów mózgowych.

Projekty realizowane w Zakładzie w 2020 r.

1. Odkrywanie zaburzeń rozwoju mózgu w chorobie Huntingtona wynikających z obniżenia całkowitego poziomu huntingtyny w HD, z użyciem iPSC z młodzieńczej formy HD i fuzyjnych organoidów mózgowych; (OPUS)
Kierownik projektu: dr hab. Maciej Figiel
2. Definiowanie nowych mechanizmów neurodegeneracji z użyciem pierwszego modelu knock-in SCA3/MJD; (SONATA BIS)
Kierownik projektu: dr hab. Maciej Figiel
3. Poszukiwanie nowych mechanizmów neurodegeneracji w czasie rozwoju ataksji rdzeniowo-mózdkowej typu 3 w mysim modelu knock-in SCA3 Ki91; (ETIUDA)
Kierownik projektu: mgr Kalina Wiatr
4. Wpływ normalnej i zmutowanej ataksyny 3 na układ odpornościowy w kontekście patogenezы ataksji rdzeniowo-mózdkowej typu 3; (MINIATURA)
Kierownik projektu: dr Łukasz Przybył
5. Terapia genowa ataksji rdzeniowo-mózdkowych: przywracanie prawidłowego metabolizmu cholesterolu poprzez mózgową nadekspresję 24-hydroksylazy cholesterolowej (CYP46A1); (E-RARE – SCA-CYP) – projekt realizowany w konsorcjum; lider projektu: Institut National de la Sante et de la Recherche Medicale (kierownik projektu: Dr. Nathalie Cartier)
Kierownik zadań z ramienia ICHB PAN: dr hab. Maciej Figiel
6. Allelo-specyficzne obniżenie poziomu białka polyQ jako strategia terapeutyczna dla choroby Huntingtona oraz ataksji rdzeniowo-mózdkowej typu 3 i 7; (E-RARE – TREATPOLYQ) – projekt realizowany w konsorcjum; lider projektu: Eberhard Karls Universitaet Tuebingen (kierownik projektu: Dr. Huu Phuc Nguyen)
Kierownik zadań z ramienia ICHB PAN: dr hab. Maciej Figiel
7. Allele selective, CAG-targeted RNAi-based strategy to lower mutant polyQ proteins in polyglutamine ataxias; (National Ataxia Foundation)
Kierownik projektu: dr hab. Maciej Figiel

Zakład Neuroonkologii Molekularnej

Kierownik Zakładu: dr hab. Katarzyna Rolle, prof. ICHB PAN (0,6 STATUT/0,4 GRANTY)⁴⁶

Skład osobowy⁴⁷

Pracownicy naukowcy:

dr Julia Misiorek (STATUT)

⁴⁶ W nawiasach podane źródło finansowania pracowników.

⁴⁷ Stan na 31.12.2020 r.

Pracownicy techniczni:

dr Dariusz Wawrzyniak (STATUT)

mgr inż. Paweł Głodowicz (STATUT)

mgr Julia Latowska (GRANTY)

Doktoranci:

mgr Adriana Grabowska (stypendium NCN)

mgr Małgorzata Grabowska (STATUT)

mgr inż. Konrad Kuczyński (STATUT/POWER)

mgr Żaneta Zarębska (stypendium NCN)

Afiliowani profesorowie:

prof. dr hab. Jan Barciszewski (0,2 STATUT)

Działalność statutowa

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

Cel badań

Celem badań prowadzonych w ramach działalności statutowej jest określenie udziału miRNA w rozwoju i progresji guzów mózgu, ze szczególnym uwzględnieniem ich funkcji w tworzeniu i przebudowie macierzy zewnątrzkomórkowej (ECM) oraz oddziaływaniem z innymi niekodującymi RNA, np. lncRNA.

Opis zrealizowanych prac

Uzyskane w latach ubiegłych wyniki oscylujące wokół konceptu zakładającego bezpośrednie oddziaływanie pomiędzy hsa-miR-218-5p a białkami tenascyną-C oraz syndekaniem-2, mające pośredni wpływ na właściwości mechanobiologiczne komórek GBM, zostały zebrane i opisane w manuskrypcie, będącym obecnie w recenzji („*miR-218 affects the ECM composition and biomechanical properties of glioblastoma cells*”). W tej chwili prowadzone są prace zmierzające do opisanie roli miRNA w puli glejakowych komórek macierzystych (ang. *glioblastoma stem cells*, GSC). Cechami charakterystycznymi dla GSC jest ich samoodnawialność oraz potencjał do różnicowania w inne typy komórek, co czyni je odpowiedzialnymi za progresję choroby oraz jej nawroty. Uzyskanie puli GSC w warunkach *in vitro* wymaga prowadzenia hodowli tzw. neurosfer, w warunkach odpowiednich dla nerwowych komórek macierzystych. Opierając się na wynikach real-time PCR zaobserwowano spadek poziomu ekspresji miR-218-5p oraz miR-495-3p zależny od zawartości GSC w badanych próbach. W hodowlach wyprowadzonych z tkanek, o największej ilości GSC, poziom ekspresji badanych miRNA był najniższy. W celu weryfikacji istotności miR-218 i miR-495 dla GSC, przeprowadzono analizę poziomu ekspresji markerów komórek macierzystych na poziomie mRNA w komórkach transfekowanych syntetycznym mimetykiem miR-218 oraz miR-495. Zmniejszona ekspresja branych pod uwagę markerów w komórkach traktowanych względem kontroli sugeruje, że nadekspresja miR-218 i miR-495 zmniejszyła liczbę GSC w neurosferach, wpływając tym samym na czas oraz liczbę tworzonych neurosfer. W następnym kroku badań analizowano oś wzajemnych oddziaływań pomiędzy niekodującymi RNA w GSC. Wykorzystując narzędzia bioinformatyczne przygotowano listę lncRNA, z którymi miR-218 i miR-495 mogą wchodzić w interakcje funkcjonalne. Szczególnie interesujące wydaje się być potencjalne oddziaływanie miR-218 oraz KCNQ10T1, natomiast miR-495 może być potencjalnie wiązany przez NEAT1, którego nadekspresję zaobserwowano w GSC.

1. O. Wawrzyniak, **Z. Zarebska, K. Kuczynski**, A. Gotz-Wieckowska, **K. Rolle**
Protein-Related Circular RNAs in Human Pathologies
CELLS 2020, 9, 1841
2. **D. Wawrzyniak, G. Framski, P. Januszczuk, T. Ostrowski, D. Baraniak, Z. Jahnz-Wechmann, J. Fogt, A. Manikowski, D. Baranowski, K. Rolle, J. Boryski**
7-(β -D-Ribofuranosyl)guanine and its Analogues Modified in the Sugar Portion: Synthesis and Antiglioma Properties
CHEMISTRYSELECT 2020, 5, 13370–13375
3. **J. Latowska, A. Grabowska, Z. Zarebska, K. Kuczynski, B. Kuczynska, K. Rolle**
Non-Coding RNAs in Brain Tumors, the Contribution of lncRNAs, circRNAs, and snoRNAs to Cancer Development—Their Diagnostic and Therapeutic Potential
INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES 2020, 21, 7001
4. **D. Wawrzyniak, M. Grabowska, P. Glodowicz, K. Kuczynski, B. Kuczynska, A. Fedoruk-Wyszomirska, K. Rolle**
Down-regulation of tenascin-C inhibits breast cancer cells development by cell growth, migration, and adhesion impairment
PLOS ONE 2020, 15, e0237889
5. **J.O. Misiorek**, A.M. Schreiber, **M.O. Urbanek-Trzeciak, M. Jazurek-Ciesiolka**, L.A. Hauser, D.R. Lynch, J.S. Napierala, **M. Napierala**
A Comprehensive Transcriptome Analysis Identifies FXN and BDNF as Novel Targets of miRNAs in Friedreich's Ataxia Patients
MOLECULAR NEUROBIOLOGY 2020, 57, 2639–2653
6. **P.M. Perrigue, M. Rakoczy, K.P. Pawlicka, A. Belter, M. Giel-Pietraszuk, M.Z. Naskret-Barciszewska, J. Barciszewski, M. Figlerowicz**
Cancer Stem Cell-Inducing Media Activates Senescence Reprogramming in Fibroblasts
CANCERS (BASEL) 2020, 12, 1745
7. M.P. Sajek, T. Wozniak, M. Sprinzl, J. Jaruzelska, **J. Barciszewski**
T-psi-C: user friendly database of tRNA sequences and structures
NUCLEIC ACIDS RESEARCH 2020, 48, D256–D260
8. H. Koroniak, **J. Barciszewski** (red.)
Seria: RNA Technologies. The Chemical Biology of Long Noncoding RNAs, 2020, 11,
SPRINGER
9. H. Koroniak, **J. Barciszewski** (red.)
Na pograniczu chemii i biologii, Tom XXXIX, 2019, *WYDAWNICTWO UAM* / nie wykazano w 2019 r.

Prace przyjęte do druku

1. **M. Grabowska**, B.F. Grzeskowiak, **K. Rolle**, R. Mrowczyński
Magnetic Nanoparticles as a Carrier of dsRNA for Gene Therapy
In: Narayanan K. (eds) Bio-Carrier Vectors, *Methods in Molecular Biology*, DOI: 10.1007/978-1-0716-0943-9_6
2. **E. Wyszko, M. Popenda, D. Gudanis, J. Sarzynska, A. Belter, P. Perrigue, P. Skowronek, K. Rolle, J. Barciszewski**
The model structure of the hammerhead ribozyme formed by RNAs of reciprocal chirality
Bioscience Reports, DOI: 10.1042/BSR20203424
3. **A. Belter, M. Popenda**, M. Sajek, T. Wozniak, **M.Z. Naskret-Barciszewska, M. Szachniuk, S. Jurga, J. Barciszewski**
A new molecular mechanism of RNA circularization and the microRNA sponge formation
Journal of Biomolecular Structure and Dynamics, DOI:10.1080/07391102.2020.1844802

Projekty realizowane w Zakładzie w 2020 r.

1. Funkcjonalna interakcja pomiędzy kolistymi RNA (circRNA) a macierzą zewnątrzkomórkową (ECM) – znaczenie dla komórek macierzystych nowotworu (GSC) oraz przejścia nabłonkowo-mezenchymalnego (EMT) w guzach mózgu; (OPUS)
Kierownik projektu: dr hab. Katarzyna Rolle
2. Katalityczne kwasy nukleinowe nowej generacji w regulacji ekspresji informacji genetycznej; (OPUS)
Kierownik projektu: prof. dr hab. Jan Barciszewski
3. Nowe, wielozadaniowe nanocząstki w skojarzonej geno- i fototerapii; (OPUS) – projekt realizowany w konsorcjum; lider projektu: Uniwersytet im. Adama Mickiewicza – Centrum NanoBioMedyczne (kierownik projektu: prof. dr hab. Stefan Jurga)
Kierownik zadań z ramienia ICHB PAN: prof. dr hab. Jan Barciszewski
4. 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
5. Katalityczne RNA jako narzędzie w biotechnologii mitochondriów ludzkich; (PRELUDIUM)
Kierownik projektu: mgr inż. Paweł Głodowicz
6. Odwrócenie fenotypu ataksji Friedreicha poprzez stymulację procesu transkrypcji; (MINIATURA)
Kierownik projektu: dr Julia Misiorek

Zakład Niekodujących RNA

Kierownik Zakładu: dr Monika Piwecka (0,05 STATUT/0,95 GRANTY)⁴⁸

Skład osobowy⁴⁹

Pracownicy naukowci:

dr Marcin Koliński (GRANTY)

Pracownicy techniczni:

dr Monika Przybył (GRANTY)

mgr Adrian Sobusiak (GRANTY)

Doktoranci:

mgr inż. Marta Pietras (stypendium NCN)

mgr Ayca Olcay (stypendium NCN)

Działalność statutowa

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

Cel badań

Głównym celem badań była charakterystyka niekodujących RNA (ncRNA), w szczególności określenie ich roli molekularnej w funkcjonowaniu komórek układu nerwowego oraz przysadki mózgowej. Obiektem badań były komórki pierwotne izolowane z układu nerwowego myszy oraz tkanki pozyskane z myszy.

⁴⁸ W nawiasach podane źródło finansowania pracowników.

⁴⁹ Stan na 31.12.2020 r.

Opis zrealizowanych prac

W dotychczasowej pracy badawczej, w której skupiano się na kolistych RNA (circRNA), zajmowano się określaniem poziomu ekspresji wybranych circRNA w pierwotnych neuronach korowych oraz astrocytach, w porównaniu do homogenatów z tkanki mózgu myszy. Bazując na danych wysokoprzepustowego sekwencjonowania RNA z neuronów pierwotnych mózgu myszy, tkanek mózgu lub frakcji synaptoneurosomów, pozyskanych z opublikowanych źródeł lub od partnerów zagranicznych, wyselekcjonowano 20 cząsteczek circRNA do powyższych badań. circRNA oraz mRNA transkrybowane z tych samych genów analizowane są ilościowo i jakościowo przy pomocy metody qRT-PCR. Na podstawie uzyskanych analiz wyselekcjonowano 6 cząsteczek circRNA, które poddawane są badaniom typu utraty funkcji w neuronach i/lub astrocytach.

Ponadto wprowadzono metodę XRNAX (ang. *protein-crosslinked RNA extraction*), a obecnie optymalizowana jest metoda RNA *pull-down* do analizy interakcji circRNA;białko w tkankach mózgu. Opracowanie metody RNA *pull-down*, umożliwiającej rozpoznanie partnerów białkowych w kontekście *in vivo* (bezpośrednio w tkance), pozwoli w znaczący sposób przybliżyć nas do rozpoznania funkcji circRNA w układzie nerwowym.

Dodatkowo prowadzone są badania zmierzające do rozpoznania komórkowo-specyficznej detekcji ncRNA w przysadce mózgowej myszy. W tym celu wykonuje się analizy typu wysokorozdzielcza hybrydyzacja RNA *in situ* w sekcjach przysadek mózgowej myszy oraz pilotowe eksperymenty sekwencjonowania RNA w pojedynczych komórkach. Uzyskane wyniki pozwoliły zidentyfikować wszystkie typy komórek wydzielniczych i pomocniczych oraz komórki macierzyste w przysadce mózgowej myszy na podstawie informacji o profilu mRNA w poszczególnych komórkach.

Projekty realizowane w Zakładzie w 2020 r.

1. Implikacje funkcjonalne cyrkularnych (kolistych) RNA w neuronach i mózgu; (SONATA BIS)
Kierownik projektu: dr Monika Piwecka
2. Deciphering networks of regulatory RNAs in the central nervous system;
(POLSKIE POWROTY)
Kierownik projektu: dr Monika Piwecka

Zakład Proteomiki Biomedycznej

Kierownik Zakładu: dr hab. Magdalena Łuczak, prof. ICHB PAN (STATUT)⁵⁰

Skład osobowy⁵¹

Pracownicy naukowci:

dr Maciej Łałowski (0,2 STATUT)

Doktoranci:

mgr inż. Joanna Tracz (stypendium ICHB)

Działalność statutowa

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

Cel badań

Celem badań było opracowanie i optymalizacja celowanych metod proteomicznych do identyfikacji biomarkerów białkowych i niskocząsteczkowych z wykorzystaniem technik chromatograficznych i spektrometrii mas. Opracowanie tych metod wykorzystano do walidacji wyników

⁵⁰ W nawiasach podane źródło finansowania pracowników.

⁵¹ Stan na 31.12.2020 r.

uzyskanych metodami przesiewowymi, jak również do ilościowej analizy molekuł, których wykrycie metodami przesiewowymi było niemożliwe ze względu na niskie stężenie w badanych matrycach biologicznych.

Opis zrealizowanych prac

W wyniku realizacji zadania zoptymalizowano metodę opracowaną w poprzednim roku do ilościowej oceny kolejnych 20 białek. Tym razem skoncentrowano się na białkach zaangażowanych w szlak sygnałowy receptora komórek T oraz uczestniczących w aktywacji komórek immunologicznych, m.in.: ZAP1, PTPRC, CD3E i CD3G. Przeprowadzono wstępną analizę na ekstraktach osocza, dalsze analizy na większej liczbie prób będą kontynuowane w kolejnym roku. Zoptymalizowano również celowaną metodę do ilościowej oceny 67 związków niskocząsteczkowych, m.in. cukrów, aminokwasów, kwasów organicznych czy alkoholi cukrowych, w osoczu i surowicy. Metodę następnie wykorzystano do profilowania tych związków w osoczu pacjentów z przewlekłą chorobą nerek oraz chorobą sercowo-naczyniową. Uzyskane wyniki potwierdzono z użyciem podejścia GC-MS, na podstawie chromatogramów EIC dla wybranych jonów.

Publikacje

1. Y. Uchida, R. Goto, H. Takeuchi, **M. Luczak**, T. Usui, M. Tachikawa, T. Terasaki
Abundant expression of OCT2, MATE1, OAT1, OAT3, PEPT2, BCRP, MDR1 and xCT transporters in blood-arachnoid barrier of pig, and polarized localizations at CSF- and blood-facing plasma membranes
DRUG METABOLISM AND DISPOSITION 2020, 48, 135–145
2. P. Malecki, **J. Tracz**, **M. Luczak**, M. Figlerowicz, K. Mazur-Malewska, W. Sluzewski, A. Mania
Serum proteome assessment in nonalcoholic fatty liver disease in children: a preliminary study
EXPERT REVIEW OF PROTEOMICS 2020, 17, 623–632
3. **A. Zmienko**, **M. Marszałek-Zenczak**, **P. Wojciechowski**, **A. Samelak-Czajka**, **M. Luczak**, **P. Kozłowski**, W. Karłowski, **M. Figlerowicz**
AthCNV: A map of DNA copy number variations in the Arabidopsis genome
PLANT CELL 2020, 32, 1797–1819

Projekty realizowane w Zakładzie w 2020 r.

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

Kierownik projektu: dr hab. Magdalena Łuczak

Zakład Sond Molekularnych i Proleków

Kierownik Zakładu: dr Jacek Kolanowski (0,23 STATUT/0,77 GRANTY)⁵²

Skład osobowy⁵³

Pracownicy naukowci:

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

dr Michał Jakubczyk (GRANTY)

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

⁵² W nawiasach podane źródło finansowania pracowników.

⁵³ Stan na 31.12.2020 r.

Pracownicy techniczni:

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

mgr Katarzyna Adrych-Różek (STATUT)

Doktoranci:

mgr Francesca Canyelles I Font (STATUT)

mgr Masroor Khan (stypendium NCN)

mgr Anna Wychowaniec (stypendium NCN)

Afiliowani profesorowie:

prof. dr hab. Wojciech Markiewicz (0,2 STATUT)

Pracownia Testów Molekularnych

Kierownik: dr Magdalena Otrocka (0,2 STATUT/0,8 GRANTY)

Pracownicy techniczni:

mgr Bogna Rehlis (0,5 GRANTY)

Działalność statutowa

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

Cel badań

W odpowiedzi na wystąpienie pandemii COVID-19, badania zostały ukierunkowane na wsparcie wysiłków w zakresie stworzenia narzędzi służących do poszukiwania związków o potencjalnej aktywności biologicznej w odniesieniu do wirusa SARS-CoV-2. W szczególności, celem było stworzenie narzędzia do pomiaru aktywności proteazy wirusa SARS-CoV-2, które może być wykorzystywane do poszukiwania inhibitorów tej proteazy.

Opis zrealizowanych prac

Dzięki wykorzystaniu ekspertyzy Zakładu oraz informacji literaturowych na temat specyficzności głównej proteazy wirusa SARS-CoV-2 (Mpro), zaprojektowano i otrzymano substrat fluorogeniczny. Podczas badań i charakteryzacji spektralnej związku zaobserwowano, że pod wpływem aktywności SARS-CoV-2 zmienia on kolor fluorescencji. Specyficzność tej odpowiedzi została potwierdzona w dalszych eksperymentach walidacyjnych. Ta unikatowa właściwość, charakterystyczna dla tzw. sond ratiometrycznych (ang. *ratiometric probes*), pozwala na bardziej wiarygodny pomiar aktywności celu molekularnego (w tym wypadku proteazy Mpro SARS-CoV-2), w porównaniu z dostępnymi, komercyjnymi substratami. Wynik ten nie został jeszcze opublikowany, niemniej to osiągnięcie, prawdopodobnie, umożliwi w przyszłości bardziej wiarygodną identyfikację inhibitorów tego białka. Dalsze prace nad jego wykorzystaniem będą kontynuowane w kolejnym roku. Prace były realizowane we współpracy z dr. Miłoszem Ruszkowskim z Zakładu Krystalografii – Centrum Badań Biokrystalograficznych, który dostarczył odpowiednie białko do badań, oraz Pracowniami: Testów Molekularnych (dr Magdalena Otrocka) i Analiz Wysokoprzepustowych (dr Radosław Pilarski).

1. Synteza komponentów i analogów kwasów nukleinowych oraz badania ich właściwości biologicznych (prof. dr hab. Wojciech Markiewicz)

Cel badań

Opracowanie syntezy pochodnych 5-azacytozyny.

Opis zrealizowanych prac

Opracowano metody syntezy pochodnych 5-azacytozyny z wykorzystaniem chlorku cyjanuru, jako substratu. Dla otrzymania N-4 podstawionych 5-azacytozyny wykorzystano, jako produkt pośredni, 2,4-dimetoksy-s-triazynę otrzymaną w wyniku katalitycznej hydrodehalogenacji 2-chloro-4,6-dimetoksy-s-triazyny. W reakcji z odpowiednimi aminami pierwszorzędowymi otrzymano serię N-4-podstawionych 5-azacytozyn. Otrzymano także serię 4- i 6-podstawionych 6-amino-5-azacytozyn poprzez związki pośrednie, jakimi były odpowiednie pochodne 2-chloro-4,6-diamino-s-triazyn poddane hydrolizie w warunkach alkalicznych. Ponadto otrzymano serię N-1 podstawionych pochodnych N-4-furfurylo-5-azacytozyny i samej 5-azacytozyny oraz zbadało wpływ postawienia w położeniu N-1 na trwałość hydrolityczną pochodnych 5-azacytozyny. Wszystkie otrzymane pochodne scharakteryzowano spektralnie (NMR, MS) i przekazano do badań właściwości biologicznych. Badania prowadzono we współpracy z Zakładem Biomolekularnego NMR, kierowanym przez prof. Zofię Gdaniec.

Publikacje

1. **A. Zarecki, J.L. Kolanowski, W.T. Markiewicz**
Microwave-Assisted Catalytic Method for a Green Synthesis of Amides Directly from Amines and Carboxylic Acids
MOLECULES 2020, 25,1761
2. **D. Kwiatek**, L. Mrowczyńska, N. Stopikowska, M. Runowski, A. Lesicki, S. Lis
Surface Modification of Luminescent Ln(III)Fluoride Core-Shell Nanoparticles with Acetylsalicylic acid (Aspirin): Synthesis, Spectroscopic and in Vitro Hemocompatibility Studies
CHEMMEDCHEM 2020, 15, 1490–1496
3. **D. Jakubczyk**, F. Dussart
Selected Fungal Natural Products with Antimicrobial Properties
MOLECULES 2020, 25, 911

Projekty realizowane w Zakładzie w 2020 r.

1. Niskocząsteczkowe narzędzia do badania lokalnego mikrośrodowiska białek; (OPUS)
Kierownik projektu: dr Jacek Kolanowski
2. Maskowane substraty bioluminogenne do selektywnego obrazowania parametrów biochemicznych raka; (SONATA) – projekt realizowany w konsorcjum; lider projektu: ICHB PAN
Kierownik projektu: dr Jacek Kolanowski
3. Synteza i charakterystyka koniugatów sond pH-zależnych i oligonukleotydów tworzących struktury trypleksowe; (MINIATURA)
Kierownik projektu: dr Michał Gładysz
4. Wstępne badania nad chemicznym programowaniem grzybów przy użyciu *Remularia collo-cygni* jako modelu; (MINIATURA)
Kierownik projektu: dr Dorota Jakubczyk
5. MultiGATE: dual-analyte responsive fluorescent probes for a real-time multi-parametric sensing in cellular models; (HOMING)
Kierownik projektu: dr Jacek Kolanowski
6. Ensuring long-term sustainability of excellence in chemical biology within Europe and beyond - EU-OPENSOURCE-DRIVE; (HORYZONT 2020) – projekt realizowany w konsorcjum międzynarodowym: lider – European Infrastructure of Open Screening Platforms for Chemical Biology European Research Infrastructure Consortium (EU-OPENSOURCE ERIC, EU-OS), Niemcy
Kierownik zadań z ramienia ICHB PAN: dr Jacek Kolanowski

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

Zakład Struktury i Funkcji Retrotranspozonów

Kierownik Zakładu: dr hab. Katarzyna Pachulska-Wieczorek, prof. ICHB PAN
(0,75 STATUT/0,25 GRANTY)⁵⁴

Skład osobowy⁵⁵

Pracownicy naukowcy:

dr Katarzyna Purzycka (urlop bezpłatny do 31.12.2020 r.)

Pracownicy techniczni:

mgr Julita Gumna (STATUT)

Doktoranci:

mgr Małgorzata Zawadzka (stypendium NCN)

mgr inż. Angelika Andrzejewska (stypendium NCN)

Afiliowani profesorowie:

prof. dr hab. Ryszard W. Adamiak (0,2 STATUT)

Działalność statutowa

Elementy strukturalne RNA i oddziaływania z białkami opiekuńczymi kluczowe dla replikacji endogennych i infekcyjnych retroelementów
(dr hab. Katarzyna Pachulska-Wieczorek)

Cel badań

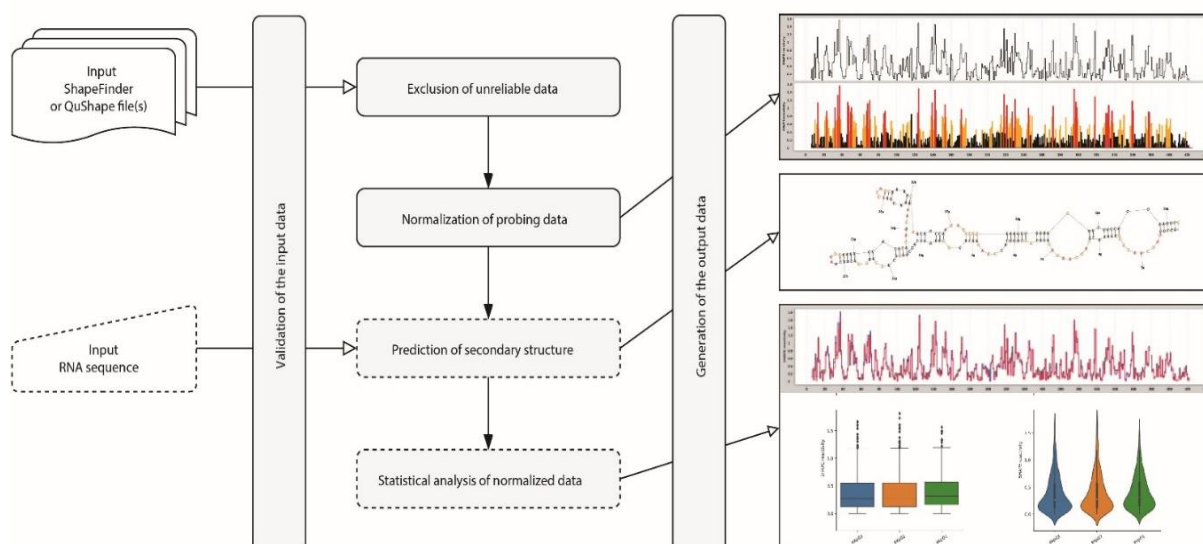
Tworzenie i rozwój narzędzi bioinformatycznych do automatycznej normalizacji, analizy i wizualizacji danych z eksperymentów mapowania struktury RNA.

Opis zrealizowanych prac

We współpracy z Zakładem Bioinformatyki Strukturalnej kontynuowano prace nad rozwojem programu – *RNAthor*, służącego do automatycznej normalizacji, analizy i wizualizacji danych z eksperymentów chemicznego mapowania struktury drugorzędowej RNA, wykorzystujących elektroforezę kapilarną (CE) do detekcji miejsc modyfikacji chemicznej RNA. Do programu wprowadzono szereg nowych funkcji, które pozwalają na procesowanie i analizę danych nie tylko z eksperymentów SHAPE-CE, ale również DMS-CE. Nowa wersja programu akceptuje pliki CE analizowane wstępnie w programie *ShapeFinder* oraz *QuShape*. Kolejną istotną nowością jest inkorporacja algorytmu *RNAstructure* do programu *RNAthor*, dzięki której zmodyfikowana wersja programu umożliwia, wspartą danymi eksperymentalnymi, predykcję struktury drugorzędowej RNA oraz wizualizację struktury RNA z automatycznym oznaczeniem miejsc modyfikacji chemicznej. Narzędzie *RNAthor* zostało opisane w publikacji nr 2.

⁵⁴ W nawiasach podane źródło finansowania pracowników.

⁵⁵ Stan na 31.12.2020 r.



Schemat 3. Schemat działania programu *RNAuthor* wraz z przykładami przeprowadzonych analiz struktury RNA

Publikacje

1. **A. Andrzejewska, M. Zawadzka, K. Pachulska-Wieczorek**
On the Way to Understanding the Interplay between the RNA Structure and Functions in Cells: A Genome-Wide Perspective
INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES 2020, 21, 6770
2. **J. Gumna, T. Zok, K. Figurski, K. Pachulska-Wieczorek, M. Szachniuk**
RNAuthor - fast, accurate normalization, visualization and statistical analysis of RNA probing data resolved by capillary electrophoresis
PLOS ONE 2020, 15, e0239287
3. Z. Miao, **R.W. Adamiak, M. Antczak**, M.J. Boniecki, J.M. Bujnicki, S.J. Chen, C.Y. Cheng, Y. Cheng, F.C. Chou, R. Das, N.V. Dokholyan, F. Ding, C. Geniesse, Y. Jiang, A. Joshi, A. Krokhotin, M. Magnus, O. Mailhot, F. Major, T.H. Mann, P. Piatkowski, R. Pluta, **M. Popena, J. Sarzynska, L. Sun, M. Szachniuk, S. Tian, J. Wang, A.M. Watkins, J. Wiedemann**, X. Xu, J.D. Yesselman, D. Zhang, Z. Zhang, C. Zhao, P. Zhao, Y. Zhou, T. Zok, A. Zyla, A. Ren, R.T. Batey, B.L. Golden, L. Huang, D.M. Lilley, Y. Liu, D.J. Patel, E. Westhof
RNA-Puzzles Round IV: 3D structure predictions of four ribozymes and two aptamers
RNA 2020, 26, 982–995

Projekty realizowane w Zakładzie w 2020 r.

1. Struktura RNA i jego oddziaływania z białkiem Gag warunkujące funkcje RNA Ty1 na różnych etapach replikacji retrotranspozonu; (SONATA BIS)
Kierownik projektu: dr hab. Katarzyna Pachulska-Wieczorek
2. Arc jako neuronalny Gag. Badanie wirusowych właściwości i funkcji głównego regulatora plastyczności synaptycznej; (PRELUDIUM)
Kierownik projektu: mgr Julita Gumna

Zakład Biochemii Produktów Naturalnych

Kierownik Zakładu: prof. dr hab. Maciej Stobiecki (0,2 STATUT)⁵⁶

Skład osobowy⁵⁷

Doktoranci:

mgr Marta Nolka-Szaszner (STATUT)

Pracownia Spektrometrii Mas

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

Pracownicy naukowcy:

dr Anna Wojakowska (GRANTY)

Doktoranci:

mgr Urszula Strybel (stypendium NCN)

Pracownia Analiz Wysokoprzepustowych

Kierownik: dr Radosław Pilarski (STATUT)

Pracownicy techniczni:

mgr Monika Pyc (GRANTY)

inż. Jan Sadoch (STATUT)

Działalność statutowa

Wykorzystanie nowych podejść metodycznych w identyfikacji produktów naturalnych pochodzenia roślinnego technikami spektrometrii mas (prof. dr hab. Maciej Stobiecki)

Cel badań

Celem prowadzonych badań było:

- optymalizacja metod wykorzystania technik spektrometrii mas do identyfikacji maksymalnych ilości metabolitów pierwotnych i wtórnych podczas profilowania próbek materiału biologicznego metodami LC/MS oraz GC/MS,
- identyfikacja związków z wykorzystaniem ogólnie dostępnych baz widm masowych,
- zastosowanie technik tandemowej spektrometrii mas oraz wysokorozdzielczych analizatorów MS do obiektywnej charakterystyki struktur analizowanych metabolitów,
- porównanie różnych programów biostatystycznych dostępnych w internecie do analizy statystycznej wyników ilościowych analiz profilowania metabolitów metodami LC/MS i GC/MS.

Opis zrealizowanych prac

We współpracy z grupami badawczymi w Polsce oraz Iranie realizowano dwa projekty: (1) Hodowla zawieszinowa paproci drzewiastych: struktura komórkowa i identyfikacja związków w medium hodowlanym. W badaniach wykorzystano metody GC/MS oraz LC/MS. W analizowanych próbkach zidentyfikowano odpowiednio 36 metabolitów pierwotnych, głównie aminokwasy oraz cukry oraz szereg pochodnych flawonoidów; (2) Porównanie profili metabolitów w liściach *Dracocephalum moldavica* zaszczipionych symbiotycznymi mikroorganizmami glebowymi w warunkach stresu niedoboru wody. Stwierdzono, że oddziaływania z bakteriami asymilującymi azot atmosferyczny oraz grzybami mikorytycznymi polepsza odporność roślin na niedobór wody.

Publikacje z przeprowadzonych badań są na etapie przygotowania.

⁵⁶ W nawiasach podane źródło finansowania pracowników.

⁵⁷ Stan na 31.12.2020 r.

1. H.K. Yoon, T. Kleiber, Z. Zydlik, K. Rutkowski, A. Wozniak, S. Swierczynski, W. Bednarski, J. Kesy, **L. Marczał**, J.H. Seo, T.Y. Choi, K.J. Kang, N.E. Kafkas, J. Bocianowski, P. Jeandet, I. Morkunas
A Comparison of Selected Biochemical and Physical Characteristics and Yielding of Fruits in Apple Cultivars (*Malus domestica* Borkh.)
AGRONOMY-BASEL 2020, 10, 458
2. **M. Sikora**, E. Bretes, J. Perla-Kajan, **I. Lewandowska**, **L. Marczał**, H. Jakubowski
Genetic Attenuation of Paraoxonase 1 Activity Induces Proatherogenic Changes in Plasma Proteomes of Mice and Humans
ANTIOXIDANTS 2020, 9, 1198
3. K.K. Hus, **L. Marczał**, V. Petrilla, M. Petrillova, J. Legath, A. Bocian
Different Research Approaches in Unraveling the Venom Proteome of *Naja ashei*
BIOMOLECULES 2020, 10, 1282
4. A. Szuba, **L. Marczał**, I. Ratajczak, A. Kasprowicz-Maluski, J. Mucha
Integrated proteomic and metabolomic analyses revealed molecular adjustments in *Populus × canescens* colonized with the ectomycorrhizal fungus *Paxillus involutus*, which limited plant host growth
ENVIRONMENTAL MICROBIOLOGY 2020, 22, 3754–3771
5. A. Szuba, **L. Marczał**, R. Kozłowski
Role of the proteome in providing phenotypic stability in control and ectomycorrhizal poplar plants exposed to chronic mild Pb stress
ENVIRONMENTAL POLLUTION 2020, 264, 114585
6. M. Wozniak-Karczewska, **D. Baranowski**, **G. Framski**, **L. Marczał**, M. Cvancarova, P.F.-X. Corvini, L. Chrzanowski
Biodegradation of ritalinic acid by *Nocardioide* sp. – Novel imidazole-based alkaloid metabolite as a potential marker in sewage epidemiology
JOURNAL OF HAZARDOUS MATERIALS 2020, 385, 121554
7. **A. Wojakowska**, A. Zebrowska, A. Skowronek, T. Rutkowski, K. Polanski, P. Widlak, **L. Marczał**, M. Pietrowska
Metabolic Profiles of Whole Serum and Serum-Derived Exosomes Are Different in Head and Neck Cancer Patients Treated by Radiotherapy
JOURNAL OF PERSONALIZED MEDICINE 2020, 10, 229
8. A. Liskiewicz, M. Przybyla, **A. Wojakowska**, **L. Marczał**, K. Bogus, M. Nowacka-Chmielewska, D. Liskiewicz, A. Malecki, J. Barski, J. Lewin-Kowalik, M. Toborek
Physical activity reduces anxiety and regulates brain fatty acid synthesis
MOLECULAR BRAIN 2020, 13, 62
9. **M. Sikora**, **I. Lewandowska**, **L. Marczał**, E. Bretes, H. Jakubowski
Cystathionine β -synthase deficiency: different changes in proteomes of thrombosis-resistant Cbs^{-/-} mice and thrombosis-prone CBS^{-/-} humans
SCIENTIFIC REPORTS 2020, 10, 10726
10. **A. Wojakowska**, M. Pietrowska, P. Widlak, D. Dobrowolski, E. Wylegala, D. Tarnawska
Metabolomic Signature Discriminates Normal Human Cornea from Keratoconus-A Pilot GC/MS Study
MOLECULES 2020, 25, 2933
11. A. Szuba, **L. Marczał**, I. Ratajczak
Metabolome adjustments in ectomycorrhizal *Populus × canescens* associated with strong promotion of plant growth by *Paxillus involutus* despite a very low root colonization rate
TREE PHYSIOLOGY 2020, 40, 1726–1743

12. K. Bachosz, J. Zdarta, **L. Marczak, J. Blazewicz**, T. Jesionowski
A highly effective approach to cofactor regeneration and subsequent membrane separation of bioconversion products: kinetic parameters and effect of process conditions
BIORESOURCES TECHNOLOGY REPORTS 2020, 9, 100365

Prace przyjęte do druku

1. M. Nowacka-Chmielewska, D. Liskiewicz, A. Liskiewicz, **L. Marczak, A. Wojakowska**, J.J. Barski, A. Malecki
Cerebrocortical proteome profile of female rats subjected to the western diet and chronic social stress
Nutritional Neuroscience, DOI:10.1080/1028415X.2020.1770433
2. **J. Sadoch, M. Pyc, A. Urbanowicz**, A. Iglewski **R. Pilarski**
High-throughput evolutionary optimization of the induction medium towards recombinant protein production in BY-2 tobacco
Biotechnology and Bioengineering, DOI: 10.1002/bit.27594
3. J. Kolodziejczyk-Czepas, M. Ponczek, M. Sady-Janczak, **R. Pilarski**, B. Bukowska
Extracts from *Uncaria tomentosa* as antiplatelet agents and thrombin inhibitors – The in vitro and in silico study
Journal of Ethnopharmacology, DOI: 10.1016/j.jep.2020.113494

Projekty realizowane w Zakładzie i Pracowniach w 2020 r.

1. Przeżywalność i stres oksydacyjny w hiperhomocysteinemii; (SONATA)
Kierownik projektu: dr Marta Sikora
2. Identyfikacja biocząsteczek uwalnianych przez komórki raka jelita grubego i wykrywanych w surowicy krwi lub/i egzosomach; (SONATA)
Kierownik projektu: dr inż. Anna Wojakowska
3. Struktura i funkcja białka Glod4; (PRELUDIUM)
Kierownik projektu: dr Olga Utyro

Zakład Biologii Medycznej

Kierownik Zakładu: prof. dr hab. Mirosława Naskręt-Barciszewska (0,2 STATUT)⁵⁸

Skład osobowy⁵⁹

Pracownicy naukowcy:

dr Agnieszka Belter (GRANTY)

Pracownicy techniczni:

Iwona Gawrońska (0,75 STATUT)

Działalność statutowa

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

Cel badań

Celem badań było poszukanie epigenetycznego (metylacja DNA) mechanizmu działania kwasu walproinowego (VPA) na guzy mózgu oraz propozycja nowych metod leczenia choroby.

⁵⁸ W nawiasach podane źródło finansowania pracowników.

⁵⁹ Stan na 31.12.2020 r.

Opis zrealizowanych prac

Glejak wielopostaciowy (GBM) jest najczęstszym, dynamicznie nawracającym i szybko postępującym typem astrocytarnego guza mózgu u dorosłych. Charakteryzuje się niekontrolowaną proliferacją, dynamiczną angiogenezą, inwazyjnością, zdolnością do unikania apoptozy oraz infiltracją. Ze względu na brak skutecznych metod leczenia GBM, konieczne są nowe podejścia. Pacjenci z glejakiem i napadami mają lepsze rokowanie niż pacjenci bez napadów, co można powiązać z VPA stosowanym w profilaktyce i leczeniu napadów. Standardowa terapia temozolomidem (TMZ) w obecności VPA u nowo zdiagnozowanych pacjentów z glejakiem może zwiększyć przeżycie. VPA stosowany jest w leczeniu epilepsji, zaburzeń afektywnych dwubiegunowych i bólów neuropatycznych. Badania przedkliniczne wykazały, że VPA może wpływać na komórki nowotworowe poprzez hamowanie proliferacji, angiogenezy i promowanie apoptozy. Jednak wpływ na komórki glejaka nie jest dobrze rozpoznany. Analizowano wpływ VPA na wybrane glejowe linie komórkowe badając globalne zmiany 5-metylocytozyny (m5C), głównego epigenetycznego znacznika DNA. Metodą znaczenia następczego nukleotydów przeanalizowano całkowitą ilość m5C w DNA glejaka (T98G, U118, U138), nowotworowych (HeLa) i normalnych (HaCaT) liniach komórkowych w obecności VPA (0-500 μ M) oraz kombinacji VPA i TMZ (0-100 μ M). Zaobserwowano zmiany globalnej metylacji DNA w nowotworowych liniach komórkowych zależne od dawki VPA. Przy dużym stężeniu (250-500 μ M) i w krótkim czasie indukuje wzrost zawartości m5C w DNA, zatem hipermetylacja DNA i inhibicja ekspresji niektórych genów (np. onkogenów) może być przyczyną większego przeżycia pacjentów z glejakiem. Jednak ekspozycja komórek na VPA i TMZ prowadzi do demetylacji DNA. Całkowite zmiany metylacji DNA w liniach komórkowych glejaka poddawanych leczeniu VPA sugerują nowy mechanizm jego działania poprzez modulację poziomu m5C, w komórkach nowotworowych i sugeruje kliniczne stosowanie terapii VPA i TMZ u pacjentów z glejakiem. Uzyskane wyniki pozwolą na lepsze wykorzystanie „nowych” (starych) terapeutyków w leczeniu guzów glejowych. Wyniki zostały opracowane w formie publikacji i wysłane do publikacji.

Publikacje

1. **P.M. Perrigue, M. Rakoczy, K.P. Pawlicka, A. Belter, M. Giel-Pietraszuk, M.Z. Naskret-Barciszewska, J. Barciszewski, M. Figlerowicz**
Cancer Stem Cell-Inducing Media Activates Senescence Reprogramming in Fibroblasts
CANCERS (BASEL) 2020, 12, 1745
2. M.A. Fik-Jaskolka, A.F. Mkrtchyan, A.S. Saghyan, R. Palumbo, **A. Belter**, L.A. Hayriyan, H. Simonyan, V. Roviello, G.N. Roviello
Biological macromolecule binding and anticancer activity of synthetic alkyne-containing l-phenylalanine derivatives
AMINO ACIDS 2020, 52, 755–769
3. **A. Belter, J.F. Barciszewski**, A.M. Barciszewska
Revealing the epigenetic effect of temozolomide on glioblastoma cell lines in therapeutic conditions
PLOS ONE 2020, 15, e0229534
4. M.A. Fik-Jaskolka, A.F. Mkrtchyan, A.S. Saghyan, R. Palumbo, **A. Belter**, L.A. Hayriyan, H. Simonyan, V. Roviello, G.N. Roviello
Spectroscopic and SEM evidences for G4-DNA binding by a synthetic alkyne-containing amino acid with anticancer activity
SPECTROCHIMICA ACTA PART A: MOLECULAR AND BIOMOLECULAR SPECTROSCOPY 2020, 229, 117884

Prace przyjęte do druku

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

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

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

The model structure of the hammerhead ribozyme formed by RNAs of reciprocal chirality
Bioscience Reports, DOI: 10.1042/BSR20203424

Projekty realizowane w Zakładzie w 2020 r.

Pionierskie badania struktury i funkcji G-kwadrupleksów miRNA; (SONATINA)

Kierownik projektu: dr Agnieszka Belter

Zakład Biosyntezy Białka

Kierownik Zakładu: prof. dr hab. Tomasz Twardowski (0,2 STATUT)⁶⁰

Skład osobowy⁶¹

Pracownicy naukowci:

dr Ewa Woźniak (STATUT)

Doktoranci:

mgr Jakub Kuczyński (doktorant)

Działalność statutowa

**Bioekonomia i biotechnologia – aspekty społeczne i prawne
(prof. dr hab. Tomasz Twardowski)**

Cel badań

Analiza opinii publicznej w odniesieniu do GMO i nowych technik inżynierii genetycznej w kontekście stanu prawnego i rozwoju bioekonomii w Polsce, Unii Europejskiej i na świecie.

Opis zrealizowanych prac

Biogospodarka nie może pozostawać wyłącznie w gestii nauki i technologii, nawet jeśli stanowią one jej fundamenty (Aguilar *et al.*, 2020). Rosnąca liczba strategii i inicjatyw związanych z biogospodarką zachęca do mobilizacji jeszcze większej liczby interesariuszy, takich jak politycy, lokalne władze, przedsiębiorcy, naukowcy, do włączenia się w dalszy rozwój biogospodarki (Wohlgemuth *et al.*, 2020). W 2020 r. przeprowadzono analizę opinii publicznej dotyczącą biotechnologii i inżynierii genetycznej w krajach Unii Europejskiej (UE). Wyniki badań przedstawiono w pozycji nr 1 w sekcji „Prace przyjęte do druku”. Artykuł ten analizuje, porównuje i opisuje wiedzę, wątpliwości i obawy Europejczyków dotyczące biotechnologii i inżynierii genetycznej w ciągu ostatnich 20 lat. Zasadniczo poziom akceptacji różnych zastosowań biotechnologii i żywności genetycznie zmodyfikowanej (GM) nie zmienił się znacząco w ciągu ostatnich 20 lat w Europie.

W 2019 i 2020 r. przeprowadzono badania dotyczące określenia i analizy opinii publicznej o biotechnologii, inżynierii genetycznej, jak i handlu produktami biotechnologicznymi w Polsce. Z uzyskanych rezultatów badań wynika, że nieco ponad połowa Polaków zauważyła dostępność na polskim rynku produktów otrzymanych technikami inżynierii genetycznej, takich jak leki, owoce i warzywa oraz dodatki do żywności. W 2020 r. analizowano wyniki i wysłano artykuł do czasopisma *Technology in Society*. Obecnie znajduje się w recenzji i będzie sprawozdawany w 2021 r.

⁶⁰ W nawiasach podane źródło finansowania pracowników.

⁶¹ Stan na 31.12.2020 r.

W 2020 r. przeprowadzono także prace związane z określeniem i analizą czynników społecznych, ekonomicznych i środowiskowych rozwoju biogospodarki w Polsce i UE (pozycja nr 2 w sekcji „Prace przyjęte do druku”). Ponadto osobna sekcja poświęcona została postrzeganiu biogospodarki przez społeczeństwo oraz prawodawstwu w zakresie organizmów zmodyfikowanych genetycznie (GMO). W artykule przedstawiono wskaźniki, za pomocą których można zmierzyć poczyniony postęp w rozwoju biogospodarki i utrzymaniu zrównoważonego rozwoju w UE i Polsce. W 2020 r. poddano analizie aktualne regulacje i praktyczne wyzwania związane z autoryzacją edycji genomu u roślin (pozycja nr 3 w sekcji „Prace przyjęte do druku”).

Publikacje

1. M. Dettenhofer, M. Ondrejovic, V. Vasary, P. Kaszycki, **T. Twardowski**, S. Stuchlik, J. Turna, M. Dundar, K.M.A. Gartland, S. Miertus
Current state and prospects of biotechnology in Central and Eastern European countries. Part I: Visegrad countries (CZ, H, PL, SK)
CRITICAL REVIEWS IN BIOTECHNOLOGY 2019, 39, 114–136 / *nie wykazano w 2019 r.*
2. **J. Kuczynski**, **T. Twardowski**, J. Nawracala, **J. Gracz-Bernaciak**, **A. Tyczewska**
Chilling stress tolerance of two soya bean cultivars: Phenotypic and molecular responses
JOURNAL OF AGRONOMY AND CROP SCIENCE 2020, 206, 759–772
3. A. Tomkowiak, T. Jedrzejewski, J. Spychala, **J. Kuczynski**, M. Kwiatek, **A. Tyczewska**, R. Skowronska, **T. Twardowski**
Analysis of miRNA expression associated with the Lr46 gene responsible for APR resistance in wheat (*Triticum aestivum* L.)
JOURNAL OF APPLIED GENETICS 2020, 61, 503–511
4. M. Mahmoud, **J. Gracz-Bernaciak**, M. Zywicki, W. Karlowski, **T. Twardowski**, **A. Tyczewska**
Identification of Structural Variants in Two Novel Genomes of Maize Inbred Lines Possibly Related to Glyphosate Tolerance
PLANTS-BASEL 2020, 9, 523
5. **M. Dutkiewicz**, **J. Kuczynski**, **M. Jarzab**, **A. Stachowiak**, **A. Swiatkowska**
New RNA Structural Elements Identified in the Coding Region of the Coxsackie B3 Virus Genome
VIRUSES-BASEL 2020, 12, 1232
6. **E. Wozniak**, T. Zimny, **T. Twardowski**
Agri-biotechnology: Legal and Economic Aspects of Using GMOs in EU [w:] *Bioeconomy for Sustainable Development* (red. C. Keswani) 2020, 21–41, *SPRINGER*

Prace przyjęte do druku

1. **E. Wozniak**, **A. Tyczewska**, **T. Twardowski**
A shift towards biotechnology – social perception in the EU
Trends in Biotechnology, DOI:10.1016/j.tibtech.2020.08.001
2. **E. Wozniak**, **A. Tyczewska**, **T. Twardowski**
Bioeconomy development factors in the European Union and Poland
New Biotechnology, DOI:10.1016/j.nbt.2020.07.004
3. S. Sowa, **T. Twardowski**, **E. Wozniak**, T. Zimny
Legal and practical challenges to authorization of gene edited plants
New Biotechnology, DOI:10.1016/j.nbt.2020.10.008
4. R. Wohlgemuth, **T. Twardowski**, A. Aguilar
Bioeconomy moving forward step by step – A global journey
New Biotechnology, DOI: 10.1016/j.nbt.2020.11.006
5. A. Aguilar, R. Wohlgemuth, **T. Twardowski**
Introduction to the special issue: Trends in bioeconomy
New Biotechnology, DOI: 10.1016/j.nbt.2020.11.002

Projekty realizowane w Zakładzie w 2020 r.

1. Identyfikacja mechanizmów molekularnych zaangażowanych w odpowiedź soi na stres niskich temperatur w warunkach klimatu umiarkowanego; (OPUS)
Kierownik projektu: prof. dr hab. Tomasz Twardowski
2. Innowacyjna technologia przetwórstwa rzepaku do żywienia drobiu; (CORNET) – projekt realizowany w konsorcjum międzynarodowym; lider konsorcjum międzynarodowego: Gemeinschaft zur Förderung von Pflanzeninnovation e. V. (kierownik projektu: Dr. J. Jacobi), lider konsorcjum krajowego, Izba Gospodarcza Handlowców Przetwórców Zbóż i Producentów Pasz (kierownik projektu: Anna Zymerman)
Kierownik zadania z ramienia ICHB PAN: prof. dr hab. Tomasz Twardowski

Zespół Transkryptomiki Funkcjonalnej

Kierownik Zespołu: dr hab. Kamilla Bąkowska-Żywicka, prof. ICHB PAN
(0,8 STATUT/0,2 GRANTY)⁶²

Skład osobowy⁶³

Pracownicy naukowci:

dr Piotr Machtel (STATUT)

Pracownicy techniczni:

dr Anna Mleczko (STATUT)

Doktoranci:

mgr Klementyna Marciniak (0,25 STATUT/POWER)

mgr Piotr Pietras (stypendium NCN)

mgr Anna Wasilewska (stypendium NCN)

Działalność statutowa

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

Cel badań

Celem działalności statutowej Zespołu w 2020 r. była charakterystyka zmian w aktywności translacyjnej, w odpowiedzi na stres antybiotykowy w lekoopornym szczepie *Staphylococcus aureus* (MRSA).

Opis zrealizowanych prac

Kompleksy białkowo-rybonukleinowe, składające się z wielu rybosomów jednocześnie dokonujących translacji pojedynczego mRNA, to polisomy. Wszystkie fragmenty mRNA, które ulegają temu procesowi w jednej chwili lub w jednej komórce składają się na translatom. Analiza translatomu pozwala na lepsze zrozumienie złożonych szlaków regulacyjnych, samego mechanizmu translacji, a także ujawnia profil ekspresji genów. Ze względu na fundamentalną rolę w homeostazie i podziałach komórek translacja bakterii obrona jest za jeden z głównych celów dla antybiotyków. Opracowano i zoptymalizowano metodę izolacji aktywnych polisomów, rybosomów, a także pojedynczych podjednostek rybosomalnych. Jednocześnie dokonana została analiza jakościowa oraz ilościowa każdej z wymienionych frakcji. Monitorowano aktywność polisomalną podczas syntezy białek w warunkach stresu antybiotykowego. Badania te mają zasadnicze znaczenie dla wykorzystania polisomów i rybosomów do badań strukturalnych, a także dalszej

⁶² W nawiasach podane źródło finansowania pracowników.

⁶³ Stan na 31.12.2020 r.

analizy określającej jaka część genomu podlega translacji w trakcie stresu antybiotykowego wankomycyną w przypadku lekoopornego szczepu *Staphylococcus aureus*.

Badania zaprojektowano tak, aby określić zmiany aktywności translacyjnej w różnych warunkach stężenia wankomycyny, tj. antybiotyku stosowanego w leczeniu pacjentów zakażonych MRSA. Zastosowano technikę rozdziału kwasów nukleinowych na gradiencie sacharozowym. Separacji dokonano przy pomocy kolektora frakcji wykorzystującego pomiar spektrofotometryczny umożliwiający precyzyjne określenie składowych analitu. Uzyskane różnice w profilach polisomowych między kulturami są znaczące. Szczególna aktywność translacyjna zauważalna jest w hodowli z wankomycyną o maksymalnym stężeniu inhibującym, które wynosi 2 mg/l. Analizy te umożliwiły wytypowanie warunków hodowli, które zostaną zastosowane do dalszych badań, mających na celu kompleksową charakterystykę sieci regulatorowych opartych o RNA w lekoopornym szczepie MRSA.

Publikacje

1. P. Bakowski, **K. Bakowska-Zywicka**, T. Piontek
Clinical practice and postoperative rehabilitation after knee arthroscopy vary according to surgeons' expertise: a survey among polish arthroscopy society members
BMC MUSCULOSKELETAL DISORDERS 2020, 21, 626
2. P. Bakowski, J. Kaszynski, J. Walecka, K. Ciemniowska-Gorzela, **K. Bakowska-Zywicka**, T. Piontek
Autologous adipose tissue injection versus platelet-rich plasma (PRP) injection in the treatment of knee osteoarthritis: a randomized, controlled study – study protocol
BMC MUSCULOSKELETAL DISORDERS 2020, 21, 314
3. **A. Swiatkowska, M. Dutkiewicz, P. Machtel, D. Janecki, M. Kabacinska, P. Zydowicz-Machtel, J. Ciesiolka**
Regulation of the p53 expression profile by hnRNP K under stress conditions
RNA BIOLOGY 2020, 17, 1402–1415
4. **P. Machtel**
Bogaty świat ryboprzełączników
POSTĘPY BIOCHEMII 2020, 66, 100–110

Projekty realizowane w Zespole w 2020 r.

1. Zmiany w składzie białek rybosomalnych i w oddziałujących z rybosomami krótkich niekodujących RNA w *Saccharomyces cerevisiae* w odpowiedzi na stres środowiskowy; (OPUS)
Kierownik projektu: dr hab. Kamilla Bąkowska-Żywicka
2. Opracowanie nowej metody bezpośredniej identyfikacji i absolutnej oceny ilościowej zdarzeń przedwcześnie terminacji transkrypcji, na przykładzie bakteryjnych ryboprzełączników; (PRELUDIUM)
Kierownik projektu: dr Piotr Machtel

Zespół Mikrobiologii Strukturalnej

Zespół powołano 1.10.2020 r.

Kierownik Zespołu: dr hab. Krzysztof Brzeziński (GRANTY)⁶⁴

Skład osobowy⁶⁵

Pracownicy techniczni:

mgr Marlena Komorowska (GRANTY)

⁶⁴ W nawiasach podane źródło finansowania pracowników.

⁶⁵ Stan na 31.12.2020 r.

Doktoranci:

mgr Magdalena Gawel (stypendium NCN)

Magistranci:

Aleksandra Arning (stypendium NCN)

Działalność statutowa

Badania krystalograficzne białek i kwasów nukleinowych (dr hab. Krzysztof Brzeziński, wspólnie z prof. dr hab. Mariuszem Jaskólskim) – zadanie przedstawiono na s. 69.

Publikacje

1. S. Wojtulewski, M. Tomczyk, J.W. Strawa, M. Gawel, **K. Brzezinski**
A new look at two polymorphic crystal structures of dibenzoylmethane: Relationship between the Crystal Packing and the Hydrogen Atom Position revealed by Quantum Chemistry and Quantum Crystallography Methods
Acta Crystallographica Section B-Structural Science Crystal Engineering and Materials 2020, 76, 957–966
2. **K. Brzezinski**
S-adenosyl-L-homocysteine hydrolase: a structural perspective on the enzyme with two Rossmann-fold domains
Biomolecules 2020, 10, 1682

Projekty realizowane w Zespole w 2020 r.

Hamowanie aktywności hydrolazy S-adenozyl-L-homocysteiny z *Pseudomonas aeruginosa* poprzez wpływ na dynamikę enzymu; (SONATA BIS)⁶⁶
Kierownik projektu: dr hab. Krzysztof Brzeziński

Zespół Biologii Obliczeniowej Niekodującego RNA

Zespół powołano 1.10.2020 r.

Kierownik Zespołu: dr Barbara Uszczyńska-Ratajczak (GRANTY)⁶⁷

Skład osobowy⁶⁸

Doktoranci:

mgr Monika Kwiatkowska (stypendium NCN)

Działalność statutowa

Poszukiwanie nowych układów modelowych znajdujących zastosowanie w biologii molekularnej i systemowej

1. Genomika człowieka i jej wykorzystanie w badaniach biomedycznych (dr Barbara Uszczyńska-Ratajczak, wspólnie z prof. dr. hab. Markiem Figlerowiczem) – zadanie przedstawiono na s. 52.

⁶⁶ Projekt realizowany w ICHB od 01.10.2020 r.

⁶⁷ W nawiasach podane źródło finansowania pracowników.

⁶⁸ Stan na 31.12.2020 r.

Publikacje

1. F.D.E. De Palma, V. Del Monaco, J.G. Pol, M. Kremer, V. D'Argenio, G. Stoll, D. Montanaro, **B. Uszczyńska-Ratajczak**, C.C. Klein, A. Vlasova, G. Botti, M. D'Aiuto, A. Baldi, R. Guigo, G. Kroemer, M.C. Maiuri, F. Salvatore
The abundance of the long intergenic non-coding RNA 01087 differentiates between luminal and triple-negative breast cancers and predicts patient outcome
PHARMACOLOGICAL RESEARCH 2020, 161, 105249

Projekty realizowane w Zespole w 2020 r.

Identyfikacja nowych, długich niekodujących RNA u *Danio* pręgowanego, czyli rzucanie nowego światła na ciemną materię genomu; (OPUS)⁶⁹

Kierownik projektu: dr Barbara Uszczyńska-Ratajczak

⁶⁹ Projekt realizowany w ICHB od 01.10.2020 r.

Projekty realizowane w Instytucie w 2020 roku

Lp.	Tytuł projektu, nr umowy	Kierownik projektu	Okres realizacji (rok) od-do	Przyznane środki
PROJEKTY NARODOWEGO CENTRUM NAUKI				
Projekty MAESTRO				
1.	Analiza somatycznych mutacji w genach miRNA i w genach biogenezy miRNA w celu identyfikacji nowych celów terapii i biomarkerów chorób nowotworowych; 2016/22/A/NZ2/00184	prof. dr hab. P. Kozłowski	2017–2022	3 419 300
2.	TORPOR INDUKOWANY ZIMNEM: Molekularne mechanizmy ochronne i sposoby poprawy ochrony komórkowej; 2019/34/A/NZ3/00223	dr hab. R. Ciosk	2020–2025	4 049 800
Projekty SYMFONIA				
3.	Dynastia i społeczeństwo państwa Piastów w świetle zintegrowanych badań historycznych, antropologicznych i genomicznych; 2014/12/W/NZ2/00466 1. Selection of human genome regions (containing the most informative SNPs) for targeted aDNA enrichment; 2. NGS-based screening of DNA samples; 3. Preparation and sequencing of whole genome-capture (WGC)-libraries; 4. Preparation and sequencing of selectively enriched (SE)-libraries; 5. Primary analysis of NGS data; 6. Analysis of genetic diversity within each studied group (NE, E, P and R) and between groups;	prof. dr hab. M. Figlerowicz	2014–2021	6 000 000 3 758 180 ⁷⁰

⁷⁰ Wartość zadań realizowanych przez ICHB PAN.

	7. Analysis of the putative ethnic origin of each individual involved in this study (from groups NE, E, P and R) in comparison to the contemporary populations (placement on the map presenting genetic structure of Europe); 8. Establishment of PCA-database; 9. Reconstruction of reference genomes. – projekt realizowany w konsorcjum (lider – ICHB PAN)			
4.	Trójwymiarowe Peptydowo-Organiczne Szkielety Supramolekularne; 2016/20/W/ST5/00478 Zadania ICHB PAN: 1. Badania oddziaływania supramolekularnych peptydowo-organicznych szkieletów z modelowymi białkami; 2. Kokrystalizacja i badania strukturalne supramolekularnych peptydowo-organicznych szkieletów z białkami; 3. Badania strukturalne szkieletów następnych generacji i badania ich oddziaływania z modelowymi białkami. – projekt realizowany w konsorcjum (lider – Instytut Chemii Organicznej PAN)	prof. dr hab. M. Jaskólski (kierownik zadań z ramienia ICHB PAN); dr hab. A. Szumna (kierownik projektu; IChO PAN)	2016–2022	4 109 100 1 611 700 ⁷¹
OPUS				
5.	Identyfikacja mechanizmów molekularnych zaangażowanych w odpowiedź soi na stres niskich temperatur w warunkach klimatu umiarkowanego; 2014/15/B/NZ9/02312	prof. dr hab. T. Twardowski	2015–2020	1 443 476
6.	Strukturalne badania białek kluczowych dla oddziaływań pomiędzy kleszczem, ssakiem i patogenem; 2015/17/B/NZ1/00873	prof. dr hab. M. Jaskólski	2016–2020	806 000
7.	Katalityczne kwasy nukleinowe nowej generacji w regulacji ekspresji informacji genetycznej; 2015/17/B/ST5/01467	prof. dr hab. J. Barciszewski	2016–2020	874 200
8.	Analiza roli genu BARD1, jako czynnika warunkującego genetyczną predyspozycję do raka piersi – zastosowanie unikalnej strategii, analizy asocjacji mutacji założycielskich; 2015/17/B/NZ2/01182	prof. dr hab. P. Kozłowski	2016–2021	1 373 000
9.	Identyfikacja białek wiążących się do powtórzeń CAG i badanie interakcji RNA-białko w komórkach; 2015/19/B/NZ2/02453	dr A. Ciesiołka prof. dr hab. W.J. Krzyżosiak	2016–2021	1 899 440

⁷¹ Wartość zadań realizowanych przez ICHB PAN.

10.	Rola mikroRNA w regulacji metabolizmu żelaza w ataksji Friedreicha; 2015/19/B/NZ1/02804	dr hab. M. Napierała	2016–2020	1 094 800
11.	Poszukiwanie molekularnych mechanizmów progresji miażdżycy w przewlekłej chorobie nerek; 2015/19/B/NZ2/02450	dr hab. M. Łuczak	2016–2021	893 817
12.	Rola transporterów błonowych w kaskadzie sygnałowej cytokinin podczas symbiozy bobowatych z bakteriami brodawkowymi; 2015/19/B/NZ9/03548	prof. dr hab. M. Jasiński	2016–2020	830 400
13.	Struktura RNA wirusa grypy w warunkach in vivo i in vitro. Uwarunkowania strukturalne inhibicji namnażania wirusa za pomocą modyfikowanych antysensowych oligonukleotydów, siRNA oraz niskocząsteczkowych ligandów; 2015/19/B/NZ1/02803	prof. dr hab. E. Kierzek	2016–2020	985 100
14.	Cytoplazmatyczne przeszkody na drodze reprogramowania przeznaczenia komórki: od indywidualnych czynników do mechanizmów molekularnych; 2015/19/B/NZ3/02412	dr hab. R. Ciosk	2016–2020	1 787 087
15.	Wpływ niekodujących RNA na rozwój komórek nerek oraz karcinogenezę; 2016/21/B/NZ2/03468	dr hab. J. Wrzesiński	2017–2021	936 700
16.	Rola czynników białkowych wiążących się do regionu niekodującego 5' ludzkiego mRNA p53 w regulacji ekspresji białka p53 na poziomie translacji; 2016/21/B/NZ1/02832	prof. dr hab. J. Ciesiołka	2017–2021	1 092 000
17.	Nowe, wielozadaniowe nanocząstki w skojarzonej geno- i fototerapii; 2016/21/B/ST8/00477 Zadania ICHB PAN: 1. Synteza dwuniciowego RNA (dsRNA) o sekwencji homologicznej do tenascyny – C (TNC); 2. Molekularna charakterystyka aktywności nanomateriałów; 3. Analiza poziomu 8 – oxo dG w DNA jako znacznika stresu oksydacyjnego; 4. Analiza globalnego poziomu metylacji DNA komórek traktowanych nanomateriałami; 5. Badanie przenikalności nanocząstek przez błony komórkowe oraz bariery wewnątrzustrojowe w modelu komórkowym. – projekt realizowany w konsorcjum (lider – Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu)	prof. dr hab. J. Barciszewski (kierownik zadań z ramienia ICHB PAN); prof. dr hab. S. Jurga (kierownik projektu, UAM w Poznaniu)	2017–2021	1 523 316 502 600 ⁷²

⁷² Wartość realizowanych zadań przez ICHB PAN

18.	Funkcjonalna interakcja pomiędzy kolistymi RNA (circRNA) a macierzą zewnątrzkomórkową (ECM)-znaczenie dla komórek macierzystych nowotworu (GSC) oraz przejścia nabłonkowo-mezenchymalnego (EMT) w guzach mózgu; 2017/25/B/NZ3/02173	dr hab. K. Rolle	2018–2022	1 204 800
19.	Kotranskrypcyjne fałdowanie vRNA wirusa grypy w obecności antysensowych oligonukleotydów w zainfekowanych wirusem komórkach MDCK. Nowa metoda chemicznego mapowania struktury RNA w oparciu o metodę głębokiego sekwencjonowania; 2017/25/B/NZ1/02269	prof. dr hab. R. Kierzek	2018–2022	2 068 520
20.	Synteza i badania strukturalne oligonukleotydów o sekwencjach ramion antykodonów tRNA zawierających nowe modyfikowane nukleozydy: ct6A, ms2ct6A, ges2U; 2017/25/B/ST5/00971 Zadania ICHB PAN: 1. Pomiar i analiza widm NMR. Pozyskanie więzów strukturalnych; 2. Wyznaczenie i udoładnienie struktur modelowych 17-merów RNA o sekwencji ASL zawierających modyfikowane nukleotydy. – projekt realizowany w konsorcjum (lider – Politechnika Łódzka)	prof. dr hab. Z. Gdaniec (kierownik zadań z ramienia ICHB PAN); prof. dr hab. E. Sochacka (kierownik projektu, Politechnika Łódzka)	2018–2022	1 390 200 385 000 ⁷³
21.	Uwarunkowania strukturalne właściwości przeciwnowotworowych oligonukleotydów bogatych w guanozynę; 2017/25/B/NZ7/00127	dr hab. A. Pasternak	2018–2022	1 290 900
22.	Właściwości przeciwstarzeniowe 4-N-furfurylocytozyny w zróżnicowanych wiekowo komórkach eukariotycznych, drożdżach oraz mysim modelu starzenia; 2017/25/B/NZ7/02162	dr hab. E. Wyszko	2018–2022	1 748 148
23.	Badanie enzymów chitynolitycznych zmierzające do skonstruowania sztucznego chitynosomu; 2017/27/B/NZ1/02201	prof. dr hab. W. Rypniewski	2018–2022	1 513 600
24.	Zmiany w składzie białek rybosomalnych i w oddziałujących z rybosomami krótkich niekodujących RNA w <i>Saccharomyces cerevisiae</i> w odpowiedzi na stres środowiskowy; 2017/27/B/NZ1/01416	dr hab. K. Bąkowska-Żywicka	2018–2021	1 144 400
25.	Molekularne determinanty selektywnego transportu będącego udziałem roślinnych transporterów ABCG; 2017/27/B/NZ1/01090	prof. dr hab. M. Jasiński	2018–2021	953 000

⁷³ Wartość realizowanych zadań przez ICHB PAN

26.	Badanie mechanizmów naprawy dwuniciowych pęknięć DNA w regionach mikrosatelitarnych z wykorzystaniem systemu CRISPR/Cas9; 2018/29/B/NZ1/00293	dr hab. M. Olejniczak	2019–2022	1 533 600
27.	Niskocząsteczkowe narzędzia do badania lokalnego mikrośrodowiska białek; 2018/29/B/ST4/01498	dr J. Kolanowski	2019–2022	1 396 100
28.	Wpływ subkomórkowej lokalizacji wybranych enzymów na specyficzność ich funkcji w biosyntezie i metabolizmie bioaktywnych związków wytwarzanych przez rośliny z rodziny Brassicaceae; 2018/31/B/NZ3/03626	prof. dr hab. P. Bednarek	2019–2022	926 100
29.	Odkrywanie zaburzeń rozwoju mózgu w chorobie Huntingтона wynikających z obniżenia całkowitego poziomu huntingtyny w HD, z użyciem iPSC z młodzieńczej formy HD i fuzyjnych organoidów mózgowych; 2018/31/B/NZ3/03621	dr hab. M. Figiel	2019–2023	1 886 200
30.	Mechanizmy i role rozwojowe terminacji transkrypcji; 2018/31/B/NZ1/03580	dr hab. T. Miki	2019–2022	1 723 960
31.	Parametry termodynamiczne i reguły fałdowania się RNA w warunkach komórkowych (in vivo-like). Przewidywania fałdowania się RNA dla lepszego poznania ich struktury i funkcji w komórkach Ssaczych; 2019/33/B/ST4/01422	prof. dr hab. R. Kierzek	2020–2023	1 812 200
32.	Wyjaśnienie molekularnych przyczyn i skutków podwyższonego poziomu ekspresji kolistych RNA w dystrofii mięśniowej typu pierwszego (DM1); 2019/33/B/NZ5/02473	dr hab. M. Wojciechowska	2020–2023	1 089 500
33.	Określenie roli końców 5' i 3' mRNA LINE-1 w biologii tego retrotranspozonu; 2019/33/B/NZ1/02260	dr hab. Z. Warkocki	2020–2024	2 036 480
34.	Kompleksowa analiza transkryptomu Schmidtea mediterranea – identyfikacja niekodujących RNA zaangażowanych w rozwój linii komórkowych podczas regeneracji; 2019/35/B/NZ2/02658	dr hab. P. Jackowiak	2020–2024	2 071 200
35.	Międzygatunkowa inżynieria szlaków metabolicznych jako narzędzie w badaniu funkcji metabolitów wtórnych w systemie immunologicznym roślin; 2019/35/B/NZ1/03731	prof. dr hab. P. Bednarek	2020–2024	2 229 840
36.	Degeneracja mRNA zależna od REGE-1 i RLE-1: „R2-co” model wyciszania informacyjnego RNA; 2019/35/B/NZ3/03503	dr hab. R. Ciosk	2020–2024	2 986 800

37.	Badanie zależności pomiędzy sekwencją DNA a strukturą jako punkt wyjścia do projektowania G-kwadrupleksów o określonej topologii – zintegrowane podejście łączące symulacje molekularne i metody eksperymentalne; 2019/35/B/ST4/03559 Zadania ICHB PAN: 1. Walidacja przewidzianych numerycznie stabilności dwutetradowych struktur typu G4 przy pomocy szeregu technik doświadczalnych; 2. Walidacja wartości predykcyjnej modelu poprzez zaprojektowanie trójtetradowych G-kwadrupleksów o wymaganych właściwościach strukturalnych. – projekt realizowany w konsorcjum (lider – Politechnika Gdańska)	prof. dr hab. Z. Gdaniec (kierownika zadań z ramienia ICHB PAN) dr hab. inż. J. Czub (kierownik projektu - Politechnika Gdańska)	2020–2024	1 788 600 1 246 200 ⁷⁴
38.	Identyfikacja nowych, długich niekodujących RNA u Danio pręgowanego, czyli rzucanie nowego światła na ciemną materię genomu; 2018/31/B/NZ2/01940	dr B. Uszczyńska-Ratajczak	2019– 2022 ⁷⁵	1 896 000
Projekty SONATA				
39.	Aktywne systemy transportu jako element kontrolujący „molekularną rozmowę” między symbiontami podczas formowania mikoryzy arbuskularnej; 2015/17/D/NZ3/03625	dr J. Banasiak	2016–2020	500 000
40.	Przeżywalność i stres oksydacyjny w hiperhomocysteinemii; 2015/17/D/NZ5/03444	dr M. Sikora	2016–2020	618 200
41.	Kompleksowa analiza działania oligonukleotydów jako potencjalnych terapeutyków w chorobach poliglutaminowych; 2015/17/D/NZ5/03443	dr hab. A. Fiszer	2016–2021	658 000
42.	Translacja inicjowana na powtórzonych sekwencjach CAG w ataksji rdzeniowo-mózdkowej typu 3; 2015/19/D/NZ5/02183	dr M. Jazurek-Ciesiołka	2016–2022	699 048
43.	Dwufunkcyjne oligonukleotydy antysensowe – optymalizacja w regulacji alternatywnego splicingu w nowotworowych liniach komórkowych; 2016/21/D/NZ5/01906	dr J. Lisowiec-Wąchnicka	2017–2021	748 700
44.	W jaki sposób struktura RNA kieruje funkcją matrycowego RNA? Aspekty strukturalne i funkcjonalne kluczowe dla syntezy białka p53 – głównego regulatora podstawowych procesów w komórce; 2016/23/D/NZ1/02565	dr L. Błaszczuk	2017–2022	533 380

⁷⁴ Wartość realizowanych zadań przez ICHB PAN

⁷⁵ Realizacja w ICHB PAN od 1.10.2020 r.

45.	Demetylaza histonów JMJD3 jako epigenetyczny regulator procesów senescencji oraz nowotworzenia; 2016/21/D/NZ3/00641	dr P. Perrigue	2017–2020	632 400
46.	Badanie urydylacji RNA jako mechanizmu regulacji ekspresji genów u człowieka; 2017/26/D/NZ1/00887	dr hab. Z. Warkocki	2018–2022	1 150 000
47.	Maskowane substraty bioluminogenne do selektywnego obrazowania parametrów biochemicznych raka; 2017/26/D/NZ1/01234 Zadania ICHB PAN: 1. Zaprojektowanie i synteza zestawu sond bioluminescencyjnych; 2. Scharakteryzowanie działania sond <i>in vitro</i> ; 3. Walidacja sond w modelach komórkowych; 4. Profilowanie modelowych linii raka płuc pod względem ich parametrów biochemicznych. – projekt realizowany w konsorcjum (lider – ICHB PAN)	dr J. Kolanowski	2018–2021	1 067 100 658 000 ⁷⁶
48.	Identyfikacja biocząsteczek uwalnianych przez komórki raka jelita grubego i wykrywanych w surowicy krwi lub/i egzosomach; 2017/26/D/NZ2/00964	dr inż. A. Wojakowska	2018–2022	1 546 211
49.	Udział polimorfizmu liczby kopii genów w naturalnym zróżnicowaniu odpowiedzi ekotypów <i>Arabidopsis thaliana</i> na stres biotyczny; 2017/26/D/NZ2/01079	dr A. Żmieńko	2018–2022	812 120
50.	Badania strukturalne DNAzymów 8-17 i I-R2 metodami NMR; 2018/31/D/ST4/01467	dr W. Andrałojć	2019–2022	744 000
51.	Roślinny szlak biosyntezy histydyny: badania strukturalne i funkcjonalne jako wstęp do projektowania inhibitorów i aktywatorów; 2018/31/D/NZ1/03630	dr M. Ruszkowski	2019–2022	1 442 800
52.	Sekwencje bogate w reszty G w genomie wirusa grypy typu A – cechy strukturalne i potencjalna funkcja biologiczna w cyklu replikacyjnym wirusa; 2019/35/D/NZ6/01479	dr M. Szabat	2020–2023	1 486 800
53.	Chemiczna architektura fluorowanych analogów dimerów nukleozydów zawierających łącznik 1,2,3-triazolowy o potencjalnym zastosowaniu w biologii molekularnej i medycynie; 2019/35/D/NZ7/03637	dr D. Baraniak	2020–2023	1 086 720

⁷⁶ Wartość realizowanych zadań przez ICHB PAN

Projekty SONATA BIS				
54.	Definiowanie nowych mechanizmów neurodegeneracji z użyciem pierwszego modelu knock-in SCA3/MJD; 2013/10/E/NZ4/00621	dr hab. M. Figiel	2014–2020	1 498 900
55.	Wykorzystanie narzędzi genetycznych w eksperymentalnej terapii chorób poliglutaminowych; 2015/18/E/NZ2/00678	dr hab. M. Olejniczak	2016–2021	1 917 600
56.	Niepoznane obszary aktywności ludzkiej rybonukleazy Dicer; 2016/22/E/NZ1/00422	dr hab. A. Kurzyńska-Kokorniak	2017–2022	1 959 600
57.	Struktura RNA i jego oddziaływania z białkiem Gag warunkujące funkcje RNA Ty1 na różnych etapach replikacji retrotranspozonu; 2016/22/E/NZ3/00426	dr hab. K. Pachulska-Wieczorek	2017–2021	1 152 060
58.	Opracowanie metodologii umożliwiającej stabilizację RNA w formie spinki do badań krystalograficznych; 2017/26/E/NZ1/00950	dr hab. A. Kiliszek	2018–2023	2 250 340
59.	Identyfikacja i charakterystyka nowych klas regulatorowych RNA w glejaku wielopostaciowym (GBM). Udział sno-miRNA oraz kolistych RNA (circRNA) w rozwoju i progresji GBM oraz ich znaczenie dla komórek macierzystych nowotworu; 2017/26/E/NZ3/01004	dr hab. K. Rolle	2018–2022	2 318 900
60.	Implikacje funkcjonalne cyrkularnych (kolistych) RNA w neuronach i mózgu; 2018/30/E/NZ3/00624	dr M. Piwecka	2019–2023	3 257 380
61.	Hamowanie aktywności hydrolazy S-adenozyl-L-homocysteiny z Pseudomonas aeruginosa poprzez wpływ na dynamikę enzymu; 2018/30/E/NZ1/00729	dr hab. K. Brzeziński	2019–2024 ⁷⁷	3 181 200
Projekty SONATINA				
62.	Funkcja struktury drugorzędowej vRNA wirusa grypy typu A w kompleksie rybonukleoproteinowym podczas cyklu replikacyjnego wirusa; 2017/24/C/NZ1/00219	dr E. Lenartowicz	2017–2021	1 083 146
63.	Pionierskie badania struktury i funkcji G-kwadrupleksów miRNA; 2018/28/C/NZ1/00497	dr A. Belter	2018–2021	937 273
64.	Geny oporności na antybiotyki i integrony jako wskaźniki zanieczyszczenia biotycznego i obciążenia opornością ekosystemów Arktyki; 2020/36/C/NZ9/00221	dr N. Makowska	2020–2023	737 707

⁷⁷ Realizacja w ICHB PAN od 1.10.2020 r.

Projekty HARMONIA				
65.	Funkcja roślinnych metabolitów wtórnych w promocji wzrostu indukowanej przez endofity grzybowe; 2015/18/M/NZ1/00406	prof. dr hab. P. Bednarek	2016–2020	504 000
Projekty BEETHOVEN LIFE				
66.	Molekularne podstawy aktywacji wirusów grypy przez transbłonowe proteazy serynowe typu II; 2018/31/F/NZ1/03891	dr P. Zmora	2020–2023	1 506 900
Projekty PRELUDIUM				
67.	Profilowanie mikroRNA w komórkowych modelach choroby Huntingtona stworzonych z użyciem technologii iPSC; 2015/17/N/NZ2/01916	dr E. Kozłowska	2016–2021	149 200
68.	Struktura i funkcja białka Glod4; 2015/17/N/NZ3/03626	dr O. Utyro	2016–2020	150 000
69.	Modyfikowane siRNA, rybozomy i system CRISPR/Cas jako strategie inhibicji namnażania wirusa grypy typu A. Zastosowanie i porównanie metod inhibicji nakierowanych na wirusowe RNA; 2016/21/N/NZ1/00565	dr J. Piasecka	2017–2021	149 960
70.	Ekspresja kolistych RNA w dystrofii miotonicznej typu 1 – związek z patogenezą; 2016/21/N/NZ5/00508	dr K. Czubak	2017–2020	150 000
71.	Opracowanie nowej metody bezpośredniej identyfikacji i absolutnej oceny ilościowej zdarzeń przedwczesnej terminacji transkrypcji, na przykładzie bakteryjnych ryboprzełączników; 2016/23/N/NZ1/02446	dr P. Machtel	2017–2020	99 800
72.	Katalityczne RNA jako narzędzia w biotechnologii mitochondriów ludzkich; 2016/21/N/NZ1/00564	mgr inż. P. Głodowicz	2017–2021	149 200
73.	Polimorfizm liczby kopii genów mikroRNA w populacji naturalnych linii Arabidopsis thaliana oraz jego wpływ na potranskrypcyjną regulację ekspresji genów docelowych; 2017/25/N/NZ2/00221	dr A. Samelak-Czajka	2018–2021	120 000
74.	Eksploracja drugiej generacji analogów nukleotydów zawierających fosforosulfenolub fosforoselenoamidy jako nowe motywy strukturalne, 2018/31/N/ST5/03589	mgr J. Gołębiewska	2019–2021	138 800
75.	Nowe bispecyficzne koniugaty G-kwadrupeksów jako potencjalne leki przeciwnowotworowe; 2019/35/N/NZ7/02777	mgr C. Roxo	2020–2023	210 000

76.	Arc jako neuronalny Gag. Badanie wirusowych właściwości i funkcji głównego regulatora plastyczności synaptycznej; 2019/35/N/NZ1/01954	mgr J. Gumna	2020-2022	139 920
PRELUDIUM BIS				
77.	Allelo-selektywna terapia dla chorób poliglutaminowych z wykorzystaniem technologii interferencji RNA; 2019/35/O/NZ1/03535	dr hab. M. Olejniczak	2020-2024	532 800
Projekty ETIUDA				
78.	Poszukiwanie nowych mechanizmów neurodegeneracji w czasie rozwoju ataksji rdzeniowo-mózdkowej typu 3 w mysim modelu knock-in SCA3 Ki91; 2019/32/T/NZ3/00504	mgr K. Wiatr	2019-2020	133 352
79.	Wykorzystanie systemów do edycji genomu w eksperymentalnej terapii chorób poliglutaminowych; 2020/36/T/NZ2/00127	mgr M. Dąbrowska	2020-2021	150 264
SZYBKA ŚCIEŻKA DOSTĘPU DO FUNDUSZY NA BADANIA NAD COVID-19				
80.	Inhibicja replikacji SARS-CoV-2 naczelniana na wirusowe RNA; 2020/01/O/NZ16/00137	prof. dr hab. E. Kierzek	2020-2021	990 000
81.	Walidacja modeli PDB potencjalnych celów terapeutycznych dla SARS-CoV-2; 2020/01/O/NZ1/00134	prof. dr hab. M. Jaskólski	2020-2021	384 000
82.	TMPRSS2 – potencjalny cel dla nowych leków oraz wyznacznik przebiegu COVID 19; 2020/01/O/NZ6/00152	dr P. Zmora	2020-2021	988 800
Projekty MINIATURA				
83.	Synteza nowego typu analogów nukleotydów zawierających wiązanie P-N o potencjalnym zastosowaniu jako pronukleotydy anty-HIV; 2018/02/X/ST5/02409	dr J. Romanowska	2019-2020	49 995
84.	Odwrócenie fenotypu ataksji Fridericha poprzez stymulację procesu transkrypcji; 2018/02/X/NZ5/03028	dr J. Misiorek	2019-2020	41 428
85.	Struktura drugorzędowego regionu terminalnego 5' mRNA kodującego izoformy białka p53: delta133p53 i delta160p53 i jego właściwości w procesie translacji; 2019/03/X/NZ1/00027	dr P. Żydowicz-Machtel	2019-2020	49 500
86.	Wpływ normalnej i zmutowanej ataksyny 3 na układ odpornościowy w kontekście patogenezы ataksji rdzeniowo-mózdkowej typu 3; 2019/03/X/NZ4/00286	dr Ł. Przybył	2019-2020	47 850

87.	Mutacje punktowe genu SOD1 jako cele alleloselektywnej strategii antysensowej; 2019/03/X/NZ2/00739	dr D. Magner	2019–2020	49 999
88.	Synteza i charakterystyka koniugatów sond pH-zależnych i oligonukleotydów tworzących struktury trypleksowe; 2019/03/X/ST4/00197	dr M. Gładysz	2019–2020	49 500
89.	Funkcjonalizacja kwasów nukleinowych za pomocą termo-wrażliwych przełączników; 2019/03/X/ST4/0028	dr J. Brzezińska	2019–2021	49 500
90.	Eksperymentalna walidacja markerów patogenezы ataksji rdzeniowo mózdkowej typu trzeciego, zidentyfikowanych za pomocą metod wysokoprzepustowych; 2020/04/X/NZ3/00731	dr G. Figura	2020–2021	49 999
91.	Wstępne badania nad chemicznym programowaniem grzybów przy użyciu Ramularia collo-cygni jako modelu; 2020/04/X/NZ1/01959	dr D. Jakubczyk	2020–2021	49 940
92.	Analiza właściwości pro-regeneracyjnych i przeciwutleniających 4-N-furfurylocytozyny w modelu zwierzęcym Schmidtea mediterranea (Planaria); 2020/04/X/NZ7/01461	dr A. Fedoruk-Wyszomirska	2020–2021	49 995
PROGRAMY MINISTRA NAUKI I SZKOLNICTWA WYŻSZEGO				
93.	Wkład krajowy na rzecz udziału we wspólnym międzynarodowym przedsięwzięciu pn. European Infrastructure of Open Screening Platforms for Chemical Biology European Research Infrastructure Consortium (EU-OPENSREEN ERIC) Zadania ICHB PAN: 1. Zakup Czytnika Płytek, Systemu HCA, Systemu dozującego minimalne ilości płynów, elementów usprawniających automatyzację procesów, systemu usprawnienia hodowli komórkowej i akcesoriów wspomagających; 2. Zakup aparatury i zapewnienie sterylności systemu; 3. Zakup aparatury i stworzenie systemu inteligentnego magazynowania i zarządzania próbkami; 4. Zatrudnienie i przeszkolenie personelu, walidacja procedur pomiarowych i dostosowanie ich do standardów EU-Openscreen, wypracowanie formatu działania HTS-ICHB i stworzenie społeczności lokalnej (m.in. obecni i przyszli	prof. dr hab. M. Figlerowicz (kierownik zadań z ramienia ICHB PAN); prof. dr hab. Z. Leśnikowski (kierownik projektu, IBM PAN)	2018–2023	39 273 625 12 760 000 ⁷⁸

⁷⁸ Wartość realizowanych zadań przez ICHB PAN

	partnerzy w POL Openscreen i spoza) i międzynarodowej (np. poprzez EU-Openscreen) zaangażowanej w podtrzymywanie i korzystanie z platformy. – projekt realizowany w konsorcjum POL-OPENSREEN (lider – Instytut Biologii Medycznej PAN)			
Program Diamentowy Grant				
94.	Badanie początkowych ścieżek patogenez DRPLA w modelu ludzkich prekursorów neuronalnych; 0043/DIA/2020/49	inż. Bartosz Nowak	2020-2022	166 100
PROGRAMY NARODOWEJ AGENCJI WYMIANY AKADEMICKIEJ				
Program POLSKIE POWROTY				
95.	Deciphering networks of regulatory RNAs in the central nervous system; PPN/PPO/2019/1/00035/U/1	dr M. Piwecka	2019-2023	1 583 750
PROJEKTY NARODOWEGO CENTRUM BADAŃ I ROZWOJU				
Program CORNET				
96.	Innowacyjna technologia przetwórstwa rzepaku do żywienia drobiu; CORNET/IZP/22/2/2017 Zadanie ICHB PAN: WP. 3 Określenie potencjału komercyjnego nowych produktów w warunkach wolnego rynku. – projekt realizowany w konsorcjum międzynarodowym (lider na poziomie krajowym – Izba Gospodarcza Handlowców, Przetwórców Zbóż i Producentów Pasz; lider na poziomie międzynarodowym – The German Plant Breeders Association, Niemcy)	prof. dr hab. T. Twardowski (kierownik zadania z ramienia ICHB PAN); A. Zymerman (kierownik projektu, IZP)	2017-2020	1 012 807 118 954 ⁷⁹
Program E-Rare				
97.	Terapia genowa ataksji rdzeniowo-mózdkowych: przywracanie prawidłowego metabolizmu cholesterolu poprzez mózgową nadekspresję 24-hydroksylazy cholesterolowej (CYP46A1); ERA-NET-E-RARE- 3/III/SCA-CYP/09/2018	dr hab. M. Figiel (kierownik zadań z ramienia ICHB PAN);	2018-2021	858 470,38 ⁸⁰

⁷⁹ Wartość realizowanych zadań przez ICHB PAN

⁸⁰ Wartość realizowanych zadań przez ICHB PAN

	Zadania ICHB PAN: 1. Lipidomiczna charakterystyka mózgu modelu SCA3/MJD Ki91; 2. Indukcja fenotypu przypominającego SCA3 i pogorszenie łagodnego fenotypu SCA3 poprzez wyciszenie ekspresji CYP46A1 w mózgu na drodze wstrzyknięcia AAVCYP46A1. – projekt realizowany w konsorcjum międzynarodowym (lider – Institut National de la Sante et de la Recherche Medicale, Francja)	dr. N. Cartier (kierownik projektu, INSERM)		
98.	Allelo-specyficzne obniżenie poziomu białek polyQ jako strategia terapeutyczna dla choroby Huntingtona oraz ataksji rdzeniowo-mózdkowych typu 3 i 7; ERA-NET-E-RARE- 3/III/TreatPolyQ/08/2018 Zadania ICHB PAN: 1. Testowanie wyciszających reagentów RNA w aspekcie ich toksyczności, dystrybucji w centralnym układzie nerwowym oraz ich efektywności w obniżaniu ekspresji zmutowanego genu; 2. Redukcja fenotypu patologicznego za pomocą RNAi w wybranych mysich modelach chorobowych oraz analiza długoterminowych efektów ubocznych. – projekt realizowany w konsorcjum międzynarodowym (lider – Eberhard Karls Universität Tübingen, Niemcy)	dr hab. M. Figiel prof. dr hab. W.J. Krzyżosiak (kierownik zadań z ramienia ICHB PAN); Dr. H.H.P. Nguyen (kierownik projektu, EKUT)	2018–2021	900 100 ⁸¹
Program LIDER				
99.	Wykorzystanie enzymów AID/APOBEC w mapowaniu modyfikacji cytozyny w kwasach nukleinowych; LIDER/30/0111/L-9/17/NCBR/2018	dr L. Budźko	2019–2022	1 199 000
PROJEKTY ZAGRANICZNE				
100.	Cell fate plasticity in animal development and tissue homeostasis; EMBO IG 3615/EMBO SG	dr hab. R. Ciosk	2017–2022	622 515 37 532,70 ⁸²

⁸¹ Wartość realizowanych zadań przez ICHB PAN

⁸² EMBO Small Grant – wsparcie realizacji EMBO Instalation Grant

101.	Revolutionizing Healthcare by Tracking and Understanding Human Cells during Disease – LifeTime; GA No 820431 – projekt realizowany w konsorcjum międzynarodowym: lider – Max-Delbruck-Centrum Fur Molekularmedizin (MDC), Niemcy	prof. dr hab. M. Figlerowicz	2019–2020	1 000 000 EUR 15 000 EUR ⁸³
102.	Ensuring long-term sustainability of excellence in chemical biology within Europe and beyond - EU-OPENSOURCE-DRIVE; GA No 823893 – projekt realizowany w konsorcjum międzynarodowym: lider – European Infrastructure of Open Screening Platforms for Chemical Biology European Research Infrastructure Consortium (EU-OPENSOURCE ERIC, EU-OS), Niemcy	dr J. Kolanowski	2019–2023	4 999 563,50 EUR 141 862,50 EUR ¹²
103.	Allele selective, CAG-targeted RNAi-based strategy to lower mutant polyQ proteins in polyglutamine ataxias - National Ataxia Foundation; 688790	dr hab. M. Figiel	2020–2021	60 000 USD

PROGRAM OPERACYJNY INTELIGENTNY ROZWÓJ 2014–2020

Oś priorytetowa IV Zwiększenie potencjału naukowo-badawczego				
Działanie 4.1. Badania naukowe i prace rozwojowe				
104.	Mapa Mikrobiomu Polski; POIR.04.01.02-00-0025/17-00 – projekt realizowany w konsorcjum (lider konsorcjum – ICHB PAN)	dr A. Philips	2018–2021	6 546 285,88 3 502 832,74 ⁸⁴
Działanie 4.2. Rozwój nowoczesnej infrastruktury badawczej sektora nauki POIR				
105.	ECBiG – Europejskie Centrum Bioinformatyki i Genomiki; POIR.04.01.02-30-A004/16-00 Zadania ICHB PAN: 1. Stworzenie bazy danych genomicznych; 2. Narzędzia bioinformatyczne. – projekt realizowany w konsorcjum (lider – ICHB PAN)	prof. dr hab. M. Figlerowicz	2016–2022	68 000 000 27 134 114 ⁸⁵

⁸³ Wartość realizowanych zadań przez Instytut i PCSS

⁸⁴ Wartość realizowanych zadań przez ICHB PAN

⁸⁵ Wartość realizowanych zadań przez Instytut i PCSS

106.	NEBI – Krajowy Ośrodek Badań Obrazowych w Naukach Biologicznych i Biomedycznych; POIR.04.02.00-00-C004/19-00 - projekt realizowany w konsorcjum (lider konsorcjum: Instytut Biologii Doświadczalnej im. M. Nenckiego PAN, Warszawa)	prof. dr hab. M. Figlerowicz (kierownik z ramienia ICHB PAN); prof. dr hab. Agnieszka Dobrzyń (kierownik projektu, IBD PAN)	2019–2023	172 035 386, 31 139 762 863,88 ¹⁴
Działanie 4.4. Zwiększanie potencjału kadrowego sektora B+R (Programy Fundacji na Rzecz Nauki Polskiej)				
107.	Regulation of body fat: from novel mechanisms to therapeutic targets; TEAM/2016-2/11; POIR.04.04.00-00-203A/16-00	dr hab. R. Ciosk	2017–2021	3 492 243
108.	MultiGATE: dual-analyte responsive fluorescent probes for a real-time multi-parametric sensing in cellular models; HOMING/2017-4/33; POIR.04.04.00-00-441F/17-00	dr J. Kolanowski	2018–2021	799 933

PROGRAM OPERACYJNY WIEDZA EDUKACJA ROZWÓJ 2014–2020

Oś priorytetowa III Szkolnictwo wyższe dla gospodarki i rozwoju				
Działanie 3.2. Studia doktoranckie				
109.	Środowiskowe interdyscyplinarne studia doktoranckie w zakresie nanotechnologii; POWR.03.02.00-00-I032/16 Zadania ICHB PAN: 1. Przygotowanie, otwarcie i realizacja nowego programu studiów doktoranckich z nanotechnologii; 2. Organizacja staży i wyjazdów konferencyjnych. – projekt realizowany w konsorcjum (lider – Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu)	dr hab. M. Sobkowski (kierownik zadań z ramienia ICHB PAN); prof. dr hab. Stefan Jurga (kierownik projektu, UAM)	2018–2022	2 475 777,50 469 556,50 ⁸⁶
110.	Interdyscyplinarne studia doktoranckie NanoBioTech; POWR.03.02.00-00-I0011/16 Zadanie ICHB PAN:	dr hab. M. Sobkowski (kierownik zadania z ramienia ICHB PAN);	2018–2022	2 549 895,00 752 272,50 ¹⁵

⁸⁶ Wartość realizowanych zadań przez ICHB PAN

	1. Interdyscyplinarne Studia Doktoranckie NanoBioTech. – projekt realizowany w konsorcjum (lider – Politechnika Poznańska)	prof. dr hab. inż. Teofil Jesionowski (kierownik projektu, PP)		
Działanie 3.3. Umiejdzynarodowienie polskiego szkolnictwa wyższego				
Projekt Welcome to Poland				
111.	Zwiększenie kompetencji i przygotowanie kompleksowej oferty obsługi i wsparcia studentów i kadry międzynarodowej w ICHB PAN; PPI/WTP/2019/1/00055/U/00001	dr M. Ruszkowski	2019–2021	225 643,00
WIELKOPOLSKI REGIONALNY PROGRAM OPERACYJNY NA LATA 2014–2020				
Oś priorytetowa II Społeczeństwo informacyjne				
Działanie 2.1. Rozwój elektronicznych usług publicznych				
112.	REGIONAL COVID-HUB; RPWP.02.01.01-30-0001/20	prof. dr hab. M. Figlerowicz	2020–2022	2 387 587,10 ⁸⁷

⁸⁷ Wartość realizowanych zadań przez Instytut i PCSS

1. **Wykorzystanie nowych podejść metodycznych w identyfikacji produktów naturalnych pochodzenia roślinnego technikami spektrometrii mas**
Dr Łukasz Marczak; Pracownia Spektrometrii Mas
Prof. dr hab. Maciej Stobiecki; Zakład Biochemii Produktów Naturalnych
Prof. dr hab. Anna Mikuła, prof. dr hab. Jan J. Rybczyński; Polska Akademia Nauk Ogród Botaniczny – Centrum Zachowania Różnorodności Biologicznej w Powsinie
2. **Metabolomika egzosomów izolowanych z surowicy krwi pacjentów nowotworowych**
Dr Anna Wojakowska, dr Łukasz Marczak; Pracownia Spektrometrii Mas
Dr hab. Monika Pietrowska; Narodowy Instytut Onkologii im. Marii Skłodowskiej-Curie, Państwowy Instytut Badawczy Oddział w Gliwicach
3. **Multiomiczne podejście w ocenie odpowiedzi na radioterapię pacjentów z rakiem jelita grubego**
Dr Anna Wojakowska, dr Łukasz Marczak; Pracownia Spektrometrii Mas
Dr hab. Monika Pietrowska, dr Marcin Zeman, dr Mykola Chekan, Ewa Zemnała-Nożyńska; Narodowy Instytut Onkologii im. Marii Skłodowskiej-Curie, Państwowy Instytut Badawczy Oddział w Gliwicach
4. **Metabolomika hipokampu i kory mózgu myszy poddanych wysiłkowi fizycznemu**
Dr Anna Wojakowska, dr Łukasz Marczak; Pracownia Spektrometrii Mas
Dr Arkadiusz Liśkiewicz; Wydział Nauk Medycznych, Śląski Uniwersytet Medyczny w Katowicach
5. **Proteomika mózgów myszy poddanych wpływowi stresu i zachodniej diety**
Dr Anna Wojakowska, dr Łukasz Marczak; Pracownia Spektrometrii Mas
Dr Daniela Liśkiewicz; Wydział Fizjoterapii, Akademia Wychowania Fizycznego im. Jerzego Kukuczki w Katowicach
6. **Metabolomika stożka rogówki**
Dr Anna Wojakowska; Pracownia Spektrometrii Mas
Dr hab. Dorota Tarnawska; Wydział Nauk Ścisłych i Technicznych, Śląski Uniwersytet Medyczny w Katowicach
7. **Identyfikacja RNA oddziałujących z ludzką rybonukleazą Dicer w ludzkich komórkach 293T i liniach pochodnych z wykorzystaniem techniki irCLIP**
Mgr inż. Agnieszka Szczepańska, dr hab. Anna Kurzyńska-Kokorniak; Zakład Biochemii Rybonukleoprotein
Dr Paweł Wołkow, dr Michał Seweryn, mgr inż. Agnieszka Borys, mgr inż. Paweł Konieczny; Ośrodek Genomiki Medycznej OMICRON, Collegium Medicum, Uniwersytet Jagielloński w Krakowie
8. **Badanie aktywności rybonukleazy Dicer w kontekście infekcji herpeswirusowej**
Dr hab. Anna Kurzyńska-Kokorniak; Zakład Biochemii Rybonukleoprotein
Mgr Marek Milewski, dr Natalia Koralewska, prof. dr hab. Marek Figlerowicz; Zakład Biologii Molekularnej i Systemowej
Mgr Weronika Hoffmann, dr Andrea Lipińska, prof. dr hab. Krystyna Bieńkowska-Szewczyk; Międzyuczelniany Wydział Biotechnologii, Uniwersytetu Gdańskiego i Gdańskiego Uniwersytetu Medycznego
9. **Ogólna ocena jakości struktur przestrzennych RNA z wykorzystaniem głębokich sieci neuronowych**
Dr hab. inż. Maciej Antczak; Zakład Bioinformatyki
Prof. dr hab. inż. Marta Szachniuk; Zakład Bioinformatyki Strukturalnej

- Mgr inż. Marcin Zabłocki; Wydział Informatyki i Telekomunikacji, Politechnika Poznańska
10. **Sieci Petriego i ODE jako narzędzia komplementarne do modelowania ścieżek sygnałowych**
Prof. dr hab. inż. Piotr Formanowicz; Zakład Bioinformatyki
Mgr inż. Daria Kogut, mgr inż. Małgorzata Kardyńska, dr hab. inż. Krzysztof Puszyński; Wydział Automatyki, Politechnika Śląska
Mgr Kaja Gutowska; Wydział Informatyki i Telekomunikacji, Politechnika Poznańska
 11. **Modelowanie i analiza metabolizmu IL-18**
Prof. dr hab. inż. Piotr Formanowicz, dr hab. Agnieszka Rybarczyk; Zakład Bioinformatyki;
Dr Marcin Radom; Zakład Bioinformatyki Strukturalnej
Dr hab. n. med. Dorota Formanowicz; Wydział Medyczny, Uniwersytet Medyczny im. Karola Marcinkowskiego w Poznaniu
 12. **Modelowanie i analiza metabolizmu cholesterolu w procesie rozwoju miażdżycy**
Prof. dr hab. inż. Piotr Formanowicz, dr hab. inż. Agnieszka Rybarczyk; Zakład Bioinformatyki
Dr inż. Marcin Radom; Zakład Bioinformatyki Strukturalnej
Dr hab. n. med. Dorota Formanowicz; Wydział Medyczny, Uniwersytet Medyczny im. Karola Marcinkowskiego w Poznaniu
 13. **Modelowanie i analiza roli zapalenia i układu odpornościowego w powstawaniu samoistnego nadciśnienia tętniczego**
Prof. dr hab. inż. Piotr Formanowicz, dr hab. inż. Agnieszka Rybarczyk; Zakład Bioinformatyki
Dr inż. Marcin Radom; Zakład Bioinformatyki Strukturalnej
Dr hab. n. med. Dorota Formanowicz; Wydział Medyczny, Uniwersytet Medyczny im. Karola Marcinkowskiego w Poznaniu
 14. **Modelowanie i analiza wpływu wirusa SARS-CoV-2 na układ RAA w organizmie pacjenta z nadciśnieniem samoistnym**
Prof. dr hab. inż. Piotr Formanowicz; Zakład Bioinformatyki
Dr hab. n. med. Dorota Formanowicz; Wydział Medyczny, Uniwersytet Medyczny im. Karola Marcinkowskiego w Poznaniu
Mgr Kaja Gutowska, mgr inż. Bartłomiej Szawulak; Wydział Informatyki i Telekomunikacji, Politechnika Poznańska
 15. **Symulacja ewolucji (z DNA)**
Prof. dr hab. Jacek Błazewicz, dr hab. Agnieszka Rybarczyk; Zakład Bioinformatyki
Mgr inż. Jarosław Synak; Wydział Informatyki, Politechnika Poznańska
 16. **Wykorzystanie systemu wieloagentowego do symulowania populacji replikaz i syntaz**
Prof. dr hab. Jacek Błazewicz, dr hab. Agnieszka Rybarczyk; Zakład Bioinformatyki
Mgr inż. Jarosław Synak; Wydział Informatyki, Politechnika Poznańska
 17. **Analiza migracji wybranych miRNA pomiędzy komórkami raka piersi**
Dr hab. Agnieszka Rybarczyk; Zakład Bioinformatyki
Dr Tomasz Lehmann; Wydział Lekarski, Uniwersytet Medyczny im. Karola Marcinkowskiego w Poznaniu
 18. **Badanie pochodnych arylosulfonowych pirazoli jako potencjalnych ligandów kinazy Chk1**
Dr Karol Kamel; Zakład Bioinformatyki
Dr hab. Jacek Kujawski; Wydział Farmaceutyczny, Uniwersytet Medyczny im. Karola Marcinkowskiego w Poznaniu

19. **Badanie sposobu wiązania pochodnych izoksazolowych kapu 5' mRNA o działaniu inhibitorowym wobec procesu inicjacji translacji**
Dr Karol Kamel; Zakład Bioinformatyki
Dr hab. Marzena Jankowska-Anyska; Wydział Chemii, Uniwersytet Warszawski
20. **Efektywne wyszukiwanie i dopasowywanie elementów strukturalnych**
Prof. dr hab. inż. Marta Szachniuk; Zakład Bioinformatyki Strukturalnej
Dr hab. inż. Maciej Antczak; Zakład Bioinformatyki
Dr Tomasz Woźniak, dr Marcin Sajek; Instytut Genetyki Człowieka PAN w Poznaniu
21. **Analiza komórek śródbłonna metodą mikroskopii sił atomowych**
Dr inż. Marcin Radom; Zakład Bioinformatyki Strukturalnej
Mgr Artur Bryja, dr hab. Bartosz Kempisty; Wydział Lekarski, Uniwersytet Medyczny im. Karola Marcinkowskiego w Poznaniu
22. **Modyfikowane pochodne chlorofili i ich hybrydowe koniugaty z RNA dla współczesnej fotomedycyny**
Dr Weronika Kotkowiak; Zakład Bioinżynierii Kwasów Nukleinowych
Dr inż. Michał Kotkowiak; Wydział Fizyki Technicznej, Politechnika Poznańska
23. **Oznaczanie poziomu żelaza w ekstraktach z *C. elegans* metodą SEC-ICP-MS**
Dr Daria Sobańska; Zakład Biologii Integratywnej
Dr hab. Marcin Frankowski; Wydział Chemii, Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu
24. **Analiza właściwości biologicznych nowych pochodnych izoniazydu skierowanych przeciwko zmutowanym szczepom *M. tuberculosis***
Dr D. Gurda-Woźna, mgr M. Orlicka-Płocka; Pracownia Analiz Struktur Subkomórkowych
Dr hab. A. Olejniczak; Instytut Biologii Medycznej PAN w Łodzi
25. **Wytypowanie nowych pochodnych naftalamidów o aktywności przeciwnowotworowej**
Dr A. Fedoruk-Wyszomirska, dr D. Gurda-Woźna, mgr M. Orlicka-Płocka, dr hab. M. Giel-Pietraszuk, dr hab. E. Wyszko; Pracownia Analiz Struktur Subkomórkowych
Dr hab. A. Olejniczak; Instytut Biologii Medycznej PAN w Łodzi
26. **Analiza właściwości przeciwstarzeniowych β -karbolin w szczurzym modelu starzenia**
Dr A. Fedoruk-Wyszomirska, dr D. Gurda-Woźna, mgr M. Orlicka-Płocka, dr hab. E. Wyszko; Pracownia Analiz Struktur Subkomórkowych
Prof. dr hab. R. Zawirska-Wojtasiak; Wydział Nauk o Żywności i Żywieniu, Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu
27. **Opracowanie fluorascencyjnych sond oligonukleotydowych bogatych w cytozynę i guaninę**
Dr A. Fedoruk-Wyszomirska, dr hab. E. Wyszko; Pracownia Analiz Struktur Subkomórkowych
Prof. dr hab. B. Juskowiak; Instytut Genetyki Człowieka PAN w Poznaniu
28. **Wpływ długoterminowego przechowywania nasion dębu szypułkowego**
Prof. dr hab. Mirosława Z. Naskręt-Barciszewska; Zakład Biologii Medycznej
Prof. dr hab. Paweł Chmielarz; Instytut Dendrologii PAN w Kórniku
29. **Badanie oddziaływań benzyłowych pochodnych aminokwasów z kwadrupleksami DNA**
Dr Agnieszka Belter; Zakład Biologii Medycznej
Dr Marta Fik-Jaskółka; Centrum Zaawansowanych Technologii Uniwersytetu im. Adama Mickiewicza w Poznaniu

30. **Związki kompleksowe Cu(I) o strukturze helikalnej jako inhibitory wzrostu bakterii Gram(+)**
Dr Agnieszka Belter; Zakład Biologii Medycznej
Dr Marta Fik-Jaskółka; Centrum Zaawansowanych Technologii Uniwersytetu im. Adama Mickiewicza w Poznaniu
31. **Genomiczna Mapa Polski – stworzenie baz danych i narzędzi do analiz genomicznych niewielkich populacji np. mieszkańców Polski należących do mniejszości etnicznych i narodowych**
Prof. dr. hab. Marek Figlerowicz, dr Natalia Koralewska; Zakład Biologii Molekularnej i Systemowej
Damian Jureczko; Górnośląskie Towarzystwo Genealogiczne, Piekary Śląskie
32. **Genomiczna Mapa Polski – stworzenie baz danych i narzędzi do analiz zmienności genetycznej mieszkańców Polski**
Prof. dr hab. Marek Figlerowicz, dr Ireneusz Stolarek, dr Lucyna Budźko, dr Natalia Koralewska, dr hab. Paulina Jackowiak; Zakład Biologii Molekularnej i Systemowej
Dr Luiza Handschuh, dr hab. Aleksandra Świercz, dr Paweł Wojciechowski; Pracownia Genomiki
Dariusz Stankiewicz; Central Europe Genomics Center Sp. z o.o., Białystok
33. **Genomiczna Mapa Polski – tworzenie Mapy Zmienności Genetycznej mieszkańców Polski**
Prof. dr hab. Marek Figlerowicz, mgr Aleksander Strugała; Zakład Biologii Molekularnej i Systemowej
Dr Luiza Handschuh; Pracownia Genomiki
Prof. dr hab. Tomasz Hryniewiecki, prof. dr hab. Wojciech Drygas, dr hab. Anna Lutyńska, dr Jerzy Piwoński; Narodowy Instytut Kardiologii Stefana kardynała Wyszyńskiego – Państwowy Instytut Badawczy w Warszawie
34. **Analiza mutacji w ostrej białaczce szpikowej**
Prof. dr hab. Marek Figlerowicz; Zakład Biologii Molekularnej i Systemowej
Dr hab. Aleksandra Świercz, dr Luiza Handschuh, dr Paweł Wojciechowski, mgr Marek Milewski; Pracownia Genomiki
Prof. dr hab. Mieczysław Komarnicki, prof. dr hab. Krzysztof Lewandowski, dr hab. Maciej Kaźmierczak; Wydział Lekarski, Uniwersytet Medyczny im. Karola Marcinkowskiego w Poznaniu
35. **Analiza szlaków przekazywania sygnałów indukowanych w komórkach raka jajnika o oporności krzyżowej na paklitaksel i cisplatynę**
Dr Luiza Handschuh, dr hab. Aleksandra Świercz; Pracownia Genomiki
Dr Jolanta Szenajch; Klinika Onkologii, Laboratorium Onkologii Molekularnej, Wojskowy Instytut Medyczny w Warszawie
36. **Badania roli białek PUM1 i PUM2 w regulacji potranskrypcyjnej w ludzkich komórkach płciowych męskich**
Prof. dr hab. Marek Figlerowicz; Zakład Biologii Molekularnej i Systemowej Dr Luiza Handschuh, dr hab. Aleksandra Świercz; Pracownia Genomiki
Prof. Jadwiga Jaruzelska, dr Kamila Kusz-Zamelczyk, mgr Maciej Śmiałek; Instytut Genetyki Człowieka PAN w Poznaniu
37. **Badania archeogenomiczne populacji zamieszkujących obszar współczesnej Polski w okresie wpływów rzymskich i średniowiecza**
Prof. dr hab. Marek Figlerowicz, dr Małgorzata Marcinkowska-Swojak, dr Ireneusz Stolarek, mgr inż. Michał Zeńczak; Zakład Biologii Molekularnej i Systemowej
Dr Luiza Handschuh; Pracownia Genomiki
Dr Anna Philips; Pracownia Bioinformatyki
Prof. dr hab. Janusz Piontek, dr inż. Anna Juras, mgr Dawid Trzciniński; Wydział Biologii, Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu

- Prof. dr hab. Hanna Kóčka-Krenz, prof. dr hab. Józef Dobosz, prof. dr hab. Tomasz Jasiński, dr hab. Marzena Matla, dr Magdalena Biniaś-Szkopek, mgr Artur Dębski; Wydział Historyczny, Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu
38. **Opracowanie testów do detekcji materiału genetycznego wirusa SARS-CoV-2**
 Prof. dr hab. Marek Figlerowicz, dr Ireneusz Stolarek; Zakład Biologii Molekularnej i Systemowej
 Dr Luiza Handschuh; Pracownia Genomiki
 Dr hab. Marcin Chmielewski, mgr Anna Stasińska; Zakład Chemii Biopolimerów
 Dr hab. Agnieszka Fiszer, dr Adam Ciesiołka, dr Grzegorz Figura; Zakład Biotechnologii Medycznej
 Dr hab. Maciej Figiel; Zakład Neurobiologii Molekularnej
 Dr hab. Katarzyna Rolle, dr Julia Misiorek, mgr Adriana Grabowska, mgr Julia Latowska; Zakład Neuroonkologii Molekularnej
 Dr Agnieszka Belter; Zakład Biologii Medycznej
 Dr Elżbieta Lenartowicz, mgr Paweł Joachimiak; Pracownia Diagnostyki Molekularnej WGW ICHB PAN
 Dr Paweł Zmora; Zakład Chemii i Biologii Strukturalnej Kwasów Nukleinowych
 Dr Jolanta Lisowiec-Wąchnicka; Zakład Bioinżynierii Kwasów Nukleinowych
 Adam Burkiewicz; Firma A&A Biotechnology, Gdynia
 Cezary Kilczewski; Firma Medicoforma Spółka akcyjna, Warszawa
 Krzysztof Kurowski; Firma Polpharma Spółka akcyjna, Starogard Gdański
39. **Analiza środowiskowych próbek wody pod kątem obecności DNA żółwia błotnego *Emys orbicularis***
 Dr Luiza Handschuh; Pracownia Genomiki
 Borys Kala; Polskie Towarzystwo Ochrony Przyrody „Salamandra”, Poznań
40. **Badanie oddziaływań bis-akrydynowych leków przeciwnowotworowych z G-kwadrupleksami DNA**
 Dr Dorota Gudanis, dr Witold Andrałojć, prof. dr hab. Zofia Gdaniec; Zakład Biomolekularnego NMR
 Dr Karol Pasternak; Pracownia NMR
 Dr. inż. Tomasz Laskowski, prof. dr hab. Zofia Mazerska; Wydział Chemiczny, Politechnika Gdańska
41. **Analiza aktywności biologicznej i specyficzności dwusegmentowych oligonukleotydów antysensowych**
 Dr Dorota Gudanis, prof. dr hab. Zofia Gdaniec; Zakład Biomolekularnego NMR
 Mgr Damian Kaniowski, dr Katarzyna Kulik, prof. dr hab. Barbara Nawrot; Centrum Badań Molekularnych i Makromolekularnych PAN w Łodzi
42. **Przygotowanie publikacji w ramach współpracy przy realizacji projektu „Innowacyjna technologia przetwórstwa rzepek do żywienia drobiu”, CORNET/22/2/2016 (*Innovative processing technology of rapessed products for poultry nutrition*)**
 Prof. dr hab. Tomasz Twardowski, dr Ewa Woźniak; Zakład Biosyntezy Białka
 Dr Tomasz Zimny; Instytut Nauk Prawnych PAN w Warszawie
43. **Wspólne przygotowanie publikacji w *New Biotechnology* pt. „*Legal and practical challenges to authorization of gene edited plants*”**
 Prof. dr hab. Tomasz Twardowski, dr Ewa Woźniak; Zakład Biosyntezy Białka
 Dr Sławomir Sowa; Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin, Państwowy Instytut Badawczy (IHAR) w Radzikowie
44. **Wspólne przygotowanie publikacji w *Journal of Applied Genetics* pt. „*Analysis of miRNA expression associated with the Lr46 gene responsible for APR resistance in wheat (*Triticum aestivum* L.)*”**
 Prof. dr hab. Tomasz Twardowski, mgr inż. Jakub Kuczyński; Zakład Biosyntezy Białka

- Dr Agata Tyczewska; Pracownia Modelowych Organizmów Zwierzęcych
Dr inż. Agnieszka Tomkowiak, dr Tomasz Jędrzejewski, mgr inż. Julia Spychała,
prof. dr hab. Michał Kwiatek, mgr inż. Roksana Skowrońska; Wydział Rolnictwa,
Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu
45. **Wspólne przygotowanie publikacji w *Journal of Agronomy and Crop Science* pt. „Chilling stress tolerance of two soya bean cultivars: Phenotypic and molecular responses”**
Prof. dr hab. Tomasz Twardowski, mgr inż. Jakub Kuczyński; Zakład Biosyntezy Białka
Dr Agata Tyczewska, dr Joanna Gracz-Bernaciak; Pracownia Modelowych Organizmów
Zwierzęcych
Prof. dr hab. Jerzy Nawracała; Wydział Rolnictwa, Uniwersytet Przyrodniczy w Poz-
naniu
46. **Wspólne przygotowanie publikacji w *Plants-Basel* pt. „Identification of Structural Variants in Two Novel Genomes of Maize Inbred Lines Possibly Related to Glyphosate Tolerance”**
Prof. dr hab. Tomasz Twardowski; Zakład Biosyntezy Białka
Dr Agata Tyczewska, dr Joanna Gracz-Bernaciak; Pracownia Modelowych Organizmów
Zwierzęcych
Prof. dr hab. Wojciech Karłowski, dr Marek Żywicki; Wydział Biologii, Uniwersytet im.
Adama Mickiewicza w Poznaniu
47. **Współpraca z Centrum NanoBioMedycznym Uniwersytetu im. Adama Mickie-
wicza w Poznaniu w ramach projektu "Środowiskowe
interdyscyplinarne studia doktoranckie w zakresie nanotechnologii" (POWR.
03.02.00-0032/16)**
Dr hab. Marcin Chmielewski, mgr Magdalena Paluch; Zakład Chemii Biopolimerów
Dr Marcin Jarek; Centrum NanoBiomedyczne Uniwersytetu im. Adama Mickiewicza
w Poznaniu
48. **Współpraca z firmą FutureSynthesis Sp. z o.o.**
Dr hab. Marcin Chmielewski, mgr Magdalena Paluch; Zakład Chemii Biopolimerów
Natalia Krówczyńska; FutureSynthesis Sp. z o.o., Poznań
49. **Molekularne wyznaczniki przebiegu chorób tropikalnych i pasożytniczych**
Dr Paweł Zmora; Zakład Chemii i Biologii Strukturalnej Kwasów Nukleinowych
Prof. dr hab. Jerzy Stefaniak; Wydział Lekarski, Uniwersytet Medyczny im. Karola
Marcinkowskiego w Poznaniu
50. **Synteza, identyfikacja oraz określenie skuteczności herbicydowych cieczy jono-
wych (część syntetyczna zadania)**
Dr Grzegorz Framski; Pracownia Syntezy Kwasów Nukleinowych
Dr hab. inż. Łukasz Chrzanowski; Wydział Technologii Chemicznej, Politechnika Poz-
nańska
51. **Opracowanie metody pomiaru aktywności równowagowego transportera nukle-
ozydów ENT1 (część syntetyczna zadania)**
Dr hab. Tomasz Ostrowski; Pracownia Syntezy Kwasów Nukleinowych
Prof. dr hab. Andrzej Ciechanowicz; Wydział Medycyny i Stomatologii, Pomorski Uni-
wersytet Medyczny w Szczecinie
52. **Synteza nukleozydowych ligandów dla związków koordynacyjnych
o potencjalnych właściwościach cytotoksycznych**
Dr hab. Tomasz Ostrowski, dr Grzegorz Framski; Pracownia Syntezy Kwasów Nuk-
leinowych
Prof. dr hab. Iwona Łakomska; Wydział Chemii, Uniwersytet Mikołaja Kopernika
w Toruniu
53. **Dynamika molekularna transporterów ABCG**
Prof. dr hab. Michał Jasiński, dr Wanda Biała- Leonhard, mgr inż. Konrad Pakuła; Zakład
Fizjologii Molekularnej Roślin

- Dr hab. Jan Brezovsky, mgr Carlos Borja; Wydział Biologii, Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu
54. **Analiza CNV genów JAK1, PDL-1 oraz PDL-2 u pacjentów z nadpłytkowością samoistną**
Mgr Paulina Nawrocka, prof. dr hab. Piotr Kozłowski; Zakład Genetyki Molekularnej
Prof. dr hab. Krzysztof Lewandowski; Wydział Lekarski, Uniwersytet Medyczny im. Karola Marcinkowskiego w Poznaniu
 55. **Analiza występowania mutacji somatycznych w genach miRNA w nowotworach**
Dr Paulina Gałka Marciniak, dr Martyna Urbanek-Trzeciak, mgr Paulina Nawrocka, prof. dr hab. Piotr Kozłowski; Zakład Genetyki Molekularnej
Dr hab. Maciej Giefing; Instytut Genetyki Człowieka PAN w Poznaniu
Dr hab. Marzena Lewandowska; Zakład Genetyki i Onkologii Molekularnej Centrum Onkologii w Bydgoszczy; Wydział Lekarski, Uniwersytet Mikołaja Kopernika w Toruniu
 56. **Określenie rodzaju i częstości występowania bakterii opornych na antybiotyki i integronów, jako markera zanieczyszczenia antropogenicznego w rezystomie kriosfery archipelagu Svalbard**
Dr Nicoletta Makowska; Pracownia Bioinformatyki
Dr Krzysztof Zawierucha; Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu
 57. **Mikrobiom i geny oporności na antybiotyki w oczyszczalniach wody**
Dr Anna Philips, dr Nicoletta Makowska; Pracownia Bioinformatyki
Prof. Joanna Mokracka; Wydział Biologii, Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu
 58. **Analiza *in vitro* i *in silico* polimorfizmu rs12976445 miR-125a u pacjentek z rakiem piersi**
Dr Natalia Szóstak; Pracownia Bioinformatyki
Prof. dr hab. inż. Marta Szachniuk; Zakład Bioinformatyki Strukturalnej
Dr Tomasz Lehmann; Wydział Lekarski, Uniwersytet Medyczny im. Karola Marcinkowskiego w Poznaniu
 59. **Współpraca przy realizacji projektu „Trójwymiarowe Peptydowo-Organiczne Szkielety Supramolekularne”, SYMFONIA 2016/20/W/ST5/00478 (kierownik: prof. dr hab. Agnieszka Szumna)**
Prof. dr hab. Mariusz Jaskólski, dr hab. Mirosław Gilski, dr Marta Grzechowiak, mgr Stanisław Wosicki; Zakład Krystalografii – Centrum Badań Biokrystalograficznych
Prof. dr hab. Agnieszka Szumna; Instytut Chemii Organicznej PAN w Warszawie
 60. **Topologia w krystalografii**
Prof. dr hab. Mariusz Jaskólski; Zakład Krystalografii – Centrum Badań Biokrystalograficznych
Dr Bartosz Naskręcki; Wydział Matematyki i Informatyki, Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu
 61. **Analiza wnętrza w strukturach biologicznych**
Prof. dr hab. Mariusz Jaskólski; Zakład Krystalografii – Centrum Badań Biokrystalograficznych
Prof. dr hab. Marek Cieplak; Instytut Fizyki PAN w Warszawie
 62. **Sekwencjonowanie wysokoprzepustowe bibliotek transkryptomicznych**
Dr hab. Zbigniew Warkocki; Zakład Metabolizmu RNA
Dr Jeff Palatini, mgr inż. Dorota Adamska; Centrum Nowych Technologii Uniwersytetu Warszawskiego
 63. **Ciałko retikulum endoplazmatycznego i metabolizm glukozydów w *Arabidopsis thaliana***
Prof. dr hab. Paweł Bednarek, mgr Paweł Czerniawski; Zakład Metabolomiki Funkcjonalnej Roślin

- Dr Kenji Yamada; Małopolskie Centrum Biotechnologii, Uniwersytet Jagielloński w Krakowie
64. **Rola metabolitów wtórnych w tolerancji suszy przez jęczmień uprawny**
Dr Anna Piasecka; Zakład Metabolomiki Funkcjonalnej Roślin
Prof. Piotr Kachlicki; Instytut Genetyki Roślin PAN w Poznaniu
65. **Metabolity wtórne z *Platycodon grandiflorum* w leczeniu zapalenia oskrzeli**
Dr Anna Piasecka; Zakład Metabolomiki Funkcjonalnej Roślin
Dr hab. Przemysław Łukasz Mikołajczak; Instytut Włókien Naturalnych i Roślin Zielarskich w Plewiskach
66. **Identyfikacja kolistych RNA (circRNA) i ich związek z komórkami macierzystymi nowotworu**
Dr hab. Katarzyna Rolle, dr Dariusz Wawrzyniak, mgr Żaneta Zarębska, mgr Konrad Kuczyński, mgr Julia Latowska, mgr Adriana Grabowska; Zakład Neuroonkologii Molekularnej
Dr Sławomir Smół, dr Rafał Piestrzeniewicz, dr Tomasz Blok; Oddział Neurochirurgii, Wielospecjalistyczny Szpital Miejski im. J. Strusia w Poznaniu
Dr hab. Anna Maria Barciszewska; Wydział Lekarski, Uniwersytet Medyczny im. Karola Marcinkowskiego
67. **Identyfikacja niekodujących RNA związanych z chorobami narządu wzroku**
Dr hab. Katarzyna Rolle, dr Dariusz Wawrzyniak, mgr Żaneta Zarębska; Zakład Neuroonkologii Molekularnej
Dr hab. Anna Gotz-Więckowska, Olga Wawrzyniak, dr hab. Iwona Rospond-Kubiak, dr Wojciech Adamski; Wydział Lekarski, Uniwersytet Medyczny im. Karola Marcinkowskiego w Poznaniu
68. **Badanie właściwości mechanicznych komórek nowotworowych**
Dr hab. Katarzyna Rolle, mgr Małgorzata Grabowska, mgr Konrad Kuczyński; Zakład Neuroonkologii Molekularnej
Prof. dr hab. Małgorzata Lekka, dr Joanna Zemła; Instytut Fizyki Jądrowej PAN w Krakowie
69. **Wykorzystanie nanocząstek jako nowych nośników w terapii**
Dr hab. Katarzyna Rolle, mgr Małgorzata Grabowska, mgr Konrad Kuczyński, prof. dr hab. Jan Barciszewski; Zakład Neuroonkologii Molekularnej
Prof. dr hab. Stefan Jurga, Dr hab. Radosław Mrówczyński, dr Bartosz Grześkowiak; Centrum NanoBiomedyczne Uniwersytetu im. Adama Mickiewicza w Poznaniu
70. **Odwrócenie fenotypu ataksji Friedreicha w komórkach macierzystych oraz badanie znaczenia szlaku sygnałowego Notch dla komórek nowotworowych**
Dr hab. Katarzyna Rolle, dr Julia Misiorek, Zakład Neuroonkologii Molekularnej
Dr hab. Adolfo Rivero-Müller, dr Matthias Nees; Wydział Lekarski, Uniwersytet Medyczny w Lublinie
71. **Badanie wpływu cząsteczek COXIB na aktywność szlaku sygnałowego Wnt w komórkach glejaka**
Dr hab. Katarzyna Rolle, dr Julia Misiorek; Zakład Neuroonkologii Molekularnej
Dr Aleksandra Majchrzak-Celińska; Wydział Farmaceutyczny, Uniwersytet Medyczny im. Karola Marcinkowskiego w Poznaniu
72. **Analiza proteomiczna LC-MS/MS próbek surowicy dzieci cierpiących na niealkoholową stłuszczeniową chorobę wątroby (NAFLD)**
Mgr inż. Joanna Tracz, dr hab. Magdalena Łuczak; Zakład Proteomiki Biomedycznej
Dr hab. n. med. Anna Mania, prof. dr hab. n. med. Magdalena Figlerowicz; Klinika Chorób Zakaźnych i Neurologii Dziecięcej, Uniwersytet Medyczny im. Karola Marcinkowskiego w Poznaniu

73. **Walidacja in cellulo maskowanych substratów bioluminogennych dla lucyferaz**
Mgr Masroor Khan, dr Dorota Jakubczyk, dr Jacek Kolanowski; Zakład Sond Molekularnych i Proleków
Dr hab. Natalia Rozwadowska; Instytut Genetyki Człowieka PAN w Poznaniu
74. **Flawiny jako narzędzie do monitorowania i kontroli środowiska redoks w komórce**
Dr Jacek Kolanowski; Zakład Sond Molekularnych i Proleków
Prof. dr hab. Marek Sikorski; Wydział Chemii, Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu
Prof. dr hab. Lucyna Mrówczyńska; Wydział Biologii, Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu
75. **Powierzchniowo modyfikowane hybrydowe, wielofunkcyjne nanomateriały luminescencyjne i ich znaczenie biologiczne**
Dr Dorota Kwiatek; Zakład Sond Molekularnych i Proleków
Prof. dr hab. Stefan Lis; Wydział Chemii, Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu
Prof. dr hab. Lucyna Mrówczyńska; Wydział Biologii, Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu
Prof. dr hab. Andrzej Lesicki; Wydział Biologii, Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu
76. **Związki małowcząsteczkowe zawierające klastry boru**
Dr hab. Agnieszka Kiliszek, Mgr Katarzyna Biniek-Antosiak, prof. dr hab. Wojciech Rypniewski; Zakład Struktury i Funkcji Biomolekuł
Dr hab. Agnieszka Olejniczak; Instytut Biologii Medycznej PAN w Łodzi
77. **Badania strukturalne peptydowych foldamerów**
Dr Magdalena Bejger, prof. dr hab. Wojciech Rypniewski; Zakład Struktury i Funkcji Biomolekuł
Dr hab. Łukasz Berlicki; Wydział Chemiczny, Politechnika Wrocławska
78. **Enzymy szlaku biosyntezy L-metioniny jako nowe cele molekularne dla chemoterapii przeciwrzybowej**
Dr hab. Agnieszka Kiliszek, prof. dr hab. Wojciech Rypniewski; Zakład Struktury i Funkcji Biomolekuł
Dr hab. inż. Iwona Gabriel, prof. dr hab. Sławomir Milewski; Wydział Chemiczny, Politechnika Gdańska
79. **Granice życia: różnorodność, strategie adaptacyjne oraz potencjał biotechnologiczny drobnoustrojów żyjących w głębinach morskich Arktyki**
Dr Magdalena Bejger, mgr Katarzyna Biniek-Antosiak, prof. dr hab. Wojciech Rypniewski; Zakład Struktury i Funkcji Biomolekuł
Prof. dr hab. Tadeusz Kaczorowski; Wydział Biologii, Uniwersytet Gdański
80. **Profilowanie polisomów w celu analizy mechanizmu działania potencjalnie terapeutycznych cząsteczek dla choroby Huntingtona**
Dr hab. Agnieszka Fiszer, mgr Agata Ciołak; Zakład Biotechnologii Medycznej
dr hab. Katarzyna Raczyńska; Wydział Biologii, Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu
81. **Analiza bioinformatyczna wyników RNA-Seq uzyskanych z linii komórkowych modelu choroby SCA3 i obejmujących szerokie spektrum typów RNA**
Dr hab. Agnieszka Fiszer, dr Magdalena Jazurek-Ciesiołka, dr Adam Ciesiołka; Zakład Biotechnologii Medycznej
Prof. dr hab. Izabela Makałowska, dr hab. Michał Szczęśniak; Wydział Biologii, Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu
82. **Realizacja grantu NCN Opus nr 2017/25/B/NZ6/00642, pt. „Sieci regulatorowe RNA jako nowe cele terapeutyczne w bakteriach lekoopornych” (kierownik**

projektu: dr hab. Marek Żywicki, jednostka realizująca: Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu, Wydział Biologii)

Mgr inż. Klementyna Marciniak, dr Piotr Machtel, dr hab. Kamilla Bąkowska-Żywicka; Zespół Transkryptomiki Funkcjonalnej

Dr hab. Marek Żywicki; Wydział Biologii, Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu

83. Mechanizmy molekularne choroby zwyrodnieniowej kolana

Dr Anna Mleczko, mgr inż. Julian Zacharjusz, dr hab. Kamilla Bąkowska-Żywicka; Zespół Transkryptomiki Funkcjonalnej

Dr hab. Tomasz Piontek, dr Paweł Bąkowski; Rehasport Clinic, Poznań

84. Współpraca przy realizacji projektu NCN OPUS nr 2018/31/B/NZ2/01940 „Identyfikacja nowych, długich niekodujących RNA w Danio přegowanego, czyli rzucenie nowego światła na ciemną materię genomu”

Mgr Monika Kwiatkowska; Zespół Biologii Obliczeniowej Niekodującego RNA

Dr Joanna Dodzian, prof. Jacek Kuźnicki; Międzynarodowy Instytut Biologii Molekularnej i Komórkowej w Warszawie

Współpraca naukowa z partnerami zagranicznymi

1. Wykorzystanie nowych podejść metodycznych w identyfikacji produktów naturalnych pochodzenia roślinnego technikami spektrometrii mas

Dr Łukasz Marczak; Pracownia Spektrometrii Mas

Prof. dr hab. Maciej Stobiecki; Zakład Biochemii Produktów Naturalnych

Dr. Zohreh Ghanbarzadeh, Dr. Hajar Zamani, Dr. Sasan Mohsenzadeh; Shiraz University, Shiraz, Iran

2. Analizy statystyczne danych multi-omicznych

Dr Anna Wojakowska; Zakład Biochemii Produktów Naturalnych

Dr. Krzysztof Polanski; Wellcome Trust Sanger Institute, Cambridge, Wielka Brytania

3. Projektowanie i charakterystyka aktywności inhibitorów RNA specyficznych wobec wybranych pre-miRNA w układzie modelowym *Xenopus laevis*

Dr hab. Anna Kurzyńska-Kokorniak; Zakład Biochemii Rybonukleoprotein

Dr Natalia Koralewska, prof. dr hab. Marek Figlerowicz; Zakład Biologii Molekularnej i Systemowej

Mgr Marek Milewski; Pracownia Genomiki

Prof. Marie-Laure Baudet, Dr. Eloina Corradi, Linda Masante, MSc; University of Trento, Trydent, Włochy

4. Stworzenie bazy danych informacji o wirusach Virxicon

Prof. dr hab. inż. Jacek Błażewicz; Zakład Bioinformatyki

Prof. Thomas Villmann, Katrin Bohnsack, MSc, Mirko Weber, MSc; Mittweida University of Applied Sciences, Mittweida, Niemcy

5. Analiza wydajności systemów komputerowych dla kryterium średniej wartości czasu opóźnienia wykonania zadań

Prof. dr hab. inż. Jacek Błażewicz; Zakład Bioinformatyki

Dr. Xin Chen, Prof. Wen Wang; Liaoning University of Technology, Jinzhou, Chiny

Dr. Sergey Kovalev; INSEEC Business School, Lyon, Francja

6. Modelowanie oraz ewaluacja struktur przestrzennych RNA w międzynarodowym konkursie RNA-Puzzles

Prof. dr hab. inż. Marta Szachniuk, dr Mariusz Popenda; Zakład Bioinformatyki Strukturalnej

Dr hab. inż. Maciej Antczak; Zakład Bioinformatyki

Dr Joanna Sarzyńska; Pracownia Bioinformatyki

- Prof. dr hab. Ryszard W. Adamiak; Zakład Struktury i Funkcji Retrotranspozonów
 Prof. Eric Westhof; University of Strasbourg, Strasbourg, Francja
 Dr. Zhichao Miao; European Bioinformatics Institute (EMBL-EBI), Cambridge, Wielka Brytania
7. **Uczenie maszynowe w analizie struktur kwasów nukleinowych**
 Prof. dr hab. inż. Marta Szachniuk; Zakład Bioinformatyki Strukturalnej
 Prof. dr hab. inż. Jacek Błazewicz; Zakład Bioinformatyki
 Prof. Thomas Villmann, Katrin Bohnsack, MSc, Julia Abel, MSc; Mittweida University of Applied Sciences, Mittweida, Niemcy
 8. **Organizacja spotkania RNA-Puzzles. Metaserwer.**
 Prof. dr hab. inż. Marta Szachniuk; Zakład Bioinformatyki Strukturalnej
 Prof. Jérôme Waldispühl, Dr. Vladimir Reinharz; McGill University, Montreal, Kanada
 9. **Badanie potencjału modyfikowanych oligonukleotydów w terapii antysensowej**
 Dr inż. Jolanta Lisowiec-Wąchnicka, dr hab. Anna Pasternak; Zakład Bioinżynierii Kwasów Nukleinowych
 Prof. Jesper Wengel; University of Southern Denmark, Odense, Dania
 10. **Analiza degradacji mRNA pod wpływem Regnase-1/REGE-1 w żywych komórkach metodą TREAT**
 Dr Daria Sobańska, mgr Bogna Juskowiak; Zakład Biologii Integratywnej
 Dr. Jeff Chao; Friedrich Miescher Institute for Biomedical Research, Bazylea, Szwajcaria
 11. **Określenie partnerów białkowych REGE-1 w *C. elegans***
 Dr Daria Sobańska; Zakład Biologii Integratywnej
 Dr. Pooja Kumari; University of Oslo, Oslo, Norwegia
 12. **Analiza metabolomiczna w *C. elegans***
 Dr hab. Rafał Ciosk; Zakład Biologii Integratywnej
 Prof. Nils J. Færgeman; University of Southern Denmark, Odense, Dania
 13. **Analiza bioinformatyczna sekwencji RNA i DNA w *C. elegans***
 Dr Agnieszka Chabowska-Kita, mgr Aneta Dyczkowska; Zakład Biologii Integratywnej
 Dr. Yanwu Guo; University of Oslo, Oslo, Norwegia
 14. **Badania struktury i funkcji G-kwadrupleksów miRNA**
 Dr Agnieszka Belter; Zakład Biologii Medycznej
 Dr. Grzegorz Kudła; University of Edinburgh, Edynburg, Wielka Brytania
 15. **Badanie oddziaływań benzyłowych pochodnych aminokwasów z kwadrupleksami DNA**
 Dr Agnieszka Belter; Zakład Biologii Medycznej
 Dr. Giovanni Roviello, Dr. Marta A. Fik-Jaskółka, Dr. Rosanna Palumbo; Institute of Bio-structure and Bioimaging, Neapol, Włochy
 Dr. Ashot S. Saghyan, Liana A. Hayriyan, MSc, Dr. Hayarpi Simonyane; Yerevan State University, Erywań, Armenia
 16. **Realizacja projektu w ramach inicjatywy FET-Flagship pt. "Revolutionizing Healthcare by Tracking and Understanding Human Cells during Disease"**
 Prof. dr hab. Marek Figlerowicz, dr hab. Paulina Jackowiak, dr Natalia Koralewska; Zakład Biologii Molekularnej i Systemowej
 Prof. Nikolaus Rajewsky; Max Delbrück Center for Molecular Medicine in the Helmholtz Association, Berlin, Niemcy
 Prof. Geneviève Almouzni; Institut Curie, Paryż, Francja
 17. **Projektowanie i charakterystyka aktywności inhibitorów RNA specyficznych wobec wybranych pre-miRNA w układzie modelowym *Xenopus laevis***
 Prof. dr hab. Marek Figlerowicz, dr Natalia Koralewska; Zakład Biologii Molekularnej i Systemowej
 Mgr Marek Milewski; Pracownia Genomiki
 Dr hab. Anna Kurzyńska-Kokorniak; Zakład Biochemii Rybonukleoprotein

- Prof. Marie-Laure Baudet, Dr. Eloina Corradi, Linda Masante, MSc; University of Trento, Trydent, Włochy
18. **Badanie biogenezy i funkcji zewnątrzkomórkowych pęcherzyków błonowych wypławka *Schmidtea mediterranea***
 Prof. dr hab. Marek Figlerowicz, dr Natalia Koralewska; Zakład Biologii Molekularnej i Systemowej
 Dr. Pia Siljander, Dr. Mari Palviainen; University of Helsinki, Helsinki, Finlandia
 19. **The European COVID-19 Data Platform**
 Prof. dr hab. Marek Figlerowicz, dr Natalia Koralewska, dr Ireneusz Stolarek; Zakład Biologii Molekularnej i Systemowej
 Dr. Rolf Apweiler; European Bioinformatics Institute (EMBL-EBI), Cambridge, Wielka Brytania
 20. **Wspólne przygotowanie publikacji w *New Biotechnology* pt. "Introduction to the special issue: Trends in bioeconomy"**
 Prof. dr hab. Tomasz Twardowski; Zakład Biosyntezy Białka
 Prof. Alfredo Aguilar; European Federation of Biotechnology, Barcelona, Hiszpania
 21. **Wspólne przygotowanie publikacji w *New Biotechnology* pt. "Bioeconomy moving forward step by step – A global journey"**
 Prof. dr hab. Tomasz Twardowski; Zakład Biosyntezy Białka
 Prof. Ronald Wohlgemuth; Swiss Coordination Committee for Biotechnology, Zurych, Szwajcaria
 22. **Wspólne przygotowanie publikacji w *Plants* pt. "Identification of Structural Variants in Two Novel Genomes of Maize Inbred Lines Possibly Related to Glyphosate Tolerance"**
 Prof. dr hab. Tomasz Twardowski; Zakład Biosyntezy Białka
 Dr Agata Tyczewska, Dr Joanna Gracz-Bernaciak; Pracownia Modelowych Organizmów Zwierzęcych
 Dr. Medhat Mahmoud; Baylor College of Medicine, Houston, Stany Zjednoczone
 23. **Współpraca w ramach akcji COST nr. CA18111, pt. „Genome editing in plants – a technology with transformative potential”**
 Prof. dr hab. Tomasz Twardowski, dr Ewa Woźniak; Zakład Biosyntezy Białka
 Dr. Dennis Eriksson; Swedish University of Agricultural Sciences, Uppsala, Szwecja
 24. **Wykrywanie modyfikacji chemicznych DNA metodą sekwencjonowania nanoporów**
 Dr hab. Marcin Chmielewski, mgr inż. Anna Stasińska; Zakład Chemii Biopolimerów
 Dr. Joyce Lebbink; Erasmus University Medical Center, Rotterdam, Holandia
 25. **Molekularne podstawy aktywacji wirusów grypy przez transbłonowe proteazy serynowe typu II**
 Dr Paweł Zmora; Zakład Chemii i Biologii Strukturalnej Kwasów Nukleinowych
 Prof. Stefan Pöhlmann; Leibniz Institute for Primate Research, Getynga, Niemcy
 26. **Termodynamika RNA dupleksów zawierających N6-metyloadenozynę**
 Prof. dr hab. Ryszard Kierzek; Zakład Chemii i Biologii Strukturalnej Kwasów Nukleinowych
 Prof. David H. Mathews; University of Rochester, Rochester, Stany Zjednoczone
 27. **Określenie termodynamiki i oddziaływań dupleksów RNA zawierających N7 izomery adenozyny, LNA-adenozyny oraz guanozyny**
 Prof. dr hab. Ryszard Kierzek; Zakład Chemii i Biologii Strukturalnej Kwasów Nukleinowych
 Prof. dr hab. Zofia Gdaniec; Zakład Biomolekularnego NMR
 Dr. Ilyas Yildirim; Florida Atlantic University, Boca Raton, Stany Zjednoczone

28. **Identyfikacja motywu sekwencyjnego w obrębie białek ABCB warunkującego transport auksyn – analiza aktywności ATPazowej wybranych białek ABCB i ich mutantów**
 Prof. dr hab. Michał Jasiński, mgr inż. Konrad Pakuła; Zakład Fizjologii Molekularnej Roślin
 Prof. Markus Geisler; University of Fribourg, Fribourg, Szwajcaria
29. **Analiza funkcjonalna białka MtABCG59 transportującego strigolaktony podczas nawiązywania mikoryzy arbuskularnej**
 Prof. dr hab. Michał Jasiński, dr Joanna Banasiak; Zakład Fizjologii Molekularnej Roślin
 Prof. Enrico Martinoia, Dr. Lorenzo Borghi; University of Zurich, Zurych, Szwajcaria
30. **Analiza funkcjonalna transportera cytokinin MtABCG56**
 Prof. dr hab. Michał Jasiński, dr Karolina Jarzysiak, dr Joanna Banasiak, dr Aleksandra Paweła, mgr inż. Tomasz Jarmuszka; Zakład Fizjologii Molekularnej Roślin
 Prof. Markus Geisler; University of Fribourg, Fribourg, Szwajcaria
31. **Identyfikacja oraz analiza filogenetyczna białek ABCB zaangażowanych w transport auksyn**
 Prof. dr hab. Michał Jasiński, dr Joanna Banasiak; Zakład Fizjologii Molekularnej Roślin
 Dr inż. Marcin Radom; Zakład Bioinformatyki Strukturalnej
 Prof. Markus Geisler; University of Fribourg, Fribourg, Szwajcaria
 Dr. Aurélien Bailly; Institute of Molecular Plant Biology; Zurych, Szwajcaria
32. **Selekcja białek ABCG i MATE z *M. truncatula* zaangażowanych w oddziaływanie symbiotyczne oraz przygotowanie pracy przeglądowej dotyczącej roli transportu w nawiązywaniu symbiozy roślin z grzybami mikoryzowymi i bakteriami wiążącymi azot atmosferyczny**
 Prof. dr hab. Michał Jasiński, dr Joanna Banasiak, dr Wanda Biała-Leonhard, mgr inż. Tomasz Jarmuszka; Zakład Fizjologii Molekularnej Roślin
 Dr. Jeremy Murray; Institute of Plant Physiology and Ecology, Chinese Academy of Sciences, Szanghaj, Chiny
33. **Analiza łubinu z wyciszoną ekspresją genu MATE, potencjalnie zaangażowanego w transport flawonoidów podczas nawiązywania symbiozy z bakteriami brodawkowymi**
 Prof. dr hab. Michał Jasiński, dr Wanda Biała-Leonhard; Zakład Fizjologii Molekularnej Roślin
 Prof. Nicola Tomasi; University of Udine, Udine, Włochy
 Prof. Enrico Martinoia; University of Zurich, Zurych, Szwajcaria
34. **Analiza zmiany liczby kopii (CNV) genu *BARD1*, przy wykorzystaniu MLPA**
 Dr Malwina Suszyńska, prof. dr hab. Piotr Kozłowski; Zakład Genetyki Molekularnej
 Prof. Eric Hahnen; University of Cologne, Kolonia, Niemcy
35. **Analiza zmiany liczby kopii (CNV) genów *TSC1* oraz *TSC2* przy wykorzystaniu MLPA**
 Prof. dr hab. Piotr Kozłowski; Zakład Genetyki Molekularnej
 Dr. David J. Kwiatkowski; Harvard Medical School, Boston, Stany Zjednoczone
36. **Określenie ryzyka raka piersi i raka jajnika związanego z obecnością mutacji w genach predysponujących do raka**
 Dr Malwina Suszyńska, dr hab. Anna Jasińska, prof. dr hab. Piotr Kozłowski; Zakład Genetyki Molekularnej
 Dr hab. Magdalena Ratajska; University of Otago, Dunedin, Nowa Zelandia
37. **Wpływ modyfikacji chemicznych na strukturę i dynamikę RNA**
 Dr Joanna Sarzyńska; Pracownia Bioinformatyki
 Prof. Ansuman Lahiri; University of Calcutta, Kolkata, Indie
38. **Badanie mikrobiomu jamy ustnej, ze szczególnym uwzględnieniem ewolucji czynników patogennych**
 Dr Anna Philips; Pracownia Bioinformatyki
 Prof. Jan Potempa; University of Louisville, Louisville, Stany Zjednoczone

39. **Określenie rodzaju i częstości występowania bakterii opornych na antybiotyki i integronów, jako markera zanieczyszczenia antropogenicznego w rezystomie kriosfery archipelagu Svalbard**
 Dr Nicoletta Makowska; Pracownia Bioinformatyki
 Dr. Dariusz Ignatiuk; University Center in Svalbard, Longyearbyen, Norwegia
 Prof. Andrea Franzetti; University of Milan, Mediolan, Włochy
40. **Analiza mutacji somatycznych w materiale pochodzącym od pacjentów z rakiem podstawnokomórkowym skóry (BCC, ang. *Basal Cell Carcinoma*)**
 Mgr Paulina Nawrocka, prof. dr hab. Piotr Kozłowski; Zakład Genetyki Molekularnej
 Dr. Michael Sand; Ruhr University Bochum, Bochum, Niemcy
41. **Analiza zmiany liczby kopii (CNV) transgenu eGFP w liniach komórkowych raka jelita grubego**
 Mgr Paulina Nawrocka, prof. dr hab. Piotr Kozłowski; Zakład Genetyki Molekularnej
 Dr. Maria Simarro-Grande; University of Valladolid, Valladolid, Hiszpania
42. **Określenie parametrów najbliższego sąsiedztwa dla dupleksów RNA zawierających N6-metyloadenozyne**
 Prof. dr hab. Elżbieta Kierzek; Zakład Genomiki Strukturalnej RNA
 Prof. dr hab. Ryszard Kierzek; Zakład Chemii i Biologii Strukturalnej Kwasów Nukleinowych
 Prof. David Mathews; University of Rochester, Rochester, Stany Zjednoczone
43. **Wykorzystanie peptydowych kwasów nukleinowych (PNA) w inhibicji namnażania wirusa grypy**
 Prof. dr hab. Elżbieta Kierzek, dr Julita Piasecka; Zakład Genomiki Strukturalnej RNA
 Prof. Gang Chen; University of Hong Kong, Hong Kong, Chiny
44. **Wyjazd stażowy w celu realizacji badań naukowych w ramach projektu NCN ETIUDA 8**
 Mgr Magdalena Dąbrowska; Zakład Inżynierii Genomowej
 Dr. Jacob Corn; Swiss Federal Institute of Technology in Zurich (ETH), Zurych, Szwajcaria
45. **Walidacja struktur makromolekularnych**
 Dr Dariusz Brzeziński, dr hab. Mirosław Gilski, prof. dr hab. Mariusz Jaskólski; Zakład Krystalografii – Centrum Badań Biokrystalograficznych
 Prof. Wladek Minor; University of Virginia, Charlottesville, Stany Zjednoczone
 Dr. Alexander Wlodawer; National Cancer Institute, Frederick, Stany Zjednoczone
46. **Meta-analizy w krystalografii**
 Prof. dr hab. Mariusz Jaskólski, dr Dariusz Brzeziński; Zakład Krystalografii – Centrum Badań Biokrystalograficznych
 Dr hab. Zbigniew Dauter; Argonne National Laboratory, Lemont, Stany Zjednoczone
47. **Szlaki biosyntezy aminokwasów**
 Dr hab. Mirosław Gilski, prof. dr hab. Mariusz Jaskólski; Zakład Krystalografii – Centrum Badań Biokrystalograficznych
 Prof. Andrzej Joachimiak; Argonne National Laboratory, Lemont, Stany Zjednoczone
48. **Związki małowczątkowe o potencjalnym działaniu farmakologicznym**
 Prof. dr hab. Mariusz Jaskólski; Zakład Krystalografii – Centrum Badań Biokrystalograficznych
 Prof. Roman Lesyk; Lviv National Medical University, Lwów, Ukraina
49. **Biologia strukturalna modyfikowanych RNA**
 Dr Miłosz Ruszkowski; Zakład Krystalografii – Centrum Badań Biokrystalograficznych
 Dr. Jessica A. Brown; University of Notre Dame, Notre Dame, Stany Zjednoczone
 Dr. Jia Sheng; State University of New York, Albany, Stany Zjednoczone

50. **Badania hydroksymetylotransferaz serynowych**
Dr Miłosz Ruszkowski; Zakład Krystalografii – Centrum Badań Biokrystalograficznych
Dr. Roberto Contestabile; Sapienza University of Rome, Rzym, Włochy
51. **Metabolizm metioniny**
Dr Miłosz Ruszkowski; Zakład Krystalografii – Centrum Badań Biokrystalograficznych
Dr. Bartosz Sekuła; National Cancer Institute, Lemont, Stany Zjednoczone
52. **Funkcja roślinnych metabolitów wtórnych w promocji wzrostu indukowanej przez endofity grzybowe, badania w ramach realizacji projektu NCN HARMONIA 7**
Prof. dr hab. Paweł Bednarek, dr Anna Piasecka, mgr Sylwia Bugaj; Zakład Metabolomiki Funkcjonalnej Roślin
Dr Mariola Piślewska-Bednarek; Pracownia Hodowli Komórkowych i Tkankowych
Prof. Paul Schulze-Lefert, Dr. Henning Frerigmann, Dr. Stephane Hacquard; Max Planck Institute for Plant Breeding Research, Kolonia, Niemcy
53. **Funkcja pochodnych tryptofanu w odporności *Arabidopsis thaliana* na *Alternaria brassicicola***
Prof. dr hab. Paweł Bednarek, dr Marta Pastorczyk; Zakład Metabolomiki Funkcjonalnej Roślin
Dr Mariola Piślewska-Bednarek; Pracownia Hodowli Komórkowych i Tkankowych
Dr. Yoshitaka Takano; Kyoto University, Kioto, Japonia
54. **Ewolucja odpowiedzi immunologicznej w gatunkach *Brassicaceae***
Prof. dr hab. Paweł Bednarek, dr Anna Piasecka; Zakład Metabolomiki Funkcjonalnej Roślin
Prof. Kenichi Tsuda; Huazhong Agricultural University, Wuhan, Chiny; Max Planck Institute for Plant Breeding Research, Kolonia, Niemcy
55. **Rola glukozytynolanów w żywieniu mineralnym roślin**
Prof. dr hab. Paweł Bednarek; Zakład Metabolomiki Funkcjonalnej Roślin
Dr. Masmai Hirai; Institute of Physical and Chemical Research (RIKEN), Tokio, Japonia
Dr. Thomas Nakano; Max Planck Institute for Plant Breeding Research, Kolonia, Niemcy
56. **Realizacja projektu pt. „Allelo-specyficzne obniżenie poziomu białka polyQ jako strategia terapeutyczna dla choroby Huntingtona oraz ataksji rdzeniowo-mózdkowej typu 3 i 7” (akronim: TreatPolyQ)**
Dr hab. Maciej Figiel, dr Magdalena Surdyka, mgr Ewelina Jesion, mgr Żaneta Kalinowska-Pośka; Zakład Neurobiologii Molekularnej
Dr. Yvon Trottier; Institute of Genetics and Molecular and Cellular Biology, Illkirch-Graffenstaden, Francja
Dr. Nicole Deglon; Lausanne University Hospital, Lozanna, Szwajcaria
Dr. Huu Phuc Nguyen; Ruhr University Bochum, Bochum, Niemcy
Dr. Emmanuel Brouillet; François Jacob Institute Of Biology, Fontenay-aux-Roses, Francja
Dr. Michael Hayden; University of British Columbia, Vancouver, Kanada
57. **Realizacja projektu pt. „Terapia genowa ataksji rdzeniowo-mózdkowych: przywracanie prawidłowego metabolizmu cholesterolu poprzez mózgową nadekspresję 24-hydroksylazy cholesterolowej” (akronim: SCA-CYP)**
Dr hab. Maciej Figiel, dr Łukasz Przybył, dr Magdalena Surdyka, Zakład Neurobiologii Molekularnej
Dr. Nathalie Cartier, Dr. Alexandra Durr; French National Institute of Health and Medical Research (INSERM), Paryż, Francja
Dr. Thorsten Schmidt; University of Tübingen, Tybinga, Niemcy
Luís Pereira de Almeida; University of Coimbra, Coimbra, Portugalia
58. **Realizacja projektu NAF Pioneer Award pt. „Allele selective, CAG-targeted RNAi-based strategy to lower mutant polyQ proteins in polyglutamine ataxias”**
Dr hab. Maciej Figiel, dr Magdalena Surdyka; Zakład Neurobiologii Molekularnej

- Dr. Yvon Trottier; Institute of Genetics and Molecular and Cellular Biology, Illkirch-Graffenstaden, Francja
59. **Gen IRF2BPL i mutacje**
 Dr hab. Maciej Figiel, mgr Karolina Switońska-Kurkowska; Zakład Neurobiologii Molekularnej
 Dr hab. Paweł Lisowski; Max Delbrück Center for Molecular Medicine in the Helmholtz Association, Berlin, Niemcy
60. **Metabolizm lipidów w chorobie Huntingtona**
 Dr hab. Maciej Figiel, mgr Karolina Switońska-Kurkowska; Zakład Neurobiologii Molekularnej
 Dr. Vittorio Maglione; Neuromed Mediterranean Neurological Institute, Venafro, Włochy
61. **Identyfikacja kolistych RNA (circRNA) w guzach mózgu oraz w komórkach**
 Dr hab. Katarzyna Rolle, mgr Żaneta Zarębska; Zakład Neuroonkologii Molekularnej
 Dr. Agnieszka Rybak-Wolf; Berlin Institute for Medical Systems Biology, Max Delbrück Center for Molecular Medicine in the Helmholtz Association, Berlin, Niemcy
62. **Opracowanie i charakterystyka nowego modelu badawczego guzów mózgu**
 Dr hab. Katarzyna Rolle, mgr Żaneta Zarębska, dr Julia Misiołek; Zakład Neuroonkologii Molekularnej
 Dr. Agnieszka Rybak-Wolf, Dr. Anna Löwa, Miriam Wanders; Berlin Institute for Medical Systems Biology, Max Delbrück Center for Molecular Medicine in the Helmholtz Association, Berlin, Niemcy
63. **Wykorzystanie analiz proteomicznych i metabolomicznych do zrozumienia mechanizmów nabytej odporności na inhibitory proteasomu w szpiczaku mnogim**
 Dr hab. Magdalena Łuczak; Zakład Proteomiki Biomedycznej
 Dr. Arnold Bolomsky; Wilhelminen Cancer Research Institute, Wiedeń, Austria
64. **Identyfikacja aktywności w próbkach pochodzących z kopalnych gatunków gąbek szklanych**
 Dr hab. Magdalena Łuczak; Zakład Proteomiki Biomedycznej
 Prof. Hermann Ehrlich; Technical University of Bergakademie Freiberg, Freiberg, Niemcy
65. **Wstępne badania nad chemicznym programowaniem grzybów przy użyciu *Ramularia collo-cygni* jako modelu**
 Dr Dorota Jakubczyk; Zakład Sond Molekularnych i Proleków
 Dr. Francois Dussart; Scotland's Rural College, Aberdeen, Wielka Brytania
66. **Dwu-analityczne sondy fluorescencyjne do badania parametrów biochemicznych w modelach komórkowych w ramach grantu Homing (FNP)**
 Dr Jacek Kolanowski, dr Magdalena Otrocka, dr Dorota Kwiatek, mgr Francesca Canyelles I Font, Katarzyna Wodecka; Zakład Sond Molekularnych i Proleków
 Prof. Elizabeth J. New; University of Sydney, Sydney, Australia
67. **Badania strukturalne kompleksów RNA z syntetycznymi ligandami**
 Dr hab. Agnieszka Kiliszek, dr Leszek Błaszczak, prof. dr hab. Wojciech Rypniewski; Zakład Struktury i Funkcji Biomolekuł
 Prof. Kazuhiko Nakatani; Osaka University, Osaka, Japonia
68. **Struktura i funkcja enzymów z organizmów ekstremofilnych**
 Dr Magdalena Bejger, mgr Katarzyna Biniak-Antosiak, prof. dr hab. Wojciech Rypniewski; Zakład Struktury i Funkcji Biomolekuł
 Prof. Constantinos Vorgias; National and Kapodistrian University of Athens, Ateny, Grecja

69. **Nowe mechanizmy kontroli liczby kopii retrotranspozonów eukariotycznych w komórce**
Dr hab. Katarzyna Pachulska-Wieczorek, mgr Julita Gumna, mgr inż. Angelika Andrzejewska, mgr Małgorzata Zawadzka; Zakład Struktury i Funkcji Retrotranspozonów
Prof. David J. Garfinkel; University of Georgia, Athens, Stany Zjednoczone
70. **Mechanizm R2-zależnego wyciszania RNA. Badanie właściwości RNA, które warunkują jego wyciszenie za pośrednictwem R2.**
Dr hab. Katarzyna Pachulska-Wieczorek, mgr Julita Gumna; Zakład Struktury i Funkcji Retrotranspozonów
Dr hab. Rafał Ciosk; University of Oslo, Oslo, Norwegia
71. **Projektowanie nowego podejścia wychwytywania transkryptów w kompleksie z białkami w metodyce RNA pull-down**
Dr Monika Piwecka, mgr inż. Marta Pietras; Zakład Niekodujących RNA
Dr. Karol Rogowski; ElementZero Biolabs, Berlin, Niemcy
72. **Sekwencjonowanie RNA w pojedynczych komórkach przysadki mózgowej**
Dr Monika Piwecka; Zakład Niekodujących RNA
Prof. Nikolaus Rajewsky; Max Delbrück Center for Molecular Medicine in the Helmholtz Association, Berlin, Niemcy
73. **Analiza zachowawczości ewolucyjnej lncRNA**
Dr Barbara Uszczyńska-Ratajczak; Zespół Biologii Obliczeniowej Niekodującego RNA
Prof. Rory Johnson; University College Dublin, Dublin, Irlandia

Spis publikacji

* wg Komunikatu Ministra Nauki i Szkolnictwa Wyższego z dnia 31 lipca 2019 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

Lp.	Nazwa czasopisma	Autor/Autorzy	Tytuł, rok, tom, strony / nr artykułu	5-letni IF	Punkty MNiSW*	Q
1.	ACM COMPUTING SURVEYS	R. Canal, C. Hernandez, R. Tornero, A. Cilaro, G. Massari, F. Reghenzani, W. Fornaciari, M. Zapater, D. Atienza, A. Oleksiak , W. Piatek , J. Abella	Predictive Reliability and Fault Management in Exascale Systems: State of the Art and Perspectives, 2020, 53, 95	9,456	200	Q1
2.	ACS SUSTAINABLE CHEMISTRY & ENGINEERING	W. Wilms, M. Wozniak-Karczewska, M. Niemczak, P. Lisiecki, A. Zgola-Grzeskowiak, L. Lawniczak, G. Framski , J. Pernak, M. Owsianiak, C. Vogt, A. Fischer, R.D. Rogers, L. Chrzanowski	Quantifying the mineralization of C-13-labeled cations and anions reveals differences in microbial biodegradation of herbicidal ionic liquids between water and soil, 2020, 8, 3412–3426	7,741	140	Q1
3.	ACTA CRYSTALLOGRAPHICA A- FOUNDATIONS AND ADVANCES	Z. Dauter, M. Jaskolski	Multiplicity-weighted Euler's formula for symmetrically arranged space-filling polyhedral, 2020, A76, 580–583	3,131	200	Q3
4.	ACTA CRYSTALLOGRAPHICA B-STRUCTURAL SCIENCE CRYSTAL	S. Wojtulewski, M. Tomczyk, J.W. Strawa, M. Gawel, K. Brzezinski	A new look at two polymorphic crystal structures of dibenzoylmethane: Relationship between the Crystal Packing and the Hydrogen Atom Position	4,683	140	Q3

	ENGINEERING AND MATERIALS		revealed by Quantum Chemistry and Quantum Crystallography Methods, 2020, 76, 957–966			
5.	ACTA CRYSTALLOGRAPHICA B-STRUCTURAL SCIENCE CRYSTAL ENGINEERING AND MATERIALS	M. Gilski , P. Bernatowicz, A. Sakowicz, M.P. Szymanski, A. Zalewska, A. Szumna, M. Jaskolski	C-60 in a peptidic cage: a case of symmetry mismatch studied by crystallography and solid-state NMR, 2020, B76, 815–824	4,683	140	Q3
6.	ACTA CRYSTALLOGRAPHICA D-STRUCTURAL BIOLOGY	J. Smietanska, J. Sliwiak , M. Gilski , Z. Dauter, R. Strzalka, J. Wolny, M. Jaskolski	A new modulated crystal structure of ANS complex of St John's wort Hyp-1 protein with 36 protein molecules in the asymmetric unit of the supercell, 2020, D76, 653–667	3,181	100	Q1
7.	ACTA CRYSTALLOGRAPHICA D-STRUCTURAL BIOLOGY	K. Michalska, M. Kowiel , L. Bigelow, M. Endres, M. Gilski , M. Jaskolski , A. Joachimiak	3D domain swapping in the TIM barrel of the α subunit of Streptococcus pneumoniae tryptophan synthase, 2020, D76, 166–175	3,181	100	Q1
8.	ADVANCED THEORY AND SIMULATIONS	D.W. Wright, R.A. Richardson, W. Edeling, J. Lakhilili, R.C. Sinclair, V. Jancauskas, D. Suleimenova, B. Bosak , M. Kulczewski , T. Piontek , P. Kopta , I. Chirca, H. Arabnejad, O.O. Luk, O. Hoenen, J. Weglarz, D. Crommelin, D. Groen, P.V. Coveney	Building Confidence in Simulation: Applications of EasyVVUQ, 2020, 3, 1900246	2,951	20	Q2
9.	AGRONOMY-BASEL	H.K. Yoon, T. Kleiber, Z. Zydlik, K. Rutkowski, A. Wozniak, S. Swierczynski, W. Bednarski, J. Keszy, L. Marczak , J.H. Seo,	A Comparison of Selected Biochemical and Physical Characteristics and Yielding of Fruits in	2,603	100	Q1

		T.Y. Choi, K.J. Kang, N.E. Kafkas, J. Bocianowski, P. Jeandet, I. Morkunas	Apple Cultivars (<i>Malus domestica</i> Borkh.), 2020, 10, 458			
10.	AMERICAN JOURNAL OF PHYSICAL ANTHROPOLOGY	A.J. Jasinska	Resources for functional genomic studies of health and development in nonhuman primates, 2020, 171, 174–194	2,614	140	Q1
11.	AMINO ACIDS	M.A. Fik-Jaskolka, A.F. Mkrtchyan, A.S. Saghyan, R. Palumbo, A. Belter , L.A. Hayriyan, H. Simonyan, V. Roviello, G.N. Roviello	Biological macromolecule binding and anticancer activity of synthetic alkyne-containing l-phenylalanine derivatives, 2020, 52, 755–769	3,102	100	Q3
12.	ANTIOXIDANTS	M. Sikora , E. Bretes, J. Perla-Kajan, I. Lewandowska , L. Marczak , H. Jakubowski	Genetic Attenuation of Paraoxonase 1 Activity Induces Proatherogenic Changes in Plasma Proteomes of Mice and Humans, 2020, 9, 1198	5,014	100	Q1
13.	APOPTOSIS	M. Orlicka-Plocka , D. Gurda-Wozna , A. Fedoruk-Wyszomirska , E. Wyszko	Circumventing the Crabtree effect: forcing oxidative phosphorylation (OXPHOS) via galactose medium increases sensitivity of HepG2 cells to the purine derivative kinetin riboside, 2020, 25, 835–852	4,128	100	Q2
14.	APPLIED SCIENCES-BASEL	T.P. Lehmann, J. Miskiewicz, N. Szostak , M. Szachniuk , S. Grodecka-Gazdecka, P.P. Jagodzinski	In vitro and in silico analysis of miR-125a with rs12976445 polymorphism in breast cancer patients, 2020, 10, 7275	2,458	70	Q2
15.	BIOINFORMATICS	M. Popenda , J. Miskiewicz, J. Sarzynska , T. Zok, M. Szachniuk	Topology-based classification of tetrads and quadruplex structures, 2020, 36, 1129–1134	9,853	200	Q1

16.	BIOMOLECULES	K.K. Hus, L. Marczak , V. Petrilla, M. Petrillova, J. Legath, A. Bocian	Different Research Approaches in Unraveling the Venom Proteome of Naja ashei, 2020, 10,1282	4,082	100	Q2
17.	BIOMOLECULES	K. Brzezinski	S-adenosyl-L-homocysteine Hydrolase: A Structural Perspective on the Enzyme with Two Rossmann-Fold Domains, 2020, 10, 1682	4,082	100	Q2
18.	BIOORGANIC & MEDICINAL CHEMISTRY	M. Hyjek-Skladanowska, A.R. Stasinska , A. Napiorkowska, A. Bartlomiejczak, P.P. Seth, M.K. Chmielewski , M. Nowotny	Disulfide bridge cross-linking between protein and the RNA backbone as a tool to study RNase H1, 2020, 28, 115741	3,073	70	Q2
19.	BIOORGANIC CHEMISTRY	A.R. Stasinska , P. Putaj, M.K. Chmielewski	Disulfide bridge as a linker in nucleic acids' bioconjugation. Part II: a summary of practical applications, 2020, 95, 103518	4,567	100	Q1
20.	BIOORGANIC CHEMISTRY	K. Piecyk, M. Lukaszewicz, K. Kamel , M. Janowska, P. Pietrow, S. Kmiecik, M. Jankowska-Anyszka	Isoxazole-containing 5' mRNA cap analogues as inhibitors of the translation initiation process, 2020, 96, 103583	4,567	100	Q1
21.	BIOORGANIC CHEMISTRY	J. Nekvinda, D. Rozycka, S. Rykowski, E. Wyszko , A. Fedoruk-Wyszomirska , D. Gurda , M. Orlicka-Plocka , M. Giel-Pietraszuk , A. Kiliszek , W. Rypniewski , R. Bachorz, J. Wojcieszak, B. Gruner, A.B. Olejniczak	Synthesis of naphthalimide-carborane and metallacarborane conjugates: anticancer activity, DNA binding ability, 2020, 94, 103432	4567	100	Q1

22.	BMC BIOINFORMATICS	T. Zok, M. Popenda, M. Szachniuk	ElTetrado: a tool for identification and classification of tetrads and quadruplexes, 2020, 21, 40	3,213	100	Q1
23.	BMC GASTROENTEROLOGY	L. Pielok, M. Karczewski, W. Cierach, P. Zmora, E. Lenartowicz , J. Stefaniak	Portal hypertension as a result of the incomplete surgically treated advanced alveolar echinococcosis: a case description, 2020, 20, 176	2,796	100	Q3
24.	BMC GENOMICS	A. Philips, S. Stolarek, L. Handschuh, K. Nowis , A. Juras, D. Trzcinski, W. Nowaczewska A. Wrzesinska, J. Potempa, M. Figlerowicz	Analysis of oral microbiome from fossil human remains revealed the significant differences in virulence factors of modern and ancient <i>Tannerella forsythia</i> , 2020, 21, 402	4,093	140	Q2
25.	BMC MUSCULOSKELETAL DISORDERS	P. Bakowski, J. Kaszynski, J. Walecka, K. Ciemniowska-Gorzela, K. Bakowska-Zywicka , T. Piontek	Autologous adipose tissue injection versus platelet-rich plasma (PRP) injection in the treatment of knee osteoarthritis: a randomized, controlled study - study protocol, 2020, 21, 314	2,398	100	Q3
26.	BMC MUSCULOSKELETAL DISORDERS	P. Bakowski, K. Bakowska-Zywicka , T. Piontek	Clinical practice and postoperative rehabilitation after knee arthroscopy vary according to surgeons' expertise: a survey among polish arthroscopy society members, 2020, 21, 626	2,398	100	Q3
27.	CANCERS (BASEL)	P.M. Perrigue, M. Rakoczy, K.P. Pawlicka, A. Belter, M. Giel-Pietraszuk, M.Z. Naskret-Barciszewska, J. Barciszewski, M. Figlerowicz	Cancer Stem Cell-Inducing Media Activates Senescence Reprogramming in Fibroblasts, 2020, 12, 1745	6,433	140	Q1

28.	CELLS	A. Philips, K. Nowis, M. Stelmaszczuk, J. Podkowinski, L. Handschuh, P. Jackowiak, M. Figlerowicz	Arabidopsis thaliana cbp80, c2h2, and flk Knockout Mutants Accumulate Increased Amounts of Circular RNAs, 2020, 9, 1937	5,276	140	Q2
29.	CELLS	M.J. Smialek, E. Ilaslan, M.P. Sajek, A. Swiercz, D.M. Janecki , K. Kusz-Zamelczyk, T. Wozniak, M. Kotecki, L. Handschuh, M. Figlerowicz , J. Jaruzelska	Characterization of RNP Networks of PUM1 and PUM2 Post-Transcriptional Regulators in TCam-2 Cells, a Human Male Germ Cell Model, 2020, 9, 984	5,276	140	Q2
30.	CELLS	V.K. Macioszek, M. Gapinska, A. Zmienko , M. Sobczak, A. Skoczkowski, J. Oliwa, A.K. Kononowicz	Complexity of Brassica oleracea- <i>Alternaria brassicicola</i> Susceptible Interaction Reveals Downregulation of Photosynthesis at Ultrastructural, Transcriptional, and Physiological Levels, 2020, 9, 2329	5,276	140	Q2
31.	CELLS	P. Sledzinski, M. Nowaczyk, M. Olejniczak	Computational Tools and Resources Supporting CRISPR-Cas Experiments, 2020, 9, 1288	5,276	140	Q2
32.	CELLS	D. Gudanis , D. Kaniowski, K. Kulik, D. Baranowski, Z. Gdaniec , B. Nawrot	Formation of an RNA Quadruplex-Duplex Hybrid in Living Cells between mRNA of the Epidermal Growth Factor Receptor (EGFR) and a G-Rich Antisense Oligoribonucleotide, 2020, 9, 2375	5,276	140	Q2
33.	CELLS	O. Wawrzyniak, Z. Zarebska, K. Kuczynski , A. Gotz-Wieckowska, K. Rolle	Protein-Related Circular RNAs in Human Pathologies, 2020, 9, 1841	5,276	140	Q2

34.	CELLULAR AND MOLECULAR LIFE SCIENCES	M. Pokornowska, M.C. Milewski, K. Ciechanowska, A. Szczepanska, M. Wojnicka, Z. Radogostowicz, M. Figlerowicz, A. Kurzynska- Kokorniak	The RNA-RNA base pairing potential of human Dicer and Ago2 proteins, 2020, 77, 3231–3244	6,769	140	Q1
35.	CHEMISTRY - A EUROPEAN JOURNAL	M.B. Danielsen, C. Lou, J. Lisowiec- Wachnicka, A. Pasternak, P.T. Jorgensen, J. Wengel	Gapmer antisense oligonucleotides containing 2',3'-dideoxy-2'-fluoro-3'-C-hydroxymethyl- β -D- lyxofuranosyl nucleotides display site-specific RNase H cleavage and induce gene silencing, 2020, 26, 1368–1379	4,636	140	Q1
36.	CHEMISTRYSELECT	D. Wawrzyniak, G. Framski, P. Januszczyk, T. Ostrowski, D. Baraniak, Z. Jahnz-Wechmann, J. Fogt, A. Manikowski, D. Baranowski, K. Rolle, J. Boryski	7-(β -D-Ribofuranosyl)guanine and its Analogues Modified in the Sugar Portion: Synthesis and Antiglioma Properties, 2020, 5, 13370–13375	1,835	40	Q3
37.	CHEMMEDCHEM	D. Kwiatek, L. Mrowczynska, N. Stopikowska, M. Runowski, A. Lesicki, S. Lis	Surface Modification of Luminescent Ln(III)Fluoride Core-Shell Nanoparticles with Acetylsalicylic acid (Aspirin): Synthesis, Spectroscopic and in Vitro Hemocompatibility Studies, 2020, 15, 1490–1496	3,113	100	Q2
38.	COMPARATIVE MEDICINE	A.J. Jasinska, D. Rostamian, A.T. Davis, K. Kavanagh	Transcriptomic Analysis of Cell-free Fetal RNA in the Amniotic Fluid of Vervet Monkeys (Chlorocebus sabaeus), 2020, 70, 67–74	1,063	40	Q3

39.	COMPUTER NETWORKS	P. Vuletic, B. Bosak , M. Dimolianis, P. Merindol, D. Schmitz, H. Wessing	Localization of network service performance degradation in multi-tenant networks, 2020, 168, 107050	3,146	100	Q2
40.	COMPUTERS & INDUSTRIAL ENGINEERING	X. Chen, W. Wang, P. Xie, X. Zhang, M. Sterna, J. Blazewicz	Exact and Heuristic Algorithms for Scheduling on Two Identical Machines with Early Work, 2020, 144, 106449	4,296	140	Q1
41.	CRITICAL REVIEWS IN BIOTECHNOLOGY	M. Dettenhofer, M. Ondrejovic, V. Vasary, P. Kaszycki, T. Twardowski , S. Stuchlik, J. Turna, M. Dundar, K.M.A. Gartland, S. Miertus	Current state and prospects of biotechnology in Central and Eastern European countries. Part I: Visegrad countries (CZ, H, PL, SK), 2019, 39, 114–136 / <i>nie wykazano w 2019 r.</i>	7,55	140	Q1
42.	DRUG METABOLISM AND DISPOSITION	Y. Uchida, R. Goto, H. Takeuchi, M. Luczak , T. Usui, M. Tachikawa, T. Terasaki	Abundant expression of OCT2, MATE1, OAT1, OAT3, PEPT2, BCRP, MDR1 and xCT transporters in blood-arachnoid barrier of pig, and polarized localizations at CSF- and blood-facing plasma membranes, 2020, 48, 135–145	3,785	100	Q2
43.	DYES AND PIGMENTS	J. Piskorz, J. Dlugaszewska, W. Porolnik, A. Teubert , J. Mielcarek	Boron-dipyrromethene derivatives bearing N-alkyl phthalimide and amine substituents of potential application in the photoinactivation of bacteria, 2020, 178, 108322	3,881	100	Q1
44.	DYES AND PIGMENTS	T. Koczorowski, J. Ber, T. Sokolnicki, A. Teubert , W. Szczolko, T. Goslinski	Electrochemical and catalytic assessment of peripheral bromoaryl-substituted manganese and iron porphyrazines, 2020, 178, 108370	3,881	100	Q1
45.	EBIOMEDICINE	M.O. Urbanek-Trzeciak , P. Galka-Marciniak , P.M. Nawrocka ,	Pan-cancer analysis of somatic mutations in miRNA genes, 2020, 61, 103051	6,292	140	Q1

		E. Kowal, S. Szewc, M. Gieffing, P. Kozłowski				
46.	ENVIRONMENTAL MICROBIOLOGY	A. Szuba, L. Marczał , I. Ratajczak, A. Kasprówicz-Maluski, J. Mucha	Integrated proteomic and metabolomic analyses revealed molecular adjustments in <i>Populus × canescens</i> colonized with the ectomycorrhizal fungus <i>Paxillus involutus</i> , which limited plant host growth, 2020, 22, 3754–3771	5,453	140	Q1
47.	ENVIRONMENTAL POLLUTION	A. Szuba, L. Marczał , R. Kozłowski	Role of the proteome in providing phenotypic stability in control and ectomycorrhizal poplar plants exposed to chronic mild Pb stress, 2020, 264, 114585	6,939	100	Q1
48.	EUROPEAN JOURNAL OF OPERATIONAL RESEARCH	X. Chen, Y. Liang, M. Sterna, W. Wang, J. Blazewicz	Fully polynomial time approximation scheme to maximize early work on parallel machines with common due date, 2020, 284, 67–74	4,729	140	Q1
49.	EXPERT REVIEW OF PROTEOMICS	P. Malecki, J. Tracz , M. Luczak , M. Figlerowicz, K. Mazur-Malewska, W. Sluzewski, A. Mania	Serum proteome assessment in nonalcoholic fatty liver disease in children: a preliminary study, 2020, 17, 623–632	3,444	100	Q1
50.	FEBS JOURNAL	A. Włodawer, Z. Dauter, I. Shabalin, M. Gilski , D. Brzezinski , M. Kowiel , W. Minor, B. Rupp, M. Jaskolski	Ligand-centered assessment of SARS-CoV-2 drug target models in the Protein Data Bank, 2020, 287, 3703–3718	4,267	100	Q2
51.	FEBS JOURNAL	D. Brzezinski , Z. Dauter, W. Minor, M. Jaskolski	On the evolution of the quality of macromolecular models in the PDB, 2020, 287, 2685–2698	4,267	100	Q2

52.	FRONTIERS IN CHEMISTRY	A. Kraszewski, M. Sobkowski, J. Stawinski	H-Phosphonate Chemistry in the Synthesis of Electrically Neutral and Charged Antiviral and Anticancer Pronucleotides, 2020, 8, 585738	4,204	100	Q2
53.	FRONTIERS IN MOLECULAR BIOSCIENCES	M. Chwastyk, E. Panek, J. Malinowski, M. Jaskolski , M. Cieplak	Properties of cavities in biological structures – a survey of the Protein Data Bank, 2020, 7, 591381	4,188	100	Q2
54.	FRONTIERS IN PLANT SCIENCE	A. Philips, K. Nowis, M. Stelmaszczuk, P. Jackowiak, J. Podkowinski, L. Handschuh, M. Figlerowicz	Expression Landscape of circRNAs in Arabidopsis thaliana Seedlings and Adult Tissues, 2020, 11, 576581	5,207	100	Q1
55.	FRONTIERS IN PLANT SCIENCE	K. Mikolajczak, P. Ogradowicz, H. Cwiek-Kupczynska, K. Weigelt-Fischer, S.R. Mothukuri, A. Junker, T. Altmann, K. Krystkowiak , T. Adamski, M. Surma, A. Kuczynska, P. Krajewski	Image Phenotyping of Spring Barley (<i>Hordeum vulgare</i> L.) RIL Population Under Drought: Selection of Traits and Biological Interpretation, 2020, 11, 743	4,402	100	Q1
56.	FRONTIERS IN PLANT SCIENCE	M. Grzechowiak, J. Sliwiak, M. Jaskolski, M. Ruszkowski	Structural studies of glutamate dehydrogenase (isoform 1) from Arabidopsis thaliana, an important enzyme at the branch-point between carbon and nitrogen metabolism, 2020, 11, 754	5,207	100	Q1
57.	FRONTIERS IN PLANT SCIENCE	J. Banasiak , L. Borghi, N. Stec , E. Martinoia, M. Jasinski	The Full-Size ABCG Transporter of Medicago truncatula Is Involved in Strigolactone Secretion, Affecting Arbuscular Mycorrhiza, 2020, 11, 18	5,207	100	Q1

58.	FUTURE GENERATION COMPUTER SYSTEMS	A. Saxena, R. Joshi, H. Darbari, C. Mazurek , A. Bhat, A. Srivastava, K. Wojkovich, K. Buetow, S. Gesing	The ICTBioMed NCIP Hub: Cancer research in a science gateway consortium, 2020, 105, 27–32	5,387	140	Q1
59.	GENES	M. Suszynska, P. Kozlowski	Summary of BARD1 Mutations and Precise Estimation of Breast and Ovarian Cancer Risks Associated with the Mutations, 2020, 11, 798	3,822	100	Q2
60.	GENETICS IN MEDICINE	B. Ogorek, L. Hamieh, H.M. Hulshof, K. Lasseter K. Klonowska, H. Kuijf, R. Moavero, C. Hertzberg, B. Weschke, K. Riney, M. Feucht, T. Scholl, P. Krsek, R. Nabbout, A.C. Jansen, B. Benova, E. Aronica, L. Lagae, P. Curatolo, J. Borkowska, K. Sadowski, D. Domanska-Pakiela, S. Janson, P. Kozlowski , M. Urbanska, J. Jaworski, S. Jozwiak, F.E. Jansen, K. Kotulska; EPISTOP Consortium members, D.J. Kwiatkowski	TSC2 pathogenic variants are predictive of severe clinical manifestations in TSC infants: results of the EPISTOP study, 2020, 22, 1489–1497	10,435	200	Q1
61.	IEEE ACCESS	A.L. Garcia, J. Marco De Lucas, M. Antonacci, W. Zu Castell, M. David, M. Hardt, L.L. Iglesias, G. Molto, M. Plociennik , V. Tran, A.S. Alic, M. Caballer, I.C. Plasencia, A. Costantini, S. Dlugolinsky, D.C. Duma, G. Donvito, J. Gomes, I. H. Cacha, K. Ito, V.Y. Kozlov,	A Cloud-Based Framework for Machine Learning Workloads and Applications, 2020, 8, 18681–18692	4,076	100	Q1

		G. Nguyen, P.O. Fernandez, Z. Sustr, P. Wolniewicz				
62.	INORGANIC CHEMISTRY	A. Brzechwa-Chodzyska, M. Zielinski, M. Gilski , J.M. Harrowfield, A. R. Stefankiewicz	Dynamer and Metallodyner Interconversion: An Alternative View to Metal Ion Complexation, 2020, 59, 8552–8561	4,501	140	Q1
63.	INTERNATIONAL JOURNAL OF APPLIED MATHEMATICS AND COMPUTER SCIENCE	T. Zok, J. Badura, S. Swat, K. Figurski, M. Popenda , M. Antczak	New models and algorithms for RNA pseudoknot order assignment, 2020, 30, 315–324	1,105	100	Q3
64.	INTERNATIONAL JOURNAL OF APPLIED MATHEMATICS AND COMPUTER SCIENCE	W. Wang, X. Chen, J. Musial, J. Blazewicz	Two meta-heuristic algorithms for scheduling on unrelated machines with the late work criterion, 2020, 30, 537–584	1,105	100	Q3
65.	INTERNATIONAL JOURNAL OF BIOLOGICAL MACROMOLECULES	J.E. Raczynska , B. Imiolczyk , M. Komorowska , J. Sliwiak , J. Czyrko-Horczak, K. Brzezinski, M. Jaskolski	Flexible loops of New Delhi metallo- β -lactamase modulate its activity towards different substrates, 2020, 158, 104–115	5,137	100	Q1
66.	INTERNATIONAL JOURNAL OF BIOLOGICAL MACROMOLECULES	B. Sekula, M. Ruszkowski , Z. Dauter	S-adenosylmethionine synthases in plants: Structural characterization of type I and II isoenzymes from Arabidopsis thaliana and Medicago truncatula, 2020, 151, 554–565	5,137	100	Q1
67.	INTERNATIONAL JOURNAL OF	L. Nogues, A. Tramonti, S. Angelaccio, M. Ruszkowski , B. Sekula, R. Contestabile	Structural and kinetic properties of serine hydroxymethyltransferase from the halophytic	5,137	100	Q1

	BIOLOGICAL MACROMOLECULES		cyanobacterium <i>Aphanothece halophytica</i> provide a rationale for salt tolerance, 2020, 159, 517–529			
68.	INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES	D. Formanowicz, A. Rybarczyk , M. Radom , P. Formanowicz	A Role of Inflammation and Immunity in Essential Hypertension—Modeled and Analyzed Using Petri Nets, 2020, 21, 3348	4,653	100	Q1
69.	INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES	D. Formanowicz, A. Rybarczyk , M. Radom , K. Tanas, P. Formanowicz	A Stochastic Petri Net-Based Model of the Involvement of Interleukin 18 in Atherosclerosis, 2020, 21, 8574	4,653	100	Q1
70.	INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES	K.B. Czyz, M. Ksiazkiewicz, G. Koczyk, A. Szczepaniak, J. Podkowinski , B. Naganowska	A Tale of Two Families: Whole Genome and Segmental Duplications Underlie Glutamine Synthetase and Phosphoenolpyruvate Carboxylase Diversity in Narrow-Leafed Lupin (<i>Lupinus angustifolius</i> L.), 2020, 21, 2580	4,653	140	Q1
71.	INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES	B. Budny, K. Karmelita-Katulaska, M. Stajgis, T. Zemojtel , M. Ruchala, K. Ziemnicka	Copy Number Variants to Combined Pituitary Hormone Deficiency, 2020, 21, 5757	4,653	140	Q1
72.	INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES	M. Dabrowska , A. Ciolak , E. Kozłowska , A. Fiszer , M. Olejniczak	Generation of New Isogenic Models of Huntington's Disease Using CRISPR-Cas9 Technology, 2020, 21, 1854	4,653	140	Q1
73.	INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES	R. Zawirska-Wojtasiak, A. Fedoruk-Wyszomirska , P. Piechowska, S. Mildner- Szkudlarz, J. Bajerska, E. Wojtowicz, K. Przygonski, D. Gurda , W. Kubicka , E. Wyszko	β -Carbolines in Experiments on Laboratory Animals, 2020, 21, 5245	4,653	140	Q1

74.	INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES	M. Kazimierczyk, M.K. Kasprawicz, M.E. Kasprzyk, J. Wrzesinski	Human Long Noncoding RNA Interactome: Detection, Characterization and Function, 2020, 21, 1027	4,653	140	Q1
75.	INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES	D.M. Janecki , E. Ilaslan, M.J. Smialek, M.P. Sajek, M. Kotecki, B. Ginter-Matuszewska, P. Krainski, J. Jaruzelska, K. Kusz-Zamelczyk	Human NANOS1 Represses Apoptosis by Downregulating Pro-Apoptotic Genes in the Male Germ Cell Line, 2020, 21, 3009	4,653	140	Q1
76.	INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES	K. W. von Rekowski, P. Konig, S. Henze, M. Schlesinger, P. Zawierucha , R. Januchowski, G. Bendas	Insight into Cisplatin-Resistance Signaling of W1 Ovarian Cancer Cells Emerges mTOR and HSP27 as Targets for Sensitization Strategies, 2020, 21, 9240	4,653	140	Q1
77.	INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES	J. Latowska, A. Grabowska, Z. Zarebska, K. Kuczynski, B. Kuczynska, K. Rolle	Non-Coding RNAs in Brain Tumors, the Contribution of lncRNAs, circRNAs, and snoRNAs to Cancer Development—Their Diagnostic and Therapeutic Potential, 2020, 21, 7001	4,653	100	Q1
78.	INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES	A. Andrzejewska, M. Zawadzka, K. Pachulska-Wieczorek	On the Way to Understanding the Interplay between the RNA Structure and Functions in Cells: A Genome-Wide Perspective, 2020, 21, 6770	4,653	140	Q1
79.	INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES	A. Piasecka , A. Sawikowska, A. Kuczynska, P. Ogrodowicz, K. Mikolajczak, P. Krajewski, P. Kachlicki	Phenolic Metabolites from Barley in Contribution to Phenome in soil Moisture Deficit, 2020, 21, 6032	4,653	140	Q1

80.	INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES	P.H. Malecki, M. Bejger , W. Rypniewski , C.E. Vorgias	The crystal structure of a Streptomyces thermoviolaceus thermophilic chitinase known for its refolding efficiency, 2020, 21, 2892	4,653	100	Q1
81.	INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES	J. Szenajch, A. Szabelska-Berezewicz, A. Swiercz , J. Zyprych-Walczak, I. Siatkowski, M. Goralski , A. Synowiec, L. Handschuh	Transcriptome Remodeling in Gradual Development of Inverse Resistance between Paclitaxel and Cisplatin in Ovarian Cancer Cells, 2020, 21, 9218	4, 653	140	Q1
82.	IUCRJ	I.G. Shabalin, M.P. Czub, K.A. Majorek, D. Brzezinski , M. Grabowski, D.R. Cooper, M. Panasiuk, M. Chruszcz, W. Minor	Molecular determinants of vascular transport of dexamethasone in COVID-19 therapy, 2020, 7, 1048–1058	5,732	140	Q1
83.	JOURNAL OF AGRONOMY AND CROP SCIENCE	J. Kuczynski , T. Twardowski , J. Nawracala, J. Gracz-Bernaciak , A. Tyczewska	Chilling stress tolerance of two soya bean cultivars: Phenotypic and molecular responses, 2020, 206, 759–772	3,332	140	Q1
84.	JOURNAL OF APPLIED GENETICS	A. Tomkowiak, T. Jedrzejewski, J. Sychala, J. Kuczynski , M. Kwiatek, A. Tyczewska , R. Skowronska, T. Twardowski	Analysis of miRNA expression associated with the Lr46 gene responsible for APR resistance in wheat (Triticum aestivum L.), 2020, 61, 503–511	1,954	100	Q3
85.	JOURNAL OF BIOLOGICAL CHEMISTRY	P.C. Hao, J. Xia, J. Liu, M. Di Donato, K. Pakula , A. Bailly, M. Jasinski , M. Geisler	Auxin-transporting ABC transporters are defined by a conserved D/E-P motif regulated by a prolylisomerase, 2020, 295, 13094–13105	4,237	100	Q2
86.	JOURNAL OF BIOLOGICAL CHEMISTRY	E. Kierzek , R. Kierzek	Conscious uncoupling of riboswitch functions, 2020, 295, 2568–2569	4,237	100	Q2

87.	JOURNAL OF CELL SCIENCE	M.J. Smialek, B. Kuczynska , E. Ilaslan, D.M. Janecki , M.P. Sajek, K. Kusz-Zamelczyk, J. Jaruzelska	Kinesin KIF18A is a novel PUM-regulated target promoting mitotic progression and survival of a human male germ cell line, 2020, 133, jcs240986	4,904	140	Q2
88.	JOURNAL OF CHEMICAL INFORMATION AND MODELING	N. Dutta N, J. Sarzynska , A. Lahiri	Molecular Dynamics Simulation of the Conformational Preferences of Pseudouridine Derivatives: Improving the Distribution in the Glycosidic Torsion Space, 2020, 60, 4995–5002	4,799	100	Q1
89.	JOURNAL OF CLINICAL MEDICINE	B. Gryszczynska, M. Budzyn, D. Formanowicz, M. Wanic-Kossowska, P. Formanowicz , W. Majewski, M. Iskra, M.P. Kasprzak	Selected Atherosclerosis-Related Diseases May Differentially Affect the Relationship between Plasma Advanced Glycation End Products, Receptor sRAGE, and Uric Acid, 2020, 9, 1416	3,303	140	Q1
90.	JOURNAL OF HAZARDOUS MATERIALS	M. Wozniak-Karczewska, D. Baranowski , G. Framski , L. Marczak , M. Cvancarova, P.F.-X. Corvini, L. Chrzanowski	Biodegradation of ritalinic acid by Nocardioide sp. – Novel imidazole-based alkaloid metabolite as a potential marker in sewage epidemiology, 2020, 385, 121554	8,512	200	Q1
91.	JOURNAL OF MOLECULAR BIOLOGY	M. Jazurek-Ciesiolka , A. Ciesiolka , A.A. Komur , M.O. Urbanek-Trzeciak , W.J. Krzyzosiak , A. Fiszer	RAN Translation of the Expanded CAG Repeats in the SCA3 Disease Context, 2020, 432, 166699	4,783	140	Q1
92.	JOURNAL OF MOLECULAR MODELING	K. Czaja, J. Kujawski, K. Kamel , M.K. Bernard	Selected arylsulphonyl pyrazole derivatives as potential Chk1 kinase ligands – computational investigations, 2020, 26, 144	1,306	40	Q3

93.	JOURNAL OF ORGANIC CHEMISTRY	J. Golebiewska, J. Stawinski	Reaction of Boranephosphonate Diesters with Pyridines or Tertiary Amines in the Presence of Iodine: Synthetic and Mechanistic Studies, 2020, 85, 4312–4323	4,072	140	Q1
94.	JOURNAL OF OVARIAN RESEARCH	M. Suszynska , M. Ratajska, P. Kozlowski	BRIP1, RAD51C, and RAD51D mutations are associated with high susceptibility to ovarian cancer: mutation prevalence and precise risk estimates based on a pooled analysis of ~30,000 cases, 2020, 13, 50	2,909	70	Q2
95.	JOURNAL OF PERSONALIZED MEDICINE	A. Wojakowska , A. Zebrowska, A. Skowronek, T. Rutkowski, K. Polanski, P. Widlak, L. Marczak , M. Pietrowska	Metabolic Profiles of Whole Serum and Serum-Derived Exosomes Are Different in Head and Neck Cancer Patients Treated by Radiotherapy, 2020, 10, 229	4,433	70	Q1
96.	JOURNAL OF PHYSICAL CHEMISTRY LETTERS	A.K. Sarkar, J. Sarzynska , A. Lahiri	Ensemble allosteric model for the modified wobble hypothesis, 2020, 11, 6337–6343	7,811	200	Q1
97.	JOURNAL OF SUPERCOMPUTING	J.A. Morinigo, P. Garcia-Muller, J.A. Rubio-Montero, A. Gomez-Iglesias, N. Meyer , R. Mayo-Garcia	Performance drop at executing communication-intensive parallel algorithms, 2020, 76, 6834–6859	2,025	70	Q2
98.	MATERIALS	A. Jamrozik, M. Barczewski, G. Framski, D. Baranowski , P. Jakubowska, L. Klapiszewski, T. Jesionowski, A. Voelkel, B. Strzemieska	Synthesis and Characterization of Low-Cost Cresol-Based Benzoxazine Resins as Potential Binders in Abrasive Composites, 2020, 13, 2995	3,424	140	Q2
99.	MICROBIOME	A.J. Jasinska , T.S. Dong, V. Lagishetty, W. Katzka,	Shifts in microbial diversity, composition, and functionality in the gut and genital microbiome	12,16	140	Q1

		J.P. Jacobs, C.S. Schmitt, J.D. Cramer, D. Ma, W.C. Coetzer, J.P. Grobler, T.R. Turner, N. Freimer, I. Pandrea, C. Apetrei	during a natural SIV infection in vervet monkeys, 2020, 8, 154			
100.	MICROPROCESSORS AND MICROSYSTEMS	G. Agosta, W. Fornaciari, D. Atienza, R. Canal, A. Cilardo, J. Flich, C. Hernandez, M. Kulczewski , G. Massari, R. Tornero, M. Zapater Sancho	The RECIPE approach to challenges in deeply heterogeneous high performance systems, 2020, 77, 103185	1,119	40	Q3
101.	MOLECULAR BRAIN	A. Liskiewicz, M. Przybyla, A. Wojakowska , L. Marczak , K. Bogus, M. Nowacka-Chmielewska, D. Liskiewicz, A. Malecki, J. Barski, J. Lewin-Kowalik, M. Toborek	Physical activity reduces anxiety and regulates brain fatty acid synthesis, 2020, 13, 62	4,226	100	Q1
102.	MOLECULAR GENETICS & GENOMIC MEDICINE	A. Jezela-Stanek, E. Ciara, D. Jurkiewicz, M. Kucharczyk, K.H. Chrzanowska, M. Krajewska-Walasek, T. Zemojtel	The phenotype-driven computational analysis yields clinical diagnosis for patients with atypical manifestations of known intellectual disability syndromes, 2020, 8, e1263	1,995	70	Q3
103.	MOLECULAR NEUROBIOLOGY	J.O. Misiorek , A.M. Schreiber, M.O. Urbanek-Trzeciak , M. Jazurek-Ciesiolka , L.A. Hauser, D.R. Lynch, J.S. Napierala, M. Napierala	A Comprehensive Transcriptome Analysis Identifies FXN and BDNF as Novel Targets of miRNAs in Friedreich's Ataxia Patients, 2020, 57, 2639–2653	4,519	100	Q1

104.	MOLECULAR THERAPY – NUCLEIC ACIDS	A. Kotowska-Zimmer, Y. Ostrovska, M. Olejniczak	Universal RNAi Triggers for the Specific Inhibition of Mutant Huntingtin, Atrophin-1, Ataxin-3, and Ataxin-7 Expression, 2020, 562–571	6,814	140	Q1
105.	MOLECULAR THERAPY-NUCLEIC ACIDS	J. Piasecka, E. Lenartowicz, M. Soszynska-Jozwiak, B. Szutkowska, R. Kierzek, E. Kierzek	RNA Secondary Structure Motifs of the Influenza A Virus as Targets for siRNA-Mediated RNA Interference, 2020, 19, 627–642	6,814	140	Q1
106.	MOLECULES	A. Martyna, M. Maslyk, M. Janeczko, E. Kochanowicz, B. Gielniewski, A. Swiercz , O.M. Demchuk, K. Kubinski	Antifungal Agent 4-AN Changes the Genome-Wide Expression Profile, Downregulates Virulence-Associated Genes and Induces Necrosis in <i>Candida albicans</i> Cells, 2020, 25, 2928	3,589	100	Q2
107.	MOLECULES	A. Wojakowska , M. Pietrowska, P. Widlak, D. Dobrowolski, E. Wylegala, D. Tarnawska	Metabolomic Signature Discriminates Normal Human Cornea from Keratoconus-A Pilot GC/MS Study, 2020, 25, 2933	3,589	100	Q2
108.	MOLECULES	A. Zarecki, J.L. Kolanowski, W.T. Markiewicz	Microwave-Assisted Catalytic Method for a Green Synthesis of Amides Directly from Amines and Carboxylic Acids, 2020, 25, 1761	3,589	100	Q2
109.	MOLECULES	D. Jakubczyk , F. Dussart	Selected Fungal Natural Products with Antimicrobial Properties, 2020, 25, 911	3,589	100	Q2
110.	MOLECULES	W. Buchwald, M. Szulc, J. Baraniak, N. Derebecka, M. Kania-Dobrowolska, A. Piasecka , A. Bogacz, M. Karasiewicz, J. Bartkowiak-Wieczorek,	The Effect of Different Water Extracts from <i>Platycodon grandiflorum</i> on Selected Factors Associated with Pathogenesis of Chronic Bronchitis in Rats, 2020, 25, 5020	3,589	100	Q2

		R. Kujawski, A. Gryszczynska, P. Kachlicki, M. Dreger, M. Ozarowski, A. Krajewska-Patan, M. Gorska-Pauksza, E. Kaminska, P.L. Mikolajczak				
111.	MOLECULES	M. Wojnicka, A. Szczepanska, A. Kurzynska-Kokorniak	Unknown Areas of Activity of Human Ribonuclease Dicer: A Putative Deoxyribonuclease Activity, 2020, 25, 1414	3,589	100	Q2
112.	NATURE	N. Rajewsky, A. Almouzni, S. Gorski, S. Aerts, I. Amit, M.G. Bertero, C. Bock, A.L. Bredenoord, G. Cavalli, S. Chiocca, H. Clevers, B. de Strooper, A. Eggert, J. Ellenberg, X.M. Ferndndez, M. Figlerowicz , S.M. Gasser, N. Hubner, J. Kjems, J.A. Knoblich, G. Krabbe, P. Lichter, S. Linarsson, J-C. Marine, J. Marioni, M.A. Marti-Renom, M.G. Netea, D. Nickel, M. Nollmann, H.R. Novak, H. Parkinson, S. Piccolo, I. Pinheiro, A. Pombo, C.Popp, W. Reik, S. Roman-Roman, P. Rosenstiel, J.L. Schulze, O. Stegle, A. Tanay, G. Testa, D. Thanos, F.J. Theis, M-E. Torres_padilla, A. Valencia, C. Vallot, A. van Oudenaarden, M. Vidal, T. Voet, LifeTime Community (w tym: P. Jackowiak, N. Koralewska)	LifeTime and improving European Healthcare through cell-based interceptive medicine, 2020, 587, 377–386	46,488	200	Q1

113.	NEURON	C.A. Stoyas, D.D. Bushart, P.M. Switonski , J.M. Ward, A. Alaghatta, M.B. Tang, C.C. Niu, M. Wadhawa, H.R. Huang, A. Savchenko, K. Gariani, F. Xie, J.R. Delaney, T. Gaasterland, J. Auwerx, V.G. Shakkotai, A.R. La Spada	Nicotinamide Pathway-Dependent Sirt1 Activation Restores Calcium Homeostasis to Achieve Neuroprotection in Spinocerebellar Ataxia Type 7, 2020, 105, 630–644.e9	15,999	200	Q1
114.	NEW JOURNAL OF CHEMISTRY	A. Parus, W. Wilms, V. Verkhovetska, G. Framski , M. Wozniak-Karczewska, A. Syguda, B. Strzemieska, A. Borkowski, L. Lawniczak, L. Chrzanowski	Transformation of herbicides into dual function quaternary tropinium salts, 2020, 44, 8869–8877	3,151	70	Q2
115.	NEW PHYTOLOGIST	M. Pastorczyk , A. Kosaka, M. Pislewska-Bednarek , G. Lopez, H. Frerigmann, K. Kulak , E. Glawischnig, A. Molina, Y. Takano, P. Bednarek	The role of CYP71A12 monooxygenase in pathogen-triggered tryptophan metabolism and Arabidopsis immunity, 2020, 225, 400–412	8,795	140	Q1
116.	NUCLEIC ACIDS RESEARCH	M. Magnus, M. Antczak , T. Zok, J. Wiedemann , P. Lukasiak , Y. Cao, J.M. Bujnicki, E. Westhof, M. Szachniuk , Z. Miao	RNA-Puzzles toolkit: A computational resource of RNA 3D structure benchmark datasets, structure manipulation, and evaluation tools, 2020, 48, 576–588	11,797	200	Q1
117.	NUCLEIC ACIDS RESEARCH	S. Mao, B. Sekula, M. Ruszkowski , S.V. Ranganathan, P. Haruehanroengra, Y. Wu, F. Shen, J. Sheng	Base pairing, structural and functional insights into N4-methylcytidine (m4C) and N4,N4-dimethylcytidine (m42C) modified RNA, 2020, 48, 10087–10100	11,797	200	Q1

118.	NUCLEIC ACIDS RESEARCH	M. Kowiel, D. Brzezinski, M. Gilski, M. Jaskolski	Conformation-dependent restraints for polynucleotides: The sugar moiety, 2020, 48, 962–973	11,797	200	Q1
119.	NUCLEIC ACIDS RESEARCH	M.P. Sajek, T. Wozniak, M. Sprinzl, J. Jaruzelska, J. Barciszewski	T-psi-C: user friendly database of tRNA sequences and structures, 2020, 48, D256-D260	11,795	200	Q1
120.	PATHOGENS	K. Wieczorek, B. Szutkowska, E. Kierzek	Anti-Influenza Strategies Based on Nanoparticle Applications, 2020, 9, 1020	3,018	100	Q2
121.	PATHOGENS	J. Piasecka, A. Jarmolowicz, E. Kierzek	Organization of the Influenza A Virus Genomic RNA in the Viral Replication Cycle—Structure, Interactions, and Implications for the Emergence of New Strains, 2020, 9, 951	3,018	100	Q2
122.	PATHOGENS	M. Szabat, D. Lorent, T. Czapik, M. Tomaszewska, E. Kierzek, R. Kierzek	RNA secondary structure as a first step for rational design of the oligonucleotides towards inhibition of influenza A virus replication, 2020, 9, 925	3,018	100	Q2
123.	PHARMACEUTICALS	D. Rozycka, M. Korycka-Machala, A. Zaczek, J. Dziadek, D. Gurda, M. Orlicka-Plocka, E. Wyszko, K. Biniek-Antosiak, W. Rypniewski , A.B. Olejniczak	Novel isoniazid-carborane hybrids active in vitro against Mycobacterium tuberculosis, 2020, 13, 465	4,286	100	Q1
124.	PHARMACOLOGICAL RESEARCH	F.D.E. De Palma, V. Del Monaco, J.G. Pol, M. Kreime, V. D'Argenio, G. Stoll, D. Montanaro, B. Uszczyńska-Ratajczak , C.C. Klein, A. Vlasova, G. Botti,	The abundance of the long intergenic non-coding RNA 01087 differentiates between luminal and triple-negative breast cancers and predicts patient outcome, 2020, 161, 105249	5,631	100	Q1

		M. D'Aiuto, A. Baldi, R. Guigo, G. Kroemer, M.C. Maiuri, F. Salvatore				
125.	PLANT CELL	A. Zmienko, M. Marszalek-Zenczak, P. Wojciechowski, A. Samelak-Czajka, M. Luczak, P. Kozlowski, W. Karlowski, M. Figlerowicz	AthCNV: A map of DNA copy number variations in the Arabidopsis genome, 2020, 32, 1797–1819	10,144	200	Q1
126.	PLANT PHYSIOLOGY	K. Hematy, M. Lim, C. Cherk, M. Pislewska-Bednarek , C. Sanchez-Rodriguez, M. Stein, R. Fuchs, C. Klapprodt, V. Lipka, A. Molina, E. Grill, P. Schulze-Lefert, P. Bednarek , S. Somerville	Moonlighting Function of Phytochelatase1 in Extracellular Defense against Fungal Pathogens, 2020, 182, 1920–1932	7,52	140	Q1
127.	PLANTS-BASEL	M. Mahmoud, J. Gracz-Bernaciak , M. Zywicki, W. Karlowski, T. Twardowski, A. Tyczewska	Identification of Structural Variants in Two Novel Genomes of Maize Inbred Lines Possibly Related to Glyphosate Tolerance, 2020, 9, 523	2,762	70	Q1
128.	PLOS ONE	C.A. Schmitt, C.M. Bergey , A.J. Jasinska , V. Ramensky, F. Burt, H. Svardal, M. Jorgensen, N.B. Freimer, J.P. Grobler, T.R. Turner	ACE2 and TMPRSS2 variation in savanna monkeys (Chlorocebus spp.): Potential risk for zoonotic/anthroponotic transmission of SARS-CoV-2 and a potential model for functional studies, 2020, 15, e0235106	3,227	100	Q2
129.	PLOS ONE	D. Wawrzyniak, M. Grabowska, P. Glodowicz, K. Kuczynski, B. Kuczynska, A. Fedoruk-Wyszomirska, K. Rolle	Down-regulation of tenascin-C inhibits breast cancer cells development by cell growth, migration, and adhesion impairment, 2020, 15, e0237889	3,227	100	Q2

130.	PLOS ONE	J. Synak, A. Rybarczyk, J. Blazewicz	Multi-agent approach to sequence structure simulation in the RNA World hypothesis, 2020, 15, e038253	3,227	100	Q2
131.	PLOS ONE	A. Belter, J.F. Barciszewski, A.M. Barciszewska	Revealing the epigenetic effect of temozolomide on glioblastoma cell lines in therapeutic conditions, 2020, 15, e0229534	3,227	100	Q2
132.	PLOS ONE	J. Gumna, T. Zok, K. Figurski, K. Pachulska-Wieczorek, M. Szachniuk	RNATHOR – fast, accurate normalization, visualization and statistical analysis of RNA probing data resolved by capillary electrophoresis, 2020, 15, e0239287	3,227	100	Q2
133.	POLYHEDRON	M. Jakubowski, I. Lakomska, J. Sitkowski, M. Pokrywczynska, P. Dabrowski, G. Framski, T. Ostrowski	Multinuclear magnetic resonance characterization and antiproliferative studies of novel dichlorido platinum(II) complexes containing kinetin riboside and 1- β -D-ribofuranosyl-4-(2-pyridyl)-1H-1,2,3-triazole, 2020, 180, 114428	1,894	100	Q2
134.	RNA	Z. Miao, R.W. Adamiak, M. Antczak, M.J. Boniecki, J.M. Bujnicki, S.J. Chen, C.Y. Cheng, Y. Cheng, F.C. Chou, R. Das, N.V. Dokholyan, F. Ding, C. Geniesse, Y. Jiang, A. Joshi, A. Krokhotin, M. Magnus, O. Mailhot, F. Major, T.H. Mann, P. Piatkowski, R. Pluta, M. Popenda, J. Sarzynska, L. Sun, M. Szachniuk, S. Tian, J. Wang, A.M. Watkins, J. Wiedemann, X. Xu, J.D. Yesselman, D. Zhang, Z. Zhang,	RNA-Puzzles Round IV: 3D structure predictions of four ribozymes and two aptamers, 2020, 26, 982–995	4,549	140	Q2

		C. Zhao, P. Zhao, Y. Zhou, T. Zok, A. Zyla, A. Ren, R.T. Batey, B.L. Golden, L. Huang, D.M. Lilley, Y. Liu, D.J. Patel, E. Westhof				
135.	RNA	W. Andralojc, K. Pasternak, J. Sarzynska, K. Zielinska, R. Kierzek, Z. Gdaniec	The origin of the high stability of 3'-terminal uridine tetrads: contributions of hydrogen bonding, stacking interactions, and steric factors evaluated using modified oligonucleotide analogs, 2020, 26, 2000–2016	4,549	140	Q2
136.	RNA BIOLOGY	A. Swiatkowska, M. Dutkiewicz, P. Machtel, D. Janecki, M. Kabacinska, P. Zydowicz-Machtel, J. Ciesiolka	Regulation of the p53 expression profile by hnRNP K under stress conditions, 2020, 17, 1402-1415	5,414	100	Q1
137.	SCIENTIFIC REPORTS	T. Laskowski, W. Andralojc , J. Grynda, P. Gwarda, J. Mazerski, Z. Gdaniec	A strong preference for the TA/TA dinucleotide step discovered for an acridine-based, potent antitumor dsDNA intercalator, C-1305: NMR-driven structural and sequence-specificity studies, 2020, 10, 11697	4,576	140	Q1
138.	SCIENTIFIC REPORTS	M. Sikora, I. Lewandowska, L. Marczak , E. Bretes, H. Jakubowski	Cystathionine β -synthase deficiency: different changes in proteomes of thrombosis-resistant Cbs -/- mice and thrombosis-prone CBS -/- humans, 2020, 10, 10726	4,576	140	Q1
139.	SCIENTIFIC REPORTS	A. Dembska, A. Switalska, A. Fedoruk-Wyszomirska , B. Juskowiak	Development of fluorescence oligonucleotide probes based on cytosine- and guanine-rich sequences, 2020, 10, 11006	4,576	140	Q1

140.	SCIENTIFIC REPORTS	A.J. Jasinska , I. Pandrea, T.He, C. Benjamin, M. Newton, J.C. Lee, N.B. Freimer, G. Coppola, J.D. Jentsch	Immunosuppressive effect and global dysregulation of blood transcriptome in response to psychosocial stress in vervet monkeys (<i>Chlorocebus sabaeus</i>), 2020, 10, 3459	4,576	140	Q1
141.	SPECTROCHIMICA ACTA PART A: MOLECULAR AND BIOMOLECULAR SPECTROSCOPY	M.A. Fik-Jaskolka, A.F. Mkrtchyan, A.S. Saghyian, R. Palumbo, A. Belter , L.A. Hayriyan, H. Simonyan, V. Roviello, G.N. Roviello	Spectroscopic and SEM evidences for G4-DNA binding by a synthetic alkyne-containing amino acid with anticancer activity, 2020, 229, 117884	2,848	100	Q1
142.	STEM CELL RESEARCH	A. Ciolak, W.J. Krzyzosiak, E. Kozłowska, A. Fiszer	Generation of human iPS cell line IBCHi002-A from spinocerebellar ataxia type 3/Machado-Joseph disease patient's fibroblasts, 2020, 45, 101796	4,384	70	Q1
143.	SUSTAINABILITY	T. Cioara, M. Antal, CD. Antal, I. Anghel, M. Bertoncini, D. Arnone, M. Lazzaro, M. Mammina, TH. Velivassaki, A. Voulkidis, Y. Ricordel, N. Saintherant, A. Oleksiak, W. Piatek	Data Centers Optimized Integration with Multi-Energy Grids: Test Cases and Results in Operational Environment, 2020, 12, 9893	2,798	70	Q2
144.	SYNTHETIC COMMUNICATIONS	M. Rachwalak, M. Rozniewska, J. Golebiewska, T. Jakubowski, M. Sobkowski, J. Romanowska	A practical synthesis of nucleoside 5'-diphosphates from nucleoside 5'- H -phosphonate monoesters, 2020, 50, 1-9	1,97	40	Q3
145.	TREE PHYSIOLOGY	A. Szuba, L. Marczak , I. Ratajczak	Metabolome adjustments in ectomycorrhizal <i>Populus × canescens</i> associated with strong promotion of plant growth by <i>Paxillus involutus</i> despite a very low root colonization rate, 2020, 40, 1726–1743	4,330	140	Q1

146.	VIRUSES-BASEL	M. Dutkiewicz, J. Kuczynski, M. Jarzab, A. Stachowiak, A. Swiatkowska	New RNA Structural Elements Identified in the Coding Region of the Coxsackie B3 Virus Genome, 2020, 12, 1232	4,001	100	Q2
147.	WATER RESEARCH	N. Makowska, A. Philips , M. Dabert, K. Nowis , A. Trzebny, R. Koczura, J. Mokracka	Metagenomic analysis of β -lactamase and carbapenemase genes in the wastewater resistome, 2020, 170, 115277	9,639	140	Q1
148.	WILEY INTERDISCIPLINARY REVIEWS: RNA	P.J. McCown, A. Ruszkowska , C.N. Kunkler, K. Breger, J.P. Hulewicz, M.C. Wang, N.A. Springer, J.A. Brown	Naturally occurring modified ribonucleosides, 2020, 11, e1595	6,467	140	Q1

1.B. Recenzowane artykuły w czasopismach z listy MNiSW nieindeksowane w Journal Citation Reports

Lp.	Nazwa czasopisma	Autor/Autorzy	Tytuł, rok, tom, strony / nr artykułu	Punkty MNiSW*
1.	BIORESOURCE TECHNOLOGY REPORTS	K. Bachosz, J. Zdarta, L. Marczak, J. Blazewicz , T. Jesionowski	A highly effective approach to cofactor regeneration and subsequent membrane separation of bioconversion products: kinetic parameters and effect of process conditions, 2020, 9, 100365	20
3.	CORPORA	M. Włodarczyk, J. Kopaczyk, M. Kozak	Multilingualism in Greater Poland court records (1386-1448): Tagging discourse boundaries and code-switching, 2020, 15, 273–290	100
2.	FOUNDATIONS OF COMPUTING AND DECISION SCIENCES	J.F. Carrascoza Mayen, J. Blazewicz	Recent Results on Computational Molecular Modeling of The Origins of Life, 2020, 45, 35–46	20
4.	JOURNAL OF ENABLING TECHNOLOGIES	M. Engelhardt, M. Kosiedowski , I. Duszynska	Assistive technology for people with PIMD in challenging scenarios, 2020, 14, 87–97	40

1.C. Nierecenzowane artykuły konferencyjne w wydaniach specjalnych czasopism naukowych

Lp.	Nazwa czasopisma	Autor/Autorzy	Tytuł, rok, tom, strony / nr artykułu	IF	Punkty MNiSW*
1.	BASIC & CLINICAL PHARMACOLOGY & TOXICOLOGY	K. Ciechanowska, A. Szczepanska, M. Wojnicka, A. Kurzynska-Kokorniak	The Role of the PAZ Domain in the RNA-RNA Base Pairing Activity of Human Ribonuclease Dicer, 2020, 126 (S.2), 8 (016)	2,691	70
2.	BASIC & CLINICAL PHARMACOLOGY & TOXICOLOGY	M. Wojnicka, A. Szczepanska, K. Ciechanowska, A. Kurzynska-Kokorniak	Non-canonical RNAs Produced by Human Ribonuclease Dicer, 2020, 126 (S.2), 8, (017)	2,691	70
3.	BASIC & CLINICAL PHARMACOLOGY & TOXICOLOGY	A. Szczepanska, M. Wojnicka, K. Ciechanowska, A. Kurzynska-Kokorniak	The Importance of the DUF283 Domain for the Activity of Human Ribonuclease Dicer, 2020, 126 (S2), 9 (018)	2,691	70
4.	JOURNAL OF EXTRACELLULAR VESICLES	A. Wojakowska, L. Marczak, A. Zebrowska, A. Skowronek, T. Rutkowski, P. Widlak, M. Pietrowska	Metabolomic profiling of serum and exosomes isolated from head and neck cancer patients after radiotherapy. LBS01.05 ISEV2020 ELECTRONIC NETWORK (Virtual Meeting) Abstracts, 2020, 9 (S.1), 1784511	14,976	200
5.	PROCEEDINGS OF THE NUTRITION SOCIETY	A. Liskiewicz, L. Marczak , M. Przybyla, A. Slugocka, D. Liskiewicz, M. Nowacka-Chmielewska, S. Student, K. Bogus, A. Malecki, J. Lewin-Kowalik	Decreased hippocampal efficiency in obese rats is expressed by impaired cognition, neurogenesis and proteomic changes, 2020, 79, E400	5,801	140

1.D. Recenzowane artykuły w innych czasopismach naukowych

Lp.	Nazwa czasopisma	Autor/Autorzy	Tytuł, rok, tom, strony / nr artykułu	Punkty MNiSW*
1.	POSTĘPY BIOCHEMII	P. Machtel	Bogaty świat ryboprzełączników, 2020, 66, 100–110	20
2.	POSTĘPY BIOCHEMII	A. Satyr, A. Zmienko	Sekwencjonowanie nanoporowe i jego zastosowanie w biologii, 2020, 66, 193–204	20
3.	POSTĘPY BIOCHEMII	B. Nowak, A. Fiszer	Strategie wyciszania ekspresji zmutowanego genu w terapii choroby Huntingtona, 2020, 66, 1–9	20
4.	WIADOMOŚCI CHEMICZNE	D. Baranowski	Sondy fluorescencyjne typu „light up” do detekcji i bio-obrazowania g-kwadrupleksów in vitro i in vivo (część 1 i 2), 2020, 74, 853–901	–
5.	WIADOMOŚCI CHEMICZNE	J. Golebiewska	Nukleozydo i oligonukleozydo boranofosfoniany – metody syntezy i wybrane właściwości biologiczne, 2020, 74, 7–8	–
6.	PRZEGLĄD TELEKOMUNIKACYJNY	A. Beben, W. Burakowski, B. Belter, D. Parniewicz	Architektura systemu Mec dla wspierania zaawansowanych aplikacji w środowisku sieci przewodowych i bez-przewodowych 3G/4G/5G; 2020, 7–8, 127958	–
7.	PRZEGLĄD TELEKOMUNIKACYJNY	R. Lapacz, M. Balcerkiewicz, B. Belter, A. Binczewski, K. Martyn, D. Parniewicz	Integracja systemu MEC z systemami OSS/BSS; 2020, 7–8, 127961	–
8.	PRZEGLĄD TELEKOMUNIKACYJNY	B. Belter, A. Binczewski, B. Krakowiak, T. Lysiak, K. Martyn, D. Parniewicz	Zarządzanie aplikacjami w systemie MEC; 2020, 7–8, 127962	–

1.E. Recenzowane artykuły konferencyjne z listy MNiSW

Lp.	Nazwa czasopisma	Autor/rzy	Tytuł, rok, tom, strony /artykuł	Punkty
1.	JCDL '20: PROCEEDINGS OF THE ACM/IEEE JOINT CONFERENCE ON DIGITAL LIBRARIES IN 2020	M. Chudy, E. Lukasik, T. Parkola, E. Kusmierek, J. Jackowski, E. Dahlig-Turek	Digital Library Adaptation for Traditional Music and Content-Based Research: Polish Sound Archives and dLibra, 2020, 289–298	200
2.	PROCEEDINGS – 20TH IEEE/ACM INTERNATIONAL SYMPOSIUM ON CLUSTER, CLOUD AND INTERNET COMPUTING (CCGRID)	K. Kurowski, M. Ciznicki, J. Weglarz	Energy Efficiency and Performance Modeling of Stencil Applications on Manycore and GPU Computing Resources; 11–14 May 2020 Melbourne, Australia, eISBN: 978-1-7281-6095-5, 2020, 232–241	140
3.	PROCEEDINGS OF THE 53RD HAWAII INTERNATIONAL CONFERENCE ON SYSTEM SCIENCES (HICSS)	C. Mazurek, M. Stroinski	A Concept of Innovation Hub for Smart Applications, Enabling Pro-active Approach to Urban Policy and Planning Processes, 2020, January 7-10, ISBN: 978-0-9981331-3-3, 2020, 6589–6598	140
4.	PROCEEDINGS OF EUROSPI 2020 CONFERENCE, COMMUNICATIONS IN COMPUTER AND INFORMATION SCIENCE	B. Walter, B. Marovic, I. Garnizov, M. Wolski, A. Todosijevic	Best Practices for Software Maturity Improvement: GEANT Case Study, Springer 2020, 1251, 30–41	70
5.	PROCEEDINGS OF THE 12TH CONFERENCE ON LANGUAGE RESOURCES AND EVALUATION (LREC 2020)	K. Plucinski, M. Lango, M. Zimniewicz	A Closer Look on Unsupervised Cross-lingual Word Embeddings Mapping 2020, 5555–5562	20

2.A. Rozdziały w monografiach lub podręcznikach akademickich

Lp.	Wydawca monografii	Autor	Tytuł rozdziału, tytuł monografii	Rok, tom, strony
1.	HUMANA PRESS	M. Dabrowska, M. Olejniczak	Gene Therapy for Huntington's Disease Using Targeted Endonucleases [w:] Trinucleotide Repeats. Methods in Molecular Biology, red. G.F. Richard	2020, 2056, 269–284
2.	SPRINGER	E. Wozniak , T. Zimny, T. Twardowski	Agri-biotechnology: Legal and Economic Aspects of Using GMOs in EU [w:] Bioeconomy for Sustainable Development, red. C. Keswani	2020, 21–41
3.	SPRINGER	T. Villmann, M. Kaden, S. Wasik, M. Kudla, K. Gutowska , A. Villmann, J. Blazewicz	Searching for the Origins of Life - Detecting RNA Life Signatures Using Learning Vector Quantization [w:] Advances in Self-Organizing Maps, Learning Vector Quantization, Clustering and Data Visualization. WSOM 2019. Advances in Intelligent Systems and Computing, red. A. Vellido, K. Gilbert, C. Angulo, J. Martin Guerrero	2020, 976, 324–333
4.	SPRINGER	K. Gutowska, D. Formanowicz, P. Formanowicz	Systems Approach Based on Petri Nets as a Method for Modeling and Analysis of Complex Biological Systems Presented on the Example of Atherosclerosis Development Process [w:] Advanced, Contemporary Control. Advances in Intelligent Systems and Computing, red. A. Bartoszewicz, J. Kabzinski, J. Kacprzyk	2020, 1196, 579–586
5.	SPRINGER	M. Kosiedowski, A. Radziuk, P. Szymaniak, W. Kapsa, T. Rajtar, M. Stroinski , C. Campomanes-Alvarez, B.R. Campomanes-Alvarez, M. Lustrek, M. Cigale, E.Dovgan, G. Slapnicar	On Applying Ambient Intelligence to Assist People with Profound Intellectual and Multiple Disabilities, [w:] Intelligent Systems and Applications - Proceedings of the 2019 Intelligent Systems Conference (IntelliSys), Advances in Intelligent Systems and Computing, red. Y. Bi, R. Bhatia, S. Kapoor	2020, 1038, 895–914

6.	SPRINGER	J. Bachan, M. Owsianny , G. Demenko	The Harmonia Corpus – A Dialogue Corpus for Automatic Analysis of Phonetic Convergence, [w:] Human Language Technology. Challenges for Computer Science and Linguistics. LTC 2017. Lecture Notes in Computer Science, red. Z. Vetulani, P. Paroubek, M. Kubis	2020, 12598, 149–163
----	----------	---	---	-------------------------

2.B. Redakcja monografii lub podręcznika akademickiego

Lp.	Wydawca monografii/podręcznika	Redaktorzy	Tytuł, rok, tom / strony
1.	SPRINGER	H. Koroniak, J. Barciszewski	Seria: RNA Technologies. The Chemical Biology of Long Noncoding RNAs, 2020
2.	WYDAWNICTWO UAM	H. Koroniak, J. Barciszewski	Na pograniczu chemii i biologii, Tom XXXIX, 2019 / <i>nie wykazano w 2019 r.</i>

3. Artykuły popularnonaukowe

1. **P. Zmora, E. Lenartowicz**
Diagnostyka zakażenia wirusem SARS-CoV2 – aktualny stan wiedzy oraz perspektywy rozwoju
Diagnosta Laboratoryjny, 2020, 4, 24–29, ISSN 2084-1663
2. **M. Blaszczyńska, K. Bohdanowicz, N.W. Jeszke, T. Parkola**
Prostota, jakość i widoczność jako kluczowe czynniki budowy systemu SINUS
BIULETYN EBIB, 2019, 4, 187

4. Prace przyjęte do druku

1. **A. Ciesiolka, A. Stroynowska-Czerwinska, P. Joachimiak, A. Ciolak, E. Kozłowska, M. Michalak, M. Dabrowska, M. Olejniczak, K.D. Raczynska, D. Zielinska, M. Wozna-Wysocka, W.J. Krzyzosiak, A. Fiszer**
Artificial miRNAs targeting CAG repeat expansion in ORFs cause rapid deadenylation and translation inhibition of mutant transcripts
Cellular and Molecular Life Sciences, DOI: 10.1007/s00018-020-03596-7
2. **A. Kotowska-Zimmer, M. Pewinska, M. Olejniczak**
Artificial miRNAs as therapeutic tools: challenges and opportunities
WIREs RNA, DOI:10.1002/wrna.1640
3. **A. Belter, M. Popenda, M. Sajek, T. Wozniak, M.Z. Naskret-Barciszewska, M. Szachniuk, S. Jurga, J. Barciszewski**
A new molecular mechanism of RNA circularization and the microRNA sponge formation
Journal of Biomolecular Structure and Dynamics, DOI:10.1080/07391102.2020.1844802
4. **E. Wyszko, M. Popenda, D. Gudanis, J. Sarzynska, A. Belter, P. Perrigue, P. Skowronek, K. Rolle, J. Barciszewski**
The model structure of the hammerhead ribozyme formed by RNAs of reciprocal chirality
Bioscience Reports, DOI: 10.1042/BSR20203424
5. **M. Kudla, K. Gutowska, J. Synak, M. Weber, K.S. Bohnsack, P. Lukasiak, T. Villmann, J. Blazewicz, M. Szachniuk**
Virxicon: a lexicon of viral sequences
Bioinformatics, DOI:10.1093/bioinformatics/btaa1066
6. **J. Miskiewicz, J. Sarzynska, M. Szachniuk**
How bioinformatics resources work with G4 RNAs
Briefings in Bioinformatics, DOI:10.1093/bib/bbaa201
7. **E. Wozniak, A. Tyczewska, T. Twardowski**
A shift towards biotechnology – social perception in the EU
Trends in Biotechnology, DOI:10.1016/j.tibtech.2020.08.001
8. **E. Wozniak, A. Tyczewska, T. Twardowski**
Bioeconomy development factors in the European Union and Poland
New Biotechnology, DOI:10.1016/j.nbt.2020.07.004
9. **S. Sowa, T. Twardowski, E. Wozniak, T. Zimny**
Legal and practical challenges to authorization of gene edited plants
New Biotechnology, DOI:10.1016/j.nbt.2020.10.008
10. **M. Grabowska, B.F. Grzeskowiak, K. Rolle, R. Mrowczynski**
Magnetic Nanoparticles as a Carrier of dsRNA for Gene Therapy
In: Narayanan K. (eds) *Bio-Carrier Vectors, Methods in Molecular Biology*, DOI: 10.1007/978-1-0716-0943-9_6
11. **P. Czerniawski, A. Piasecka, P. Bednarek**
Evolutionary changes in the glucosinolate biosynthetic capacity in species representing *Capsella*, *Camelina* and *Neslia* genera
Phytochemistry, DOI:10.1016/j.phytochem.2020.112571

12. **H. Frerigmann**, M. Piotrowski, R. Lemke, **P. Bednarek**, P. Schulze-Lefert
A network of phosphate starvation and immune-related signaling and metabolic pathways controls the interaction between *Arabidopsis thaliana* and the beneficial fungus *Colletotrichum tofieldiae*
Molecular Plant-Microbe Interactions, DOI:10.1094/MPMI-08-20-0233-R
13. A. Kosaka, **M. Pastorczyk**, **M. Pislewska-Bednarek**, T. Nishiuchi, E. Ono, H. Suemoto, A. Ishikawa, H. Frerigmann, M. Kaido, K. Mise, **P. Bednarek**, Y. Takano
Tryptophan-derived metabolites and BAK1 separately contribute to Arabidopsis postinvasive immunity against *Alternaria brassicicola*
Scientific Reports, DOI:10.1038/s41598-020-79562-x
14. A. Pyrih, **M. Jaskolski**, A.K. Gzella, R. Lesyk
Synthesis, structure and evaluation of anticancer activity of 4-amino-1,3-thiazolinone/pyrazoline hybrids
Journal of Molecular Structure, DOI: 10.1016/j.molstruc.2020.129059
15. **M. Grzechowiak**, B. Sekula, Z. Dauter, **M. Jaskolski**, **M. Ruszkowski**
Serendipitous crystallization of *E. coli* HPII catalase, a sequel to “the tale usually not told”
Acta Biochimica Polonica, DOI: https://doi.org/10.18388/abp.2020_5501
16. **P. Bierwagen**, **J. Sliwiak**, **M. Jaskolski**, **A. Urbanowicz**
Strong interactions between Salp15 homologues from the tick *I. ricinus* and distinct types of the outer surface OspC protein from *Borrelia*
Ticks and Tick-Born Diseases, DOI: 10.1016/j.ttbdis.2020.101630
17. **D. Brzezinski**, **M. Kowiel**, D.R. Cooper, M. Cymborowski, M. Grabowski, A. Wlodawer, Z. Dauter, I.G. Shabalin, **M. Gilski**, B. Rupp, **M. Jaskolski**, W. Minor
Covid-19.bioreproducibility.org: A web resource for SARS-CoV-2-related structural models
Protein Science, DOI: 10.1002/pro.3959
18. B. Naskrecki, Z. Dauter, **M. Jaskolski**
Arithmetic proof of multiplicity-weighted Euler’s formula for symmetrically arranged space-filling polyhedral
Acta Crystallographica A- Foundations and Advances, DOI:10.1107/S2053273320016186
19. **J.F. Barciszewski**, **K. Szpotkowski**, J. Wisniewski, R. Kolodziejczyk, **M. Jaskolski**, D. Rakus, A. Dzugaj
Structural studies of human muscle FBPase
Acta Biochimica Polonica, DOI: https://doi.org/10.18388/abp.2020_5554
20. **J. Sadoch**, **M. Pyc**, **A. Urbanowicz**, A. Iglewski **R. Pilarski**
High-throughput evolutionary optimization of the induction medium towards recombinant protein production in BY-2 tobacco
Biotechnology and Bioengineering, DOI: 10.1002/bit.27594
21. **P. Galka-Marciniak**, **M.O. Urbanek-Trzeciak**, **P.M. Nawrocka**, **P. Kozłowski**
A pan-cancer atlas of somatic mutations in miRNA biogenesis genes
Nucleic Acids Research, DOI:10.1093/nar/gkaa1223
22. L. Lepkes, M. Kayali, B. Blümcke, J. Weber, **M. Suszynska**, S. Schmidt, J. Borde, **K. Klonowska**, B. Wappenschmidt, J. Hauke, **P. Kozłowski**, R.K. Schmutzler, E. Hahnen, C. Ernst
Performance of In Silico Prediction Tools for the Detection of Germline Copy Number Variations in Cancer Predisposition Genes in 4208 Female Index Patients with Familial Breast and Ovarian Cancer
Cancers (Basel), DOI:10.3390/cancers13010118
23. **N. Makowska**, K. Bresa, R. Koczura, **A. Philips**, **K. Nowis**, J. Mokracka
Urban wastewater as a conduit for pathogenic Gram-positive bacteria and genes encoding resistance to β -lactams and glycopeptides
Science of the Total Environment, DOI:10.1016/j.scitotenv.2020.144176

24. M. Nowacka-Chmielewska, D. Liskiewicz, A. Liskiewicz, **L. Marczak, A. Wojakowska**, J. Jerzy Barski, A. Malecki
Cerebrocortical proteome profile of female rats subjected to the western diet and chronic social stress
Nutritional Neuroscience, DOI:10.1080/1028415X.2020.1770433
25. J. Sadoch, M. Pyc, A. Urbanowicz, A. Iglewski, **R. Pilarski**
High-throughput evolutionary optimization of the induction medium towards recombinant protein production in BY-2 tobacco
Biotechnology and Bioengineering, DOI:10.1002/bit.27594
26. J. Kolodziejczyk-Czepas, M. Ponczek, M. Sady-Janczak, **R. Pilarski**, B. Bukowska
Extracts from *Uncaria tomentosa* as antiplatelet agents and thrombin inhibitors – The in vitro and in silico study
Journal of Ethnopharmacology, DOI: 10.1016/j.jep.2020.113494
27. R. Wohlgemuth, **T. Twardowski**, A. Aguilar
Bioeconomy moving forward step by step – A global journey
New Biotechnology, DOI: 10.1016/j.nbt.2020.11.006
28. A. Aguilar, R. Wohlgemuth, **T. Twardowski**
Introduction to the special issue: Trends in bioeconomy
New Biotechnology, DOI: 10.1016/j.nbt.2020.11.002
29. **M. Rachwalak, J. Golebiewska, T. Jakubowski, J. Stawinski**
Synthesis of Pyridiniumboranephosphonate Diesters and Related Compounds using Trityl Cation as a Borane Hydride Acceptor
Synthesis, DOI: 10.1055/s-0040-1706569
30. X. Chen, S. Kovalev, Y. Liu, M. Sterna, I. Chalamon, **J. Blazewicz**
Semi-online Scheduling on Two Identical Machines with a Common Due Date to Maximize Total Early Work
Discrete Applied Mathematics, DOI:10.1016/j.dam.2020.05.023
31. X. Chen, S. Kovalev, M. Sterna, **J. Blazewicz**
Mirror scheduling problems with early work and late work criteria
Journal of Scheduling, DOI:10.1007/s10951-020-00636-9
32. M. Alvarez-Mesa, S. Sanz-Rodriguez, C.C. Chi, **M. Glowiak**, R. Haring
8K/16K Video and 3D Audio Coding and Playback for Large-Screen Immersive Spaces
SMPTE Motion Imaging Journal, DOI:10.5594/JMI.2020.3036711
33. **T. Parkola, B. Betanski**
Towards a new generation of Digital Repository of Scientific Institutes
Qualitative and Quantitative Methods in Libraries, [S.l.], v. 9, n. 3, p. 397–407, oct. 2020. ISSN 2241-1925.
34. **R. Palma**, I. Roussaki, T. Dohmen,
Agricultural Information Model
ICT for Agriculture Book. Springer
35. **B. Belter**, M. Mika, J. Weglarz
Scheduling of network tasks to minimize the consumed energy
International Transactions in Operational Research, DOI: 10.1111/itor.12803
36. **T. Ciesielczyk, A. Cabrera, A. Oleksiak, W. Piatek**, G. Waligora, F. Almeida, V. Blanco
An approach to reduce energy consumption and performance losses on heterogeneous servers using power capping
Journal of Scheduling, DOI: 10.1007/s10951-020-00649-4
37. L. Frassinetti, S. Saarelma, G. Verdoolaege, M. Groth, J.C. Hillesheim, P. Bilkova, P. Bohm, M. Dunne, R. Fridstrom, E. Giovannozzi, F. Imbeaux, B. Labit, E. de la Luna, C. Maggi, **M. Owsiak**, R. Scannell and JET contributors

Pedestal structure, stability and scalings in JET-ILW: the EUROfusion JET-ILW pedestal database

Nuclear Fusion, DOI: 10.1088/1741-4326/abb79e

38. D. Groen, H. Arabnejad, V. Jancauskas, W.N. Edeling, F. Jansson, R.A. Richardson, J. Lakhili, L. Veen, **B. Bosak**, **P. Kopta**, D.W. Wright, N. Monnieri, P. Karlshoefer, D. Suleimenova, R. Sinclair, M. Vassaux, A. Nikishova, M. Bieniek, O.O. Luk, **M. Kulczewski**, E. Raffin, D. Crommelin, O. Hoenen, D.P. Coster, **T. Piontek**,

P.V. Coveney

VECMAtk: A Scalable Verification, Validation and Uncertainty Quantification toolkit for Scientific Simulations

Philosophical Transactions of The Royal Society A - Mathematical Physical and Engineering Sciences, arXiv:2010.03923v1

ZAŁĄCZNIKI

Załącznik 1. Skład Rady Naukowej kadencji 2019–2022

Przewodniczący Rady Naukowej: prof. dr hab. Andrzej B. Legocki

Zastępcy Przewodniczącego: prof. dr hab. Ryszard W. Adamiak, prof. dr hab. Adam Szewczyk,
Instytut Biologii Doświadczalnej im. M. Nenckiego PAN, Warszawa

Sekretarz: dr Joanna Banasiak

Członkowie z ICHB PAN

Prof. dr hab. Ryszard Adamiak

Dr Joanna Banasiak

przedstawiciel adiunktów

Prof. dr hab. Jan Barciszewski

Dr hab. Kamilla Bąkowska-Żywicka, prof. ICHB

Prof. dr hab. Paweł Bednarek

Prof. dr hab. Jacek Błazewicz

członek rzeczywisty PAN

Prof. dr hab. Jerzy Boryski

Dr hab. Marcin Chmielewski, prof. ICHB

Prof. dr hab. Jerzy Ciesiołka

Dr hab. Mariola Dutkiewicz

Dr hab. Maciej Figiel, prof. ICHB

Prof. dr hab. Marek Figlerowicz

Prof. dr hab. Zofia Gdaniec

Prof. dr hab. Michał Jasiński

Prof. dr hab. Mariusz Jaskólski

członek rzeczywisty PAN

Prof. dr hab. Elżbieta Kierzek

Prof. dr hab. Ryszard Kierzek

Prof. dr hab. Piotr Kozłowski

Prof. dr hab. Adam Kraszewski

Dr hab. Anna Kurzyńska-Kokorniak, prof. ICHB

Prof. dr hab. Andrzej B. Legocki

członek rzeczywisty PAN

Dr hab. Magdalena Łuczak, prof. ICHB

Dr Julia Misiorek

przedstawiciel adiunktów

Dr hab. Marta Olejniczak, prof. ICHB

Dr hab. Anna Pasternak, prof. ICHB

Dr hab. Katarzyna Rolle, prof. ICHB

Prof. dr hab. Wojciech Rypniewski

Dr hab. Michał Sobkowski, prof. ICHB

Prof. dr hab. Jan Węglarz

członek rzeczywisty PAN

Mgr Marta Wojnicka

przedstawiciel doktorantów

Dr hab. Eliza Wyszko, prof. ICHB

Członkowie zewnątrzni

Prof. dr hab. Ewa Bartnik
Wydział Biologii, Uniwersytet Warszawski
Instytut Biochemii i Biofizyki PAN, Warszawa

Prof. dr hab. Janusz M. Bujnicki
Międzynarodowy Instytut Biologii
Molekularnej i Komórkowej, Warszawa
Wydział Biologii, Uniwersytet
im. Adama Mickiewicza, Poznań

Prof. dr hab. Agnieszka Chacińska
członek korespondent PAN
Centrum Nowych Technologii,
Uniwersytet Warszawski

Prof. dr hab. Agnieszka Dobrzyń
Instytut Biologii Doświadczalnej
im. M. Nenckiego PAN, Warszawa

Prof. dr hab. Marcin Drąg
Wydział Chemii, Politechnika Wrocławska

Prof. dr hab. Andrzej Dziembowski
Wydział Biologii, Uniwersytet Warszawski
Instytut Biochemii i Biofizyki PAN

Prof. dr hab. Jacek Gawroński
członek korespondent PAN
Wydział Chemii, Uniwersytet
im. Adama Mickiewicza, Poznań

Dr hab. Magdalena Konarska
członek korespondent PAN
Centrum Nowych Technologii,
Uniwersytet Warszawski

Prof. dr hab. Izabela Makałowska
Wydział Biologii, Uniwersytet
im. Adama Mickiewicza, Poznań

Prof. dr hab. Bronisław Marciniak
Wydział Chemii oraz Centrum Zaawansowanych
Technologii, Uniwersytet im. Adama Mickiewicza,
Poznań

Dr hab. Jan Milecki
Wydział Chemii, Uniwersytet
im. Adama Mickiewicza, Poznań

Prof. dr hab. Barbara Nawrot
Centrum Badań Molekularnych
i Makromolekularnych PAN, Łódź

Prof. dr hab. Krzysztof W. Nowak
członek korespondent PAN
Wydział Medycyny Weterynaryjnej
i Nauk o Zwierzętach,
Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu,

Prof. dr hab. Grażyna Stochel
członek korespondent PAN
Wydział Chemii, Uniwersytet Jagielloński

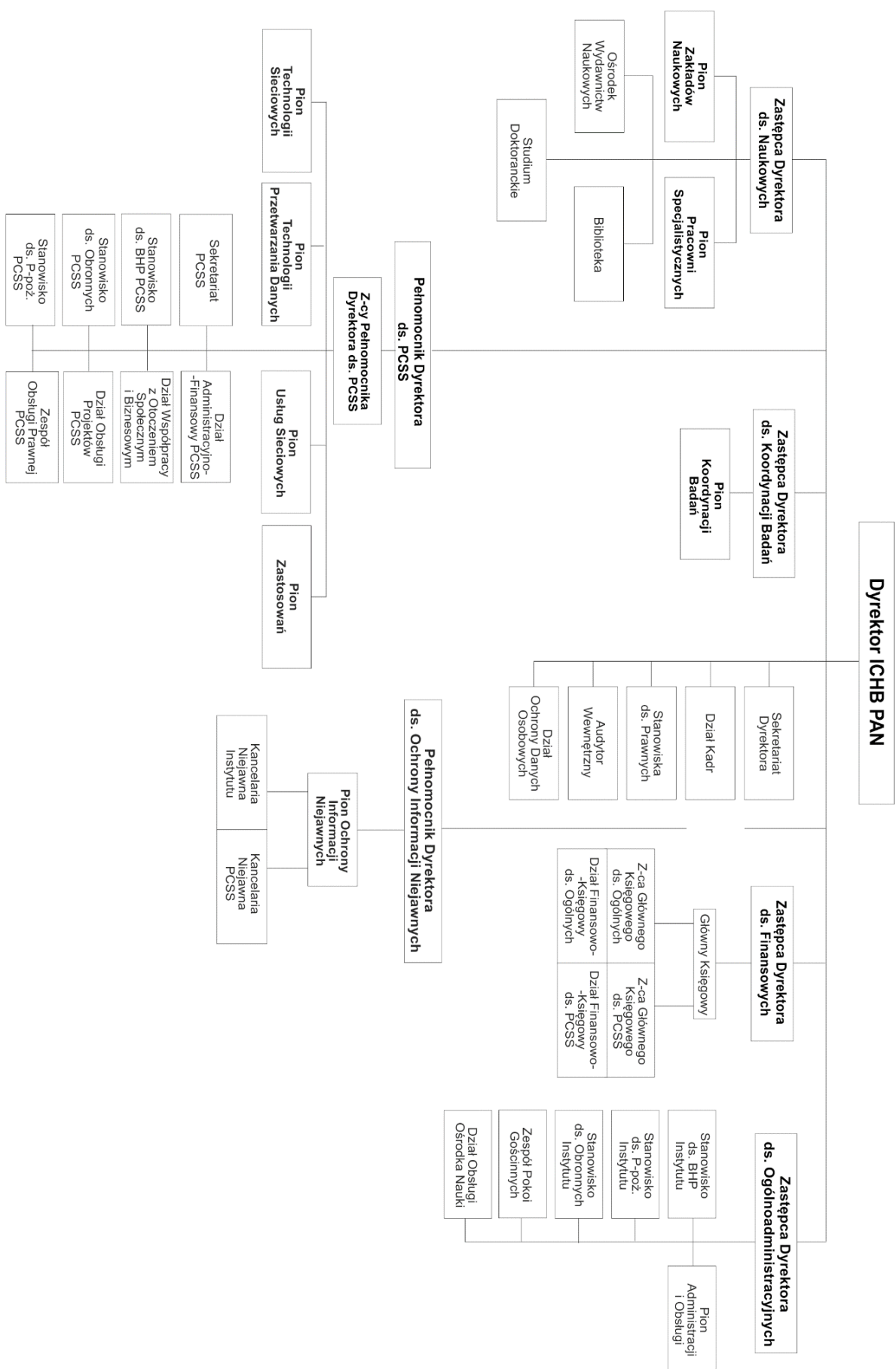
Prof. dr hab. Adam Szewczyk
Instytut Biologii Doświadczalnej
im. M. Nenckiego PAN, Warszawa

Prof. dr hab. Michał Witt
Instytut Genetyki Człowieka PAN, Poznań

Prof. dr hab. Bogdan Wolko
Instytut Genetyki Roślin PAN, Poznań

Prof. dr hab. Piotr Zielenkiewicz
Instytut Biochemii i Biofizyki PAN, Warszawa

Załącznik 2. Schemat organizacyjny ICHB PAN (2020)



Załącznik 3. Struktura organizacyjna zakładów naukowych ICHB PAN (2020)

Nazwa zakładu	Kierownik	Typ zakładu
Zakład Struktury i Funkcji Biomolekuł	prof. dr hab. Wojciech Rypniewski	ZW
Zakład Krystalografii – Centrum Badań Biokrystalograficznych	prof. dr hab. Mariusz Jaskólski	ZW
Zakład Genetyki Molekularnej	prof. dr hab. Piotr Kozłowski	ZW
Zakład Chemii Komponentów Kwasów Nukleinowych	dr hab. Michał Sobkowski, prof. ICHB PAN	ZW
Zakład Chemii i Biologii Strukturalnej Kwasów Nukleinowych	prof. dr hab. Ryszard Kierzek	ZW
Zakład Biologii Molekularnej i Systemowej	prof. dr hab. Marek Figlerowicz	ZW
Zakład Bioinformatyki	prof. dr hab. Jacek Błazewicz	ZW
Zakład Biologii Integratywnej	dr hab. Rafał Ciosk, prof. ICHB PAN	ZW
Zakład Biochemii RNA	prof. dr hab. Jerzy Ciesiołka	ZW
Zakład Biomolekularnego NMR	prof. dr hab. Zofia Gdaniec	ZW
Zakład Genomiki Strukturalnej RNA	prof. dr hab. Elżbieta Kierzek	ZW
Zakład Biochemii Produktów Naturalnych	prof. dr hab. Maciej Stobiecki	ZS
Zakład Biologii Medycznej	prof. dr hab. Mirosława Naskręt-Barciszewska	ZS
Zakład Biosyntezy Białka	prof. dr hab. Tomasz Twardowski	ZS
Zakład Neurobiologii Molekularnej	dr hab. Maciej Figiel, prof. ICHB PAN	ZML
Zakład Metabolomiki Funkcjonalnej Roślin	prof. dr hab. Paweł Bednarek	ZML
Zakład Fizjologii Molekularnej Roślin	prof. dr hab. Michał Jasiński	ZML
Zakład Bioinżynierii Kwasów Nukleinowych	dr hab. Anna Pasternak, prof. ICHB PAN	ZML
Zakład Chemii Biopolimerów	dr hab. Marcin K. Chmielewski, prof. ICHB PAN	ZML
Zakład Proteomiki Biomedycznej	dr hab. Magdalena Łuczak, prof. ICHB PAN	ZML
Zakład Bioinformatyki Strukturalnej	prof. dr hab. Marta Szachniuk	ZML
Zakład Inżynierii Genomowej	dr hab. Marta Olejniczak, prof. ICHB PAN	ZML
Zakład Biochemii Rybonukleoprotein	dr hab. Anna Kurzyńska-Kokorniak, prof. ICHB PAN	ZML
Zakład Struktury i Funkcji Retrotranspozonów	dr hab. Katarzyna Pachulska-Wieczorek, prof. ICHB PAN	ZML
Zakład Neuroonkologii Molekularnej	dr hab. Katarzyna Rolle, prof. ICHB PAN	ZML
Zakład Sond Molekularnych i Proleków	dr Jacek Kolanowski	ZML
Zakład Metabolizmu RNA	dr hab. Zbigniew Warkocki, prof. ICHB PAN	ZML
Zakład Biotechnologii Medycznej	dr hab. Agnieszka Fiszer, prof. ICHB PAN	ZML
Zakład Biologii Rozwoju	dr hab. Takashi Miki, prof. ICHB PAN	ZML
Zakład Niekodujących RNA	dr Monika Piwecka	ZML

ZW – zakłady wiodące; **ZS** – zakłady senioralne; **ZML** – zakłady młodych liderów

Załącznik 4. Seminaria Instytutu Chemii Bioorganicznej PAN

Prowadzenie: prof. dr hab. Jerzy Boryski

Data	Prezentujący	Temat
13.01.2020	Mgr Marek Kazimierczyk	Charakterystyka fragmentów tRNA (tRF) występujących w komórkach ssaków
20.01.2020	Mgr inż. Agnieszka Szczepańska	Badania oddziaływań ludzkiej rybonukleazy Dicer z G-kwadrupleksami RNA i DNA
	Mgr Zuzanna Filutowska Wydział Biologii Uniwersytetu im. Adama Mickiewicza, Poznań	Jądrowy kolista pozachromosomowy DNA w komórkach nowotworowych i prawidłowych
10.02.2020	Mgr Jakub Wiedemann	New approach to find structural patterns in RNAs
12.02.2020	Dr Andrzej Kurenda Département de biologie moléculaire végétale Université de Lausanne, Lozanna, Szwajcaria	Functions and molecular mechanism of plant electrical signals
17.02.2020	Dr inż. Tomasz Żok	Reference-free evaluation of RNA 3D structure models
24.02.2020	Mgr Carolina Roxo	G-rich oligonucleotides as a potential antiproliferative agents
02.03.2020	Dr hab. Takashi Miki, prof. ICHB	Dissecting the mechanisms and roles of transcription termination
05.10.2020	Dr Witold Andrałojć	Struktura przestrzenna aptameru wiążącego lantanowce
12.10.2020	Mgr inż. Alicja Komur	COLD-INDUCED TORPOR: Molecular mechanisms and manipulation for enhanced cellular preservation
19.10.2020	Dr Adam Ciesiołka	Analizy proteomiczne w badaniach nad patogenezą SCA3
26.10.2020	Dr Ireneusz Stolarek	O naturze quasi-gatunków SARS-CoV-2
02.11.2020	Dr Paweł Zmora	Into the unknown? Antibodies against SARS-CoV-2 in Polish population
16.11.2020	Mgr inż. Anna Stasińska	Detection of DNA chemical modifications with Nanopore sequencing

23.11.2020	Dr Dagmara Baraniak	Chemiczna architektura fluorowanych analogów dimerów nukleozydów zawierających łącznik 1,2,3-triazolowy o potencjalnym zastosowaniu w biologii molekularnej i medycynie
30.11.2020	Dr Piotr Machtel	New methods aimed at the identification of bacterial riboswitches and the analysis of the transcriptional activity
07.12.2020	Mgr inż. Tomasz Jamruszka	Odkrywanie mechanizmów molekularnych leżących u podstaw kondycji mineralnej roślin
14.12.2020	Mgr Paulina Nawrocka	Sekwencjonowanie eksomu w raku podstawnowym skóry (BCC), ze szczególnym uwzględnieniem mutacji w regionach niekodujących

Załącznik 5. Program RNA Salon Poznań

Organizacja: dr hab. Zbigniew Warkocki, prof. ICHB

Data	Prezentujący	Temat
14.02.2020	Dr Roman Szczęsny Instytut Biochemii i Biofizyki PAN, Warszawa	RNA surveillance in human mitochondria
06.03.2020	Prof. Nick Proudfoot Sir William Dunn School of Pathology, University of Oxford	Defining transcription units across mammalian genomes
19.06.2020	Dr Mireya Plass Institut d'Investigació Biomèdica de Bellvitge, IDIBELL, Barcelona	Understanding gene regulation with single-cell transcriptomics
23.10.2020	Dr hab. Agnieszka Dzikiewicz-Krawczyk Instytut Genetyki Człowieka PAN, Poznań	Deciphering functional non-coding elements in cancer cells
27.11.2020	Dr Francisco José Sánchez-Luque Centre Pfizer-University of Granada- Andalusian Government for Genomics and Oncological Research, Genyo, Granada, Hiszpania Institute of Genetics and Molecular Medicine, Medical Research Council, University of Edinburgh, UK	Retrotransposons regulation and impact in the human brain
11.12.2020	Dr Mateusz Sikora Max-Planck-Institute for Biophysics, Frankfurt nad Menem, Niemcy	In situ structural analysis of SARS-CoV-2 spike reveals flexibility mediated by three hinges

Załącznik 6. Program 2020 International Conference on Biotechnology and Bioengineering



Day 01

ICBB 2020 Session 1 (1 of 3) on On Dec. 17, 2020 Thursday

Time: Dec. 17, 2020 Thursday

UTC +01:00 12:00 PM - 12:45 PM / UTC +03:00 03:00 PM – 03:45 PM / UTC +08:00 07:00 PM - 07:45 PM

O1001.

Roua Sami Ahmed Baty Neuroprotective role of luteolin against lead acetate-induced cortical damage in rats

O1002.

Xu Lu Trichome metabolic engineering of artemisinin

ICBB 2020 Session 1 (2 of 3) on On Dec. 17, 2020 Thursday

Time: Dec. 17, 2020 Thursday

UTC +01:00 1:00 PM - 1:45 PM / UTC +03:00 04:00 PM – 04:45 PM / UTC +08:00 08:00 PM - 08:45 PM

O1003.

Miyssa I. Abdelmageed Design of a Multiepitope-Based Peptide Vaccine against the E Protein of Human COVID-19: An Immunoinformatics Approach

O1004.

Mai Phuong La Synthesis and Characterization of Size-Controlled Titania Nanorods through Double-Surfactant

ICBB 2020 Session 1 (3 of 3) on On Dec. 17, 2020 Thursday

Time: Dec. 17, 2020 Thursday

UTC +01:00 1:00 PM - 1:45 PM / UTC +03:00 05:00 PM – 05:45 PM / UTC +08:00 09:00 PM - 09:45 PM

O1005.

Endah Dwi Identification of the 3,4-Dihydro-2H,6H-pyrimido[1,2-c][1,3]benzothiazine-6-imine derivatives as novel selective inhibitors of the Plasmodium falciparum dihydroorotate dehydrogenase

O1006.

Milica Radan Application of computational methods for antipsychotic drug design and optimization

ICBB 2020 Session 2 (1 of 2) on Dec. 17, 2020 Thursday

Time: Dec. 17, 2020 Thursday

UTC +01:00 2:00 PM - 2:45 PM / UTC +03:00 06:00 PM – 06:45 PM / UTC +08:00 10:00 PM - 10:45 PM

O2007.

Emanuele Calabrò Amplification of Amide vibration bands at resonant frequencies of electromagnetic radiation: possible application to the alteration of ions flux in cancer cells

O2008.

Sushil Jaiswal Cell cycle arrest and apoptosis are not dependent on p53 prior to p53-dependent embryonic stem cell differentiation

Day 02

ICBB 2020 Session 2 (2 of 2) on Dec. 18, 2020 Friday

Time: Dec. 18, 2020 Friday

UTC +01:00 12:00 PM - 12:45 PM / UTC +03:00 02:00 PM – 02:45 PM / UTC +08:00 07:00 PM - 07:45 PM

O2010.

Bengü Ergüden Phenol Group is key for the Antimicrobial Activity of Terpenoids

O2011.

Carmela Gallo A New Platform Design for the Discovery of Small Molecules with Anticancer and Immunotherapeutic Activity

ICBB 2020 Session 3 (1 of 2) on Dec. 18, 2020 Friday

Time: Dec. 18, 2020 Friday

UTC +01:00 1:00 PM - 1:45 PM / UTC +03:00 03:00 PM – 03:45 PM / UTC +08:00 08:00 PM - 08:45 PM

O3012.

Salvador Ventura Multifunctional amyloid-inspired protein nanomaterials

O3013.

Maud Villain-Gambier In-situ extraction of depolymerization products by membrane filtration against lignin condensation

ICBB 2020 Session 3 (2 of 2) on Dec. 18, 2020 Friday

Time: Dec. 18, 2020 Friday

UTC +01:00 2:00 PM - 2:45 PM / UTC +03:00 04:00 PM – 04:45 PM / UTC +08:00 09:00 PM - 09:45 PM

O3014.

M. I. Mohamed Refai Portable gait lab: tracking gait kinetics and kinematics using only three inertial measurement units

O3016.

PoHeng Lee Air-Breathing Anaerobic Digestion for Biogas Production Enhancement

O3015.

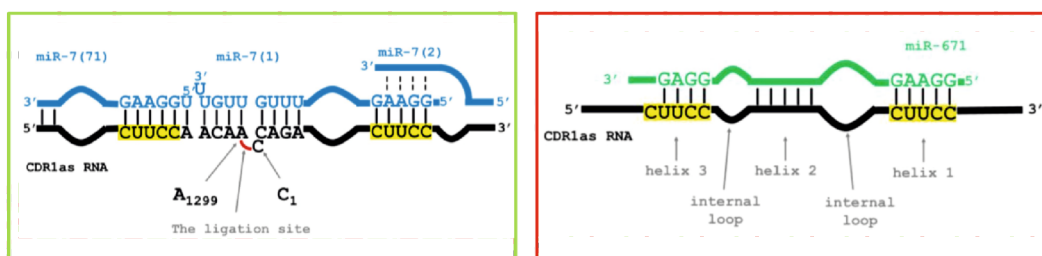
Maria Francisca Perera Use of molecular markers to compare regeneration routes for developing sugarcane transgenic plants

All oral presentation sessions over.

A new molecular mechanism of RNA circularization and the microRNA sponge formation

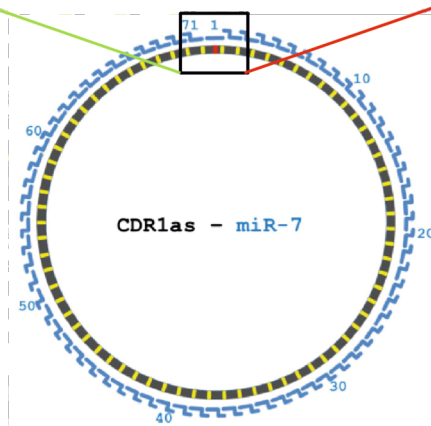
ON

OFF



CDR1as RNA circularization driven by specific binding of miR-7

The sequential binding of 70 molecules of miR-7 brings the 3' end and 5' end of CDR1as RNA to the proximity. The 71st molecule of miR-7 overlaps both ends of CDR1as RNA (form sticky ends) and stimulates A1299 - C1 phosphodiester bond formation.



CDR1as RNA cleavage driven by specific binding of miR-671

miR-671 forms an almost perfect double helix with CDR1as RNA and induces the cleavage of CDR1as.

